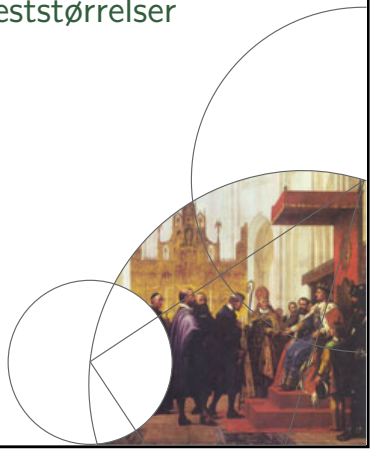
To stikprøver, hypotesetest og t-teststørrelser

Anders Tolver
Institut for Matematiske Fag



Dagens program

Formiddag

- Tostikprøve-problemet: parrede vs. uparrede test
- Hypotesetest: introduceret via t-test
- Eksempel: t-test i forbindelse med lineær regression
- Eksempel: t-test i forbindelse med ensidet ANOVA

Eftermiddag (video)

- Gennemgang af resultaterne for Quiz 2
  (laves selv på forhånd i Absalon)
- Analyse af datasæt med gæt på antal punkter på en figur
  - Hypotesetest: Gætter man systematisk for højt/lavt?
  - En del findes allerede i R program på kursushjemmesiden
    (`forel200909_Rprog`)

Overblik

Vi skal have „udfyldt“ følgende skema over modeller (rækker) og statistiske begreber (søjler):

	Intro	Model	Est.+SE	KI	Test	Kontrol	Præd.
En stikprøve	✓	✓	✓	✓	nu	✓	
Ensidet ANOVA	✓	✓	✓	✓	(nu)		
Lineær regr.	✓	(✓)	(✓)	(✓)	nu		
To stikprøver	nu	nu	nu	nu	nu		
Multipel regr.							
Tosidet ANOVA							

Statistiske begreber

Statistiske grundbegreber indtil videre:

- Population og stikprøve
- Gennemsnit, stikprøvespredning, median, kvartiler
- Statistisk model og parametre
- Estimater og standard error (SE) for estimater
- Konfidensinterval
- **Hypotesetest**

To stikprøver

Uparrede vs parrede stikprøver

Data: $x_1, \ldots, x_{n_1}$ og $y_1, \ldots, y_{n_2}$. Den samme slags respons målt med både x og y, men under to forskellige "omstændigheder".

Eksempel 1:

- 100 kvinders hhv. 42 mænds gæt på punktplot 1
- Interesseret i forskel på mænd og kvinder (om nogen)

Eksempel 2:

- 142 studerendes gæt på hhv. punktplot 1 og punktplot 2
- Interesseret i forskel på gæt mellem de to punktplot

Der er en væsentlig forskel mellem de to situationer. Hvilken?

Opgave HS.16: Afgør hvilket set-up i tre forskellige situationer.

To uafhængige stikprøver

Egenskaber:

- **Alle** observationer kan antages at være uafhængige
- Man kan ændre rækkefølgen af x'er og y'er hver for sig uden at ændre datasættet
- Stikprøvestørrelserne kan være **forskellige**

Under antagelse af **ens spredninger:** Ensidet ANOVA med $k = 2$

- Kan bruge `lm` som i ANOVA
- Alternativ: `t.test(x,y, var.equal=TRUE)`

Kan godt analysere data **uden at antage ens spredninger**, se afsnit 5.4. R: `t.test(x,y)`.

Se kommenteret eksempel i R-kode til i dag, `forel200916_Rprog`

To parrede stikprøver

Egenskaber:

- Observationerne kommer i **par.** Parrene, men ikke enkeltobservationerne, kan antages at være uafhængige
- Man kan ikke ændre rækkefølgen af x'er og y'er hver for sig uden at ændre datasættet
- Stikprøver er nødvendigvis **lige store**

Analyserer **forskellen** mellem x og y som **en enkelt stikprøve.**

- Kan bruge `lm(x-y ~ 1)`
- Alternativ: `t.test(x,y, paired=TRUE)` eller `t.test(x-y)`

Se kommenteret eksempel i R-kode til i dag, `forel200916_Rprog`

t-test: intuition og eksempler

Hvad er en statistisk hypotese?

