Rozdział 3

Wnioskowanie statystyczne

3.1 Populacja, próbka, parametry rozkładu i estymatory

W *populacji*, cecha X ma rozkład F. Nieznana liczba θ jest *parametrem* tego rozkładu (pewną charakterystyką liczbową). *Próbka*: $X_1, \ldots, X_n$ – wartości cechy X dla n elementów wylosowanych z populacji. Jeśli losujemy *ze zwracaniem* lub jeśli populacja jest duża, to $X_1, \ldots, X_n$ są *niezależnymi* zmiennymi losowymi o rozkładzie F. *Estymator* parametru θ jest to wielkość obliczona na podstawie próbki,

$$\hat{\theta} = \hat{\theta}(X_1, \ldots, X_n),$$

która jest dostępnym oszacowaniem (przybliżeniem) nieznanej liczby θ.

- <u>**Cecha X jakościowa, o wartościach** $0, 1$ (tak,nie).</u>

Parametr p – frakcja (procent) *populacji*, w której cecha ma wartość 1. Inaczej: p – frakcja elementów wyróżnionych w populacji, czyli ,,wskaźnik struktury":

$$p = \mathbb{P}(X = 1).$$

Estymator:

$$\hat{p} = \frac{K}{n},$$

gdzie K oznacza liczbę elementów wyróżnionych w *próbce* (liczbę jedynek w ciągu $X_1, \ldots, X_n$).

- **Cecha X jakościowa, o k wartościach $w_1, \dots, w_k$.**

Parametry – $p_1, \dots, p_k$, gdzie p_i – frakcja *populacji*, w krórej cecha X ma wartość w_i. Zmienna losowa X ma rozkład prawdopodobieństwa dany tabelką:

wynik	w_1	$\cdots$	w_i	$\cdots$	w_k
prawdopodobieństwo	p_1	$\cdots$	p_i	$\cdots$	p_k

gdzie $p_i = \mathbb{P}(X = w_i)$. Oczywiście, $p_1 + \cdots + p_k = 1$.

Dla *próbki* n-elementowej, budujemy ,,tabelkę powtórzeń”:

wartość cechy X	w_1	$\cdots$	w_i	$\cdots$	w_k
liczba elementów próbki	N_1	$\cdots$	N_i	$\cdots$	N_k

gdzie

$$N_i = \text{ liczba elementów } \textit{próbki}, \text{ dla których cecha } X \text{ ma wartość } w_i.$$

Oczywiście, $N_1 + \cdots + N_k = n$.

- **Cecha X ilościowa (o wartościach liczbowych).**

Parametry (np.): μ – wartość średnia cechy X w *populacji*; σ^2 – wariancja cechy X w *populacji*.

$$\mu = \mathbb{E}(X); \qquad \sigma^2 = \mathrm{Var}(X).$$

Estymatory:

$$\bar{X} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i; \qquad S^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(X_i - \bar{X})^2.$$

3.2 Przedziały ufności

3.2.1 DEFINICJA. Niech θ będzie nieznanym parametrem, $X_1, \dots, X_n$ – obserwowaną próbką. Mówimy, że $[\underline{\theta}, \overline{\theta}]$ jest **przedziałem ufności** dla θ na poziomie $1 - \alpha$, jeśli $\underline{\theta} = \underline{\theta}(X_1, \dots, X_n)$ i $\overline{\theta} = \overline{\theta}(X_1, \dots, X_n)$ oraz

$$\mathbb{P}\left(\underline{\theta} \le \theta \le \overline{\theta}\right) \ge 1 - \alpha.$$

<u>Cecha X ilościowa, ciągła, rozkład normalny.</u>

Zakładamy, że cecha X ma w populacji rozkład $\mathrm{N}(\mu, \sigma^2)$.

- **Przedział ufności dla średniej μ, znana wariancja σ^2.**

$$\left[\bar{X} - \frac{\sigma z}{\sqrt{n}}, \bar{X} + \frac{\sigma z}{\sqrt{n}}\right],$$

inaczej: $\mu = \bar{X} \pm \sigma z/\sqrt{n}$, gdzie $z = \mathrm{z}_{1-\alpha/2}$ – kwantyl rozkładu $\mathrm{N}(0,1)$ (standardowego normalnego).

