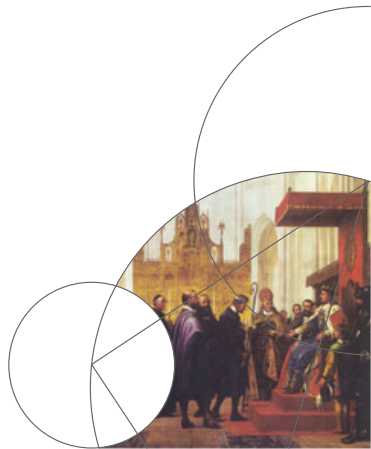




Analyse af antalstabeller

Anders Tolver
Institut for Matematiske Fag



I dag og næste uge

I dag: lærebogen kap. 12 (dog ikke 12.2.3, 12.2.4)

- Intro til test i tabeller
- Test for specifikke sandsynligheder
- Test for ens sandsynligheder (homogenitetstest)
- Test for uafhængighed
- Quiz 7

Næste uge:

- Mandag, forelæsning: repetition vha. nogle opgaver
- Mandag, øvelser: opgaveregning
- Onsdag: Ingen undervisning

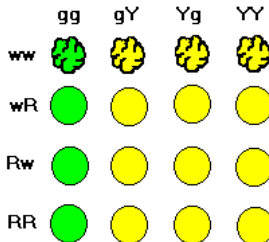


Test i tabeller



Eksempel 12.1: Mendels ærtforsøg

Class	Number
Round, yellow	315
Round, green	108
Wrinkled, yellow	101
Wrinkled, green	32
Total	556



- 566 ærter fra generation F2 undersøgt for farve og form
- Mendels arvelighedslære: Uafhængighed + dominans → kombinationen af fænotyper skal være forholdet **9 : 3 : 3 : 1**.
- Stemmer data overens med Mendels påstand?

Eksempel: Kastrering og diabetes

Eksempel fra i mandags:

	Diabetes	Ikke diabetes	Total
Katrerede mus	26	24	50
Ikke-kastrerede mus	12	38	50

- 50 kastrerede og 50 ikke-kastrerede mus undersøgt for diabetes.
- Er sandsynlighederne for diabetes ens i de to grupper? Altså: Er proportionerne ens i de to rækker, på nær tilfældighed?
- Bemærk: Rækkesummerne kendt på forhånd (begge 50)



Eksempel: Politik og økonomi

	Demokrat	Republikaner	Uafhængig
Begrænse udgifter	101	282	61
Øge skatter	38	67	25
Øge offentlige invest.	131	88	31
Lade underskuddet vokse	61	90	25

- 1000 tilfældige amerikanske vælgere adspurgt om to ting: politisk tilhørsforhold og foretrukne finanspolitisk instrument
- Er de to ting uafhængige?
- Bemærk: De 1000 personer er udtrukket tilfældigt. Hverken række- eller søjlesummer, kun totalsummen, kendt på forhånd.



Ligheder og forskelle mellem dataeksemplerne

Data:

- I alle tre eksempler kunne vi beskrive data vha. en **antalstabel** (eng.: contingency table)
- Interesseret i specifikke celledandsynligheder (Mendel) eller sammenhænge mellem celledandsynligheder (de andre eks.)
- I tovejstabellerne: Rækkesummer kendte (diabetes) eller kun totalsummen kendt (politik)

Hypotese afhænger af dataindsamlingen:

- Test for **specifikke sandsynligheder** (goodness-of-fit)
- Test for **ens sandsynligheder/proportioner** (homogenitetstest)
- Test for **uafhængighed**



Hypotesetest i antalstabeller

I alle tilfælde:

- Beregn **forventet antal obs.** i hver celle under hypotesen
- Beregn **teststørrelse**

$$\chi_{\text{obs}}^2 = \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observeret} - \text{forventet})^2}{\text{forventet}}$$

χ_{obs}^2 måler forskellen mellem tabel med observerede værdier og tabel med forventede værdier.

