Progetto SAD

Distribuzione normale

Esposito Flavio

Contents

1 Introduzione

Il seguente documento ha come scopo quello di fornire le nozioni e le conoscenze di base sulla distribuzione di probabilità continua **normale** e di mostrare tramite quest'ultima le applicazioni delle **tecniche dell'inferenza statistica**.
Lo scopo della statistica inferenziale è quello di **derivare le caratteristiche di una popolazione** tramite un campione estratto da essa.
L'utilizzo che faremo dunque dell'inferenza statistica è quello di studiare una popolazione descritta da una variabile aleatoria avente distribuzione normale e ottenere delle stime sui **parametri non noti** e verificare delle **ipotesi**. La variabile aleatoria è definita osservabile poiché si possono osservare i valori assunti dalla variabile: il parametro non è noto solo nella legge di probabilità (funzione di distribuzione). Il campione inoltre deve essere scelto in modo da essere **rappresentativo della popolazione**.
Nel documento dunque tratteremo varie sezioni. Nella prima introdurremo la distribuzione normale enunciandone e analizzando caratteristiche e proprietà. Nei capitoli successivi tratteremo di **stime puntuali** (un solo valore) e **stime intervallari** (limite inferiore e superiore), e della **verifica delle ipotesi**.

2 Distribuzione normale

Ricordiamo la definizione di variabile aleatoria: una variabile aleatoria è una funzione che fa corrispondere un numero reale a ogni esito di un esperimento. Se l'insieme dei valori assunti dalla variabile aleatoria **non è numerabile**, la variabile si definisce continua: non è possibile elencare tutti i valori essendo un'infinità e non è possibile attribuire una probabilità ai singoli valori. Mentre per una variabile discreta è possibile elencare tutti i valori che essa può assumere, per una variabile continua è necessario definire delle classi, cioè degli intervalli in cui suddividere i possibili valori della variabile.

Introduciamo adesso la funzione di distribuzione normale.
L'importanza della distribuzione normale è dovuta alla sua caratteristica di poter efficacemente **approssimare molte distribuzioni** (lo vedremo in seguito) di numerosi fenomeni, basti pensare che non sono poche le distribuzioni che sono normalizzabili tramite delle trasformazioni.
Vediamone le caratteristiche.

2.1 Densità di probabilità

Una variabile aleatoria X di densità di probabilità

$$f_X(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} exp\left\{ -\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2} \right\}, \qquad x \in R \quad (\mu \in R, \sigma > 0)$$

si dice avere distribuzione normale di **parametri** μ e σ.

La densità è simmetrica rispetto all'asse $x = \mu$, risulta infatti $f_X(\mu - x) = f_X(\mu + x)$.
La densità ha le seguenti caratteristiche:

- La **forma a campana** rispetto a $x = \mu$
- Il **massimo** è in corrispondenza del punto $x = \mu$ ed è pari a $\frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}}$
- Ha due **flessi** in corrispondenza di $\mu - \sigma$ e $\mu + \sigma$

Per indicare una variabile aleatoria X che ha distribuzione normale di parametri μ e σ useremo la notazione $X \sim N(\mu, \sigma)$ (X è una variabile normale).

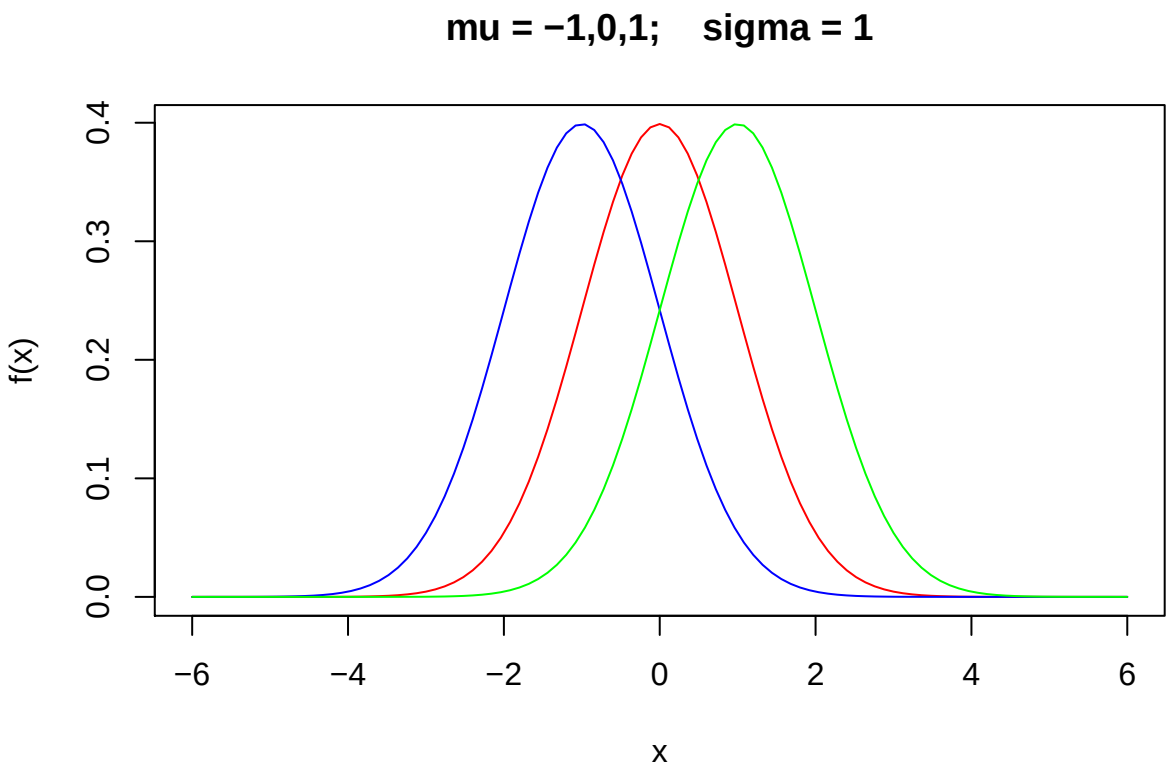
Per calcolare la densità normale in R usiamo la funzione dnorm come nel seguente esempio:

```
dnorm(x, mean = mu , sd = sigma )
```

Attraverso l'utilizzo di questa funzione vediamo cosa succede modificando i parametri μ e σ.

Vediamo modificando μ cosa succede:

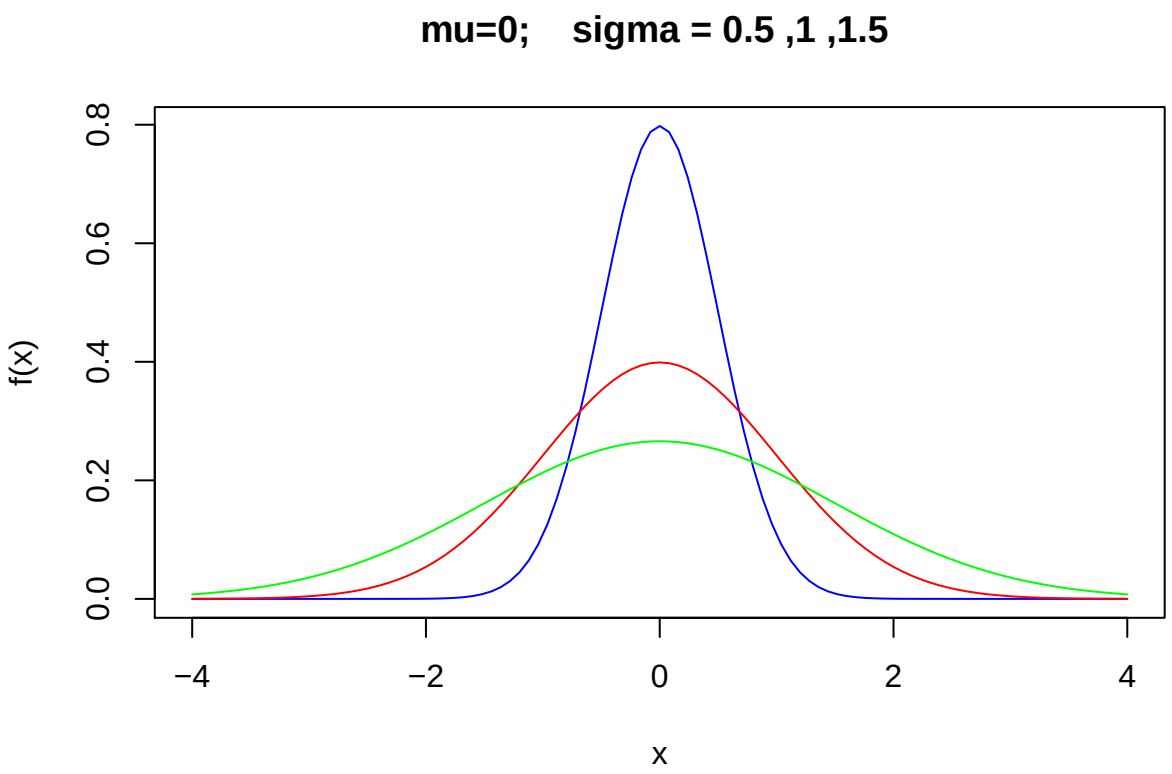
```
curve(dnorm (x,mean=0,sd =1) ,from=-6, to=6, xlab="x",ylab="f(x)",
      main="mu = -1,0,1;    sigma = 1",col = "red")
curve(dnorm (x,mean=-1,sd =1) ,from=-6, to=6, xlab="x",ylab="f(x)",
      add=TRUE,col = "blue")
curve(dnorm (x,mean=1,sd =1) ,from=-6, to=6, xlab="x",ylab="f(x)",
      add=TRUE, col = "green")
```



Abbiamo disegnato le tre curve che descrivono la funzione di densità normale con media pari a -1,0 e 1 (curva rossa con $\mu = 0$). Notiamo che al variare del parametro μ quello che accade è che la curva viene **traslata lungo l'asse delle ascisse**, ma la **forma non cambia**.

Vediamo ora per σ cosa succede:

```
curve(dnorm(x,mean=0, sd =0.5) ,from=-4, to=4, xlab="x",
      ylab="f(x)",main="mu=0;    sigma = 0.5 ,1 ,1.5 ",col = "blue")
curve(dnorm(x,mean=0, sd=1) ,from=-4, to=4, xlab="x",ylab="f(x)",
      add=TRUE,col="red")
curve(dnorm(x,mean=0, sd =1.5) ,from=-4, to=4, xlab="x",ylab="f(x)",
      add=TRUE,col="green")
```



Abbiamo disegnato le tre curve che descrivono la funzione di densità normale con deviazione standard pari a 0.5,1 e 1.5 (curva rossa con $\sigma = 1$).

Notiamo come dal parametro σ dipenda la **larghezza della funzione**: se aumenta σ la curva è sempre più piatta, al contrario invece si allunga verso l'alto. Questo succede in quanto il punto massimo è inversamente proporzionale a σ.
L'aria sottesa rimane sempre **unitaria**.

Vediamo ora la **funzione di distribuzione**.

2.2 Funzione di distribuzione

La funzione di distribuzione di una variabile aleatoria $X \sim N(\mu, \sigma)$ è:

$$F_X(x) = P(X \leq x) = \int_{-\infty}^{x} fx(y)\ dy = \Phi\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)$$

dove

$$\Phi(z) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{z} e^{-\frac{y^2}{2}}\ dy$$

è la funzione di distribuzione di una variabile aleatoria $Z \sim N(0, 1)$, detta **normale standard**.

