

Example.8.1

EXAMPLE 8.1 A Two-Sample t Test for the Two-Tailed Hypotheses, $H_0: \mu_1 = \mu_2$ and $H_A: \mu_1 \neq \mu_2$ (Which Could Also Be Stated as $H_0: \mu_1 - \mu_2 = 0$ and $H_A: \mu_1 - \mu_2 \neq 0$). The Data Are Blood-Clotting Time (in Minutes) of Male Adult Rabbits Given One of Two Different Drugs

$$H_0: \mu_1 = \mu_2$$

$$H_A: \mu_1 \neq \mu_2$$

Given drug B	Given drug G
8.8	9.9
8.4	9.0
7.9	11.1
8.7	9.6
9.1	8.7
9.6	10.4
	9.5

$$n_1 = 6$$

$$n_2 = 7$$

$$\nu_1 = 5$$

$$\nu_2 = 6$$

$$\bar{X}_1 = 8.75 \text{ min}$$

$$\bar{X}_2 = 9.74 \text{ min}$$

$$SS_1 = 1.6950 \text{ min}^2$$

$$SS_2 = 4.0171 \text{ min}^2$$

$$s_p^2 = \frac{SS_1 + SS_2}{\nu_1 + \nu_2} = \frac{1.6950 + 4.0171}{5 + 6} = \frac{5.7121}{11} = 0.5193 \text{ min}^2$$

$$s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{\frac{s_p^2}{n_1} + \frac{s_p^2}{n_2}} = \sqrt{\frac{0.5193}{6} + \frac{0.5193}{7}} = \sqrt{0.0866 + 0.0742} = \sqrt{0.1608} = 0.40 \text{ min}$$

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}} = \frac{8.75 - 9.74}{0.40} = \frac{-0.99}{0.40} = -2.475$$

$$t_{0.05(2), \nu} = t_{0.05(2), 11} = 2.201$$

Therefore, reject H_0 .

$$0.02 < P(|t| \geq 2.475) < 0.05 \quad [P = 0.031]$$

We conclude that mean blood-clotting time is not the same for subjects receiving drug B as it is for subjects receiving drug G.

R

CODE

```
#ex8.1
B= c(8.8, 8.4, 7.9, 8.7, 9.1, 9.6)
G= c(9.9, 9.0, 11.1, 9.6, 8.7, 10.4, 9.5)

twosidetest = function(x, y, alpha ) {
  n1= length(x)
  n2= length(y)
  v1= n1-1
```

	<pre> v2= n2-1 v= v1+v2 xbar1= mean(x) xbar2= mean(y) ss1= sum(x^2)-(sum(x))^2/n1 ss2= sum(y^2)-(sum(y))^2/n2 sp=(ss1+ss2)/(v1+v2) ssx=sqrt((sp/n1)+(sp/n2)) t= (xbar1-xbar2)/ssx tp= round(qt(alpha/2, v, lower.tail = F), 3) if (abs(t)>= tp){ answer = c('reject H0') }else if (abs(t)<tp){ answer = c('not reject H0') } p = round(2 * pt(abs(t), v, lower.tail = F),3) return(c(answer, p)) } twosidetest(B, G, 0.05) t.test(B, G, var.equal = T) </pre>	
OUTPUT	<pre> > twosidetest(B, G, 0.05) [1] "reject H0" "0.031" > t.test(B, G, var.equal = T) </pre>	<div style="border: 1px solid red; padding: 5px;"> <p>paste p-value= .</p> </div>
SAS		
CODE	<pre> data ex8_1; input drug\$ time @@ ; cards; B 8.8 B 8.4 B 7.9 B 8.7 B 9.1 B 9.6 G 9.9 G 9.0 G 11.1 G 9.6 G 8.7 G 10.4 G 9.5 ; run; proc ttest data = ex8_1; class drug ; var time; run; </pre>	