Husk vores *opskrift*

- **Data:** hvor mange variable og hvilke typer?
- Fører til **statistisk model** for variationen i vores stikprøve
- Populationsparametre fra modellen har vores primære interesse
- Hidtil: fokus på estimater og konfidensintervaller

En **statistisk hypotese** er et spørgsmål / en antagelse omkring værdien af nogle af populationsparametrene.

Hvordan afgøres om data understøtter hypotesen eller ej?

Vi *måler* om data understøtter hypotesen vha. en **teststørrelse**.

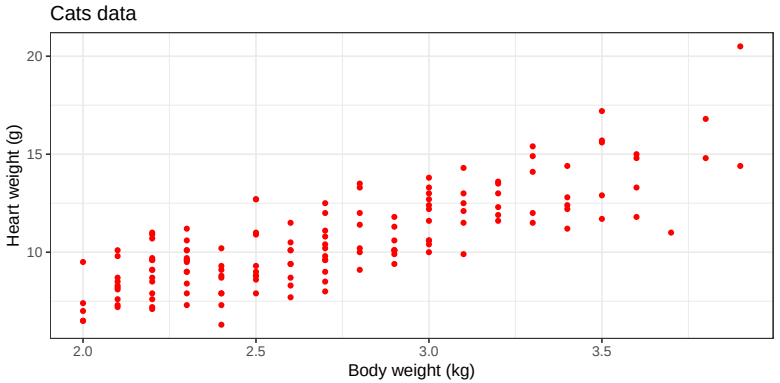
Generel form for t-teststørrelser

T-teststørrelser har **altid** formen

$$T_{\text{obs}} = \frac{\text{estimat} - \text{hypoteseværdi}}{\text{SE(estimat)}}$$

og skal vurderes i "den relevante" t-fordeling.

Test i lineær regression



- Er der faktisk en sammenhæng mellem kropsvægt og hjertevægt?

Test i lineær regression

Data: Par $(x_1, y_1), \ldots, (x_n, y_n)$

Statistisk model:

- $y_1, \ldots, y_n$ uafhængige
- y_i normalfordelt med middelværdi $\alpha + \beta x_i$ og spredning σ.

Hypotesen er at x ikke har nogen effekt på y, at der ikke er nogen sammenhæng mellem de to variable.

Hvordan kan det udtrykkes vha. α og/eller β?

Test i lineær regression

Den relevante hypotese er ofte (men ikke altid) $H_0 : \beta = 0$:

$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\beta} - 0}{\text{SE}(\hat{\beta})}$$

Skal vurderes i t-fordelingen med $\text{df} = n - 2$.

Eksempel: Der er data fra $n = 144$ katte:

$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\beta} - 0}{\text{SE}(\hat{\beta})} = \frac{4.0341}{0.2503} = 16.12$$

der skal vurderes i t_{142}. Dette giver en ***p*-værdi** $< 2 \cdot 10^{-16}$. **Tegn!**

Konklusion: Der er meget stærk evidens mod hypotesen. Der **er** sammenhæng mellem kattes kropsvægt og hjertevægt.