- **Przedział ufności dla średniej μ, nieznana wariancja σ^2.**

$$\left[\bar{X} - \frac{St}{\sqrt{n}}, \bar{X} + \frac{St}{\sqrt{n}}\right],$$

inaczej: $\mu = \bar{X} \pm St/\sqrt{n}$, gdzie $t = \mathrm{t}_{1-\alpha/2}(n-1)$ – kwantyl rozkładu $\mathrm{t}(n-1)$ (t-Studenta z $n-1$ stopniami swobody).

- **Przedział ufności dla wariancji σ^2.**

$$\left[\frac{(n-1)S^2}{c_2}, \frac{(n-1)S^2}{c_1}\right],$$

gdzie $c_1 = \chi^2_{\alpha/2}(n-1)$, i $c_2 = \chi^2_{1-\alpha/2}(n-1)$ są kwantylami rzędu, odpowiednio, $\alpha/2$ i $1-\alpha/2$ rozkładu chi-kwadrat z $n-1$ stopniami swobody.

<u>Cecha X jakościowa, o wartościach $0,1$ (tak,nie).</u>

- **Przedział ufności dla wskaźnika struktury p.**

$$\left[\hat{p} - \frac{\sqrt{\hat{p}(1-\hat{p})}z}{\sqrt{n}}, \hat{p} + \frac{\sqrt{\hat{p}(1-\hat{p})}z}{\sqrt{n}}\right],$$

inaczej $p = \hat{p} \pm \sqrt{\hat{p}(1-\hat{p})}z/\sqrt{n}$, gdzie $z = \mathrm{z}_{1-\alpha/2}$ – kwantyl rozkładu $\mathrm{N}(0,1)$ (standardowego normalnego).

Uwaga. To jest rozwiązanie przybliżone, które można stosować gdy n jest duże, zaś $\hat{p}$ niezbyt bliskie 0 i 1, powiedzmy: $n\hat{p}(1-\hat{p}) \geq 9$.

3.3 Testy istotności

Hipoteza statystyczna – przypuszczenie na temat rozkładu prawdopodobieństwa, opisującego *populację*.

$$\begin{aligned} \mathrm{H}_0 &: \text{ hipoteza } \textit{zerowa}; \\ \mathrm{H}_1 &: \text{ hipoteza } \textit{alternatywna}. \end{aligned}$$

Test – procedura, która na podstawie danych (próbki $X_1, \ldots, X_n$) prowadzi do decyzji

$$\begin{aligned} \text{albo} &\longrightarrow \text{ odrzucić } \mathrm{H}_0 \text{ (na korzyść } \mathrm{H}_1); \\ \text{albo} &\longrightarrow \text{ nie odrzucać } \mathrm{H}_0. \end{aligned}$$

3.3.1 DEFINICJA. Test jest **na poziomie istotności** α, jeśli

$$\mathbb{P}_{\mathrm{H}_0} (\text{ odrzucamy } \mathrm{H}_0) \leq \alpha.$$

$\mathbb{P}_{\mathrm{H}_0}$ – prawdopodobieństwo obliczone przy założeniu, że H_0 jest *prawdziwa*.

Najczęściej test ma postać:

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0, \text{ jeśli } T > c,$$

gdzie $T = T(X_1, \ldots, X_n)$ jest „statystyką testową" (obliczoną na podstawie próbki), zaś c nazywa się *poziomem krytycznym* testu (zazwyczaj odczytanym z odpowiednich tablic). Test jest na poziomie istotności α, jeśli $\mathbb{P}_{\mathrm{H}_0} (T > c) \leq \alpha$.

Uwaga: Niekiedy odrzucamy H_0, jeśli $T < c$.

<u>***p*-value.**</u>

Przypuśćmy, że obliczona na podstawie danych $X_1 = x_1, \ldots, X_n = x_n$ wartość statystyki testowej jest równa liczbie $t = T(x_1, \ldots, x_n)$. Z tablic rozkładu zmiennej losowej T można odczytać wielkość

$$p = \mathbb{P}_{\mathrm{H}_0}(T > t),$$

którą nazywamy *p-value.* Małe p-value świadczy przeciwko hipotezie zerowej:

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0, \text{ jeśli } p < \alpha,$$

gdzie α jest założonym poziomem istotności.