OUTPUT	Method	Variances	DF	t Value	Pr > t 	
	Pooled	Equal	11	-2.48	0.0308	
	Satterthwaite	Unequal	10.701	-2.55	0.0277	, , ?
결과해석	<p>위의 자료는 성체 수컷 토끼에게 약물 B와 G를 투여했을 때 혈액이 응고되는 시간을 나타낸 자료이다. 두 약물에 대해 평균 혈액 응고시간이 차이가 있는지를 밝히고 싶어한다. 귀무가설은 “두 약물이 작용하는 혈액 응고시간이 차이가 없다.”, 대립가설은 “두 약물이 작용하는 혈액응고시간에 차이가 있다.”로 설정하였다. 이를 토대로 가설검정을 수행한 결과 유의수준 0.05하에서 p-value가 0.031정도로 나와 귀무가설을 기각할 수 있다. 따라서 두 약물 간에는 평균 혈액 응고시간이 차이가 있다라고 볼 수 있다. 물론 p-value가 0.05보다 작게 나오긴 했지만 매우 유의한 수준이 아니라 표본 수를 더 뽑아서 검정해볼 필요가 있다.</p>					

5% 가

E

EXAMPLE 8.2 A Two-Sample t Test for the One-Tailed Hypotheses, $H_0: \mu_1 \geq \mu_2$ and $H_A: \mu_1 < \mu_2$ (Which Could Also Be Stated as $H_0: \mu_1 - \mu_2 \geq 0$ and $H_A: \mu_1 - \mu_2 < 0$). The Data Are Heights of Plants, Each Grown with One of Two Different Fertilizers

$$H_0: \mu_1 \geq \mu_2$$

$$H_A: \mu_1 < \mu_2$$

<i>Present fertilizer</i>	<i>Newer fertilizer</i>
48.2 cm	52.3 cm
54.6	57.4
58.3	55.6
47.8	53.2
51.4	61.3
52.0	58.0
55.2	59.8
49.1	54.8
49.9	
52.6	

$n_1 = 10$	$n_2 = 8$
$\nu_1 = 9$	$\nu_2 = 7$
$\bar{X}_1 = 51.91 \text{ cm}$	$\bar{X}_2 = 56.55 \text{ cm}$
$SS_1 = 102.23 \text{ cm}^2$	$SS_2 = 69.20 \text{ cm}^2$

$$s_p^2 = \frac{102.23 + 69.20}{9 + 7} = \frac{171.43}{16} = 10.71 \text{ cm}^2$$

$$s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{\frac{10.71}{10} + \frac{10.71}{8}} = \sqrt{2.41} = 1.55 \text{ cm}$$

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}} = \frac{51.91 - 56.55}{1.55} = \frac{-4.64}{1.55} = -2.99$$

$$t_{0.05(1),16} = 1.746$$

As t of -2.99 is less than -1.746 , H_0 is rejected.

$$0.0025 < P < 0.005 \quad [P = 0.0043]$$

The mean plant height is greater with the newer fertilizer.

R

CODE

```
#ex8.2
P= c(48.2, 54.6, 58.3, 47.8, 51.4, 52, 55.2, 49.1, 49.9, 52.6)
N= c(52.3, 57.4, 55.6, 53.2, 61.3, 58.0, 59.8, 54.8)

lowsidettest = function(x, y, alpha ) {
  n1= length(x)
  n2= length(y)
  v1= n1-1
  v2= n2-1
  v= v1+v2
  xbar1= mean(x)
  xbar2= mean(y)
  ss1= sum(x^2)-(sum(x))^2/n1
  ss2= sum(y^2)-(sum(y))^2/n2
  sp=(ss1+ss2)/(v1+v2)
  ssx=sqrt((sp/n1)+(sp/n2))
  t= (xbar1-xbar2)/ssx
  tp= round(qt(alpha, v, lower.tail = F), 3)
  if (t <= tp){
    answer = c('reject H0')
  }else if (t > tp){
    answer = c('not reject H0')
  }
  p = round(pt(t, v),4)
  return(c(answer, p))
}

lowsidettest(P, N, 0.05)

t.test(P, N, var.equal = T, alternative = "less")
```