R: sammenhæng mellem kropsvægt og hjertevægt for katte

```
summary(lm(Hwt ~ Bwt, data = cats))


##
## Call:
## lm(formula = Hwt ~ Bwt, data = cats)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.5694 -0.9634 -0.0921  1.0426  5.1238
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  -0.3567     0.6923  -0.515    0.607
## Bwt           4.0341     0.2503  16.119   <2e-16 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.452 on 142 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.6466,Adjusted R-squared:  0.6441
## F-statistic: 259.8 on 1 and 142 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Lineær regression: Test for $H_0 : \beta = \beta_0$

Antag at en **teori** siger at 1 kg ekstra på kropsvægten i gennemsnit (i populationen af katte) fører til 4 g ekstra hjertevægt.

Dette svarer til **hypotesen** $H_0 : \beta = 4$.

Mere generelt: Hypotese $H_0 : \beta = \beta_0$ for en **præ-specificeret værdi** β_0 (kendt inden vi indsamlede data).

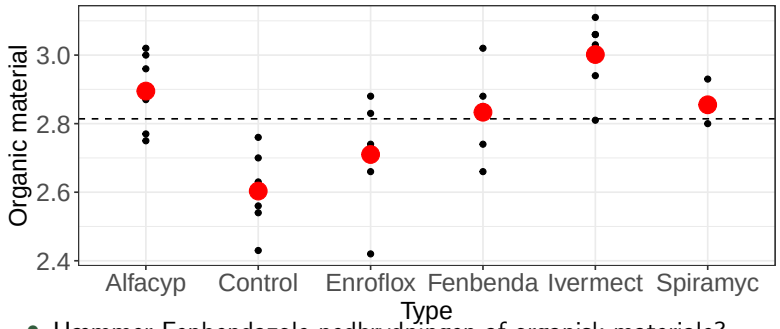
Teststørrelse

$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\beta} - \beta_0}{\text{SE}(\hat{\beta})} = \frac{4.0341 - 4}{0.2503} = 0.136.$$

Sammenligning med t_{142} giver p-værdien 0.89. **Tegn!**

Konklusion: Data er ikke i modstrid med hypotesen.

Sammenligning af to grupper i ensidet ANOVA



- Hæmmer Fenbendazole nedbrydningen af organisk materiale?
- Laver testet i modellen for alle data; ikke som to stikprøver

Statistisk model

Data: $y_1, \ldots, y_n$ fra k grupper med n_j obs. i gruppe j.

Statistisk model:

- $y_1, \ldots, y_n$ uafhængige
- y_i normalfordelte med middelværdi $\alpha_{g(i)}$ og spredning σ

Hypotese: $H_0 : \alpha_{\text{Con}} = \alpha_{\text{Fen}}$

t-teststørrelse

$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\alpha}_{\text{Fen}} - \hat{\alpha}_{\text{Con}}}{\text{SE}(\hat{\alpha}_{\text{Fen}} - \hat{\alpha}_{\text{Con}})} = \frac{0.230}{0.070} = 3.27$$

Skal evaluereres i t_{28}. Dette giver ***p*-værdien** 0.0028.

Konklusion: Vi har med stor sikkerhed påvist at Fenbendazole hæmmer nedbrydningen.

R

```
> antibio$myType <- relevel(antibio$type, ref="Control")
> model3 <- lm(org ~ myType, data=antibio)
> summary(model3)

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    2.60333    0.04970  52.379  < 2e-16 ***
myTypeAlfacyp  0.29167    0.07029   4.150 0.000281 ***
myTypeEnroflox 0.10667    0.07029   1.518 0.140338
myTypeFenbenda 0.23000    0.07029   3.272 0.002834 **
myTypeIvermect 0.39833    0.07029   5.667  4.5e-06 ***
myTypeSpiramyc 0.25167    0.07858   3.202 0.003384 **
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.1217 on 28 degrees of freedom
```


t-test for en enkelt stikprøve og parrede stikprøver

Eksempel 6.1: Hormonkoncentration

Et forsøg skal vise om et nyt foder ændrer konc. af et hormon.

- Ni dyr har fået foderet i en periode. Hormonkoncentrationen målt ved forsøgets start og slutning. Enhed: $\mu g/ml$.
- Spørgsmål: **Har foderet en effekt på hormonkonc.?**