Quindi se $X \sim N(\mu, \sigma)$ si ha:

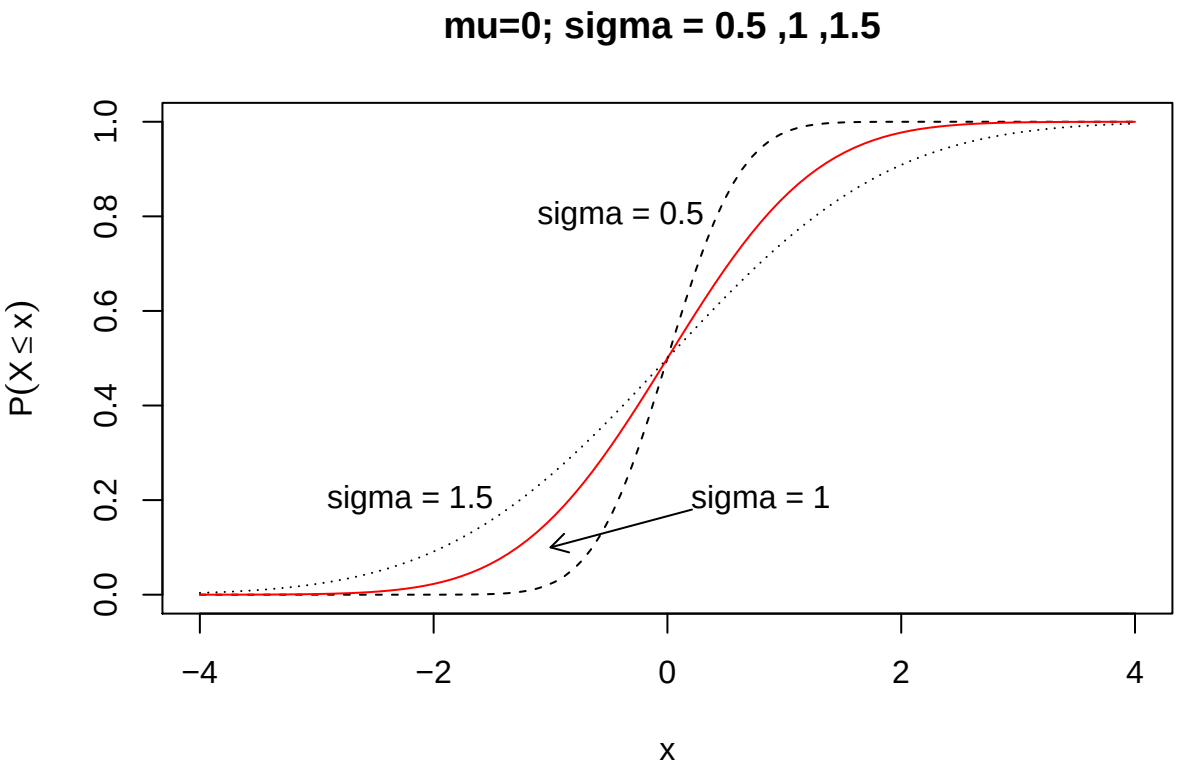
$$P(a < X < b) = F_X(b) - F_X(a) = \Phi\left(\frac{b-\mu}{\sigma}\right) - \Phi\left(\frac{a-\mu}{\sigma}\right)$$

Per calcolare la funzione di distribuzione in R lo si fa tramite la funzione pnorm() come nel seguente esempio:

```
pnorm(x, mean = mu , sd = sigma , lower.tail = TRUE)
```

Vediamo come cambia la funzione di distribuzione in base al parametro *sigma*:

```
curve(pnorm (x,mean=0,sd =0.5) ,from=-4, to=4, xlab="x",
ylab=expression (P(X<=x)),main="mu=0; sigma = 0.5 ,1 ,1.5 ",lty =2)
text (-0.4,0.8, "sigma = 0.5")
curve(pnorm (x,mean=0,sd=1) ,add=TRUE,col="red")
arrows (-1,0.1,0.21,0.18, code=1, length = 0.10)
text (0.8 ,0.2 , "sigma = 1")
curve(pnorm (x,mean=0,sd =1.5) ,add =TRUE ,lty =3)
text (-2.2,0.2, "sigma = 1.5")
```



Dato che adesso sappiamo cos'è una normale standard e come è fatta la funzione di distribuzione di una normale, introduciamo la regola del $3-\sigma$.

2.2.1 Regola $3-\sigma$

La regola ci dice che per una qualsiasi variabile aleatoria normale $X \sim N(\mu, \sigma)$ risulta:

$$P(\mu - 3\sigma < X < \mu + 3\sigma) = P(-3 < \frac{X - \mu}{\sigma} < 3) = P(-3 < Z < 3) = 0.9973002$$

La regola ci dice sostanzialmente che la probabilità che una variabile aleatoria avente distribuzione normale assuma valori in un intervallo avente come **centro** μ e **semiampiezza** 3σ

è prossima all'**unità**: dato che l'aria sottesa è 1, quasi il 100% viene preso nel range descritto, l'area restante delle code è praticamente nulla e può essere trascurata.

Proviamo quanto detto in R con il codice di seguito:

```
pnorm (3, mean=0,sd =1) - pnorm (-3,mean=0, sd=1)
```

```
## [1] 0.9973002
```

2.3 Quantili

R ci permette anche di calcolare i quantili della distribuzione normale attraverso la funzione qnorm() come nell'esempio:

```
qnorm(z, mean = mu , sd = sigma , lower.tail = TRUE)
```

La funzione restituisce in output il percentile $z \cdot 100 - esimo$ cioè **il più piccolo numero** x **assunto dalla variabile aleatoria normale** X tale che $P(X \leq x) \geq z$

Usiamo la funzione su una normale standard per ricavare i quartili Q_1,Q_2,Q_3 e Q_4

```
scelta <- c(0 ,0.25,0.5 ,0.75,1)
qnorm(scelta, mean = 0, sd = 1)
```

```
## [1]       -Inf -0.6744898  0.0000000  0.6744898        Inf
```

Notiamo come Q_1 e Q_3 siano uguali ma di segno opposto per la **simmetria** discussa in precedenza intorno a μ, mentre Q_2 è pari a μ, cioè 0.

Dato l'uso che se ne fa nella statistica nei libri sono riportate in forma tabellare i valori della funzione di distribuzione di una normale standard per diversi valori (tavole Gaussiane).
I quantili ricoprono un ruolo fondamentale nei problemi di stima che vedremo nel capitolo successivo.

2.4 Risultati legati alla normale

Vediamo due teoremi molto importanti legati alla distribuzione normale **teorema di De moivre-Laplace** e il **teorema centrale di convergenza**.

2.4.1 Approssimazione binomiale

Teorema di De moivre-Laplace: Sia $X_1, X_2, ..., X_n$ una successione di variabili aleatorie indipendenti distribuite alla **Bernoulli** con parametro p $(0 < p < 1)$, e sia $Y_n = X_1 + X_2 + ... + X_n$.
Per ogni $x \in R$ abbiamo:

$$\lim_{n\to\infty} P\left(\frac{Y_n - np}{\sqrt{np(1-p)}} \leq x\right) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{x} e^{\frac{-y^2}{2}}\, dy$$

cioè che

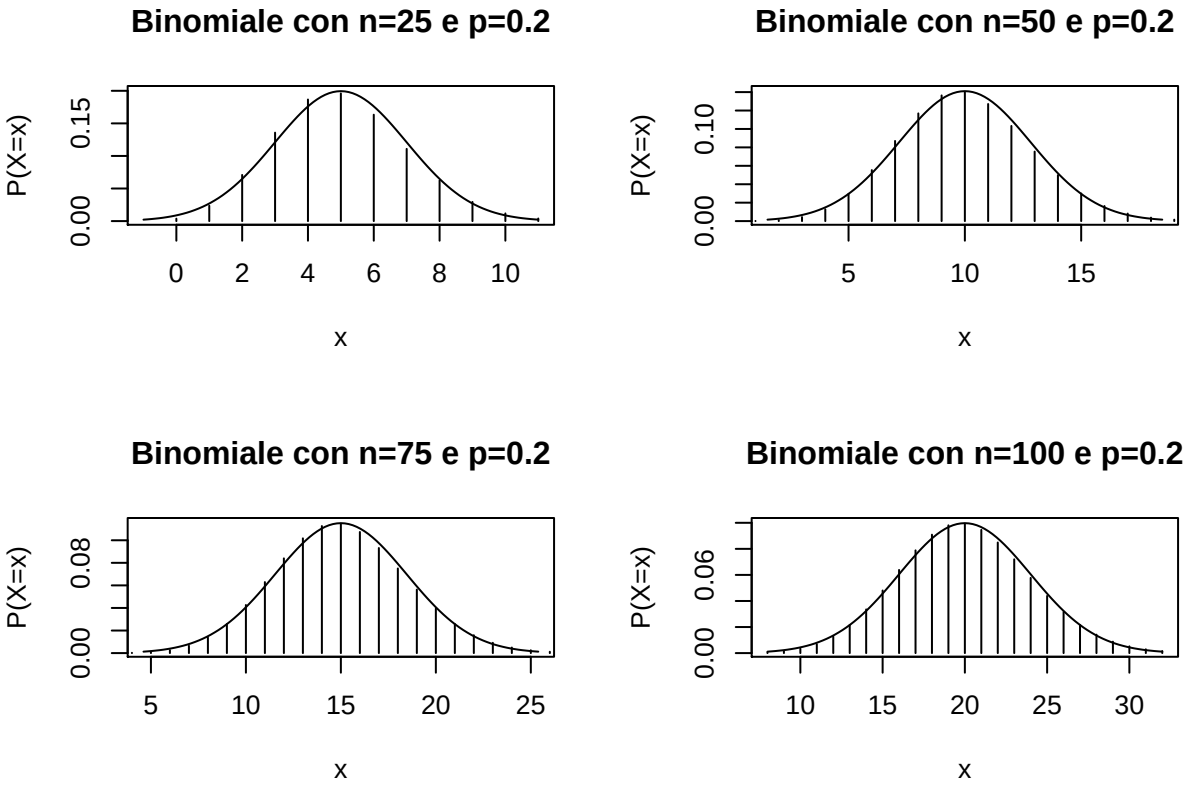
$$\frac{Y_n - np}{\sqrt{np(1-p)}} \to Z$$

Chiariamo quanto scritto.
Sappiamo che $X_1, X_2, ..., X_n$ sono variabili aleatorie indipendenti di Bernoulli di parametro p, quindi Y_n è una **variabile aleatoria binomiale** di valore medio np e varianza $np(1-p)$.
Il teorema mostra come sottraendo a Y_n la sua media e dividendo questa differenza per la deviazione standard, si ottiene una variabile aleatoria standardizzata la cui funzione di distribuzione è con **n grande** approssimativamente una **normale standard**.

Il risultato del teorema ci permette di evitare di calcolare le binomiali con la formula ricorsiva vista, cosa che al crescere di n diventa molto onerosa, una formula approssimata del genere ci rende quindi il calcolo molto più conveniente.
L'approssimazione che otteniamo è dunque:

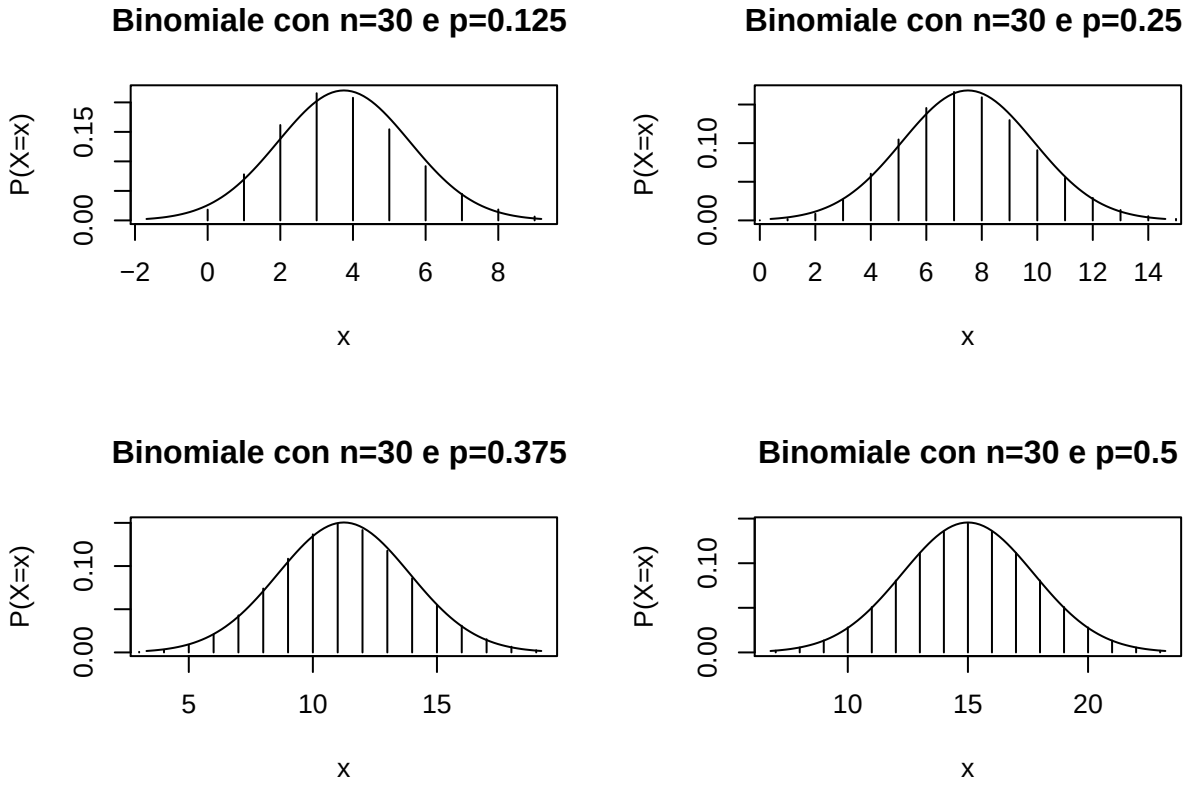
$$Y_n \simeq np + \sqrt{np(1-p)}\ Z$$

Bisogna notare che l'approssimazione dipende da n e da p e migliora al tendere di p a $\frac{1}{2}$. Valutiamo quindi qual è l'errore derivante dall'approssimazione con i seguenti grafici confrontando una variabile con densità normale di valore medio np e varianza $np(1-p)$ con $p = 0.2$ e $n = 25, 50, 75, 100$:



Notiamo come l'**errore man mano che n cresce tende a diminuire sempre più**.
Vediamo ora cosa succede in un grafico simile con n fissato e probabilità man mano tendente

a $\frac{1}{2}$, con $n = 30$ e $p = 0.125, 0.25, 0.375, 0.5$:



Notiamo come **l'approssimazione migliora** con p tendente a $\frac{1}{2}$, e diventa pressoché perfetta con $p = \frac{1}{2}$.