OUTPUT	<pre>> lowsidetest(P, N, 0.05) [1] "reject H0" "0.0043" > t.test(P, N, var.equal = T, alternative = "less") Two sample t-test data: P and N t = -2.9884, df = 16, p-value = 0.004343 alternative hypothesis: true difference in means is less than 0 95 percent confidence interval: -Inf -1.929255 sample estimates: mean of x mean of y 51.91 56.55</pre>																																													
SAS																																														
CODE	<pre>data ex8_2; input fertilizer\$ height @@; cards; Present 48.2 Present 54.6 Present 58.3 Present 47.8 Present 51.4 Present 52.0 Present 55.2 Present 49.1 Present 49.9 Present 52.6 New 52.3 New 57.4 New 55.6 New 53.2 New 61.3 New 58.0 New 59.8 New 54.8 ; run; proc ttest data = ex8_2 sides=U; class fertilizer; var height; run;</pre>																																													
OUTPUT	<table><tr><th>fertilizer</th><th>Method</th><th>Mean</th><th>95% CL Mean</th><th>Std Dev</th><th>95% CL Std Dev</th></tr><tr><td>New</td><td></td><td>56.5500</td><td>53.9214 59.1786</td><td>3.1442</td><td>2.0788 6.3992</td></tr><tr><td>Present</td><td></td><td>51.9100</td><td>49.4990 54.3210</td><td>3.3703</td><td>2.3182 6.1528</td></tr><tr><td>Diff (1-2)</td><td>Pooled</td><td>4.6400</td><td>1.9293</td><td>Infty</td><td>3.2733 2.4378 4.9817</td></tr><tr><td>Diff (1-2)</td><td>Satterthwaite</td><td>4.6400</td><td>1.9467</td><td>Infty</td><td></td></tr></table> <table><tr><th>Method</th><th>Variances</th><th>DF</th><th>t Value</th><th>Pr > t</th></tr><tr><td>Pooled</td><td>Equal</td><td>16</td><td>2.99</td><td>0.0043</td></tr><tr><td>Satterthwaite</td><td>Unequal</td><td>15.559</td><td>3.01</td><td>0.0042</td></tr></table>	fertilizer	Method	Mean	95% CL Mean	Std Dev	95% CL Std Dev	New		56.5500	53.9214 59.1786	3.1442	2.0788 6.3992	Present		51.9100	49.4990 54.3210	3.3703	2.3182 6.1528	Diff (1-2)	Pooled	4.6400	1.9293	Infty	3.2733 2.4378 4.9817	Diff (1-2)	Satterthwaite	4.6400	1.9467	Infty		Method	Variances	DF	t Value	Pr > t	Pooled	Equal	16	2.99	0.0043	Satterthwaite	Unequal	15.559	3.01	0.0042
fertilizer	Method	Mean	95% CL Mean	Std Dev	95% CL Std Dev																																									
New		56.5500	53.9214 59.1786	3.1442	2.0788 6.3992																																									
Present		51.9100	49.4990 54.3210	3.3703	2.3182 6.1528																																									
Diff (1-2)	Pooled	4.6400	1.9293	Infty	3.2733 2.4378 4.9817																																									
Diff (1-2)	Satterthwaite	4.6400	1.9467	Infty																																										
Method	Variances	DF	t Value	Pr > t																																										
Pooled	Equal	16	2.99	0.0043																																										
Satterthwaite	Unequal	15.559	3.01	0.0042																																										
결과해석	<p>위의 자료는 비료가 식물에 영향을 미치는 정도를 나타낸 것으로, 새로운 비료가 현재 사용하고 있는 비료보다 효과가 더 좋은지 확인해보기 위해 조사한 자료이다. 따라서 귀무가설은 “현재 사용중인 비료를 쓰는 식물들의 평균 길이가 더 길다.”, 대립가설은 “새로운 비료를 쓰는 식물들의 평균 길이가 더 길다.”로 설정할 수 있다. 이를 토대로 가설 검정을 수행해 보면, 유의수준 0.05하에서 p-value= 0.0043으로 매우 유의하게 귀무가설을 기각할 수 있다. 따라서 새로운 비료를 쓰는 것이 식물이 성장하는데 더 좋은 효과를 얻을 수 있다고 판단할 수 있다.</p>																																													

