



## 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

	gg	gY	Yg	YY
ww				
wR				
Rw				
RR				

- 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
Kastrerede 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 to 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**

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

$\chi^2_{\text{obs}}$  måler forskellen mellem tabel med observerede værdier og tabel med forventede værdier.

- Bestem **p-værdi** ved at sammenligne  $\chi^2_{\text{obs}}$  med en (den rigtige)  $\chi^2$ -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 ærtforsøg: 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 ærtforsøg: 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 ærtforsøg: Teststørrelse og $p$ -værdi

Teststørrelse:

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

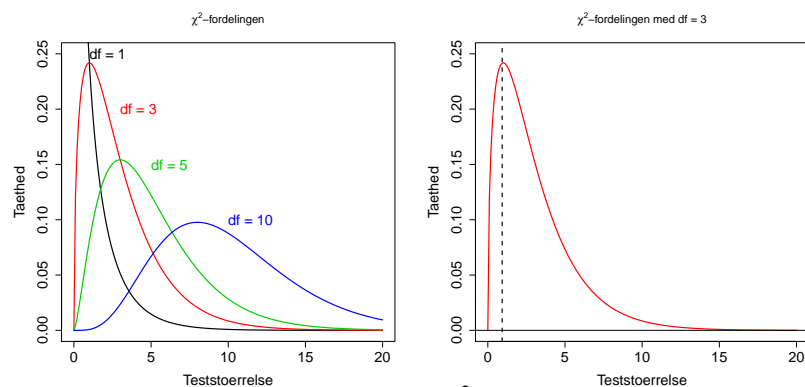
$\chi^2$  er altid  $\geq 0$ , og **store værdier passer dårligt med  $H_0$**  (er kritiske), små værdier passer godt med  $H_0$ .

$p$ -værdi:

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



## $\chi^2$ -fordelinger, beregning af $p$ -værdi



- $p$ -værdien er arealet til højre for  $\chi^2_{\text{obs}}$
- 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 værdier
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 ærtforsøg: 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:

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

- $\chi^2$ -test gav  $p = 0.93$  ( $X^2_{\text{obs}} = 0.47$ ,  $df = 3$ )
- 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	$y_{21}$	$y_{22}$	...	$y_{2k}$	$n_2$
...	...	...	...	...	...
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.



## Homogenitetstest: 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
...	...	...	...	...	...
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 havde i  $k$  grupper/celler
- I population  $i$  er sandsynligheden for at havne 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:

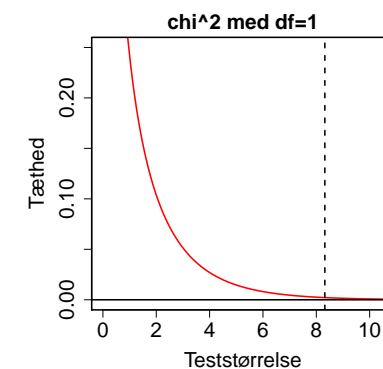
$$\begin{aligned} \chi^2_{\text{obs}} &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(y_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \\ &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observed}_{ij} - \text{expected}_{ij})^2}{\text{expected}_{ij}} \\ &= \frac{(26 - 19)^2}{19} + \frac{(24 - 31)^2}{31} + \frac{(12 - 19)^2}{19} + \frac{(38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

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

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



## Kastrering og diabetes: $\chi^2$ -fordelingen og $p$ -værdien



- $p$ -værdien er arealet **til højre for** den  $\chi^2_{\text{obs}}$
- 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 forelæsningen 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	$y_{21}$	$y_{22}$	...	$y_{2k}$	$n_2$
...	...	...	...	...	...
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 have 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 celledsandsynligheder.

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





## Uafhængighedstest: Hypotese

### Hypotese om uafhængighed:

- $p_{ij}$  = Sandsynlighed for række  $i$  og søjle  $j$   
 = Sandsynlighed for række  $i$  · Sandsynlighed for søjle  $j$   
 =  $p_i \cdot q_j$

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

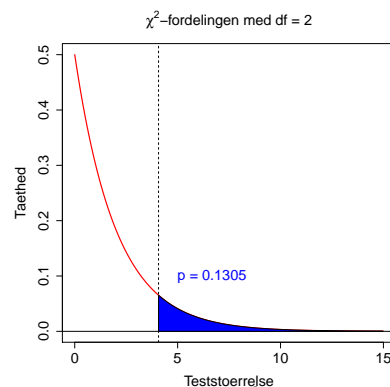
$$\begin{aligned}
 \chi^2_{\text{obs}} &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(y_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \\
 &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observed}_{ij} - \text{expected}_{ij})^2}{\text{expected}_{ij}} \\
 &= \frac{(6 - 7.6)^2}{7.6} + \dots + \frac{(6 - 10.2)^2}{10.2} \\
 &= 4.0725
 \end{aligned}$$

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

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



## Alkohol og forventning til SD1: $\chi^2$ -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  $i, j$
- $\chi^2$ -test gav  $p = 0.1305$  ( $X_{obs}^2 = 4.0725$ ,  $df = 2$ )
- 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  $X_{\text{obs}}^2 = \sum \frac{(\text{observeret} - \text{forventet})^2}{\text{forventet}}$
- Teststørrelsen vurderes i  $\chi^2$ -ford. med  $df = (r - 1)(k - 1)$ :  $p$ -værdien beregnes som sandsynlighed til højre for  $X_{\text{obs}}^2$
- 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  $2 \times 2$  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  $\chi^2$ -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  $\geq 5$ .**

```
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  $X_{\text{obs}}^2$ ?



## R: Simuleret $p$ -værdi

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

##
## Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 10000
## replicates)
##
## data: sdldata
## 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  $\chi^2$ -approximationen (0.1305)
- Ikke tegn på sammenhæng ml. alkoholforbrug og forventning til SD1



## Opsummering vedr. R

### Test i tabeller:

- `chisq.test`: Giver  $X_{\text{obs}}^2$  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 rækkessh. for  $2 \times 2$  tabeller.
- For  $2 \times 2$  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.

