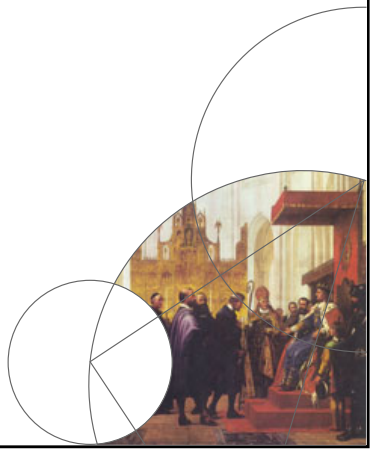
Analyse af antalstabeller

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

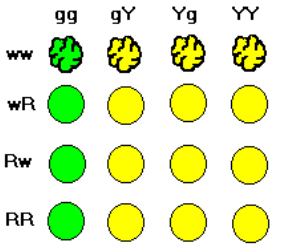
Næste uge:

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

Test i tabeller

Eksempel 12.1: Mendels ærteforsøg

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 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 instument
- 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 cellesandsynligheder (Mendel) eller sammenhænge mellem cellesandsynligheder (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**

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

  X^2_{obs} måler forskellen mellem tabel med observerede værdier og tabel med forventede værdier.
- Bestem ***p*-værdi** ved at sammenligne X^2_{obs} 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 $p_1, \ldots, p_k$.

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

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:

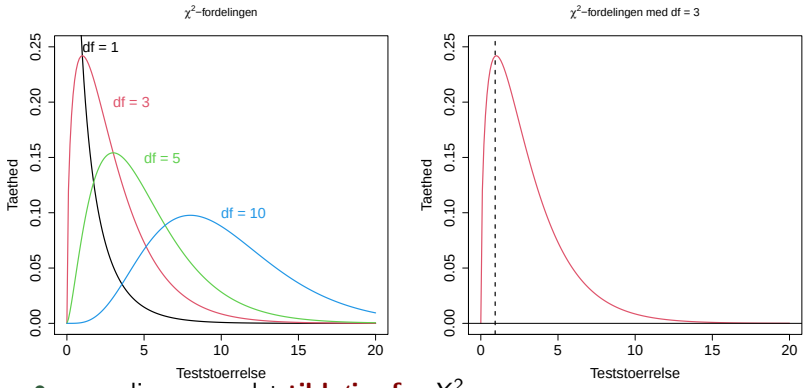
$$\begin{aligned} X^2_{\text{obs}} &= \sum_{i=1}^{4} \frac{(\text{observed}_i - \text{expected}_i)^2}{\text{expected}_i} \\ &= \frac{(315 - 312.75)^2}{312.75} + \cdots + \frac{(32 - 34.75)^2}{34.75} = 0.470 \end{aligned}$$

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 $\geq X^2_{\text{obs}}$
- 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** X^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 $p_1, \ldots, p_4$.
- Hypotese, svarende til Mendels love:

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

- χ^2-test gav $p = 0.93$ ($X^2_{\text{obs}} = 0.47$, $\text{df} = 3$)
- 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	$\cdots$	søjle k	Total
række 1	y_{11}	y_{12}	$\cdots$	y_{1k}	n_1
række 2	y_{21}	y_{22}	$\cdots$	y_{2k}	n_2
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\ddots$	$\vdots$	$\vdots$
række r	y_{r1}	y_{r2}	$\cdots$	y_{rk}	n_r
Total	s_1	s_2	$\cdots$	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	$\cdots$	søjle k	Total
række 1	p_{11}	p_{12}	$\cdots$	p_{1k}	1
række 2	p_{21}	p_{22}	$\cdots$	p_{2k}	1
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\ddots$	$\vdots$	$\vdots$
række r	p_{r1}	p_{r2}	$\cdots$	p_{rk}	1

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

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

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:

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

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

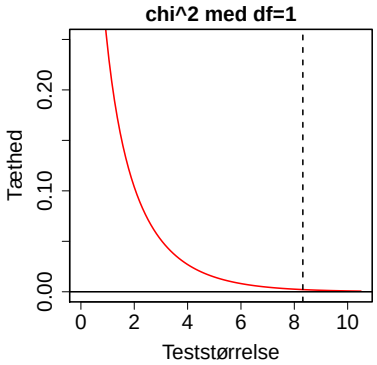
Teststørrelse:

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

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

p-værdi: Viser sig at X^2_{obs} 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^2_{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 2020

Ved forelæsningen i StatData1 d. 31/8-2020 svarede 175 studerede bl.a. på følgende spørgsmål

- Hvor lang transporttid (i minutter) har du til Campus?
- Hvilken type undervisning foretrækker du?
(online, fysisk, blanding)

```
##
##            blanding fysisk online
##   (0,20]         29     64      2
##   (20,180]       34     29     17
```

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

Data kan hentes på hjemmesiden.

Transporttid og foretrukken undervisningsform

Hypotese: Ingen sammenhæng mellem transporttid og foretrukken undervisningsform.