EXAMPLE 8.2a The Behrens-Fisher Test for the Two-Tailed Hypotheses, $H_0: \mu_1 = \mu_2$ and $H_A: \mu_1 \neq \mu_2$

The data are the times for seven cockroach eggs to hatch at one laboratory temperature and for eight eggs to hatch at another temperature.

$$H_0: \mu_1 = \mu_2$$

$$H_A: \mu_1 \neq \mu_2$$

At 30°C	At 10°C
40 days	36 days
38	45
32	32
37	52
39	59
41	41
35	48
	55

$$n_1 = 7$$

$$n_2 = 8$$

$$\nu_1 = 6$$

$$\nu_2 = 7$$

$$\bar{X}_1 = 37.4 \text{ days}$$

$$\bar{X}_2 = 46.0 \text{ days}$$

$$SS_1 = 57.71 \text{ days}^2$$

$$SS_2 = 612.00 \text{ days}^2$$

$$s_1^2 = 9.62 \text{ days}^2$$

$$s_2^2 = 87.43 \text{ days}^2$$

$$s_{\bar{X}_1}^2 = 1.37 \text{ days}^2$$

$$s_{\bar{X}_2}^2 = 10.93 \text{ days}^2$$

$$s'_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{s_{\bar{X}_1}^2 + s_{\bar{X}_2}^2} = \sqrt{1.37 + 10.83} = 3.51 \text{ days}$$

$$t' = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s'_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}} = \frac{37.4 - 46.00}{3.51} = -2.450$$

$$\begin{aligned} \nu' &= \frac{(s_{\bar{X}_1}^2 + s_{\bar{X}_2}^2)^2}{\frac{(s_{\bar{X}_1}^2)^2}{\nu_1} + \frac{(s_{\bar{X}_2}^2)^2}{\nu_2}} \\ &= \frac{(1.37 + 10.93)^2}{\frac{(1.37)^2}{6} + \frac{(10.93)^2}{7}} \\ &= 8.7 \end{aligned}$$

$$t_{0.05(2), 8.7} = 2.274^*$$

Therefore, reject H_0 .

$$[P = 0.038.]^*$$

*These values were obtained by computer.

R	
CODE	<pre> #ex8.2a tmp30= c(40, 38, 32, 37, 39, 41, 35) tmp10= c(36, 45, 32, 52, 59, 41, 48, 55) BFttest = function(x, y, alpha) { n1= length(x) n2= length(y) v1= n1-1 v2= n2-1 xbar1= mean(x) xbar2= mean(y) vx1= var(x) vx2= var(y) sx1= vx1/n1 sx2= vx2/n2 ssx= sqrt(sx1+sx2) t= (xbar1-xbar2)/ssx v= (vx1+vx2)^2/((vx1^2)/v1 + (vx2^2)/v2) tp= round(qt(alpha/2, v, lower.tail = F), 3) if (abs(t)>= tp){ answer = c('reject H0') }else if (abs(t)<tp){ answer = c('not reject H0') } p = round(2 * pt(abs(t), v, lower.tail = F),3) return(c(answer, p)) } BFttest(tmp30, tmp10, 0.05) library("asht") bfTest(tmp30, tmp10, alternative = "two.sided", mu = 0, conf.level = 0.95) </pre>
OUTPUT	<pre> > BFttest(tmp30, tmp10, 0.05) [1] "reject H0" "0.039" > bfTest(tmp30, tmp10, alternative = "two.sided", mu = 0, conf.level = 0.95) Behrens-Fisher test data: x=tmp30and y=tmp10 t = -2.4437, R = 0.34076, p-value = 0.04436 alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0 95 percent confidence interval: -16.8684039 -0.2744532 sample estimates: mean of x mean of y 37.42857 46.00000 </pre>
SAS	
CODE	<pre> data ex8_2a; input temp\$ day @@; cards; </pre>

```
30C 40 30C 38 30C 32 30C 37 30C 39 30C 41 30C 35
10C 36 10C 45 10C 32 10C 52 10C 59 10C 41 10C 41 10C 48 10C 55
;
run;
proc ttest data= ex8_2a cochrans;
class temp;
var day;
run;
```

