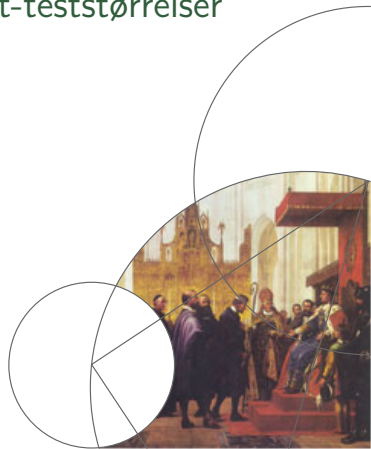




To stikprøver, hypotesetest og t-teststørrelser

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

Videoer

- Gennemgang af Quiz 1 + Quiz 2 (på Absalon)
- Gennemgang af Quiz 3 (på Absalon sidst på ugen)
- Evt. video med supplerende kommentarer til materiale fra ugens undervisning



Overblik

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

	Intro	Model	Est.+SE	KI	Test	Kontrol	Præ
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
- Estimer og standard error (SE) for estimer
- Konfidensinterval
- **Hypotesetest**



To stikprøver



Uparrede vs parrede stikprøver

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



Uparrede vs parrede stikprøver

Data: x_1, \dots, x_{n_1} og y_1, \dots, 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



Uparrede vs parrede stikprøver

Data: x_1, \dots, x_{n_1} og y_1, \dots, 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**



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**: Ensidede ANOVA med $k = 2$

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



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**: Ensidede 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, Rprog230920



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**



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**

Analysere **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, Rprog230920



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: $\mu\text{g}/\text{ml}$.
- Spørgsmål: **Har foderet en effekt på hormonconc.?**

```
> 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, \dots, 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)

$$H_0 : \mu = 0$$



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.

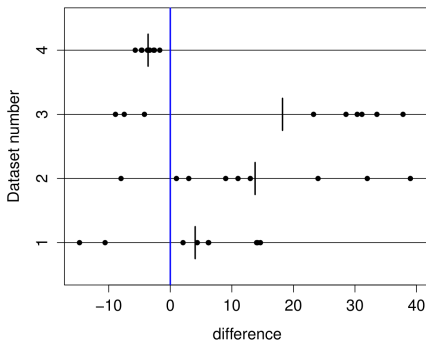
NB: Nullet i “ H_0 ” henviser **ikke** til nullet i “ $\mu = 0$ ”.

Nulhypotesen også havde været $H_0 : \mu = 5$, hvis dette var interessant.



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 estimeret — “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.



Ideen i et hypotesetest

Hypotese $H_0 : \mu = 0$

Vi har estimeret — “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 $\mu\text{g/l}$ 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.



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.



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).



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 ud fra 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: $y_1, \dots, y_n \sim N(\mu, \sigma^2)$

Husk:

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

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



T -teststørrelsen for en enkelt stikprøve

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

Husk:

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

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

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

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

Opfylder T kriterierne?



Kan T bruges som teststørrelse?

De tre kriterier:

- Det er en **talværdi**, som kan beregnes ud fra 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

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



p -værdi for eksemplet med hormonkoncentration

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

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

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!

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



p -værdi for eksemplet med hormonkoncentration

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

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

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!

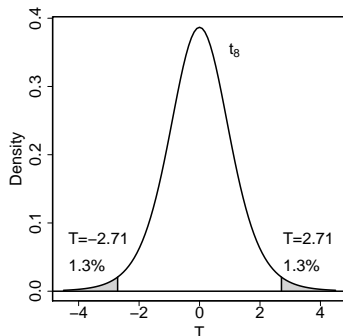
$$p = P(|T| \geq |T_{\text{obs}}|) = P(|T| \geq 2.71) = 2 \cdot P(T \geq 2.71) = 0.026,$$

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



p -værdi for eksemplet med hormonkoncentration

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



$P(T > 2.71)$. Skal ganges med 2 for at få p -værdien
> $1 - \text{pt}(2.71, \text{df}=8)$

```
[1] 0.01332905
```

Statistisk Dataanalyse 1, Kursusuge 3, onsdag

Dias 20/40



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.



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 1m

```
> 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%**



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%**

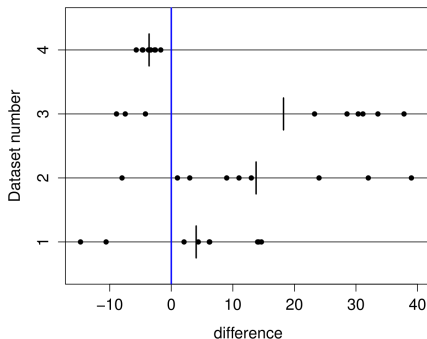
Sådan er det altid for t -tests:

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: $p = 0.00002$, $p = 0.022$, $p = 0.027$, $p = 0.28$



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 estimerer 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

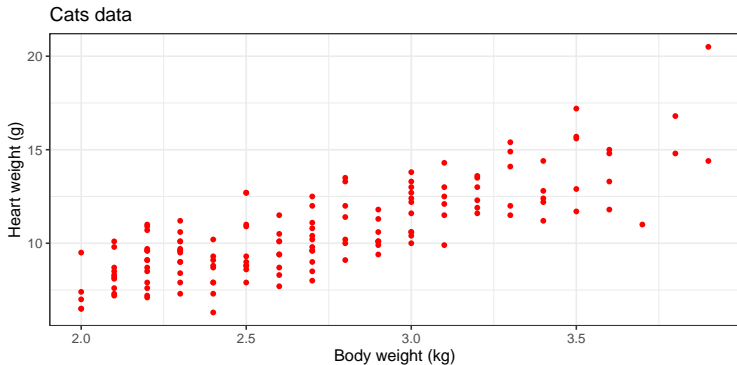
T -teststørrelser har **altid** formen

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

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 $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$

Statistisk model:

- y_1, \dots, 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!



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).



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

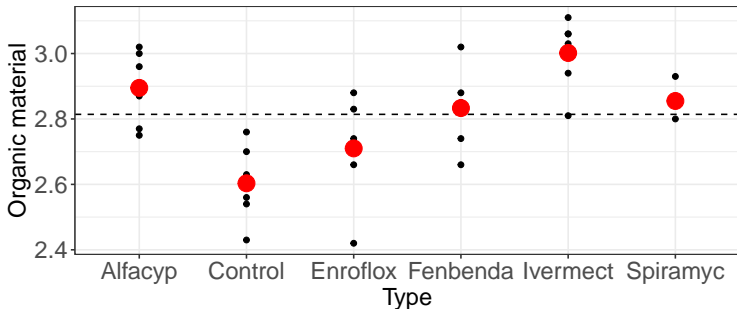
$$T_{\text{obs}} = \frac{\hat{\beta} - \beta_0}{\text{SE}(\hat{\beta})} = \frac{4.0341 - 4}{0.2503} = 0.136.$$

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, \dots, y_n fra k grupper med n_j obs. i gruppe j .

Statistisk model:

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

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



Statistisk model

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

Statistisk model:

- y_1, \dots, 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 evalueres 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



Opsummering

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

- Hypotese, $H_0 : \mu = 0$
- Beregn t -teststørrelsen,
- Sammenlign teststørrelsen med t -fordelingen med $n - 1$ frihedsgrader og beregn p -værdien
- Konkludér