```
> hormData
  feed initial final
1    1     207   216
2    1     196   199
.
.
9    1     190   182
```

Parrede data!

Foreløbig analyse af forskelle

Vi ser på **differenserne**, og betragter dem som en enkelt stikprøve:

$$y = \text{diff} = \text{final} - \text{initial}$$

Analyse:

- Statistisk model: $y_1, \ldots, y_n$ uafhængige, normalfordelte med middelværdi μ og spredning σ.
- Fortolkning af μ? **Hvilken værdi er særligt interessant?**
- Konfidensinterval? Fortolkning?

Konfidensintervallet svarer til en vis grad på vores spørgsmål, men man plejer at lave et **hypotesetest** i stedet.

Hypotese

Hvis foderet ikke har nogen effekt, så er der ikke systematisk forskel på "før og efter". Dette svarer til at $\mu = 0$.

Vil derfor teste **hypotesen** (nulhypotesen)

$$H_0 : \mu = 0$$

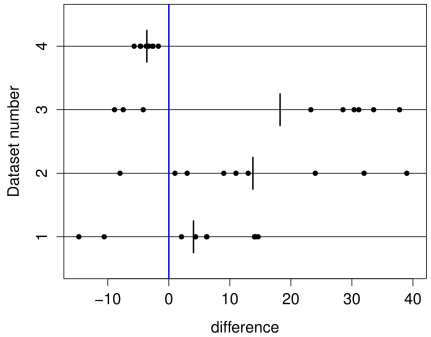
Hypotesen er en **restriktion** på den statistiske model.

- Under modellen: $y_i \sim N(\mu, \sigma^2)$, uafhængige.
- Hvis H_0 er sand: $y_i \sim N(0, \sigma^2)$, uafhængige.

NB: Nullet i "H_0" henviser **ikke** til nullet i "$\mu = 0$". Nulhypotesen også havde været $H_0 : \mu = 5$, hvis dette var intersessant.

Hvad passer bedst/dårligst?

Fire datasæt med hver 9 differencer. Hvilke datasæt stemmer bedst/dårligst med hypotesen om, at middelværdien er 0?



- Sorte lodrette streger: stikprøvegennemsnit.
- Blå lodret streg: Hypoteseværdien (nul)

Ideen i et hypotesetest

Hypotese $H_0 : \mu = 0$

Vi har estimatet — "bedste gæt" — $\hat{\mu} = \bar{y}$. Alt andet lige:

- Hvis $\hat{\mu} = \bar{y}$ ligger **langt fra nul**, tyder det på at H_0 er falsk.
- Hvis $\hat{\mu} = \bar{y}$ ligger **tæt på nul**, tyder det ikke på at H_0 er falsk.

Men hvad er "langt fra" og hvad er "tæt på"?

- Værdien $\hat{\mu} = 13.78$ alene er ikke nok!

  Hvis vi målte i $\mu g/l$ i stedet ville vi have fået 0.01378 i stedet. Det lyder lille, men er jo helt den samme forskel.
- Skal tage højde for **variationen i data!**

Skyldes forskellen i stikprøven en **reel effekt** eller blot **tilfældigheder?** Hvad hvis vi gentog eksperimentet?

Ideen i et hypotesetest

Er data i overensstemmelse med hypotesen?

- Data stemmer **godt** med hypotesen, hvis hypotesen gør det **sandsynligt** at en gentagelse af eksperimentet resulterer i observationer, der passer dårligere med H_0 end dem vi har.
- Data stemmer **dårligt** med hypotesen, hvis hypotesen gør det **usandsynligt** at en gentagelse af eksperimentet resulterer i observationer, der passer dårligere med H_0 end dem vi har.

Sandsynlighed for at en gentagelse passer dårligere kaldes ***p*-værdien**.

Troværdigheden af hypotesen måles vha. p-værdien.

Teststørrelse

Skal altså beregne sandsynligheden for at en gentagelse passer dårligere med hypotesen end de givne data — hvis hyp. er sand.

Skal have en metode til at måle hvor godt/dårligt data passer med hypotesen. Vi skal bruge en **teststørrelse** (eng.: test statistic).

Teststørrelsen for en hypotese skal opfylde tre kriterier:

- Det er en **talværdi**, som kan beregnes udfra data.
- Den skal være et (godt) **mål for hvor godt data stemmer med hypotesen.**

  Skal kunne skelne om hypotesen passer godt til data eller ej.
- Under forudsætning af at hypotesen er sand, skal **teststørrelsens sandsynlighedsfordeling** kunne bestemmes.

T-teststørrelsen for en enkelt stikprøve

Statistisk model: $y_1, \ldots, y_n \sim N(\mu, \sigma^2)$

Husk:

- $\hat{\mu} = \bar{y}$ er normalford. med middelværdi μ og spredning $\sigma/\sqrt{n}$.
- Fra konstruktion fra konfidensinterval:

$$T = \frac{\hat{\mu} - \mu}{\mathrm{SE}(\hat{\mu})} = \frac{\bar{y} - \mu}{s/\sqrt{n}} \sim t_{n-1}$$

Hypotese, $H_0 : \mu = 0$. **Hvis** hypotesen er sand, kan vi erstatte μ med 0:

$$T = \frac{\hat{\mu} - 0}{\mathrm{SE}(\hat{\mu})} = \frac{\bar{y} - 0}{s/\sqrt{n}} \sim t_{n-1}$$

Opfylder T kriterierne?

Kan T bruges som teststørrelse?

De tre kriterier:

- Det er en **talværdi**, som kan beregnes udfra data ✓
- Den skal være et godt mål for hvor godt data stemmer med hypotesen ✓

  Værdier tæt på 0 passer godt, værdier langt fra 0 passer skidt
- Under forudsætning af at hypotesen er sand, skal teststørrelsens sandsynlighedsfordeling kunne beregnes ✓

  Hvis H_0 er sand vil T være t-fordelt med $n-1$ frihedsgrader.

Tilsammen: Vi kan nu beregne **ssh. for at få en T-værdi der passer dårligere med hypotesen end den vi fik fra vores data.**

p-værdi for eksemplet med hormonkoncentration

Vi fik $\hat{\mu} = \bar{y} = 13.78$, $s = 15.24$ og har $n = 9$. Dermed

$$\mathrm{SE}(\hat{\mu}) = \frac{15.24}{\sqrt{9}} = 5.08, \qquad T_{\mathrm{obs}} = \frac{13.78 - 0}{5.08} = 2.71$$

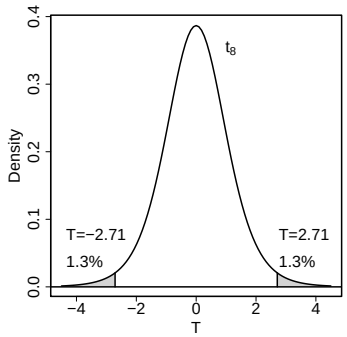
p-værdien er sandsynligheden for at få en værdi af T der ligger lige så langt eller længere væk fra nul end det vi fik. **Se figur!**

$$p = P\big(|T| \geq |T_{\mathrm{obs}}|\big) = P\big(|T| \geq 2.71\big) = 2 \cdot P\big(T \geq 2.71\big) = 0.026,$$

Hvis H_0 er sand er det altså ikke særligt sandsynligt at få en så stor værdi af T som vi fik → H_0 virker ikke troværdig → H_0 **afvises.**

p-værdi for eksemplet med hormonkoncentration

$T_{\mathrm{obs}} = 2.71$ skal evalueres i t-fordelingen med 8 frihedsgrader.




