



**BSS**  
BIAŁOWIESKA SZKOŁA STATYSTYKI

# **Testy statystyczne i ich zastosowanie**

# Hipoteza statystyczna

- #Dowolne przypuszczenie co do rozkładu populacji generalnej
- #Prawdziwość tego przypuszczenia jest oceniana na podstawie wyników próby losowej
- #Hipotezę, która podlega weryfikacji to hipoteza zerowa ( $H_0$ ) a jej przeciwieństwo to hipoteza alternatywna ( $H_1$ )

**$H_0 : \mu_1 = \mu_2$**  dwie średnie z populacji nie różnią się istotnie

**$H_1 : \mu_1 < \mu_2$**  dwie średnie z populacji różnią się istotnie

# Poziom istotności

#Maksymalne ryzyko błędu jakie badacz jest skłonny zaakceptować - prawdopodobieństwo odrzucenia hipotezy zerowej gdy jest ona prawdziwa

## Prawdopodobieństwo P-value

#Krytyczny (graniczny) poziom istotności; prawdopodobieństwo testowe).

#Najmniejszy poziom istotności przy którym dla zaobserwowanej wartości statystyki testowej odrzucilibyśmy hipotezę zerową.

#Hipotezę zerową odrzucamy, gdy wyliczone prawdopodobieństwo testowe okaże się nie większe od przyjętego przez nas poziomu istotności (**zwykle 0,05**).

# Size effect

#Obecnie coraz częściej odchodzi się od klasycznych założeń statystycznych w wykrywaniu zależności pomiędzy zmiennymi oraz ich porównywaniu, np.:

- liczba prób nie mniejsza niż 30
- $P < 0.05$
- Wielkość współczynnika korelacji  $r$ , czy determinacji  $R^2$

*Biol. Rev.* (2007), **82**, pp. 591–605.  
doi:10.1111/j.1469-185X.2007.00027.x

591

## Effect size, confidence interval and statistical significance: a practical guide for biologists

Shinichi Nakagawa<sup>1,\*</sup> and Innes C. Cuthill<sup>2</sup>

### Moving to a World Beyond “ $p < 0.05$ ”

Ronald L. Wasserstein, Allen L. Schirm & Nicole A. Lazar

To cite this article: Ronald L. Wasserstein, Allen L. Schirm & Nicole A. Lazar (2019) Moving to a World Beyond “ $p < 0.05$ ”, *The American Statistician*, 73:sup1, 1-19, DOI: [10.1080/00031305.2019.1583913](https://doi.org/10.1080/00031305.2019.1583913)

To link to this article: <https://doi.org/10.1080/00031305.2019.1583913>

# Dlaczego?

#Ponieważ często dysponując mniejszymi zbiorami danych (np. w sytuacjach, gdzie pobór prób jest ekstremalnie trudny), już wtedy można zaobserwować jakąś tendencję interpretowalną pod względem ekologicznym

#Z drugiej strony, posiadając większy zbiór danych można:

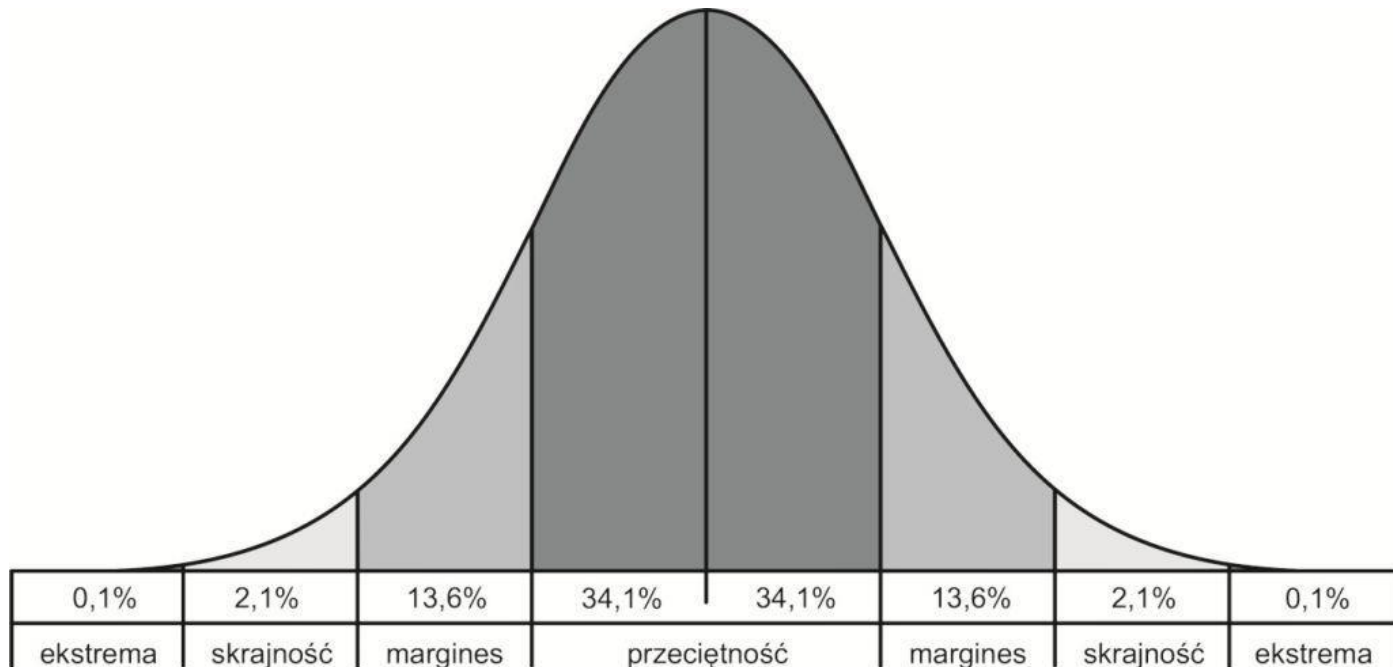
- a) Albo zaobserwować brak istotnych różnic ( $P > 0.05$ ) przy stosunkowo wielkich różnicach pomiędzy średnimi z prób
- b) Albo zaobserwować istotną różnicę ( $P > 0.00000001$ ) przy nikłych różnicach pomiędzy średnimi z prób (w przypadku, gdy liczebność prób jest ogromna)

#Dlatego bardziej informatywne jest podanie wielkości różnic oraz ich wyjaśnienie w sensie ekologicznym, gdyż będzie to mniej obciążone artefaktami związanymi z wielkością próby, co może prowadzić do sformułowania nieprawdziwych wniosków

# Normalność rozkładu

#Rozkład zbliżony do normalnego jest jednym z najważniejszych rozkładów w biologii. Rozwiązanie wielu zagadnień statystycznych jest "prostsze", jeśli analizowana cecha ma rozkład normalny.

#Wiele analiz statystycznych i testów wymaga założenia o normalności rozważanej zmiennej (testy t-Studenta, analiza wariancji, regresja itd.).



# Ocena normalności rozkładu

```
> porosty
  habitat time    EIV_N Rich    Shan
1   decid  h 3.125000   28 3.245232
2   decid  n 3.158730   40 3.589339
3   decid  h 2.921569   33 3.404548
4   decid  n 3.253968   42 3.633877
5   decid  h 2.925000   32 3.394398
6   decid  n 3.225806   43 3.645540
7   decid  h 3.134615   36 3.486709
8   decid  n 3.350877   40 3.606988
9   decid  h 3.226415   36 3.499831
10  decid  n 3.094340   41 3.615386
11  decid  h 3.058824   40 3.606320
12  decid  n 3.116667   44 3.678743
```

Science of the Total Environment 643 (2018) 468–478



Contents lists available at ScienceDirect

Science of the Total Environment

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/scitotenv](http://www.elsevier.com/locate/scitotenv)



