

Tarea 11: Más pruebas de hipótesis

Rodrigo Alan García Pérez

2024-11-21

Más pruebas de hipótesis

1. (Chihara) Los niveles de calcio en adultos saludables se distribuyen de acuerdo a una Normal con media 9.5 mg/dl y desviación estándar desconocida. Un médico sospecha que la media de los niveles de calcio para mujeres en su comunidad es distinta. Colecta mediciones de 20 mujeres saludables y encuentra que la media es de 9.2 y la desviación estándar muestral de 1.1. Escribe la hipótesis nula, realiza una prueba de hipótesis e interpreta los resultados.

Hipótesis nula: $\mu = 9.5$ contra hipótesis alternativa: $\mu \neq 9.5$

```
n <- 20          # Tamaño de la muestra
x_bar <- 9.2      # Media muestral
s <- 1.1         # Desviación estándar muestral

mu_0 <- 9.5      # Media poblacional de hipotesis nula

t_stat <- (x_bar - mu_0) / (s / sqrt(n))

# Grados de libertad
df <- n - 1

# Valor p para prueba bilateral
p_value <- 2 * pt(-abs(t_stat), df)

cat("Estadístico t:", t_stat, "\n")
```

```
## Estadístico t: -1.219673
```

```
cat("Grados de libertad:", df, "\n")
```

```
## Grados de libertad: 19
```

```
cat("p-valor:", p_value, "\n")
```

```
## p-valor: 0.2375132
```

```

if (p_value < 0.05) {
  cat("Rechazamos H0: la media es significativamente
      diferente de 9.5 mg/dl.\n")
} else {
  cat("No podemos rechazar H0: no hay evidencia suficiente para
      concluir que la media es diferente de 9.5 mg/dl.\n")
}

```

```

## No podemos rechazar H0: no hay evidencia suficiente para
##      concluir que la media es diferente de 9.5 mg/dl.

```

2. (Wasserman) Mendel criaba chícharos de semillas lisas amarillas y de semillas corrugadas verdes. Éstas daban lugar a 4 tipos de descendientes: amarillas lisas, amarillas corrugadas, verdes lisas y verdes corrugadas. El número de cada una es multinomial con parámetro $p = (p_1, p_2, p_3, p_4)$. De acuerdo a su teoría de herencia este vector de probabilidades es:

$$p = (9/16, 3/16, 3/16, 1/16)$$

A lo largo de $n = 556$ experimentos observó $x = (315, 101, 108, 32)$. Utiliza la prueba de cociente de verosimilitudes para probar $H_0 : p = p_0$ contra $H_a : p \neq p_0$.

La fórmula de G^2 es:

$$G^2 = -2 \ln(\lambda),$$

donde:

$$\ln(\lambda) = \ln(L(H_0)) - \ln(L(H_a)).$$

1. Log-verosimilitud bajo H_0 :

$$\ln(L(H_0)) = \sum_{i=1}^k x_i \cdot \ln(p_{0i}).$$

2. Log-verosimilitud bajo H_a :

$$\ln(L(H_a)) = \sum_{i=1}^k x_i \cdot \ln\left(\frac{x_i}{n}\right).$$

3. Estadístico G^2 : Combina ambos:

$$G^2 = 2 \sum_{i=1}^k x_i \cdot \left[\ln\left(\frac{x_i}{n}\right) - \ln(p_{0i}) \right].$$

```

# Datos observados
x <- c(315, 101, 108, 32) # Frecuencias observadas
n <- sum(x)               # Tamaño total de la muestra

# Probabilidades esperadas bajo H0
p0 <- c(9/16, 3/16, 3/16, 1/16)

# Cálculo de G^2 usando logaritmos
G2 <- 2 * sum(x * (log(x / n) - log(p0)))

# Grados de libertad
df <- length(p0) - 1