2.4.2 Teorema centrale di convergenza

Teorema centrale di convergenza: Sia $X_1, X_2, ..., X_n$ una successione di variabili aleatorie generiche **indipendenti e identicamente distribuite** con valore medio μ finito e varianza σ^2 finita e positiva.
Dato $Y_n = X_1 + X_2 + ... + X_n$, per ogni $x \in R$ risulta:

$$\lim_{n\to\infty} P\left(\frac{Y_n - n\mu}{\sigma\sqrt{n}} \leq x\right) = \frac{1}{\sqrt{2}\pi}\int_{-\infty}^{x} e^{\frac{-y^2}{2}}\, dy = \Phi(x)$$

cioè che

$$\frac{Y_n - E(Y_n)}{\sqrt{Var(Y_n)}} = \frac{Y_n - n\mu}{\sigma\sqrt{n}} \to Z$$

Il teorema mostra come sottraendo a Y_n la sua media e dividendo questa differenza per la deviazione standard di Y_n, quello che si ottiene è anche qui una variabile aleatoria standardizzata la cui funzione di distribuzione è approssimativamente **normale standard**.
Analogamente al caso visto con la binomiale, l'approssimazione è più o meno buona in base ad n, ma dipende anche dal tipo di distribuzione delle variabili.
Solitamente l'approssimazione è buona per **campioni di almeno 30 elementi**.

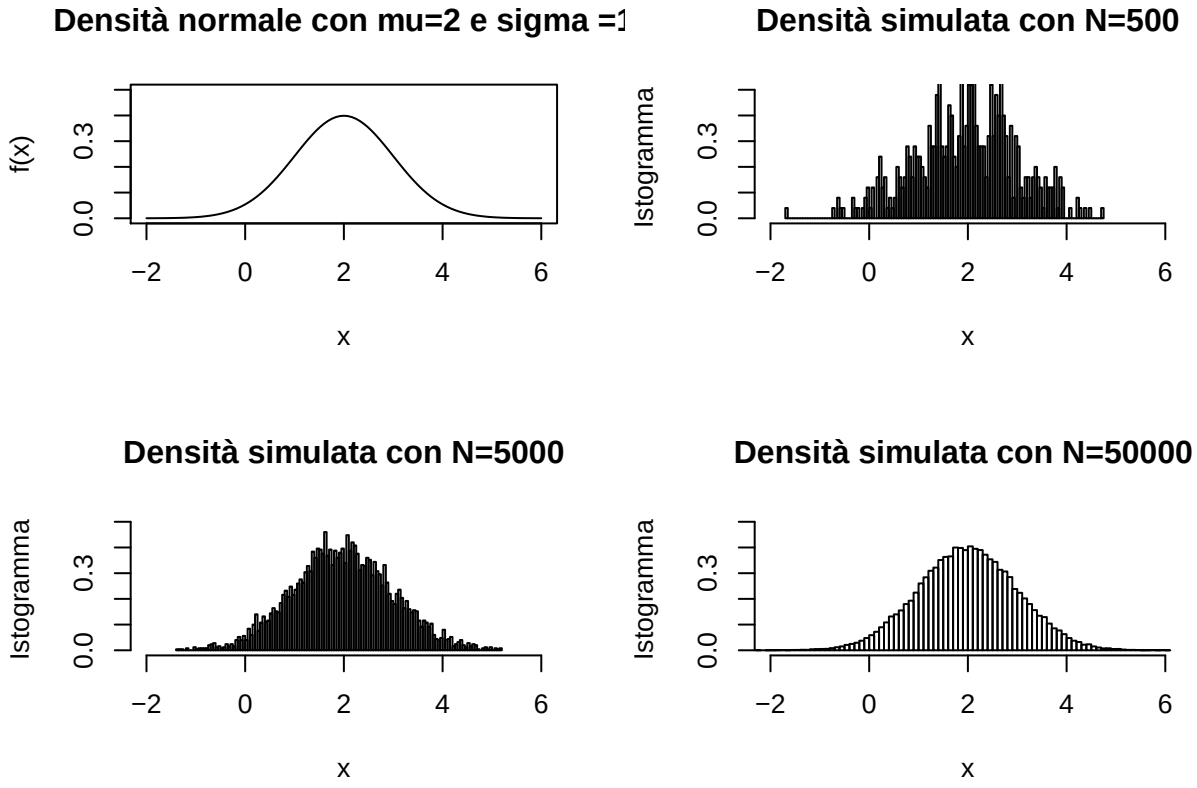
Abbiamo dunque introdotto tutte le caratteristiche principali della distribuzione normale, vediamo dunque come simulare in R la variabile aleatoria e iniziamo l'analisi del campione fornitoci da R.

2.5 Simulare la variabile in R

Vediamo dunque come è possibile simulare in R una variabile normale attraverso la funzione rnorm():

```
rnorm(N, mean = mu , sd = sigma )
```

È interessante confrontare la normale teorica con la densità simulata e dataci in output da R vedendo come si comporta l'istogramma del campione.
Il seguente grafico riporta dunque la normale teorica con $\mu = 2$ e $\sigma = 1$ con valore di $n = 500, 5000, 5000$:



Notiamo come aumentando la sequenza in output, l'istogramma delle frequenze relative si avvicina sempre maggiormente alla curva teorica.

Possiamo quindi iniziare la nostra effettiva analisi facendoci generare da R un campione descritto da densità normale:

```
campione <- rnorm(10000,mean = 1000 , sd = 1.5)
```

Nella seguente tabella schematizziamo i valori ottenuti di media, varianza e deviazione standard sul campione ricavato:

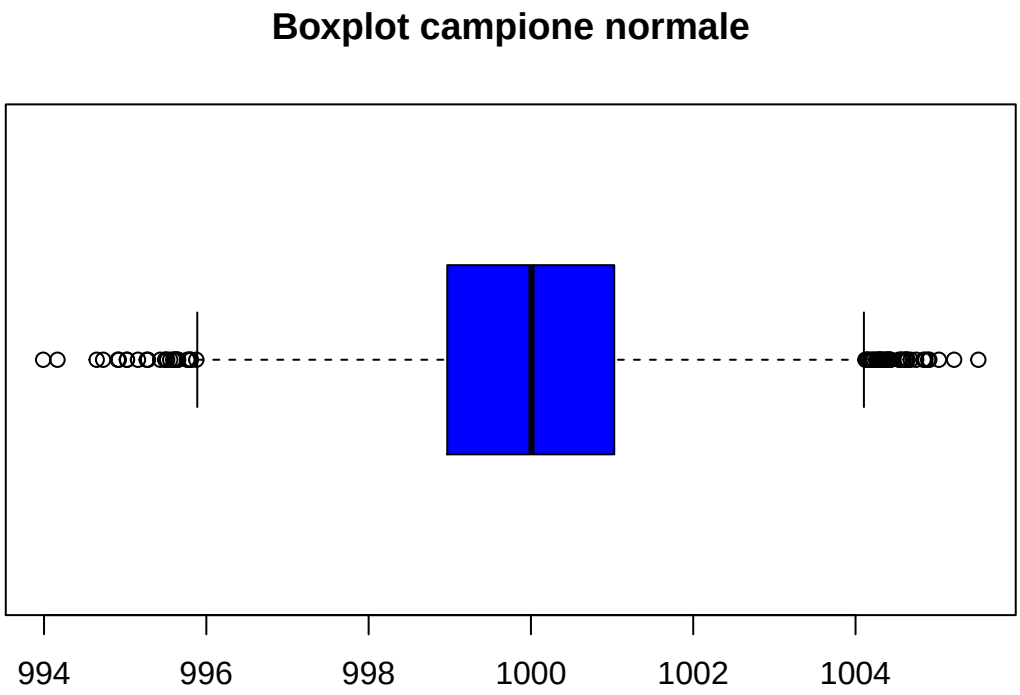
Indici di sintesi del campione	
Media	1000.0008
Varianza	2.2903
Deviazione Standard	1.5134

Vediamo dunque i quantili del nostro campione e il boxplot relativo per avere un'idea di come è stato generato e di come sono distribuiti i valori.

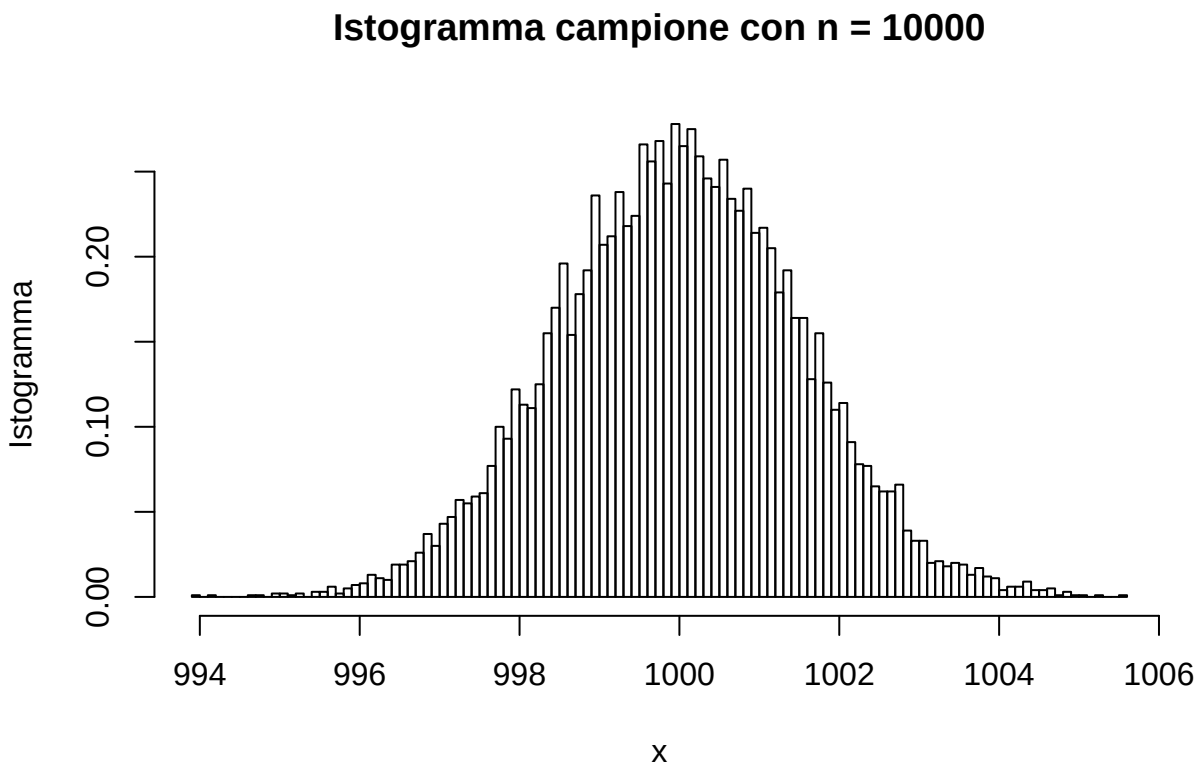
Di seguito i **quantili** del campione:

```
##        0%       25%       50%       75%      100%
##  993.9893  998.9688 1000.0071 1001.0266 1005.5132
```

Il seguente invece è il **boxplot** ricavato dal campione:



Osservando il boxplot vediamo come il campione sembra centrato intorno al valore medio 1000 e la distribuzione sembra **simmetrica**, verifichiamolo tramite l'**istogramma** del campione:



Vediamo come la forma è molto simile alla curva a campana che descrive la funzione di densità normale teorica (è stato scelto un n molto grande).