Changes in the epiphytic lichen biota of Białowieża Primeval Forest are not explained by climate warming

Anna Łubek<sup>a,\*</sup>, Martin Kukwa<sup>b</sup>, Bogdan Jaroszewicz<sup>c</sup>, Patryk Czortek<sup>c</sup>



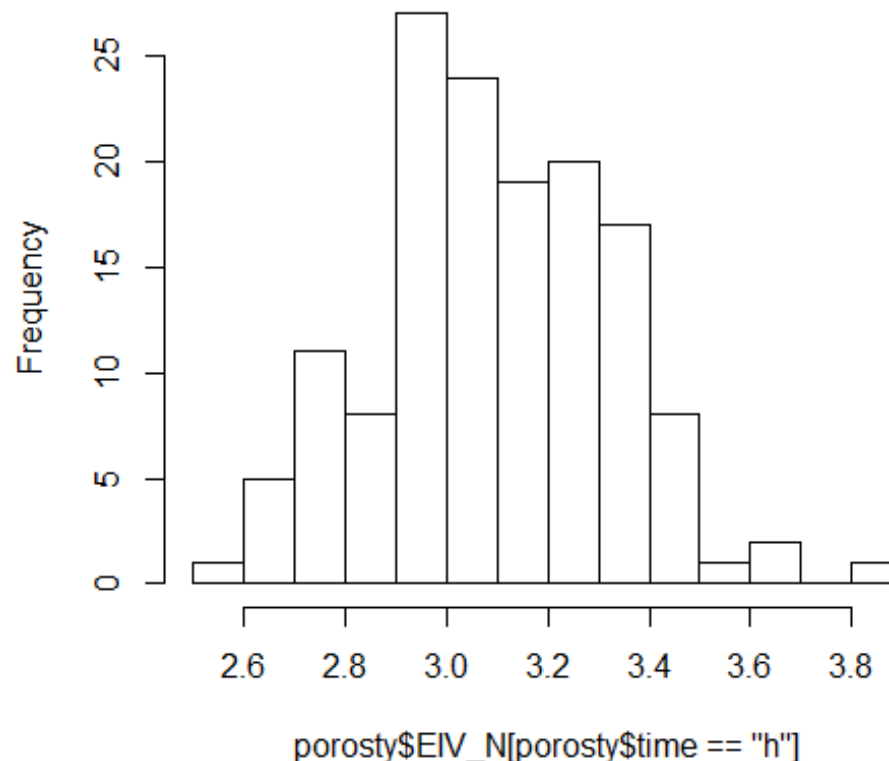


#Histogram

#Pytanie: czy proporcja gatunków nitrofilnych porostów epifitycznych w próbach historycznych reprezentuje rozkład zbliżony do normalnego?

```
hist(porosty$EIV_N[porosty$time=="h"], breaks=10)
```

**Histogram of porosty\$EIV\_N[porosty\$time == "h"]**



#Testy pozwalające na ocenę normalności rozkładu:

- test Kołmogorova-Smirnova

`fBasics::ksnormTest()`

- test W Shapiro-Wilka (preferowany ze względu na dużą moc)

`stats::shapiroTest()`

#Współcześnie mało kto używa tych testów do sprawdzania normalności rozkładu. Częściej stosuje się metody wizualizacji danych w postaci histogramów. Ponadto, oceny rozkładu zmiennych można dokonać intuicyjnie, znając strukturę danych

# Testy statystyczne

#Służą do badania istotności różnic pomiędzy próbami

Rozkład normalny

Zakładamy, że zbliżony

Inny, niż zbliżony

Testy parametryczne

Testy nieparametryczne

#Test t Studenta dla  
par niewiązanych  
#Test t Studenta dla  
par wiązanych

#Test Chi kwadrat  
#Test Manna-Whitneya dla par  
niewiązanych  
#Test Manna-Whitneya dla par  
związanych

