

### 第三章 双总体均值差的估计

#### 3.1 独立样本

独立样本指的是在一个实验中，每组样本都是从不同的人群中随机抽取的，彼此之间没有关联。这意味着每个样本的结果与其他样本的结果之间没有影响，即每个样本的结果是独立的。独立样本通常用于比较两个或更多群体之间的差异，并且必须确保每组样本之间的影响因素尽可能相同。假如  $\sigma_1$  和  $\sigma_2$  是两个不同的方差，按照我们之前的知识点，就可以得出样本在  $\mu_1 - \mu_2$  的双尾置信区间为

$$\left( \bar{x}_1 - \bar{x}_2 - z_{\alpha/2} \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}, \bar{x}_1 - \bar{x}_2 + z_{\alpha/2} \sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}} \right)$$

假如  $\sigma_1$  和  $\sigma_2$  是未知的，我们就可以用样本方差  $s_1^2$  和  $s_2^2$  来代替原来的方差，这时上式的双尾置信区间为

$$\left( \bar{x}_1 - \bar{x}_2 - z_{\alpha/2} \sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}, \bar{x}_1 - \bar{x}_2 + z_{\alpha/2} \sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}} \right)$$

我们可以将上面  $\sigma_1$  和  $\sigma_2$  未知的情况下继续细分，假如  $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$ ，但是这  $\sigma_1$  和  $\sigma_2$  是未知的，我们就可以列出下面的式子

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2 - (\mu_1 - \mu_2)}{s' \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \sim t(n_1 + n_2 - 2)$$

在上面的式子里

$$s' = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2}}$$

之前我们提过， $s_1^2$  和  $s_2^2$  都是样本方差。最后我们就可以推出  $\mu_1 - \mu_2$  的置信水平为  $1 - \alpha$  的双尾置信区间为

$$\left( \bar{x}_1 - \bar{x}_2 - t_{\alpha/2}(n_1 + n_2 - 2)s' \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}, \bar{x}_1 - \bar{x}_2 + t_{\alpha/2}(n_1 + n_2 - 2)s' \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}} \right)$$

下面我们就来举个例子，如下表（表 3） 假如一个养殖场刚进了两大批饲料，我们用他来喂鸭，我们把鸭也分为了两组，分别用饲料 1 和饲料 2 来喂食鸭子，然后来记录鸭子的重量变化。记录的结果如下表（表 3）

表 3 鸭子的增重情况

| 饲料 | 增重/g                    |
|----|-------------------------|
| 1  | 42, 68, 85              |
| 2  | 42, 97, 81, 95, 61, 103 |

我们先在 `rstudio` 里面输入表格的数据，然后计算表 3 中数据的方差和均值，代码如下列所示：

```
> ducks<-data.frame(feed=rep(c(1,2),time=c(3,6)),weight_gain=c(42,68,85,42,97,81,95,61,103)) %创建了一个名为 "chicks" 的数据框，其中包含两列变量。第一列是饲料种类，取值为 1 或 2
```

```
> tapply(ducks$weight_gain,ducks$feed,mean)
```

```
1      2
65.00000 79.83333
```

```
> tapply(ducks$weight_gain,ducks$feed,sd)
```

```
1      2
21.65641 23.86979 %利用 tapply 函数，按照饲料种类将体重增加量变量进行分组，并计算每组的均值和标准差。
```

我们可以使用 R 语言里面的 `t.test` 函数来进行假设检验。代码如下：

```
> t.test(weight_gain~feed,data=ducks,var.equal=TRUE) %其中 weight_gain~feed 表示体重
```

增加量是因变量，  
饲料种类是自变量；`data=ducks` 表示数据来自数据框 `ducks`。`var.equal=TRUE` 表示假设饲料种类 1 和饲料种类 2 的方差相等。

```
Two Sample t-test

data: weight_gain by feed
t = -0.90191, df = 7, p-value = 0.3971
alternative hypothesis: true difference in means between group 1 and
group 2 is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -53.72318  24.05651
sample estimates:
mean in group 1 mean in group 2
      65.00000      79.83333
```

### 3.2 配对样本

刚刚我们 3.1 讲了独立样本的计算，但是我们如果用独立样本来计算两个均值的差也会存在一些问题。我们假设两种饲料的鸭本身就有品种的差异，可能有一种鸭的生长速度比另一种快，亦或是其中一种鸭吸收能力更强，我们使用独立样本往往会忽略了个体之间的差异。

我们为了减少这些因素的影响，这里将向大家介绍配对样本，我们继续以上面表 3 中的鸭子作为实验对象。为了将个体差异影响降低，我们这次选的鸭子是在同一窝里的，我们把一窝里的两只鸭子作为配对组。如下表（表 4），这次我们将配对组分成 6 组，每一组都挑选出一只鸭子，投喂上面的饲料 1，再向该组

的另一只鸭子投喂上面的饲料 2，再把鸭子的体重变化记录下来。

表 4 配对样本中鸭子的数据

| 饲料 | 配对 1 组 | 配对 2 组 | 配对 3 组 | 配对 4 组 | 配对 5 组 | 配对 6 组 |
|----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 1  | 44     | 55     | 68     | 85     | 90     | 97     |
| 2  | 42     | 61     | 81     | 95     | 97     | 103    |

我们在 R 语言中，用 `t.test` 来进行配对  $t$  检验，代码如下：

```
> Feed.1<-c(44, 55, 68, 85, 90, 97)
> Feed.2<-c(42, 61, 81, 95, 97, 103)
> t.test(Feed.2, Feed.1, paired=T) %Feed.1 和 Feed.2 是两个配对组的数据。
```

该检验的假设是两个配对组的真实差异是否为零。

Paired t-test

```
data: Feed.2 and Feed.1
t = 3.2359, df = 5, p-value = 0.02305
alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 1.370741 11.962592
sample estimates:
mean difference
 6.666667
```

上面的代码结果显示， $t$  值为 3.2359，自由度为 5， $p$  值为 0.02305，这意味着在 0.05 的显著性水平下，可以拒绝两个配对组的真实差异为零的假设。样本均值差异为 6.666667，95%置信区间为 1.370741 到 11.962592。

假如我们进行独立样本的 t 检验,而非配对样本,得出的置信区间将更加的广泛,代码如下:

```
> Feed<-c(Feed.1,Feed.2)
> group<-c(rep(1,6),rep(2,6))
> t.test(Feed~group)

Welch Two Sample t-test

data:  Feed by group
t = -0.51395, df = 9.8369, p-value = 0.6186
alternative hypothesis: true difference in means between group 1 and
group 2 is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -35.63370  22.30037
sample estimates:
mean in group 1 mean in group 2
      73.16667      79.83333
```