Dopo questa panoramica iniziale del campione, possiamo dunque iniziare a trattare della stima dei parametri.

3 Stima puntuale

3.1 Stimatori

Quando parliamo di stime puntuali quello che vogliamo fare è ottenere **informazioni su un parametro non noto della popolazione** effettuando su un campione estratto da quest'ultima delle opportune misure.

Introduciamo quindi gli **stimatori**.
Quando parliamo di uno stimatore intendo una **funzione che associa ad ogni possibile campione un valore del parametro che si vuole stimare**.
Abbiamo dunque una variabile casuale funzione del campione che assume valore tra i possibili valori del parametro che si vuole stimare.

Nell'inferenza statistica si fa uso degli stimatori, detti anche **statistiche**, per ricavare da un campione di n osservazioni un valore per un **parametro non noto della funzione di distribuzione statistica**.

Vediamo la definizione formale di **stimatore**:
Uno stimatore $\hat{\Theta} = t(X_1, X_2, ..., X_n)$ è una **funzione misurabile e osservabile** del campione $(X_1, X_2, ..., X_n)$ i cui valori sono usati per stimare un parametro non noto ϑ della popolazione.
I valori $\hat{\vartheta}$ assunti dallo stimatore sono dette stime del parametro ϑ.

Tra gli stimatori tipici ci sono **media campionaria** e **varianza campionaria**.

Vediamo la seguente proposizione:
Sia $(X_1, X_2, ..., X_n)$ un campione casuale estratto da una popolazione descritta da una variabile aleatoria osservabile X caratterizzata da valore medio $E(X) = \mu$ finito e varianza $Var(x) = \sigma^2$ finita.
Risulta:

$$E(\overline{X}) = \mu, \qquad Var(\overline{X}) = \frac{\sigma^2}{n}$$

Per la proprietà di linearità del valore medio e l'identica distribuzione delle variabili aleatorie che costituiscono il campione, dalla proposizione si ha:

$$E(\overline{X}) = E\left[\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i\right] = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} E(X_i) = \mu$$

e anche:

$$Var(\overline{X}) = Var\left[\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i\right] = \frac{1}{n^2}\sum_{i=1}^{n} Var(X_i) = \frac{1}{n^2} n Var(X) = \frac{\sigma^2}{n}$$

Questo significa che tanto più è **numeroso** il campione, **migliore è la stima** del valore medio della popolazione.
Invece ricordandoci il teorema centrale di convergenza sappiamo che se n è sufficientemente grande la funzione di distribuzione della media campionaria X è approssimativamente normale con valore medio μ e varianza $\frac{\sigma^2}{n}$.

3.2 Metodi di ricerca di stimatori

I principali metodi di stima puntuale dei parametri sono il **metodo dei momenti** e il **metodo della massima verosimiglianza**

3.2.1 Metodo dei momenti

Per descrivere il metodo bisogna introdurre il concetto di **momento campionario**.

Si definisce momento campionario r-esimo relativo ai valori osservati $(x_1, x_2, ..., x_n)$ del campione casuale il valore:

$$M_r(x_1, x_2, ..., x_n) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i^r \qquad (r = 1, 2, 3, ...)$$

si tratta dunque della media aritmetica delle potenze r-esime delle n osservazioni effettuate sulla popolazione. Se $r = 1$ otteniamo la media campionaria.

Il metodo dei momenti prevede nell'**uguagliare i primi k momenti della popolazione con i corrispondenti momenti del campione casuale**.
Bisogna cioè risolvere il sistema di k equazioni:

$$E(X^r) = M_r(x_1, x_2, ..., x_n) \qquad (r = 1, 2, 3, ..., k)$$

La stima dipende dal campione osservato.

Vediamo dunque l'applicazione del metodo su una popolazione normale.
Quello che vogliamo è stimare i parametri μ e σ^2.

Ricordando che $\sigma^2 = E[x_i^2] - (E[x_i])^2$, il momento di ordine 2 $E[x_i^2] = \sigma^2 + (E[x_i])^2 = \sigma^2 + \mu^2$.

Quindi avremo:

$$\hat{\mu} = \frac{x_1 + x_2 + ... + x_n}{n}; \qquad \hat{\sigma}^2 + \hat{\mu}^2 = \frac{(x_1 + x_2 + ... + x_n)^2}{n}$$

Dalla seconda equazione si ricava:

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{(x_1 + x_2 + ... + x_n)^2}{n} - \frac{(x_1 + x_2 + ... + x_n)^2}{n^2} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \overline{x})^2$$

Quindi per μ lo stimatore è la media campionaria, mentre per σ la variabile aleatoria $\frac{(n-1)}{n}S^2$

Consideriamo dunque il nostro campione e stimiamo i parametri in R:

```
stimaMediaMomenti <-mean(campione)
stimaMediaMomenti
```

```
## [1] 1000.001
```

```
stimaVarianzaMomenti <-(length (campione) -1)*var(campione)/length (campione)
stimaVarianzaMomenti
```

```
## [1] 2.290107
```

Abbiamo ottenuto quindi le stime per $\hat{\mu}$ e per $\hat{\sigma}^2$.

3.2.2 Metodo della massima verosimiglianza

Il metodo della massima verosimiglianza di solito è preferito a quello dei metodi, ed è infatti considerato il metodo migliore per la stima dei parametri non noti.
Dobbiamo introdurre il concetto di **funzione di verosimiglianza** per descriverlo:
Sia $(X_1, X_2, ..., X_n)$ un campione casuale estratto dalla popolazione.
La funzione di verosimiglianza $L(\vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k) = L(\vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k; x_1, x_2, ..., x_n)$ è la **funzione di probabilità (densità nel caso continuo) congiunta del campione casuale** $(X_1, X_2, ..., X_n)$, cioè:

$$L(\vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k) = f(x_1; \vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k) f(x_2; \vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k) ... f(x_n; \vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k)$$

Il metodo consiste nel **massimizzare questa funzione** rispetto ai parametri $\vartheta 1, \vartheta 2, ..., \vartheta k$: si cerca di determinare da quale funzione di probabilità (densità) congiunta è più **verosimile** (per questo verosimiglianza) che provenga il campione osservato.
Si cercano i vari ϑ_i in modo tale che spieghino meglio il campione osservato.

I valori stimati, indicati con $\hat{\vartheta}_i$ sono detti **stime di massima verosimiglianza**.
Anche in questo caso le stime dipendono dal campione.

Vediamo per stimare i parametri di una popolazione normale cosa dobbiamo fare.

La funzione di densità della normale è la seguente:

$$f_X(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} exp\left\{ -\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2} \right\}, \qquad x \in R \quad (\mu \in R, \sigma > 0)$$

Abbiamo dunque:

$$L(\mu, \sigma^2) = (\frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}})^2 \; exp\left\{ -\sum_{i=1}^{n} \frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2} \right\}$$

Dai calcoli si ricavano rispettivamente $\hat{\mu}$ lo stimatore è $\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$, mentre per $\hat{\sigma}^2$ lo stimatore è $\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \hat{\mu})^2$.
Quindi per μ lo stimatore è la media campionaria, mentre per σ la variabile aleatoria $\frac{(n-1)}{n}S^2$: entrambi gli stimatori coincidono con quelli calcolati col metodo dei momenti.

3.3 Proprietà degli stimatori

Dato che per stimare un parametro di una popolazione ci possono essere diversi stimatori, sono definite alcune proprietà.

Gli stimatori sono quindi classificati in:

- corretto
- più efficiente
- corretto e con varianza uniforme minima
- asintoticamente corretto
- consistente

Uno stimatore si dice corretto se il **valore medio dello stimatore è uguale al corrispondente parametro** non noto della popolazione.
Bisogna dire che ci possono essere **più stimatori corretti**, quindi qualche volta va considerato quale conviene: ci sono dei criteri che permettano di confrontare stimatori dello stesso parametro. Ad esempio viene usata la ricerca dello stimatore con **errore quadratico uniformemente minimo** per la classe degli stimatori corretti.

Riguardo la popolazione normale ricaviamo che la media campionaria è uno **stimatore corretto** del parametro μ di una popolazione normale con varianza minima, mentre lo stimatore $\frac{(n-1)}{n}S^2$ della varianza σ^2 individuato sia con il metodo dei momenti che con il metodo della massima verosimiglianza, risulta **asintoticamente corretto**: il valore medio dello stimatore con n grande tende al corrispondente parametro non noto della popolazione. Inoltre entrambi gli stimatori sono **consistenti**.

4 Stima intervallare

4.1 Introduzione

Anziché determinare un singolo valore per un parametro non noto come si fa nel caso delle stime puntuali, spesso si preferisce trovare un **intervallo di valori** nel quale il parametro non noto sia compreso in modo tale che questo intervallo abbia un **buon coefficiente di confidenza**.

Diamo dunque una definizione di **intervallo di confidenza**: Fissato un coefficiente di confidenza $1-\alpha$ $(0<\alpha<1)$ se è possibile scegliere due statistiche $\underline{C}_n$ e $\overline{C}_n$ in modo tale che:

$$P(\underline{C}_n < \vartheta < \overline{C}_n) = 1-\alpha$$

allora $(\underline{C}_n, \overline{C}_n)$ è un **intervallo di confidenza** di grado $1-\alpha$ per il parametro ϑ.
Le statistiche $(\underline{C}_n, \overline{C}_n)$ sono dette **limite inferiore e superiore** dell'intervallo di confidenza.

L'intervallo ottenuto è detto **stima dell'intervallo di confidenza**, e i punti forniti dalle statistiche sono detti rispettivamente **stima del limite inferiore** e **stima del limite superiore dell'intervallo di confidenza**.

Dato che gli intervalli di confidenza di grado $1-\alpha$ possono essere più di uno, di solito si sceglie l'intervallo, fissato il grado di confidenza, che abbia la **lunghezza assoluta o media più piccola possibile** (restringiamo l'intervallo il più possibile).

Va detto che ovviamente la **stima puntuale deve cadere nell'intervallo**.

4.2 Metodo pivotale

Il metodo prevede la determinazione di una variabile aleatoria di pivot $\gamma(X_1, X_2, ..., X_2; \vartheta)$ che **dipende dal campione casuale estratto** e **dal parametro non noto** ϑ e la cui funzione di distribuzione non contiene il parametro che si vuole stimare.
Si noti che la variabile aleatoria definita non è osservabile in quanto dipende dal parametro non noto ϑ, quindi **non è statistica**.

Vediamo dunque nel dettaglio in cosa consiste il metodo: Per ogni coefficiente α, siano α_1 e α_2, con $\alpha_1 < \alpha_2$, due valori dipendenti soltanto dal coefficiente fissato α tali che per qualunque parametro non noto ϑ si abbia:

$$P(\alpha_1 < \gamma(X_1, X_2, ..., X_n; \vartheta) < \alpha_2) = 1-\alpha$$

Se per ogni campione $(X_1, X_2, ..., X_n)$ e per ogni ϑ e qualunque campione si riesce a dimostrare:

$$\alpha_1 < \gamma(x; \vartheta) < \alpha_2 \iff g_1(x) < \vartheta < g_2(x)$$

con $g_1(x)$ e $g_2(x)$ dipendenti soltanto dal campione osservato allora la probabilità precedente è esprimibile come:

$$P(g_1(X_1, X_2, ..., X_n) < \vartheta < g_2(X_1, X_2, ..., X_n)) = 1-\alpha$$

Denotiamo $\underline{C}_n = g_1(X_1, X_2, ..., X_n)$ e $\overline{C}_n = g_2(X_1, X_2, ..., X_n)$, allora $(\underline{C}_n, \overline{C}_n)$ è un intervallo di confidenza di grado $1 - \alpha$ per ϑ.