Typowe zagadnienia, w których używa się testów istotności:

- **Porównanie z ,,normą".** Rozważamy cechę X, która ma w populacji rozkład F. Mamy próbkę $X_1, \dots, X_n$. Testujemy hipotezę, że X ma ,,spodziewany" rozkład F_0:

  $$\mathrm{H}_0 : F = F_0$$

  (przeciw alternatywie $\mathrm{H}_1 : F \neq F_0$). Rozważa się też nieco inne hipotezy.

- **Porównanie 2 populacji.** Badamy dwie populacje. Cecha X ma w pierwszej populacji rozkład F_1, zaś w drugiej – rozkład F_2. Mamy dwie próbki: $X_{11}, \dots, X_{1n_1}$ – z pierwszej populacji, $X_{21}, \dots, X_{2n_2}$ – z drugiej populacji. Badamy, czy rozkład cechy X jest w obu populacjach *jednakowy*. Testujemy hipotezę

  $$\mathrm{H}_0 : F_1 = F_2$$

  (przeciw alternatywie $\mathrm{H}_1 : F_1 \neq F_2$).

- **Porównanie k populacji.** Badamy k populacji. Cecha X ma w j-tej populacji rozkład F_j $(j = 1, \dots, k)$. Mamy k próbek: $X_{j1}, \dots, X_{jn_j}$ – jest próbką z j-tej populacji $(j = 1, \dots, k)$. Badamy, czy rozkład cechy X jest we wszystkich populacjach *jednakowy*. Testujemy hipotezę

  $$\mathrm{H}_0 : F_1 = F_2 = \cdots = F_k$$

  (przeciw alternatywie H_1: nie wszystkie rozkłady są jednakowe).

Cecha X ilościowa, ciągła, rozkład normalny.

Zakładamy, że cecha X ma w populacji rozkład $\mathrm{N}(\mu, \sigma^2)$.

Porównanie z ,,normą".

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \mu \le \mu_0$ **przeciwko** $\mathrm{H}_1 : \mu > \mu_0$, gdzie μ_0 jest ustaloną liczbą. Na poziomie istotności α, odrzucamy H_0, gdy

$$\sqrt{n}\frac{\bar{X} - \mu_0}{S} > t, \qquad t = \mathrm{t}_{1-\alpha}(n-1).$$

Inaczej: Odrzucamy $\mathrm{H}_0 : \mu \le \mu_0$, jeśli $\bar{X} > \mu_0 + St/\sqrt{n}$. Czasami mówi się wtedy: ,,średnia $\bar{X}$ jest *istotnie większa* od μ_0.

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \mu = \mu_0$ **przeciwko** $\mathrm{H}_1 : \mu \neq \mu_0$, gdzie μ_0 jest ustaloną liczbą. Na poziomie istotności α, odrzucamy H_0, gdy

$$\sqrt{n}\frac{|\bar{X} - \mu_0|}{S} > t, \qquad t = \mathrm{t}_{1-\alpha/2}(n-1).$$

Inaczej: Odrzucamy $\mathrm{H}_0 : \mu = \mu_0$, jeśli $|\bar{X} - \mu_0| > St/\sqrt{n}$. Czasami mówi się wtedy: ,,srednia $\bar{X}$ jest *istotnie różna* od μ_0.

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \sigma \leq \sigma_0$ **przeciwko** $\mathrm{H}_1 : \sigma > \sigma_0$, gdzie σ_0 jest ustaloną liczbą. Odrzucamy H_0, gdy

$$\frac{n-1}{\sigma_0^2} S^2 > c, \qquad c = \chi^2_{1-\alpha}(n-1).$$

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \sigma = \sigma_0$ przeciwko $\mathrm{H}_1 : \sigma \neq \sigma_0$, gdzie σ_0 jest ustaloną liczbą. Odrzucamy H_0, gdy

$$\frac{n-1}{\sigma_0^2} S^2 > c_2 \text{ lub } \frac{n-1}{\sigma_0^2} S^2 < c_1, \qquad c_1 = \chi^2_{\alpha/2}(n-1), c_2 = \chi^2_{1-\alpha/2}(n-1).$$

Porównanie 2 populacji.

Mamy dwie próbki, wylosowane (niezależnie) z dwóch populacji:

$X_{11}, \ldots, X_{1n_1}$ – z rozkładu $\mathrm{N}(\mu_1, \sigma^2)$,

$X_{21}, \ldots, X_{2n_2}$ – z rozkładu $\mathrm{N}(\mu_2, \sigma^2)$.