For eksempel:

$$P(\text{online } \textbf{og} \text{ lang transporttid}) = P(\text{online}) \cdot P(\text{lang transporttid})$$

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

- Alle observationer **klassificeret efter to kriterier**. Organiseret i r rækker og k søjler
- **Kun totalsumen 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	$\cdots$	søjle k	Total
række 1	p_{11}	p_{12}	$\cdots$	p_{1k}	p_1
række 2	p_{21}	p_{22}	$\cdots$	p_{2k}	p_2
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\ddots$	$\vdots$	$\vdots$
række r	p_{r1}	p_{r2}	$\cdots$	p_{rk}	p_r
Total	q_1	q_2	$\cdots$	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 **estimater 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!**

Transporttid og foretrukken undervisningsform: Forventede værdier

Data:

	blanding	fysisk	online	I alt
0-20 min	29	64	2	95
20-180 min	34	29	17	80
I alt	63	93	19	175

Forventede værdier:

	blanding	fysisk	online	I alt
0-20 min	34.2	50.5	10.3	95
20-180 min	28.8	42.5	8.7	80
I alt	63	93	19	175

Transporttid og foretrukken undervisningsform: Teststørrelse og p-værdi

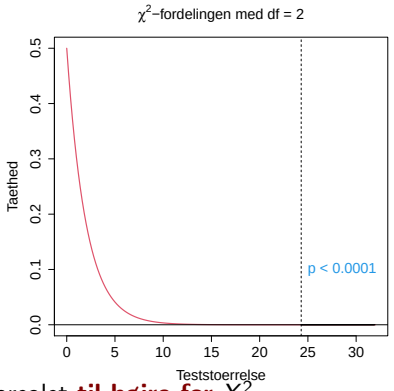
Teststørrelse

$$\begin{aligned} X^2_{\text{obs}} &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(y_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \\ &= \sum_{\text{alle celler}} \frac{(\text{observed}_{ij} - \text{expected}_{ij})^2}{\text{expected}_{ij}} \\ &= \frac{(29 - 34.2)^2}{34.2} + \cdots + \frac{(17 - 8.7)^2}{8.7} \\ &= 24.304 \end{aligned}$$

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

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

Transporttid og foretrukken undervisningsform: χ^2-fordelingen og p-værdien



- p-værdien er arealet **til højre for** X^2_{obs}
- Her fås stort set en p-værdi på 0, så hypotesen forkastes

R: `chisq.test`

```
sd1data <- matrix(c(29, 34, 64, 29, 2, 17), 2, 3)
sd1data

##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   29   64    2
## [2,]   34   29   17

chisq.test(sd1data, correct = FALSE)

##
##  Pearson's Chi-squared test
##
## data:  sd1data
## X-squared = 24.304, df = 2, p-value = 5.278e-06
```


R: `chisq.test`

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

##      [,1]     [,2]      [,3]
## [1,] 34.2 50.48571 10.314286
## [2,] 28.8 42.51429  8.685714
```


Transporttid og foretrukken undervisningsform: Opsummering

- Stat. model: 175 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 $p = 0$ ($X^2_{\text{obs}} = 24.304$, $\text{df} = 2$)
- Hypotesen forkastes, så transporttid og foretrukken undervisningsform er IKKE 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 $X^2_{\text{obs}} = \sum \frac{(\text{observeret} - \text{forventet})^2}{\text{forventet}}$
- Teststørrelsen vurderes i χ^2-ford. med $\text{df} = (r-1)(k-1)$: p-værdien beregnes som sandsynlighed til højre for X^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
```

Transporttid og undervisningsform: R warning

Man kan komme ud for, at `chisq.test` giver en advarsel!

Her benyttes ny gruppering: 0-60 min, 60-180 min

```
new_sd1data <- table(cut(data$transporttid, breaks = c(0, 60, 180)), data$uv)
new_sd1data
```

```
##
##            blanding fysisk online
##   (0,60]         57     92     17
##   (60,180]        6      1      2
```

```
chisq.test(new_sd1data, correct = FALSE)
```

```
## Warning in chisq.test(new_sd1data, correct = FALSE): Chi-squared approximation may be incorrect
```

```
##
##  Pearson's Chi-squared test
##
## data:  new_sd1data
## X-squared = 6.7615, df = 2, p-value = 0.03402
```

Approksimation

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

```
chisq.test(new_sd1data)$expected
```

```
## Warning in chisq.test(new_sd1data): Chi-squared approximation
may be incorrect
```

```
##
##            blanding    fysisk     online
##   (0,60]      59.76 88.217143 18.0228571
##   (60,180]     3.24  4.782857  0.9771429
```

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^2_{obs}?

R: Simuleret p-værdi

```
set.seed(2019)
chisq.test(new_sd1data, simulate.p.value = TRUE, B=10000)

##
##  Pearson's Chi-squared test with simulated p-value (based on 10000
##  replicates)
##
## data:  new_sd1data
## X-squared = 6.7615, df = NA, p-value = 0.0306
```

Transporttid og undervisningsform: 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 (0.0340)
- Tegn på sammenhæng ml. transporttid og foretrukken undervisningsform

Opsummering vedr. R

Test i tabeller:

- `chisq.test`: Giver X^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 rækkessh. 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.