Analizziamo quindi di seguito diversi problemi relativi a un campione normale.

1. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1 - \alpha$ per il valore medio μ nel caso in cui la varianza σ^2 della popolazione normale è nota
   Intervallo di confidenza per μ con σ^2 nota

Abbiamo visto che $E(\overline{X}_n = \mu)$ e $Var(\overline{X}_n) = \frac{\sigma^2}{n}$.

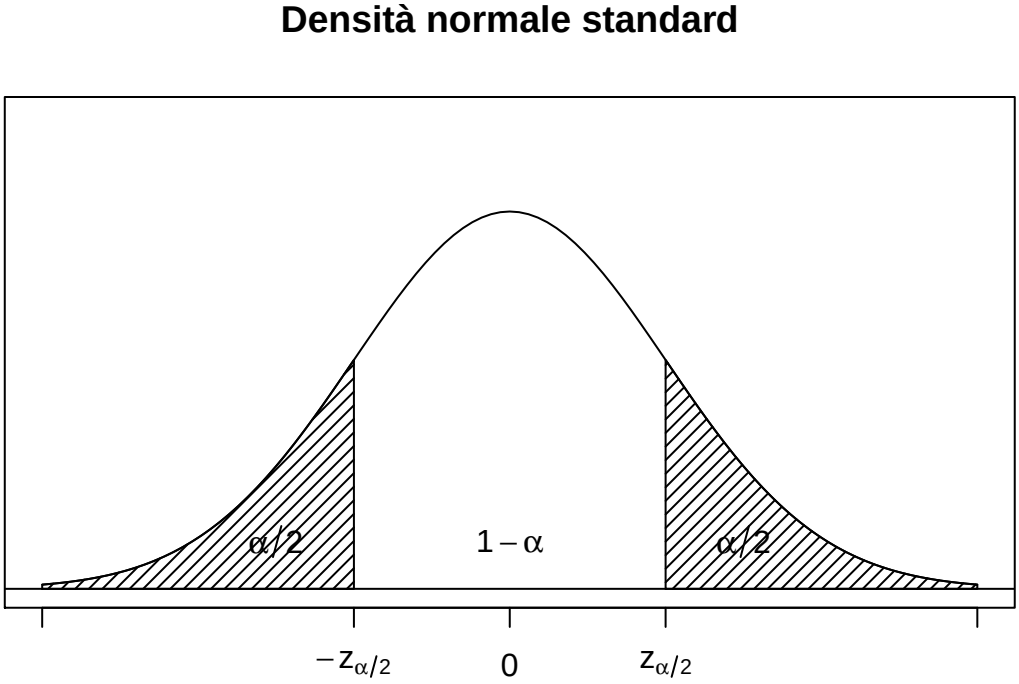
Vogliamo determinare un intervallo di confidenza $\alpha - 1$ per il parametro μ avendo nota la varianza.
Usiamo il metodo pivotale e consideriamo la variabile aleatoria standardizzata

$$Z_n = \frac{\overline{X}_n - \mu}{\sigma/\sqrt{n}}$$

Questa variabile è una normale standard che dipende dal campione e dal parametro non noto, quindi posso applicare il metodo pivotale.
Dato che la distribuzione è normale, sappiamo che la curva è simmetrica quindi ci conviene scegliere $\alpha_1 = -\alpha_2$. Scegliamo quindi $\alpha_1 = -z_{\alpha/2}$ e $\alpha_2 = z_{\alpha/2}$ in modo che

$$P(Z_n < -z_{\alpha/2}) = P(Z_n < -z_{\alpha/2}) = \frac{\alpha}{2}$$

Abbiamo dunque che $P(-z_{\alpha/2} < Z_n < z_{\alpha/2}) = 1 - \alpha)$.
Graficamente quanto detto si traduce nel seguente modo:



Una stima dell'intervallo di confidenza $1-\alpha$ per il valore medio μ è:

$$\overline{x}_n - z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \mu < \overline{x}_n + z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e supponiamo che la varianza nota sia $\sigma^2 = 2.25$ e quindi $\sigma = 1.5$, stimiamo il parametro con l'intervallo di confidenza che abbiamo trovato:

```
alpha <-1 - 0.95

deviazioneStandard <- 1.5
n<-length (campione)
#stima del limite inferiore
mean(campione)-qnorm (1- alpha /2,mean=0,sd =1)*deviazioneStandard/sqrt(n)
```

```
## [1] 999.9714
```

```
#stima del limite superiore
mean(campione)+qnorm (1- alpha /2,mean=0,sd =1)*deviazioneStandard/sqrt(n)
```

```
## [1] 1000.03
```

Consideriamo ora lo stesso problema ma con varianza non nota:

2. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1-\alpha$ per il valore medio μ nel caso in cui la varianza della popolazione normale è non nota
   Intervallo di confidenza per μ con σ^2 non nota

Dato che non sappiamo quanto vale la varianza, quello che facciamo è usare una variabile aleatoria uguale alla precedente ma che al posto della varianza della popolazione presenta la varianza campionaria:

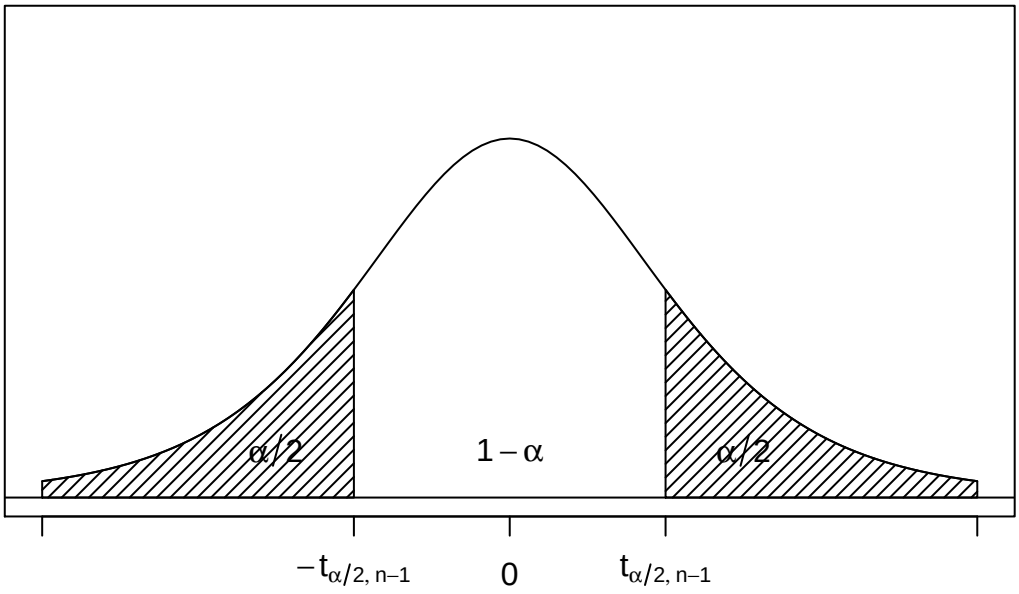
$$T_n = \frac{\overline{X}_n - \mu}{S_n/\sqrt{n}}$$

Anche in questo caso la variabile dipende dal campione e dal parametro non noto, quindi può essere interpretata come una variabile aleatoria di pivot. Si dimostra che questa variabile è distribuita con legge di Student con n-1 gradi di libertà.

Scegliamo $\alpha_1 = -t_{\alpha/2,n-1}$ e $\alpha_2 = t_{\alpha/2,n-1}$ si ha:

$$P(-t_{\alpha/2,n-1} < T_n < t_{\alpha/2,n-1}) = 1-\alpha)$$

Graficamente quanto detto si traduce nel seguente modo:



Una stima dell'intervallo di confidenza $1-\alpha$ per il valore medio μ è:

$$\overline{x}_n - t_{\alpha/2,n-1}\frac{s_n}{\sqrt{n}} < \mu < \overline{x}_n + t_{\alpha/2,n-1}\frac{s_n}{\sqrt{n}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e stimiamo il parametro con l'intervallo di confidenza che abbiamo trovato:

```
alpha <-1 - 0.95

deviazioneStandard <- sd(campione)
deviazioneStandard
```

```
## [1] 1.513386
```

```
n<-length (campione)
#stima del limite inferiore
mean(campione)-qt(1- alpha /2,df=n-1)*deviazioneStandard/sqrt(n)
```

```
## [1] 999.9711
```

```
#stima del limite superiore
mean(campione)+qt(1- alpha /2,df=n-1)*deviazioneStandard/sqrt(n)
```

```
## [1] 1000.03
```

3. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1-\alpha$ per la varianza σ^2 nel caso in cui il valore medio μ della popolazione normale è noto
   Intervallo di confidenza per σ^2 con μ noto

Consideriamo la variabile:

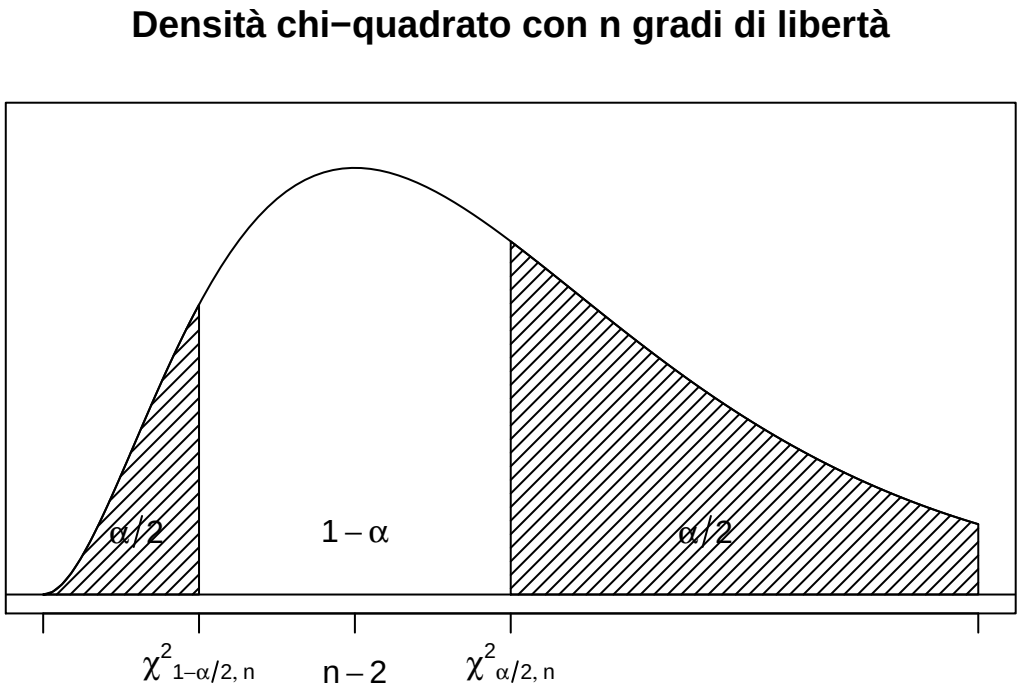
$$V_n = \sum_{i=1}^{n} \left(\frac{X_i - \mu}{\sigma} \right) = \frac{1}{\sigma^2} \sum_{i=1}^{n} \left(X_i - \mu \right)^2$$

Tale variabile dipende dal campione casuale e dal parametro non noto σ^2 ed è distribuita con legge chi–quadrato con n gradi di libertà, essendo costituita dalla somma dei quadrati di n variabili aleatorie normali standard.