Zakładamy równość wariancji w obu populacjach. Znaczenie symboli $\bar{X}_1$, $\bar{X}_2$, S_1^2 i S_2^2 jest oczywiste.

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \mu_1 \leq \mu_2$ **przeciwko** $\mathrm{H}_1 : \mu_1 > \mu_2$**.** *Zakładamy*, że $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$. Testujemy więc hipotezę o wartościach oczekiwanych, nie kwestionując założenia o równości wariancji. Odrzucamy H_0, gdy

$$\frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{(n_1-1)S_1^2 + (n_2-1)S_2^2}} \sqrt{\frac{n_1 n_2}{n_1+n_2}(n_1+n_2-2)} > t,$$

$$t = \mathrm{t}_{1-\alpha}(n_1+n_2-2).$$

Uwaga: Oczywista jest modyfikacja procedury testowania, gdy testujemy $\mathrm{H}_0 : \mu_1 = \mu_2$ przeciwko $\mathrm{H}_1 : \mu_1 \neq \mu_2$.

⋆ **Test** $\mathrm{H}_0 : \sigma_1^2 \leq \sigma_2^2$ **przeciwko** $\mathrm{H}_1 : \sigma_1^2 > \sigma_2^2$**.** Odrzucamy H_0, gdy

$$\frac{S_1^2}{S_2^2} > f, \qquad f = \mathrm{F}_{1-\alpha}(n_1-1, n_2-1).$$

Jeśli testujemy $\mathrm{H}_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2$ przeciw $\mathrm{H}_1 : \sigma_1^2 \neq \sigma_2^2$, to test na poziomie istotności α odrzuca H_0 gdy

$$\frac{S_1^2}{S_2^2} > f_2 \text{ lub } \frac{S_1^2}{S_2^2} < f_1,$$

$f_1 = \mathrm{F}_{\alpha/2}(n_1-1, n_2-1), f_2 = \mathrm{F}_{1-\alpha/2}(n_1-1, n_2-1)$ są kwantylami rozkładu F-Snedecora.

Porównanie r populacji: Analiza wariancji.

Rozważmy r niezależnych próbek:

$$\begin{array}{lll} \text{próbka 1:} & Y_{11},\ldots,Y_{1n_1} & \text{z rozkładu } \mathrm{N}(\mu_1,\sigma^2); \\ \ldots & \ldots & \ldots \\ \text{próbka } j\text{:} & Y_{j1},\ldots,Y_{jn_j} & \text{z rozkładu } \mathrm{N}(\mu_j,\sigma^2); \\ \ldots & \ldots & \ldots \\ \text{próbka } r\text{:} & Y_{r1},\ldots,Y_{rn_r} & \text{z rozkładu } \mathrm{N}(\mu_r,\sigma^2). \end{array}$$

Zakładamy tu równość wariancji wszystkich rozkładów. Interesować nas będzie hipoteza

$$\mathrm{H}_0 : \mu_1 = \cdots = \mu_r.$$

Hipoteza ta sprowadza się do stwierdzenia, że wszystkie próbki pochodzą z tego samego rozkładu.

Oznaczenia:

$$\bar{Y}_j = \frac{1}{n_j}\sum_{i=1}^{n_j} Y_{ji}, \quad \bar{Y} = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{r} n_j \bar{Y}_j = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{r}\sum_{i=1}^{n_j} Y_{ji}$$

są to odpowiednio – średnia dla j-tej próbki i średnia globalna.

Niech

$$\mathrm{SST} = \sum_{j=1}^{r}\sum_{i=1}^{n_j}(Y_{ji}-\bar{Y})^2,$$

$$\mathrm{SSB} = \sum_{j=1}^{r} n_j(\bar{Y}_j-\bar{Y})^2, \qquad \mathrm{SSW} = \sum_{j=1}^{r}\sum_{i=1}^{n_j}(Y_{ji}-\bar{Y}_j)^2.$$

SSB jest sumą kwadratów *pomiędzy* próbkami (ang. "Sum of Squares, Between"), SSW jest sumą kwadratów *wewnątrz* próbek (ang. "Within"), zaś SST jest *całkowitą* sumą kwadratów (ang. "Total").

Tożsamość analizy wariancji: SST = SSB + SSW.