- Bestem **p-værdi** ved at sammenligne χ_{obs}^2 med en (den rigtige) χ^2 -fordeling. Detaljer kommer senere.

Er tabellerne med obs. hhv. forventede antal så forskellige at det må skyldes at hypotesen er falsk, eller kan det skyldes tilfældigheder?



Goodness-of-fit test (GOF): Test for specifikke sandsynligheder



Mendels ærteforsøg: Model og hypotese

Class	Number
Round, yellow	315
Round, green	108
Wrinkled, yellow	101
Wrinkled, green	32
Total	556

Stat. model: $n = 556$ uafhængige obs. der hver især kan havne i $k = 4$ grupper; alle med (ukendte) sandsynligheder p_1, \dots, p_k .

Hypotese,

$$H_0 : p_1 = \frac{9}{16}, \quad p_2 = \frac{3}{16}, \quad p_3 = \frac{3}{16}, \quad p_4 = \frac{1}{16}$$

Generelt: $H_0 : p_1 = p_{01}, \dots, p_k = p_{0k}$ for **kendte ssh**, p_{01}, \dots, p_{0k} .



Mendels ærteforsøg: Forventede værdier

Hvis hypotesen er sand, hvor mange observationer ville vi så **forvente** i hver gruppe?

$$E_i = \text{expected}_i = n \cdot p_{i0}$$

For Mendels data:

Class	Observed	Expected
Round, yellow	315	312.75
Round, green	108	104.25
Wrinkled, yellow	101	104.25
Wrinkled, green	32	34.75
Total	556	556



Mendels ærteforsøg: Teststørrelse og p -værdi

Teststørrelse:

$$\begin{aligned}X_{\text{obs}}^2 &= \sum_{i=1}^4 \frac{(\text{observed}_i - \text{expected}_i)^2}{\text{expected}_i} \\&= \frac{(315 - 312.75)^2}{312.75} + \dots + \frac{(32 - 34.75)^2}{34.75} = 0.470\end{aligned}$$

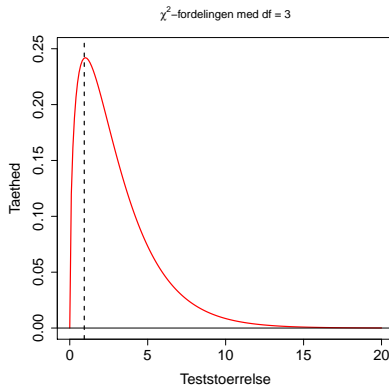
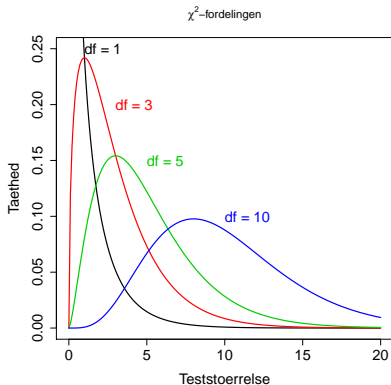
X^2 er altid ≥ 0 , og **store værdier passer dårligt med H_0** (er kritiske), små værdier passer godt med H_0 .

p -værdi:

- Sandsynlighed for at få værdi af X^2 der er $\geq X_{\text{obs}}^2$
- Viser sig at p -værdien skal bestemmes i **χ^2 -fordelingen** (chi-i-anden) med $k - 1 = 4 - 1 = 3$ frihedsgrader.