Scegliamo $\alpha_1 = \chi^2_{1-\alpha/2,n}$ e $\alpha_2 = \chi^2_{\alpha/2,n}$ si ha:

$$P(\chi^2_{1-\alpha/2,n} < V_n < \chi^2_{\alpha/2,n}) = 1 - \alpha$$

Graficamente quanto detto si traduce nel seguente modo:



Una stima dell'intervallo di confidenza $1 - \alpha$ per σ^2 è:

$$\frac{(n-1)s_n^2 + n(\overline{X}_n - \mu)^2}{\chi^2_{\alpha/2,n}} < \sigma^2 < \frac{(n-1)s_n^2 + n(\overline{X}_n - \mu)^2}{\chi^2_{1-\alpha/2,n}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e supponiamo che la media nota sia $\mu = 1000$, stimiamo il parametro con l'intervallo di confidenza che abbiamo trovato:

```
n <- length (campione)
mu <- 1000
alpha <-1 - 0.95


#stima del limite inferiore
((n-1)*var (campione)+n*(mean(campione)-mu)**2)/qchisq (1- alpha/2,df=n)
```

```
## [1] 2.227932
```

```
#stima del limite superiore
((n-1)*var (campione)+n*(mean(campione)-mu)**2)/qchisq(alpha/2,df=n)
```

```
## [1] 2.354934
```

4. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1-\alpha$ per la varianza σ^2 nel caso in cui il valore medio della popolazione normale è non noto
   Intervallo di confidenza per σ^2 con μ non noto

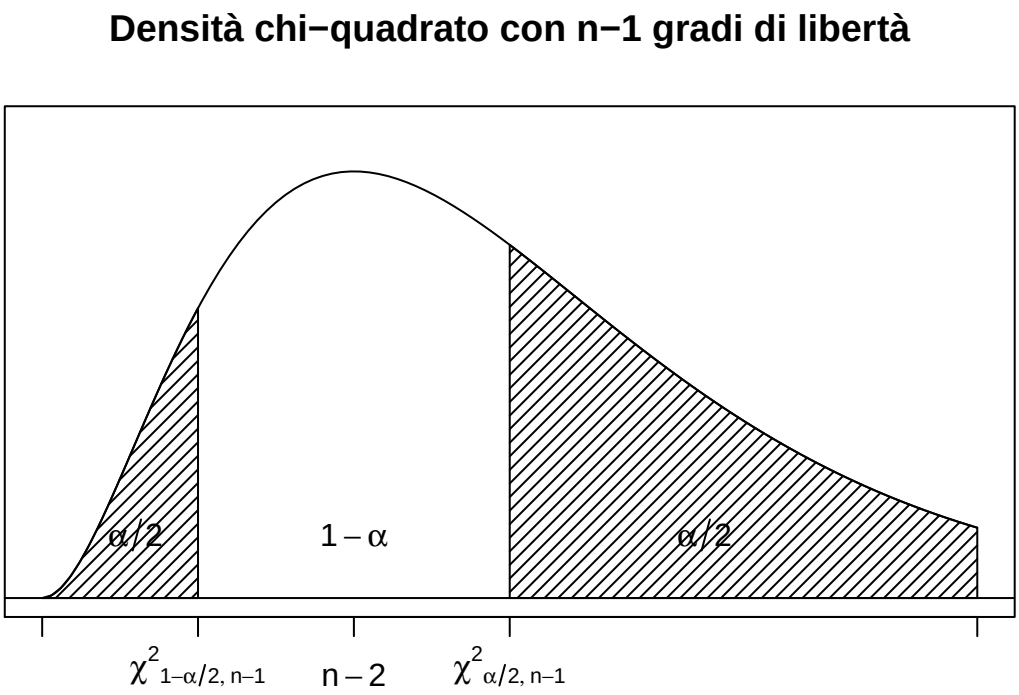
In questo caso non abbiamo la media nota, usiamo dunque la media campionaria. Consideriamo la variabile:

$$Q_n = \frac{(n-1)S_n^2}{\sigma} = \frac{1}{\sigma^2}\sum_{i=1}^{n}(X_i - \overline{X}_n)^2$$

Tale variabile dipende dal campione casuale e dal parametro non noto σ^2 ed è distribuita con legge chi–quadrato con n-1 gradi di libertà. Scegliamo $\alpha_1 = \chi^2_{1-\alpha/2,n-1}$ e $\alpha_2 = \chi^2_{\alpha/2,n-1}$ si ha:

$$P(\chi^2_{1-\alpha/2,n-1} < Q_n < \chi^2_{\alpha/2,n-1}) = 1-\alpha$$

Graficamente quanto detto si traduce nel seguente modo:



Una stima dell'intervallo di confidenza $1-\alpha$ per σ^2 è:

$$\frac{(n-1)s_n^2}{\chi^2_{\alpha/2,n-1}} < \sigma^2 < \frac{(n-1)s_n^2}{\chi^2_{1-\alpha/2,n-1}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e stimiamo il parametro con l'intervallo di confidenza che abbiamo trovato:

```
n <- length (campione)
alpha <-1 - 0.95

(n-1) *var(campione)/qchisq (1- alpha/2,df=n -1)
```

```
## [1] 2.228151
```

```
(n-1) *var(campione)/qchisq (alpha /2,df=n-1)
```

```
## [1] 2.355172
```

4.2.1 Considerazioni sulla stima

Ricordiamo che per quanto riguarda una popolazione normale è possibile fare le stime **qualsiasi sia la numerosità del campione**. Questo infatti è dovuto al fatto che **conosciamo la distribuzione esatta** della variabili pivotali che abbiamo usato: normale, student e chi-quadrato.

Un'altra cosa da sottolineare è che ai fini reali sono interessanti i casi in cui **non abbiamo noto nessuna misura della popolazione**, infatti il secondo e quarto caso sono quelli davvero utilizzati.

4.3 Differenza tra i valori medi

Alcuni problemi richiedono il **confronto tra i valori medi di due popolazioni**, vediamo come costruire dunque degli intervalli di confidenza per la differenza tra i valori medi di due popolazioni normali.

Come operazione preliminare introduciamo un nuovo campione che ci servirà per il confronto:

```
campione2 <- rnorm(9000,mean = 980 , sd = 2)
```

Nella seguente tabella schematizziamo i valori ottenuti di media, varianza e deviazione standard sul campione ricavato:

	Indici di sintesi del campione
Media	*979.9554*
Varianza	*4.0195*
Deviazione Standard	*2.0049*

Di seguito i **quantili** del campione appena creato:

```
##       0%      25%      50%      75%     100%
## 972.6769 978.6039 979.9536 981.2957 987.3168
```

Possiamo dunque ora considerare i problemi veri e propri.

Consideriamo due campioni, $X_1, X_2, ..., X_{n1}$ e $Y_1, Y_2, ..., Y_{n2}$, casuali e indipendenti, di ampiezza n_1 e n_2 estratti rispettivamente da due **popolazioni normali** $N(\mu_1, \sigma_1^2)$ e $N(\mu_2, \sigma_2^2)$.

I problemi che vogliamo affrontare sono i seguenti:

1. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1-\alpha$ per $\mu_1 - \mu_2$ quando entrambe le varianze σ_1^2 e σ_2^2 sono **note**. **Intervalli di confidenza per $\mu_1 - \mu_2$ con σ_1^2 e σ_2^2 note**

Innanzitutto consideriamo le medie campionarie dei due campioni, poiché per ipotesi abbiamo detto che i campioni sono **indipendenti**, $\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2}$ è distribuita normalmente con valore medio $\mu_1 - \mu_2$ e varianze $\frac{\sigma_1^2}{n_1}$ e $\frac{\sigma_2^2}{n_2}$.

Per determinare l'intervallo di confidenza $1-\alpha$ (conoscendo le varianze), consideriamo la **variabile aleatoria di pivot**:

$$Z_n = \frac{\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}}$$

Questa variabile è di pivot:

- Dipende dal parametro non noto
- Dipende dal campione
- È caratterizzata da una densità normale

Ricaviamo dunque che una stima dell'intervallo di confidenza $1-\alpha$ per la differenza tra le medie $\mu_1 - \mu_2$ è:

$$\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} - z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}} < \mu_1 - \mu_2 < \overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} + z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e stimiamo $\mu_1 - \mu_2$ per i due campioni che abbiamo a disposizione sapendo che le varianze note sono $\sigma_1^2 = 2.25$ e $\sigma_2^2 = 4$, mentre la numerosità del primo campione è pari a 10000, mentre quella del secondo 9000.
Procediamo con la stima:

```
alpha <-1 -0.95

n1 <- length(campione)
n2 <- length(campione2)

m1 <- mean(campione)
m2 <- mean(campione2)

sigma1 <- 2.25
sigma2 <- 4
```

```
#stima del limite inferiore
m1-m2 -qnorm (1- alpha/2,mean=0, sd=1)*sqrt(sigma1 ^2/n1+sigma2 ^2/n2)
```

```
## [1] 19.95171
```

```
#stima del limite superiore
m1-m2+qnorm (1- alpha/2,mean=0, sd=1)*sqrt(sigma1 ^2/n1+sigma2 ^2/n2)
```

```
## [1] 20.13905
```

Passiamo ora al problema successivo.

2. Determinare un intervallo di confidenza di grado $1-\alpha$ per $\mu_1 - \mu_2$ quando entrambe le varianze σ_1^2 e σ_2^2 **non sono note** per campioni numerosi estratti dalla popolazione. **Intervalli di confidenza per $\mu_1 - \mu_2$ con σ_1^2 e σ_2^2 non note**

Consideriamo ora il caso in cui non abbiamo nessun parametro noto (**caso reale**).
Abbiamo visto in precedenza che le varianze campionarie S_{n1}^2 e S_{n2}^2 sono stimatori di σ_1^2 e σ_2^2 quando le ampiezze dei campioni sono abbastanza grandi. Possiamo quindi considerare la variabile aleatoria ricavata dal caso precedente:

$$\frac{\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} - (\mu_1 - \mu_2)}{\sqrt{\frac{S_{n1}^2}{n_1} + \frac{S_{n2}^2}{n_2}}}$$

Ovviamente anche qui abbiamo una variabile aleatoria pivotale, possiamo dunque applicare il metodo pivotale in **forma approssimata** e ricavare che :

$$P\left(\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} - z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{S_{n1}^2}{n_1} + \frac{S_{n2}^2}{n_2}} < \mu_1 - \mu_2 < \overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} + z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{S_{n1}^2}{n_1} + \frac{S_{n2}^2}{n_2}}\right) \simeq 1 - \alpha$$

Ricaviamo dunque che una stima dell'intervallo di confidenza $1-\alpha$ per la differenza tra le medie $\mu_1 - \mu_2$ è:

$$\overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} - z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{S_{n1}^2}{n_1} + \frac{S_{n2}^2}{n_2}} < \mu_1 - \mu_2 < \overline{X}_{n1} - \overline{Y}_{n2} + z_{\alpha/2}\sqrt{\frac{S_{n1}^2}{n_1} + \frac{S_{n2}^2}{n_2}}$$

Poniamo $\alpha = 0.05$ e stimiamo $\mu_1 - \mu_2$ per i due campioni che abbiamo a disposizione sapendo che le varianze note sono $\sigma_1^2 = 2.25$ e $\sigma_2^2 = 4$, mentre la numerosità del primo campione è pari a 10000, mentre quella del secondo 9000.
Procediamo con la stima:

```
alpha <-1 -0.99

n1 <- length(campione)
n2 <- length(campione2)
```

```
m1 <- mean(campione)
m2 <- mean(campione2)


s1 <- sd(campione)
s2 <- sd(campione2)

#stima del limite inferiore
m1-m2 -qnorm (1- alpha/2,mean=0, sd=1)*sqrt(s1^2/n1+s2^2/n2)
```

```
## [1] 19.97843
```

```
#stima del limite superiore
m1-m2+qnorm (1- alpha/2,mean=0, sd=1)*sqrt(s1^2/n1+s2^2/n2)
```

```
## [1] 20.11234
```

Quindi per stimare la differenza tra le medie su una popolazione normale questi sono i metodi, ricordiamo che la **numerosità** dei campioni è importante nel secondo caso in quanto la varianza campionaria è asintoticamente corretta.

5 Verifica delle ipotesi con R

5.1 Introduzione

Definiamo innanzitutto il concetto di **ipotesi statistica**: Un'ipotesi statistica è un'affermazione o una congettura su un parametro non noto ϑ.
Se l'ipotesi statistica specifica completamente $f(x;\vartheta)$ è detta **ipotesi semplice**, altrimenti è chiamata **ipotesi composta** (se si specifica o meno completamente la legge della popolazione).

L'ipotesi che si vuole verificare è denotata con H_0 e viene chiamata **ipotesi nulla**.
Il procedimento con il quale decidiamo, sulla base del campione, se accertare o meno H_0 si chiama **test di ipotesi**. Il test prevede che venga specificata un'ipotesi alternativa a quella sotto verifica, definita appunto **ipotesi alternativa**, ed è indicata con H_1.