Za statystykę testową przyjmujemy iloraz

$$F = \frac{\mathrm{MSB}}{\mathrm{MSW}} = \frac{\mathrm{SSB}/(r-1)}{\mathrm{SSW}/(n-r)}.$$

Test ANOVA: Hipotezę H_0 odrzucamy, jeśli

$$F > \mathrm{F}_{1-\alpha}(r-1, n-r),$$

gdzie $\mathrm{F}_{1-\alpha}(r-1,n-r)$ oznacza kwantyl rozkładu F-Snedocora z $r-1$ stopniami swobody w liczniku i $n-r$ – w mianowniku.

Cecha X jakościowa, o wartościach $0, 1$ (tak,nie).

Porównanie z ,,normą".

Niech p oznacza wskaźnik struktury, $\hat{p}$ – jego estymator.

- $\star$ **Test** $\mathrm{H}_0 : p \leq p_0$ **przeciw alternatywie** $\mathrm{H}_1 : p > p_0$**.**

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0, \text{ jeśli } \sqrt{n}\frac{\hat{p} - p_0}{\sqrt{p_0(1-p_0)}} > \mathrm{z}_{1-\alpha},$$

  gdzie $\mathrm{z}_{1-\alpha}$ oznacza kwantyl rozkładu $\mathrm{N}(0, 1)$. Inaczej: odrzucamy H_0, jeśli $\hat{p} > p_0) + \mathrm{z}_{1-\alpha}\sqrt{p_0(1-p_0)}/\sqrt{n}$ ($\hat{p}$ jest ,,istotnie większe" od p_0.

- $\star$ **Test** $\mathrm{H}_0 : p = p_0$ **przeciw alternatywie** $\mathrm{H}_1 : p \neq p_0$**.**

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0, \text{ jeśli } \sqrt{n}\frac{|\hat{p} - p_0|}{\sqrt{p_0(1-p_0)}} > \mathrm{z}_{1-\alpha/2},$$

  gdzie $\mathrm{z}_{1-\alpha/2}$ oznacza kwantyl rozkładu $\mathrm{N}(0, 1)$. Inaczej: odrzucamy H_0, jeśli $|\hat{p}-p_0| > +\mathrm{z}_{1-\alpha/2}\sqrt{p_0(1-p_0)}/\sqrt{n}$ ($\hat{p}$ jest ,,istotnie różne" od p_0. *Uwaga:* To są rozwiązania przybliżone. Można je stosować gdy, powiedzmy, $np_0 \geq 5$ i $n(1-p_0) \geq 5$.

Porównanie 2 wskaźników struktury.

Niech p_1 i p_2 oznaczają wskaźniki struktury w dwóch populacjach. Pobieramy próbki rozmiarów n_1 i n_2 z obu populacji i obserwujemy w próbkach odpowiednio K_1 i K_2 elementów wyróżnionych. Niech $\hat{p}_1 = K_1/n_1$ i $\hat{p}_2 = K_2/n_2$ – będą estymatorami obu wskaźników struktury, zaś $\hat{p} = (K_1 + K_2)/(n_1 + n_2)$.

- $\star$ **Test** $\mathrm{H}_0 : p_1 \leq p_2$ **przeciw alternatywie** $\mathrm{H}_1 : p_1 > p_2$**.**

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0, \text{ jeśli } \sqrt{\frac{n_{+}n_2}{n_1 n_2}}\frac{\hat{p}_1 - p_2}{\sqrt{\hat{p}(1-\hat{p})}} > \mathrm{z}_{1-\alpha},$$

  gdzie $\mathrm{z}_{1-\alpha}$ oznacza kwantyl rozkładu $\mathrm{N}(0, 1)$. ($\hat{p}_1$ jest ,,istotnie większe" od $\hat{p}_2$.

Cecha k-wartościowa, porównanie z ,,normą".

Jakościowa cecha X ma k ma wartości $w_1, \ldots, w_k$.

Hipoteza H_0: rozkład cechy X w populacji jest dany tabelką:

wartość	w_1	$\cdots$	w_i	$\cdots$	w_k
prawdopodobieństwo	p_1	$\cdots$	p_i	$\cdots$	p_k

gdzie $p_i = \mathbb{P}(X = w_i)$. Oczywiście, $p_1 + \cdots + p_k = 1$.