```

```

# p-valor
p_value <- 1 - pchisq(G2, df)

# Resultados
cat("Estadístico G^2:", G2, "\n")

## Estadístico G^2: 0.4754452

cat("Grados de libertad:", df, "\n")

## Grados de libertad: 3

cat("p-valor:", p_value, "\n")

## p-valor: 0.9242519

# Interpretación
alpha <- 0.05
if (p_value < alpha) {
  cat("Rechazamos H0: Las proporciones observadas son significativamente
      diferentes de las esperadas.\n")
} else {
  cat("No podemos rechazar H0: Las proporciones observadas no son
      significativamente diferentes de las esperadas.\n")
}

## No podemos rechazar H0: Las proporciones observadas no son
##      significativamente diferentes de las esperadas.

```

3. (Wasserman) Sean $X_1, \dots, X_n \sim \text{Poisson}(\lambda)$,

- Sea $\lambda_0 > 0$. ¿Cuál es la prueba Wald para $H_0 : \lambda = \lambda_0, H_1 : \lambda \neq \lambda_0$

La prueba de Wald evalúa si el estimador de λ (es decir, $\hat{\lambda}$) difiere significativamente del valor hipotético λ_0 .

El estadístico de Wald se define como:

$$W = \frac{(\hat{\lambda} - \lambda_0)^2}{\frac{\hat{\lambda}}{n}},$$

donde: $\hat{\lambda} = \bar{X}$: Es el estimador de máxima verosimilitud para λ en una distribución de Poisson, que corresponde a la media muestral. n : Tamaño de la muestra.

H_0 : Bajo la hipótesis nula $H_0 : \lambda = \lambda_0$, el estadístico W sigue una distribución χ^2 con 1 grado de libertad.

Calculamos el **p-valor** como:

$$p = 1 - P(\chi^2 \leq W \mid df = 1),$$

donde $df = 1$ son los grados de libertad. Si $p < \alpha$, rechazamos H_0 , indicando que λ es significativamente diferente de λ_0 .

Fórmula completa para W :

$$W = \frac{(\bar{X} - \lambda_0)^2}{\frac{\bar{X}}{n}}.$$

Este estadístico mide la discrepancia entre la media muestral (\bar{X}) y el valor esperado bajo H_0 , ajustado por la variabilidad de la media muestral.

- Si $\lambda_0 = 1$, $n = 20$ y $\alpha = 0.05$. Simula $X_1, \dots, X_n \sim \text{Poisson}(\lambda_0)$ y realiza la prueba Wald, repite 1000 veces y registra el porcentaje de veces que rechazas H_0 , qué tan cerca te queda el error del tipo 1 de 0.05?

```
lambda_0 <- 1      # Valor bajo H0
n <- 20            # Tamaño de la muestra
alpha <- 0.05      # Nivel de significancia
num_sim <- 1000    # Número de simulaciones

# Inicializar contador para rechazos
rechazos <- 0

# Simulación de 1000 pruebas
set.seed(123)
for (i in 1:num_sim) {
  # Generar muestra de Poisson
  x <- rpois(n, lambda_0)

  # Estimador de lambda (media muestral)
  lambda_hat <- mean(x)

  # Estadístico de Wald
  W <- (lambda_hat - lambda_0)^2 / (lambda_hat / n)

  # p-valor
  p_value <- 1 - pchisq(W, df = 1)

  # Verificar si rechazamos H0
  if (p_value < alpha) {
    rechazos <- rechazos + 1
  }
}

# Calcular proporción de rechazos
error_tipo1 <- rechazos / num_sim

# Resultados
cat("Proporción de rechazos de H0 (Error tipo I):", error_tipo1, "\n")
```

```
## Proporción de rechazos de H0 (Error tipo I): 0.048
```

```
cat("Esperado (nivel de significancia):", alpha, "\n")
```

```
## Esperado (nivel de significancia): 0.05
```

Con un $\alpha = 0.05$ entonces la prueba de Wald está funcionando correctamente para este nivel de significancia.