Il problema consiste dunque nell'individuare un test capace di suddividere l'insieme dei possibili campioni in due sottoinsiemi che rappresentano la **regione di accettazione** e la **regione di rifiuto** dell'ipotesi nulla.
Se l'ipotesi nulla risulta falsa, quella alternativa risulta vera: l'ipotesi H_0 va verificata in alternativa all'ipotesi H_1.

Ci sono ovviamente dei margini di errore di cui tenere conto. La seguente immagine ci aiuta a capire:

	Rifiutare H_0	Accettare H_0
H_0 vera	Errore del I tipo Probabilità α	Decisione esatta Probabilità $1-\alpha$
H_0 falsa	Decisione esatta Probabilità $1-\beta$	Errore del II tipo Probabilità β

Ci sono due possibilità di errore quindi:

- **Rifiutare** l'ipotesi nulla H_0 nel caso in cui tale ipotesi sia **vera**; si dice allora che si commette un errore di **tipo I**, prob α
- **Accettare** l'ipotesi nulla H_0 nel caso in cui tale ipotesi sia **falsa**; si dice allora che si commette un errore di **tipo II**, prob β

Dato che non è possibile rendere piccole entrambe le probabilità (se non in casi banali), la strategia che si usa è quella di fissare una delle due probabilità (α) e minimizzare l'altra.
Fissiamo l'errore più grave che in statistica corrisponde a **rifiutare il vero**.

Fissiamo α e costruiamo un test per minimizzare β.

Solitamente la probabilità di commettere un errore di tipo I si sceglie uguale a 0.05, 0.01, 0.001 ed il test viene rispettivamente detto **statisticamente significativo**, **statisticamente molto significativo** e **statisticamente estremamente significativo**. Infatti, quanto minore è il valore di α tanto **maggiore è la credibilità di un eventuale rifiuto dell'ipotesi nulla**.

I test statistici si dividono in due categorie:

- **Unilaterali** del tipo $\rightarrow H_0 : \vartheta \leq \vartheta_0, \quad H_1 : \vartheta > \vartheta_0$
- **Bilaterali** del tipo $\rightarrow H_0 : \vartheta = \vartheta_0, \quad H_1 : \vartheta \neq \vartheta_0$

Vediamo dunque la verifica delle ipotesi su una popolazione normale usando il nostro campione.

5.2 Popolazione normale

Affrontiamo i seguenti problemi:

5.2.1 Test su μ con varianza σ^2 nota

1. Verifica delle ipotesi sul valore medio μ nel caso in cui la varianza σ^2 della popolazione normale è nota

Verifica delle ipotesi per μ con σ^2 nota

Test bilaterale

Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu = \mu_0, \quad H_1 : \mu \neq \mu_0$$

L'ipotesi nulla è **semplice**, mentre quella alternativa è **composta**.

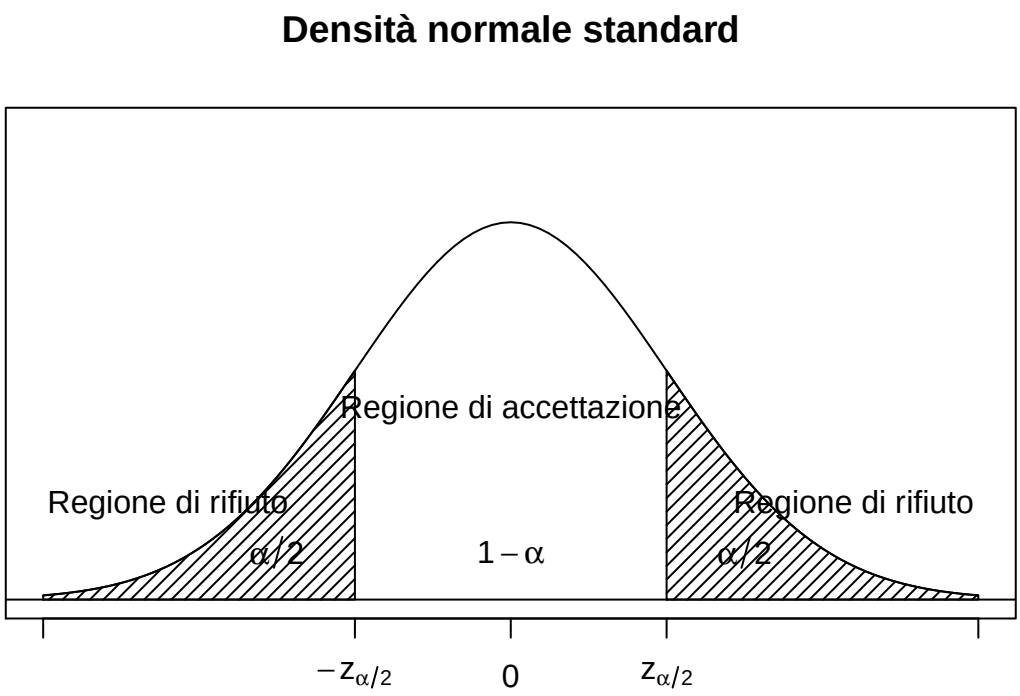
Gioca un ruolo fondamentale la variabile aleatoria:

$$Z_n = \frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}}$$

Il test bilaterale è dunque il seguente:

- si **accetta** H_0 se $-z_{\alpha/2} < \frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} < z_{\alpha/2}$
- si **rifiuta** H_0 se :
  - $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} < -z_{\alpha/2}$
  - $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} > z_{\alpha/2}$

Graficamente è rappresentata la densità normale standard e sono riportate le zone di accettazione e di rifiuto dell'ipotesi nulla per il test bilaterale:



Applichiamo dunque la verifica bilaterale al nostro campione:

```
alpha <- 0.05
mu0 <- 999.94
sigma <- 2.25

#z alpha/2
qnorm (1- alpha /2,mean=0,sd=1)
```

```
## [1] 1.959964
```

```
#-z alpha/2
-qnorm (1- alpha /2,mean=0,sd=1)
```

```
## [1] -1.959964
```

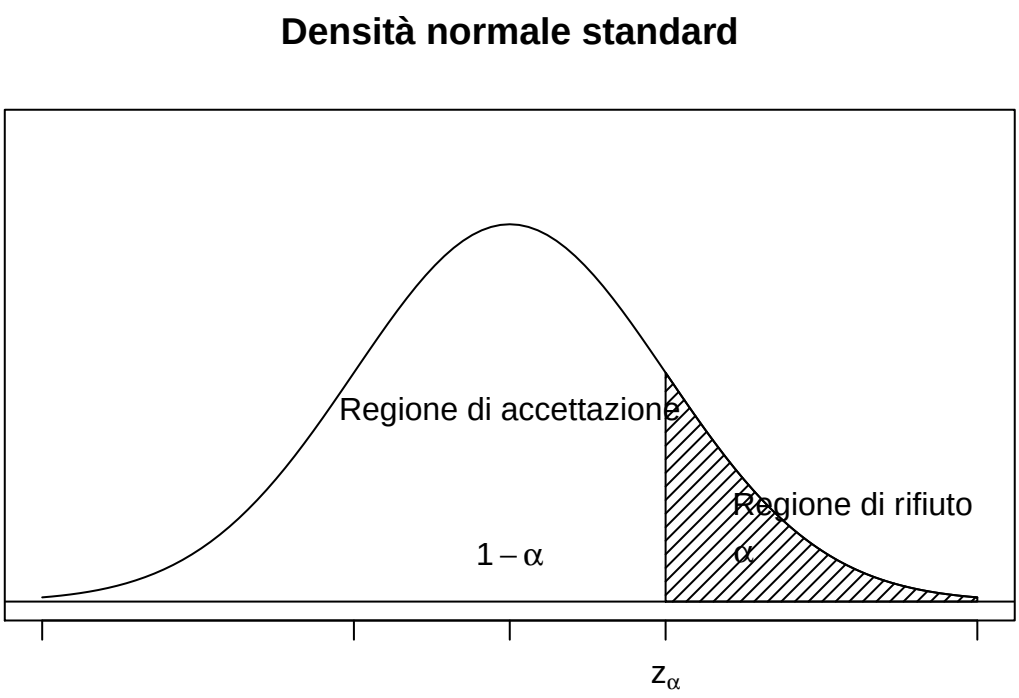
```
n <- length(campione)

meancamp <-mean(campione)
(meancamp -mu0 )/(sigma/sqrt(n))
```

```
## [1] 2.7013
```

Test unilaterale sinistro Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu \leq \mu_0, \quad H_1 : \mu > \mu_0$$

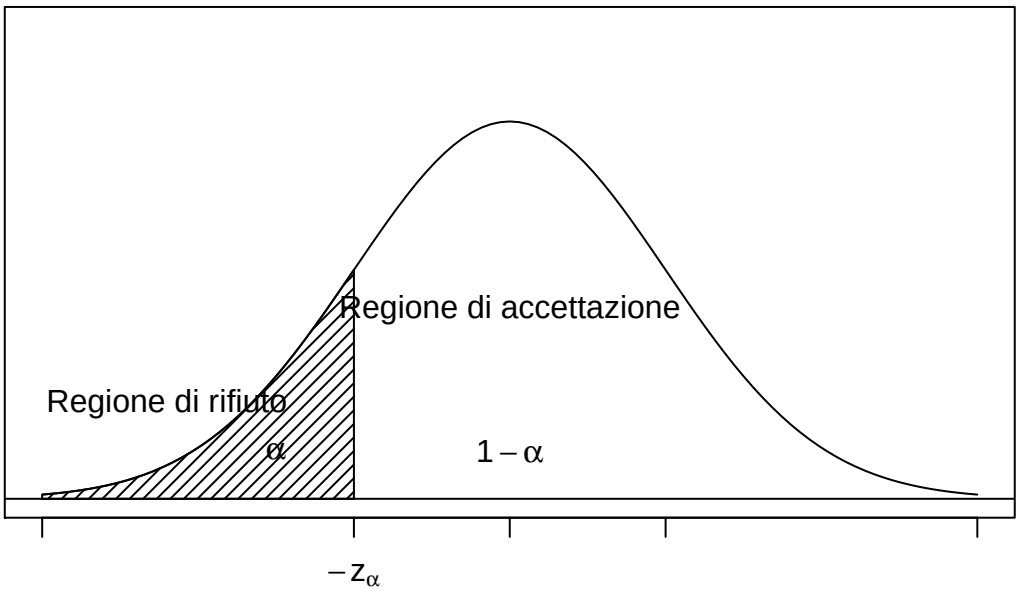
- si **accetta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} < z_\alpha$
- si **rifiuta** H_0 $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} > z_\alpha$



Test unilaterale sinistro Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu \geq \mu_0, \quad H_1 : \mu < \mu_0$$

- si **accetta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} > -z_\alpha$
- si **rifiuta** H_0 $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{\sigma/\sqrt{n}} < -z_\alpha$



5.2.2 Test su μ con varianza σ^2 nota

2. Verifica delle ipotesi sul valore medio μ nel caso in cui la varianza σ^2 della popolazione normale non è nota

Verifica delle ipotesi per μ con σ^2 non nota

Test bilaterale

Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu = \mu_0, \quad H_1 : \mu \neq \mu_0$$

La varianza non è nota quindi **entrambe le ipotesi sono composte**.