```
### P(T>2.71). Skal ganges med 2 for at få p-værdien
> 1-pt(2.71,df=8)
[1] 0.01332905
```

p-værdi og konklusion på test

Forvirret...?

Så hold fast i følgende, som **altid** gælder:

- En (meget) **lille p-værdi** tyder (stærkt) på, at hypotesen er falsk, så vi **afviser** hypotesen
- En **moderat eller stor p-værdi** siger, at hypotesen stemmer godt med vores data, så vi **afviser ikke hypotesen**

Men hvor lille er lille?

Konventionelle grænser

Fra gamle dage med stat. tabeller har man tre signifikansgrænser:

*** $p < 0.001$. Signifikans på 0.1% niveau. Meget stærk evidens mod hypotesen.

** $p < 0.01$. Signifikans på 1% niveau. Temmelig stærk evidens mod hypotesen.

* $p < 0.05$. Signifikans på 5% niveau. Nogen evidens mod hypotesen.

NS $p > 0.05$. Ikke signifikant (Not Significant). Ingen overbevisende evidens mod hypotesen.

Grænser bruges stadig, selvom de er temmelig arbitrære.

Evidensen mod hypotesen er så godt som den samme for en p-værdi på 5.1% som for 4.9%. **Angiv altid p-værdien.**

Hormonkoncentration: Konklusion

Spørgsmål: **Har foderet en effekt på hormonkoncentrationen?**

- Hypotese, $H_0 : \mu = 0$ hvor μ er den forventede ændring for et tilfældigt dyr (populationsgennemsnittet).
- Vi har med rimelig sikkerhed påvist, at hypotesen ikke holder, og dermed påvist en effekt af foderet ($p = 0.026$).
- Stigningen i hormonkoncentrationen estimeres til 13.78 med 95% konfidensinterval (2.06 , 25.49).

R: "Manuelt"