χ^2 -fordelinger, beregning af p -værdi



- p -værdien er arealet **til højre for** χ^2_{obs}
- Her fås p -værdien 0.93, så vi accepterer hypotesen

R: chisq.test

```
### Testet
chisq.test(c(315,108,101,32), p=c(9,3,3,1)/16)

##
## Chi-squared test for given probabilities
##
## data:  c(315, 108, 101, 32)
## X-squared = 0.47002, df = 3, p-value = 0.9254

### De forventede vaerdier
chisq.test(c(315,108,101,32), p=c(9,3,3,1)/16)$expected

## [1] 312.75 104.25 104.25 34.75
```



Mendels ærteforsøg: Opsummering

- Stat. model: 556 uafhængige obs. der hver især kan havne i 4 grupper; alle med (ukendte) sandsynligheder p_1, \dots, p_4 .
- Hypotese, svarende til Mendels love:

$$p_1 = \frac{9}{16}, \quad p_2 = \frac{3}{16}, \quad p_3 = \frac{3}{16}, \quad p_4 = \frac{1}{16}$$

- χ^2 -test gav $p = 0.93$ ($X_{\text{obs}}^2 = 0.47$, $\text{df} = 3$)
- Hypotesen accepteres, så data er i fin overensstemmelse med Mendels teorier



Test for ens sandsynligheder/proportioner: Homogenitetstest



Eksempel: Kastrering og diabetes

	Diabetes	Ikke diabetes	Total
Katrerede mus	26	24	50
Ikke-kastrerede mus	12	38	50

- **Rækkesummer kendt på forhånd.** Kunne have organiseret data det i stedet var søjlesummerne der var kendt på forhånd.
- I hver række har vi sandsynligheder for at havne i hver søjle.
For hver række summerer sandsynlighederne til 1.
- Vi er interesseret i **om sandsynligheden for diabetes er ens for kastrerede og ikke-kastrerede mus**
- Der kunne være flere rækker og/eller søjler



Homogenitetstest: Generel notation

	søjle 1	søjle 2	...	søjle k	Total
række 1	y_{11}	y_{12}	...	y_{1k}	n_1
række 2	y_{21}	y_{22}	...	y_{2k}	n_2
\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots	\vdots
række r	y_{r1}	y_{r2}	...	y_{rk}	n_r
Total	s_1	s_2	...	s_k	n

Dataindsamling:

- **r populationer** (rækker), n_i observationer fra population i
- I hver population er observationerne klassificeret efter et kriterium med k muligheder.
- Rækkesummer (men ikke søjlesummer) kendt på forhånd.



Homogenitetestest: Sandsynligheder og hypotese

	søjle 1	søjle 2	...	søjle k	Total
række 1	p_{11}	p_{12}	...	p_{1k}	1
række 2	p_{21}	p_{22}	...	p_{2k}	1
\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots	\vdots
række r	p_{r1}	p_{r2}	...	p_{rk}	1

Hypotesen er at sandsynlighederne/proportionerne er ens i alle populationer:

$$p_{1j} = p_{2j} = \dots = p_{rj} \text{ for alle søjler } j$$

Altså at fordelingen henover søjlerne er den samme for alle rækker.

Hvis der kun er to søjler: Sammenligning af r binomialfordelinger



Homogenitetstest: Statistisk model og hypotese

Statistisk model:

- Uafhængige obs. fra r populationer med n_i obs. i population i .
Hver obs. kan have i k grupper/celler
- I population i er sandsynligheden for at have i gruppe j lig p_{ij} .
Summen af p_{ij} 'erne er 1 for hvert i for sig
- Hvis der kun er to søjler: r binomialfordelinger

Hypotesen om homogenitet er at søjlesandsynlighederne er ens for alle rækker:

$$p_{1j} = p_{2j} = \dots = p_{rj} \text{ for alle søjler } j.$$

To søjler: Sammenligning af binomialsandsynligheder!