Dane mają postać ‚tabelki powtórzeń":

wartość cechy X	w_1	$\cdots$	w_i	$\cdots$	w_k
liczba elementów próbki	N_1	$\cdots$	N_i	$\cdots$	N_k

gdzie N_i – liczba elementów próbki, dla których $X = w_i$ (oczywiście, $N_1 + \cdots + N_k = n$).

Test zgodności chi-kwadrat. Obliczamy statystykę „chi-kwadrat":

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{k} \frac{(N_i - np_i)^2}{np_i}.$$

Test na poziomie istotności α (w przybliżeniu):

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0 \text{ jeśli } \chi^2 > c,$$

gdzie $c = \chi^2_{1-\alpha}(k-1)$ jest kwantylem rzędu $1-\alpha$ rozkładu chi-kwadrat z $k-1$ stopniami swobody.

Ogólny schemat budowania statystyki chi-kwadrat:

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{wielkość obserwowana} - \text{wielkość oczekiwana})^2}{\text{wielkość oczekiwana}}.$$

Dwie cechy jakościowe, badanie niezależności.

Dla pojedynczego elementu obserwujemy *parę* cech (X, Y), przy czym X ma możliwe wartości $1, \ldots, r$, zaś Y – wartości $1, \ldots, s$ (te wartości należy traktować jako umowne „etykietki", kodujące cechy jakościowe, nie jako liczby). Rozkład jest opisany dwuwymiarową tabelką (p_{ij}) o wierszach $i = 1, \ldots, r$ i kolumnach $j = 1, \ldots, s$, gdzie

$$p_{ij} = \mathbb{P}(X = i, Y = j).$$

Rozkłady „brzegowe" cech X i Y, rozpatrywanych oddzielnie:

$$\mathbb{P}(X = i) = p_{i\bullet} = \sum_{j=1}^{s} p_{ij},$$

$$\mathbb{P}(Y = j) = p_{\bullet j} = \sum_{i=1}^{r} p_{ij}.$$

Jeśli obserwujemy cechy (X, Y) dla n elementów próbki, możemy zbudować dwuwymiarową tabelkę (N_{ij}), gdzie

$$N_{ij} = \text{ liczba elementów próbki, dla których } (X, Y) = (i, j).$$

Jest to *tablica kontyngencji*. Wielkości ,,brzegowe" w tej tabelce oznaczymy

$$N_{i\bullet} = \sum_{j=1}^{s} N_{ij}, \qquad N_{\bullet j} = \sum_{i=1}^{r} N_{ij}.$$

Test niezależności chi-kwadrat. Rozpatrzymy hipotezę, która stwierdza *niezależność* zmiennych X i Y:

$$\mathbb{P}(X = i, Y = j) = \mathbb{P}(X = i)\mathbb{P}(Y = j),$$

czyli

$$\mathrm{H}_0 : p_{ij} = p_{i\bullet} p_{\bullet j}, \quad (i = 1, \dots, r; j = 1, \dots, s).$$

Statystyka do testowania hipotezy o niezależności jest następująca:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{r} \sum_{j=1}^{s} \frac{(N_{ij} - N_{i\bullet} N_{\bullet j}/n)^2}{N_{i\bullet} N_{\bullet j}/n}.$$

Test:

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0 \text{ jeśli } \chi^2 > c,$$

gdzie $c = \chi^2_{1-\alpha}((r-1)(s-1)$ jest kwantylem rzędu $1 - \alpha$ rozkładu chi-kwadrat.

Porównanie r wskaźników struktury.

Niech $p_1, \dots, p_k$ będą wskaźnikami struktury w r populacjach (mamy cechę jakościową X o wartościach $0, 1$). Pobieramy próbkę rozmiaru n_i z i-tej populacji ($i = 1, \dots, r$). Niech K_i będzie liczbą elementów wyróżnionych w próbce z i-tej populacji.

Hipoteza

$$\mathrm{H}_0 : p_1 = \cdots = p_r.$$

Statystyka testowa chi-kwadrat przybiera tu postać:

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^{r} \frac{(K_i - n_i \hat{p})^2}{n_i \hat{p}(1 - \hat{p})},$$

gdzie $\hat{p} = \sum_i K_i / \sum_i n_i$.

Test:

$$\text{odrzucamy } \mathrm{H}_0 \text{ jeśli } \chi^2 > c,$$

gdzie $c = \chi^2_{1-\alpha}(r-1)$ jest kwantylem rzędu $1 - \alpha$ rozkładu chi-kwadrat.