```
> library(isdals)
> data(hormone)
> hormData <- subset(hormone, feed=="1")
> hormData <- transform(hormData, dif = final-initial)

> mean(hormData$dif)
[1] 13.77778
> sd(hormData$dif)
[1] 15.23793
> 13.77778 / 15.23793 * sqrt(9)
[1] 2.71253
> 2*(1 - pt(2.71253, df=8))
[1] 0.02655391
```

R: Med `lm`

```
> model <- lm(dif ~ 1, data=hormData)
> summary(model)

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   13.778      5.079   2.713   0.0266 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 15.24 on 8 degrees of freedom
```

R: `t.test`

```
> t.test(hormData$dif)

One Sample t-test

data:  hormData$dif
t = 2.7125, df = 8, p-value = 0.02655
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
  2.06487 25.49069
sample estimates:
mean of x
 13.77778
```

Konfidensinterval og hypotesetest

I eksemplet gav konfidensintervallet og hypotesetestet samme konklusion:

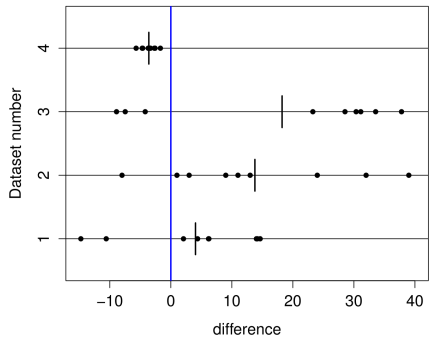
- Nul ligger ikke i **95%**-konfidensintervallet
- Vi afviser H_0 med en p-værdi mindre end **5%**

Sådan er det altid for t-tests:

0 er ikke i 95%-konfidensinterval hvis og kun hvis hypotesen $H_0 : \mu = 0$ kan afvises på 5% signifikansniveau.

Hvad passer bedst/dårligst?

Fire datasæt med hver 9 differencer. Hvilke stemmer bedst/dårligst med hypotesen om, at middelværdien er 0?



- Blå lodret streg: Hypoteseværdien (nul)
- p-værdier: $p = 0.00002$, $p = 0.022$, $p = 0.027$, $p = 0.28$

Opsummering

t-test for hypotesen $H_0 : \mu = 0$ i en enkelt stikprøve udføres sådan:

- Hypotese, $H_0 : \mu = 0$
- Beregn t-teststørrelsen,

$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\mu} - 0}{\text{SE}(\hat{\mu})} = \frac{\sqrt{n}(\bar{y} - 0)}{s}$$

- Sammenlign teststørrelsen med t-fordelingen med $n - 1$ frihedsgrader og beregn p-værdien
- Konkludér