cochrans
?
Cochran
가 ?

OUTPUT	Method	Variances	DF	t Value	Pr > t
	Pooled	Equal	14	2.26	0.0401
	Satterthwaite	Unequal	10.355	2.51	0.0301
	Cochran	Unequal	.	2.51	0.0376

결과해석

위의 자료는 특정 온도에서 바퀴벌레의 알이 부화하는데 걸리는 날짜를 나타낸 것으로 온도에 따라 바퀴벌레의 알이 부화하는데 걸리는 시간이 다른지 확인하고 싶다. 귀무가설은 “바퀴벌레의 알이 부화하는데 걸리는 평균 날짜는 온도에 상관없이 같다.”이고 대립가설은 “바퀴벌레의 알이 부화하는데 걸리는 평균 날짜는 온도에 따라 다르다.”라고 설정한 후에 두 집단 간에 표본들의 분산이 서로 다르다고 가정하고 Behrens-Fisher 검정을 해보았다. 검정결과 p-value= 0.038로 유의수준 0.05 하에서 귀무가설을 기각할 수 있다. 따라서 온도 10°C와 30°C에서 바퀴벌레의 알이 부화하는데 걸리는 평균 날짜는 서로 다르다고 판단할 수 있다. 여기서도 귀무가설을 기각하긴 했지만, 표본 수가 적어 귀무가설을 기각하는데 충분한 증거를 갖지 못했으므로 표본 수를 늘려 검정을 추가적으로 해보는 것이 바람직하다. SAS에서는 결과에 있는 Satterthwaite와 Cochran 방법이 두 집단의 분산이 서로 다를 때 실행하는 검정방법으로 p-value가 비슷하게 나와 역시 귀무가설을 기각할 수 있다는 것을 알 수 있다.

가
...

Example.8.3

EXAMPLE 8.3 Determination of Sample Size Needed to Achieve a Stated Precision in Estimating the Difference Between Two Population Means, Using the Data of Example 8.1

If we specify that we wish to estimate $\mu_1 - \mu_2$ by having a 95% confidence interval no wider than 1.0 min, then $d = 0.5$ min, $1 - \alpha(2) = 0.95$, and $\alpha(2) = 0.05$. From Example 8.1 we have an estimate of the population variance, $s_p^2 = 0.5193 \text{ min}^2$ with $\nu = 11$.

Let us guess that a sample size of 50 is necessary; then, $t_{0.05(2),98} = 1.984$, so we estimate (by Equation 8.20)

$$n = \frac{2(0.5193)(1.984)^2}{(0.5)^2} = 16.4.$$

Next, we might estimate $n = 17$, for which $t_{0.05(2),32} = 2.037$, and calculate

$$n = \frac{2(0.5193)(2.037)^2}{(0.5)^2} = 17.2.$$

Next, we try $n = 18$, for which $t_{0.05(2),34} = 2.032$, and calculate

$$n = \frac{2(0.5193)(2.032)^2}{(0.5)^2} = 17.2.$$

Therefore, we conclude that a sample of at least 18 (i.e., more than 17) should be taken from each of the two populations in order to achieve the specified confidence interval.

If, for some reason (say, there is a limited amount of the first drug available), n_1 is constrained to be no larger than 14, then the necessary n_2 would be determined, from Equation 8.21, to be

$$n_2 = \frac{(n)(n_1)}{2n_1 - n} = 25.2,$$

meaning that we should use n_2 at least 26.