In analogia a quanto visto per gli intervalli di confidenza gioca un ruolo fondamentale la variabile aleatoria:

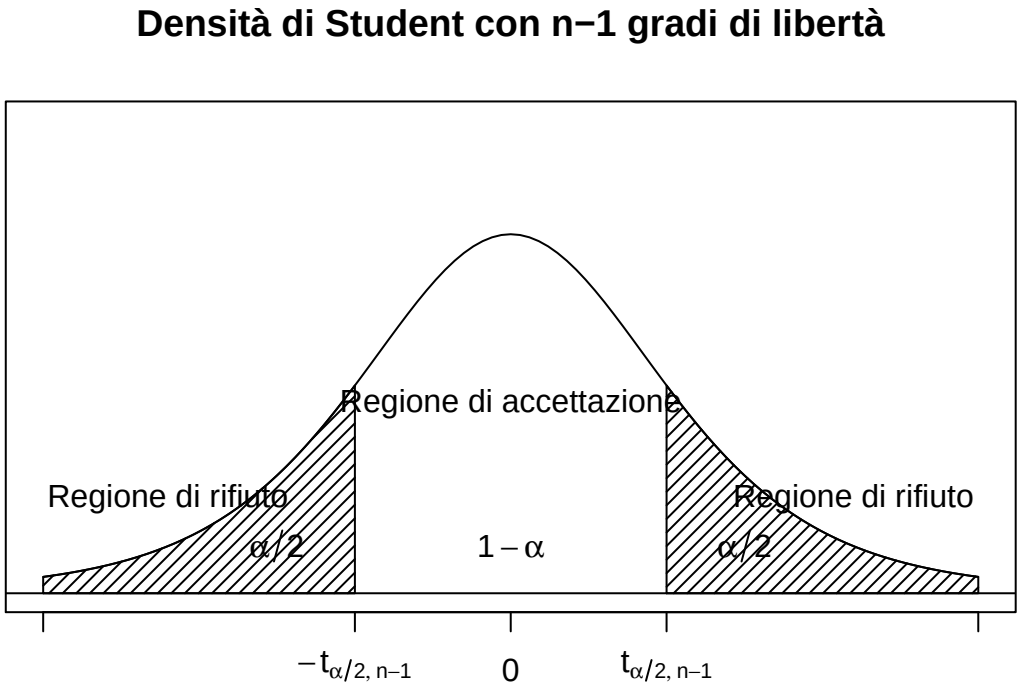
$$T_n = \frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n/\sqrt{n}}$$

distribuita con legge di Student con n-1 gradi di libertà

Il test bilaterale è dunque il seguente:

- si **accetta** H_0 se $-t_{\alpha/2,n-1} < \frac{\overline{X}_n-\mu_0}{S_n/\sqrt{n}} < t_{\alpha/2,n-1}$
- si **rifiuta** H_0 se :
  - $\frac{\overline{X}_n-\mu_0}{S_n/\sqrt{n}} < -t_{\alpha/2,n-1}$
  - $\frac{\overline{X}_n-\mu_0}{S_n/\sqrt{n}} > t_{\alpha/2,n-1}$

Graficamente è rappresentata la densità normale standard e sono riportate le zone di accettazione e di rifiuto dell'ipotesi nulla per il test bilaterale:



Applichiamo dunque la verifica bilaterale al nostro campione:

```
alpha <- 0.03
mu0 <- 999.90
sigma <- 2.25

#z alpha/2
qt(1- alpha/2,df=n-1)
```

```
## [1] 2.1704
```

```
#-z alpha/2
-qt(1- alpha/2,df=n-1)
```

```
## [1] -2.1704
```

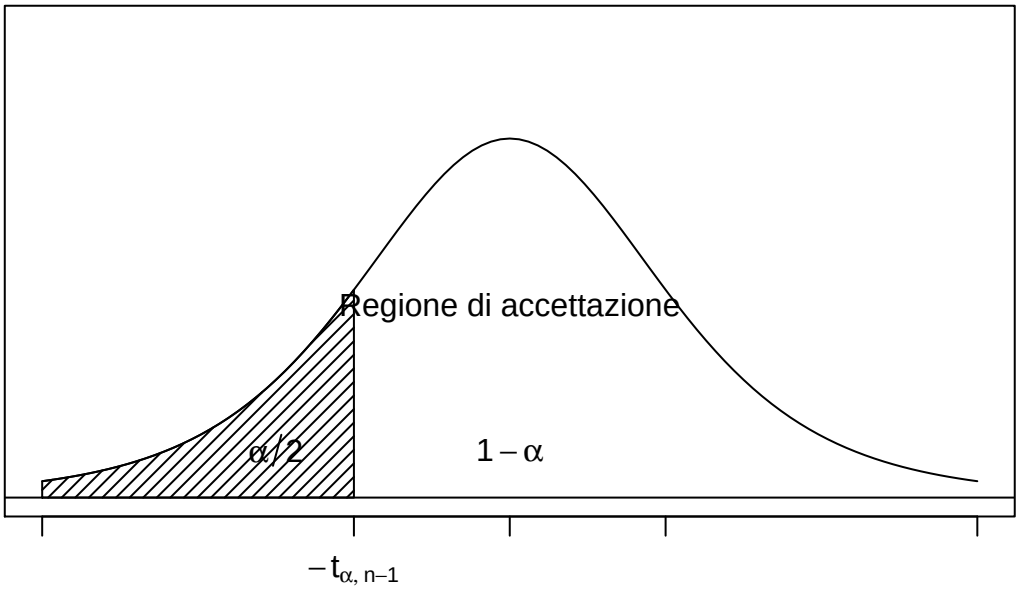
```
n <- length(campione)

meancamp <-mean(campione)
sdCamp <- sd(campione)
(meancamp -mu0)/(sdCamp /sqrt(n))
```

```
## [1] 6.659192
```

Test unilaterale sinistro Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu \leq \mu_0, \quad H_1 : \mu > \mu_0$$

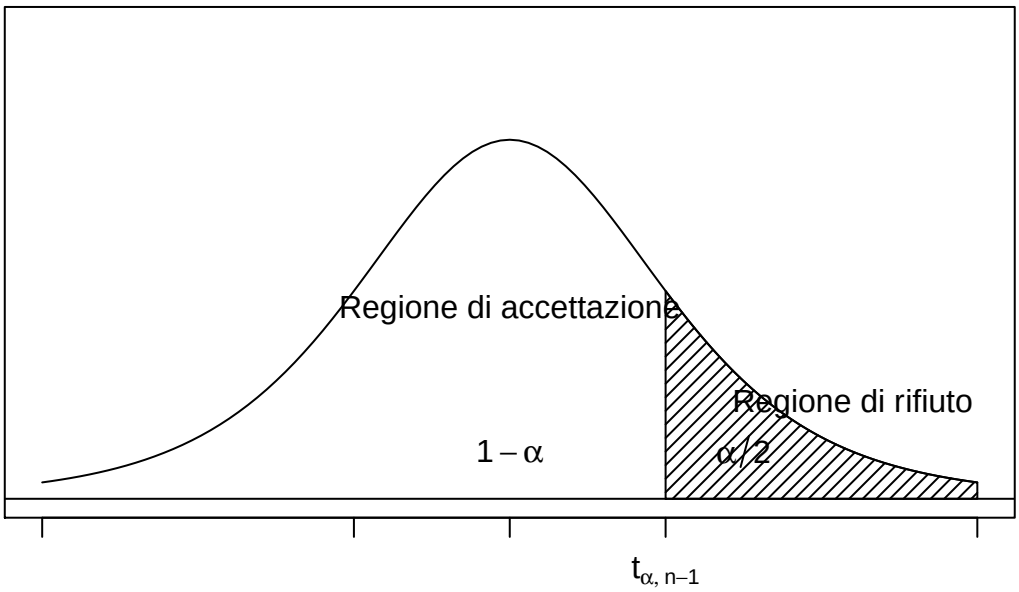
- si **accetta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n/\sqrt{n}} < t_{\alpha/2,n-1}$
- si **rifiuta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n/\sqrt{n}} > t_{\alpha/2,n-1}$



Test unilaterale sinistro Consideriamo le ipotesi:

$$H_0 : \mu \geq \mu_0, \quad H_1 : \mu < \mu_0$$

- si **accetta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n/\sqrt{n}} > -t_{\alpha/2,n-1}$
- si **rifiuta** H_0 se $\frac{\overline{X}_n - \mu_0}{S_n/\sqrt{n}} < -t_{\alpha/2,n-1}$



Se non abbiamo una popolazione normale, si applica il **teorema centrale del limite**

(campioni grandi) e tutto quello fatto per gli intervalli di confidenza va bene anche applicato alla verifica delle ipotesi.

5.3 Criterio chi-quadrato

Il criterio del chi-quadrato ci permette di verificare se un dato campione osservato può essere stato estratto da una popolazione descritta da una variabile aleatoria X con una funzione di distribuzione $F_X(x)$.

Denotiamo con H_0 l'ipotesi nulla soggetta a verifica e con H_1 l'ipotesi alternativa tali che:

- $H_0 : X$ ha una funzione di distribuzione $F_x(x)$ (avendo stimato k parametri non noti in base al campione)
- $H_1 : X$ non ha una funzione di distribuzione $F_x(x)$

Il test chi-quadrato di misura α mira a verificare l'ipotesi nulla, dove α è la probabilità massima di rifiutare l'ipotesi nulla quando essa è vera.

Bisogna determinare un test per determinare la **regione di accettazione** e di **rifiuto** dell'ipotesi nulla.
Suddividiamo dunque l'insieme dei valori che può assumere la variabile aleatoria in r sottoinsiemi, in modo tale che la probabilità p_i rappresenti la probabilità **secondo la distribuzione ipotizzata** che la variabile aleatoria assuma un valore appartenente al sottoinsieme I_i.
Dal campione osserviamo le frequenze assolute $n_1, n_2, ..., n_r$ in cui gli elementi del campione si distribuiscono rispettivamente in $I_1, I_2, ..., I_r$.

Il criterio del chi-quadrato si basa sulla statistica:

$$Q = \sum_{i=1}^{r} \left(\frac{N_i - np_i}{\sqrt{np_i}} \right)^2$$

dove N_i è la variabile aleatoria che descrive il **numero di elementi del campione casuale che cadono nell'intervallo** I_i.

Se la variabile aleatoria X ha una funzione di distribuzione $F_x(x)$ con k parametri non noti, si dimostra che con n sufficientemente grande la funzione di distribuzione della statistica Q è **approssimabile con la funzione di distribuzione chi–quadrato con** $r - k - 1$ **gradi di libertà**.

È importante inoltre che **ogni classe abbia almeno 5 elementi**.

La definizione del test del chi-quadrato bilaterale è la seguente: Per un campione sufficientemente numeroso di ampiezza n, il test chi-quadrato di misura α è il seguente:

- si accetta H_0 se $\chi^2_{1-\alpha/2,r-k-1} < \chi^2 < \chi^2_{\alpha/2,r-k-1}$
- si rifiuta H_0 se
  - $\chi^2 < \chi^2_{1-\alpha/2,r-k-1}$
  - $\chi^2 > \chi^2_{\alpha/2,r-k-1}$

con $\chi^2_{1-\alpha/2,r-k-1}$ soluzione dell'equazione:

$$P(Q < \chi^2_{1-\alpha/2,r-k-1}) = \frac{\alpha}{2}$$

e con $\chi^2_{\alpha/2,r-k-1}$ soluzione dell'equazione:

$$P(Q < \chi^2_{\alpha/2,r-k-1}) = 1 - \frac{\alpha}{2}$$

Vediamo quindi l'esempio per la normale.
Suddividiamo l'insieme in **5 sottoinsiemi**, determiniamo quindi i sottoinsiemi utilizzando i quantili:

```
m <- mean(campione)
d <- sd(campione)

a <- numeric (4)
for(i in 1:4)
a[i]<-qnorm (0.2*i,mean=m,sd=d)
a
```

```
## [1]  998.7271  999.6174 1000.3842 1001.2745
```

Determiniamo dunque il **numero di elementi che cadono in ogni insieme**:

```
r<-5
nint <-numeric (r)
nint [1] <-length (which(campione < a[1]))
nint [2] <-length (which ((campione >= a[1])&(campione <a[2])))
nint [3] <-length (which ((campione >= a[2])&(campione <a[3])))
nint [4] <-length (which ((campione >= a[3])&(campione <a[4])))
nint [5] <-length (which(campione >= a[4]))
nint
```

```
## [1] 2005 1974 2005 2024 1992
```

Calcoliamo dunque χ^2:

```
chi2 <-sum ((( nint -n*0.2)/sqrt(n*0.2))^2)
chi2
```

```
## [1] 0.683
```

Per la distribuzione normale abbiamo due parametri non noti e quindi $k = 2$. Quindi la statistica Q è approssimabile con la funzione di distribuzione chi-quadrato con $r - k - 1 = 2$ gradi di libertà. Usiamo $\alpha = 0.05$:

```
k<-2
alpha <-0.05
qchisq (alpha/2,df=r-k -1)
```

```
## [1] 0.05063562
```

```
qchisq (1- alpha /2,df=r-k-1)
```

```
## [1] 7.377759
```

Quindi essendo compresa l'ipotesi H_0 di popolazione normale può essere **accettata**.