Homogenitetstest: Forventede værdier

Under hypotesen **estimeres søjlesandsynlighederne** — fælles for alle rækker — naturligt som

$$\hat{q}_j = \frac{s_j}{n} = \frac{\text{søjlesum}_j}{n}$$

Forventet antal i celle (i, j) hvis hypotesen er sand:

$$E_{ij} = n_i \cdot \hat{q}_j = \frac{\text{rækkesum}_i \cdot \text{søjlesum}_j}{\text{totalsum}}$$



Kastrering og diabetes: Forventede værdier

Data:

	Diabetes	Ikke diabetes	Total
Katrerede mus	26	24	50
Ikke-kastrerede mus	12	38	50

Forventede værdier:

	Diabetes	Ikke diabetes	Total
Katrerede mus	19	31	50
Ikke-kastrerede mus	19	31	50



Kastrering og diabetes: Teststørrelse og p -værdi

Teststørrelse:

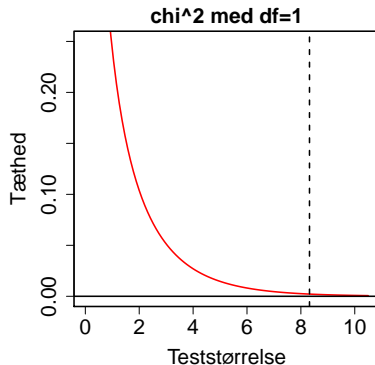
$$\begin{aligned} \chi_{\text{obs}}^2 &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(y_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \\ &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observed}_{ij} - \text{expected}_{ij})^2}{\text{expected}_{ij}} \\ &= \frac{(26 - 19)^2}{19} + \frac{(24 - 31)^2}{31} + \frac{(12 - 19)^2}{19} + \frac{(38 - 31)^2}{31} \\ &= 8.32 \end{aligned}$$

Store værdier passer dårligt med H_0 , små værdier passer godt.

p -værdi: Viser sig at χ_{obs}^2 skal vurderes i χ^2 -fordelingen med $\text{df} = (r - 1)(k - 1) = 1$



Kastrering og diabetes: χ^2 -fordelingen og p -værdien



- p -værdien er arealet **til højre for** den X_{obs}^2
- Her fås p -værdien 0.0039, så hypotesen forkastes klart



R: chisq.test

```
diabetes <- matrix(c(26,12,24,38), 2,2)
diabetes

##      [,1] [,2]
## [1,]  26  24
## [2,]  12  38

chisq.test(diabetes, correct=FALSE)

##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data:  diabetes
## X-squared = 8.3192, df = 1, p-value = 0.003923

chisq.test(diabetes, correct=FALSE)$expected

##      [,1] [,2]
## [1,]  19  31
## [2,]  19  31
```



R: prop.test

```
prop.test(c(26,12), c(50,50), correct=FALSE)

##
## 2-sample test for equality of proportions without continuity
##  correction
##
## data:  c(26, 12) out of c(50, 50)
## X-squared = 8.3192, df = 1, p-value = 0.003923
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  0.09781821 0.46218179
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
##  0.52  0.24
```



Kastrering og diabetes: Opsummering

- Statistisk model: Data fra to binomialfordelinger med successandsynligheder p_{11} og p_{21}
- Hypotese om homogenitet, $H_0 : p_{11} = p_{21}$. Vi fik $p = 0.0039$, så hypotesen afvises.

Der er forskel på risikoen for at udvikle diabetes.

- Kastrering øger risikoen for diabetes: Forskellen mellem ssh. estimeres til 0.280 med 95% KI (0.098 , 0.462)



Test for uafhængighed



Studerende på StatData1 i 2019

Ved forelæsningsen i StatData1 d. 2/9-2019 svarede 110 studerede bl.a. på følgende spørgsmål

- Har du glædet dig til StatData1? (ja/nej)
- Hvor tit drikker du alkohol?
(A: aldrig, B : 0-1 gang/uge, C: 2- gange/uge)

	A (aldrig)	B (0-1)	C (2+)
ja	6	43	27
nej	5	23	6

- Hverken række- eller søjlesummer kendt på forhånd.
- Er svarene på de to spørgsmål uafhængige? ... Hvad skal det egentlig betyde?

Data kan nu hentes på hjemmesiden.



Alkohol og forventning til SD1: Hypotese

Hypotese: Ingen sammenhæng mellem alkoholforbrug og forventning til Statistisk Dataanalyse 1.