R

CODE	<pre> #ex8.3 samplesize= function(x, y, alpha, d, z){ n= z while(n) { n1= length(x) n2= length(y) v1= n1-1 v2= n2-1 v= v1+v2 ss1= sum(x^2)-(sum(x))^2/n1 ss2= sum(y^2)-(sum(y))^2/n2 sp= round((ss1+ss2)/(v1+v2),3) </pre>
------	--

	<pre> tp= round(qt(alpha/2, 2*(n-1), lower.tail = F),3) sn= (2*sp*tp^2)/d^2 nsn= ceiling(sn) if (nsn == n) { break } n = nsn } return(nsn) } samplesize(B,G,0.05,0.5,50) n1= 14 n = samplesize(B,G,0.05,0.5,50) n2 = ceiling((n*n1)/(2*n1-n)) n2 </pre>
OUTPUT	<pre> > samplesize(B,G,0.05,0.5,50) [1] 18 > n1= 14 > n = samplesize(B,G,0.05,0.5,50) > n2 = ceiling((n*n1)/(2*n1-n)) > n2 [1] 26 </pre>
SAS	
CODE	<pre> %macro sample(n); proc iml; B= {8.8, 8.4, 7.9, 8.7, 9.1, 9.6}; G={9.9, 9.0, 11.1, 9.6, 8.7, 10.4, 9.5}; n1= nrow(B); n2= nrow(G); v1= n1-1; v2= n2-1; v= v1+v2; vv = 2*(&n-1); d = 0.5; xbar1= mean(B); xbar2= mean(G); ss1= sum(B#B) - (sum(B))**2/n1; ss2= sum(G#G) - (sum(G))**2/n2; sp=round((ss1+ss2)/(v1+v2), .0001); ssx=round(sqrt((sp/n1)+(sp/n2)), .01); tp= -tinv(0.025, vv); size = 2*sp*(tp**2)/d**2; </pre>

	<pre>nn = ceil(size); print size nn; run; quit; %mend; %sample(50); %sample(17); %sample(18); proc iml; n1= 14; n = 18; n2 = ceil((n*n1)/(2*n1-n)); print n2; run; quit;</pre>														
OUTPUT	<table><tr><th>size</th><th>nn</th></tr><tr><td>16.360489</td><td>17</td></tr></table> <table><tr><th>size</th><th>nn</th></tr><tr><td>17.23701</td><td>18</td></tr></table> <table><tr><th>size</th><th>nn</th><th>n2</th></tr><tr><td>17.157746</td><td>18</td><td>26</td></tr></table>	size	nn	16.360489	17	size	nn	17.23701	18	size	nn	n2	17.157746	18	26
size	nn														
16.360489	17														
size	nn														
17.23701	18														
size	nn	n2													
17.157746	18	26													
결과해석	<p>앞의 예제 8.1번에서 귀무가설을 기각하긴 했지만, 표본 수가 적어 p-value가 귀무가설을 확실히 기각할 정도의 매우 유의한 값을 얻지 못했었다. 따라서 두 집단의 차이를 추정하는데 어느정도의 표본 수가 필요한지 알아보려고 한다. 처음에 정밀도 $d = 0.5$, 필요하다고 예상되는 표본 수를 50으로 설정한 후에 필요한 표본 값을 구해보면 16.4라는 값을 얻게 된다. 그 다음, 16.4보다 바로 큰 값 17을 사용해서 구해보면 17.2라는 값이 나온다. 같은 방법으로 18을 사용하면 17.2로 다음에 사용할 표본 수 18이 되어 이전 값과 같아진다. 따라서 각 집단에 필요한 최소 표본 수는 18이다. 만약 집단1의 표본 수가 14로 정해져 있다고 하면 공식을 통해 집단2의 표본 수는 26이라는 것을 알 수 있다.</p>														