For eksempel:

$$P(\text{aldrig alkohol og glæder sig}) = P(\text{aldrig alkohol}) \cdot P(\text{glæder sig})$$

Altså at sandsynligheden for at begge dele er opfyldt fås ved at **gange** de to sandsynligheder. Skal gælde for **alle celler** i tabellen.

Hvis p_{ij} er celledsandsynligheder, p_i er rækkesandsynligheder og q_j er søjlesandsynligheder er hypotesen at

$$p_{ij} = p_i \cdot q_j \text{ for alle } i, j$$



Uafhængighedstest: Generel notation

	søjle 1	søjle 2	...	søjle k	Total
række 1	y_{11}	y_{12}	...	y_{1k}	n_1
række 2	y_{21}	y_{22}	...	y_{2k}	n_2
\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots	\vdots
række r	y_{r1}	y_{r2}	...	y_{rk}	n_r
Total	s_1	s_2	...	s_k	n

- Alle observationer **klassificeret efter to kriterier**. Organiseret i r rækker og k søjler
- **Kun totalsummen n er kendt på forhånd**
- Rækkesummer og søjlesummer ikke kendt på forhånd, men kan selvfølgelig beregnes når vi har data



Uafhængighedstest: Statistisk model

Statistisk model:

- n uafhængige obs. der hver især kan havne i $r \cdot k$ celler
- Ssh. for celle (i, j) kaldes p_{ij} . Sum af **alle** p_{ij} 'er er 1

Rækkesandsynligheder p_i og søjlesandsynligheder q_j . Sum af de relevante cellesandsynligheder.

	søjle 1	søjle 2	...	søjle k	Total
række 1	p_{11}	p_{12}	...	p_{1k}	p_1
række 2	p_{21}	p_{22}	...	p_{2k}	p_2
\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots	\vdots
række r	p_{r1}	p_{r2}	...	p_{rk}	p_r
Total	q_1	q_2	...	q_k	1



Uafhængighedstest: Hypotese

Hypotese om uafhængighed:

$$\begin{aligned} p_{ij} &= \text{Sandsynlighed for række } i \text{ og søjle } j \\ &= \text{Sandsynlighed for række } i \cdot \text{Sandsynlighed for søjle } j \\ &= p_i \cdot q_j \end{aligned}$$

Hypotesen er at dette gælder for **alle** i og j , dvs. alle celler.



Forventede værdier

Estimater for række- og søjlesandsynligheder:

$$\hat{p}_i = \frac{\text{rækkesum}_i}{\text{totalsum}} = \frac{n_i}{n}, \quad \hat{q}_j = \frac{\text{søjlesum}_j}{\text{totalsum}} = \frac{s_j}{n}$$

Under hypotesen har vi derfor følgende **estimer for cellessh.:**

$$\hat{p}_{ij} = \hat{p}_i \cdot \hat{q}_j = \frac{\text{rækkesum}_i \cdot \text{søjlesum}_j}{n^2}$$

Forventet antal i celle (i, j) hvis H_0 er sand:

$$E_{ij} = n \cdot \hat{p}_{ij} = \frac{\text{rækkesum}_i \cdot \text{søjlesum}_j}{\text{totalsum}}$$

Præcis det **samme som for homogenitetstestet!**



Alkohol og forventning til SD1: Forventede værdier

Data:

	A (aldrig)	B (0-1)	C (2+)	I alt
ja	6	43	27	76
nej	5	23	6	34
I alt	11	66	33	110

Forventede værdier:

	A (aldrig)	B (0-1)	C (2+)	I alt
ja	7.6	45.6	22.8	76
nej	3.4	20.4	10.2	34
I alt	11	66	33	110



Alkohol og forventning til SD1: Teststørrelse og p -værdi

Teststørrelse

$$\begin{aligned}\chi_{\text{obs}}^2 &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(y_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \\ &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observed}_{ij} - \text{expected}_{ij})^2}{\text{expected}_{ij}} \\ &= \frac{(6 - 7.6)^2}{7.6} + \dots + \frac{(6 - 10.2)^2}{10.2} \\ &= 4.0725\end{aligned}$$

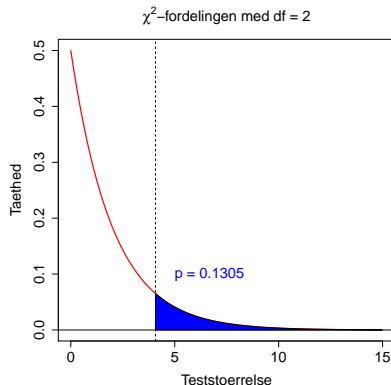
Store værdier passer dårligt med H_0 , små værdier passer godt.

p -værdi: Viser sig at χ_{obs}^2 skal vurderes i χ^2 -fordelingen med $df = (r - 1)(k - 1) = (2 - 1) \cdot (3 - 1) = 2$. **Ligesom**

homogenitetstestet!



Alkohol og forventning til SD1: χ^2 -fordelingen og p -værdien



- p -værdien er arealet **til højre for** X_{obs}^2
- Her fås p -værdien 0.1305, så hypotesen forkastes ikke (på niveau 5 %)



R: chisq.test

```
sd1data <- matrix(c(6, 5, 43, 23, 27, 6), 2, 3)
sd1data
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    6  43  27
## [2,]    5  23   6
```

```
chisq.test(sd1data, correct = FALSE)
```

```
## Warning in chisq.test(sd1data, correct = FALSE):
Chi-squared approximation may be incorrect
```

```
##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data:  sd1data
## X-squared = 4.0725, df = 2, p-value = 0.1305
```



R: chisq.test

```
### De forventede værdier  
chisq.test(sd1data)$expected
```

```
## Warning in chisq.test(sd1data): Chi-squared  
approximation may be incorrect
```

```
##      [,1] [,2] [,3]  
## [1,]  7.6 45.6 22.8  
## [2,]  3.4 20.4 10.2
```



Alkohol og forventning til SD1: Opsummering

- Stat. model: 110 uafhængige obs. der hver især kan havne i 6 grupper; alle med (ukendte) sandsynligheder p_{ij}
- Hypotese om uafhængighed: $p_{ij} = p_i \cdot q_j$ for alle i, j
- χ^2 -test gav $p = 0.1305$ ($X_{\text{obs}}^2 = 4.0725$, $df = 2$)
- Hypotesen forkastes ikke, så alkoholforbrug og forventning til SD1 er uafhængige



Diverse



Uafhængighedstest vs. homogenitetstest

Beregningerne er helt identiske:

- Forventede værdier beregnes som $E_{ij} = \frac{\text{rækkesum}_i \cdot \text{søjlesum}_j}{\text{totalsum}}$
- Teststørrelse beregnes som $\chi^2_{\text{obs}} = \sum \frac{(\text{observeret} - \text{forventet})^2}{\text{forventet}}$
- Teststørrelsen vurderes i χ^2 -ford. med $df = (r - 1)(k - 1)$:
 p -værdien beregnes som sandsynlighed til højre for χ^2_{obs}
- Hypotesen forkastes/afvises på baggrund af p -værdien som sædvanlig
- Testet kan udføres med `chisq.test` i R

Men: **Hypotesen og derfor fortolkningen er forskellig** afhængig af datastrukturen/-indsamlingen.



Uafhængighedstest vs. homogenitetstest

Uafhængighedstest:

- Når **to kategoriske variable** med hhv. r og k kategorier er observeret for **en enkelt population**
- Hverken række- eller søjlesummer er kendt på forhånd
- Hypotese om **uafhængighed** mellem de to variable

Homogenitetstest:

- Når **en enkelt kategorisk variabel** med k kategorier er observeret i **r forskellige populationer**
- Rækkesummer (eller søjlesummer) kendt på forhånd
- Hypotese om **ens proportioner/sandsynligheder** for de r populationer



Kontinuitetskorrektion

For 2×2 tabeller (men ikke større tabeller) laver `chisq.test` som default en **kontinuitetskorrektion**, når X^2 beregnes.

- `chisq.test(..., correct=FALSE)`: Giver det vi netop har beregnet
- `chisq.test(..., correct=TRUE)`: Giver lidt andre resultater — faktisk forbedret.

Begge dele er OK til eksamen, medmindre der står noget specifikt.



R: Med og uden kontinuitetskorrektion

```
diabetes
```

```
##      [,1] [,2]  
## [1,]   26  24  
## [2,]   12  38
```

```
chisq.test(diabetes, correct=TRUE)
```

```
##  
## Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction  
##  
## data:  diabetes  
## X-squared = 7.1732, df = 1, p-value = 0.0074
```

```
chisq.test(diabetes, correct=FALSE)
```

```
##  
## Pearson's Chi-squared test  
##  
## data:  diabetes  
## X-squared = 8.3192, df = 1, p-value = 0.003923
```



Alkohol og forventning til SD1: R warning

I forbindelse med analysen giver `chisq.test` en advarsel!

```
chisq.test(sd1data, correct = FALSE)

## Warning in chisq.test(sd1data, correct = FALSE):
## Chi-squared approximation may be incorrect

##
## Pearson's Chi-squared test
##
## data:  sd1data
## X-squared = 4.0725, df = 2, p-value = 0.1305
```



Approximation

Vi har hele tiden sagt at X^2 kommer fra χ^2 -fordeling når hypotesen er sand, men faktisk er det kun en approksimation.

Tommelfingerregel: **Approximationen er kun god hvis de forventede værdier i alle celler er ≥ 5 .**

```
chisq.test(sd1data)$expected
```

```
## Warning in chisq.test(sd1data): Chi-squared  
approximation may be incorrect
```

```
##      [,1] [,2] [,3]  
## [1,]  7.6 45.6 22.8  
## [2,]  3.4 20.4 10.2
```



Hvad gør man hvis forventede antal er for små?

- **Slå rækker og/eller søjler** sammen så tommelfingerreglen om forventede værdier er OK.

Sammenlægningen skal selvfølgelig give mening, typisk for ordinale data. (Kunne godt gøres her!)

- Beregn p -værdien ved **simulation**.

Laver mange datasæt som de ville se ud hvis hypotesen var sand og beregner X^2 . Hvor ofte er den større end X_{obs}^2 ?



R: Simuleret p -værdi

```
set.seed(2019)
chisq.test(sd1data, simulate.p.value = TRUE, B=10000)

##
##  Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 1
##  replicates)
##
## data:  sd1data
## X-squared = 4.0725, df = NA, p-value = 0.122
```



Alkohol og forventning til SD1: Konklusion

- Simulerede p -værdierne lidt forskellige fra gang til gang (medmindre man som her vælger fast seed)
- De simulerede p -værdier tæt på p -værdien baseret på χ^2 -approksimationen (0.1305)
- Ikke tegn på sammenhæng ml. alkoholforbrug og forventning til SD1



Opsummering vedr. R

Test i tabeller:

- `chisq.test`: Giver χ^2_{obs} og p -værdi samt forventede værdier. Kan også beregne simulerede p -værdier. Ingen konfidensint.
- `prop.test`: Kan bruges hvis der kun er to søjler (evt. flere rækker). Giver ikke de forventede værdier.
Også KI for forskel mellem rækkesh. for 2×2 tabeller.
- For 2×2 tabeller: `chisq.test` og `prop.test` fås med/uden kontinuitetskorrektion.
- Data skal indtastes forskelligt når man bruger `chisq.test` og `prop.test`.

Vælg selv metoden medmindre du bliver spurgt om noget eksplicit.