# **Testy parametryczne**

# Test t Studenta dla par niewiązanych

#Stosowany, gdy obserwacje z próby **A** (habitat='decid') nie odpowiadają obserwacjom z próby **B** (habitat='conif')

#Liczba obserwacji z próby **A** może być równa liczbie obserwacji z próby **B** lub różna od liczby obserwacji z próby **B**

```
> porosty
  habitat time      EIV_N Rich      Shan
1    decid  h 3.125000    28 3.245232
2    decid  n 3.158730    40 3.589339
3    decid  h 2.921569    33 3.404548
4    decid  n 3.253968    42 3.633877
5    decid  h 2.925000    32 3.394398
6    decid  n 3.225806    43 3.645540
7    decid  h 3.134615    36 3.486709
8    decid  n 3.350877    40 3.606988
9    decid  h 3.226415    36 3.499831
10   decid  n 3.094340    41 3.615386
```

...

```
92   decid  n 3.195122    30 3.296836
93   conif  h 2.931034    19 2.840565
94   conif  n 3.232558    25 3.082018
95   conif  h 3.846154     8 1.951260
96   conif  n 3.581395    26 3.163942
97   conif  h 3.285714    19 2.858006
98   conif  n 3.388889    35 3.452254
99   conif  h 2.818182    20 2.898746
100  conif  n 3.184615    43 3.656239
101  decid  h 3.272727    27 3.210176
```

```
> summary(porosty$habitat)
conif decid
  100   188
```

#H0: Średnia bogactwo gatunkowe bioty porostów epifitycznych nie różni się pomiędzy borami a grądami

#H1: Średnie bogactwo gatunkowe bioty porostów epifitycznych różni się istotnie pomiędzy dwoma typami lasów

```
t.test(porosty$Rich[porosty$habitat=="conif"],  
       porosty$Rich[porosty$habitat=="decid"],  
       paired=FALSE)
```

```
welch Two Sample t-test
```

```
data: porosty$Rich[porosty$habitat == "conif"] and porosty$Rich[porosty$habitat == "decid"]  
t = -9.7105, df = 162.14, p-value < 2.2e-16  
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
 -16.33801 -10.81604  
sample estimates:  
mean of x mean of y  
 24.29000  37.86702
```

# Test t Studenta dla par wiązanych

#Stosowany, gdy obserwacje z próby **A**  
odpowiadają obserwacjom z próby **B**  
#Liczba obserwacji z próby **A** równa liczbie  
obserwacji z próby **B**

```
> porosty
  habitat time      EIV_N Rich      Shan
1    decid  h  3.125000   28  3.245232
2    decid  n  3.158730   40  3.589339
3    decid  h  2.921569   33  3.404548
4    decid  n  3.253968   42  3.633877
5    decid  h  2.925000   32  3.394398
6    decid  n  3.225806   43  3.645540
7    decid  h  3.134615   36  3.486709
8    decid  n  3.350877   40  3.606988
9    decid  h  3.226415   36  3.499831
10   decid  n  3.094340   41  3.615386
```

...

```
92   decid  n  3.195122   30  3.296836
93   conif  h  2.931034   19  2.840565
94   conif  n  3.232558   25  3.082018
95   conif  h  3.846154    8  1.951260
96   conif  n  3.581395   26  3.163942
97   conif  h  3.285714   19  2.858006
98   conif  n  3.388889   35  3.452254
99   conif  h  2.818182   20  2.898746
100  conif  n  3.184615   43  3.656239
101  decid  h  3.272727   27  3.210176
```

```
> summary(porosty$time)
  h    n
144 144
```

#H0: średnie bogactwo gatunkowe epifitów nie różni się pomiędzy dwoma terminami badań h (1992) i n (2014)

#H1: średnie bogactwo gatunkowe epifitów różni się pomiędzy dwoma terminami badań h i n

```
t.test(porosty$Rich[porosty$time=="h"],  
      porosty$Rich[porosty$time=="n"],  
      paired=TRUE)
```

#### Paired t-test

```
data: porosty$Rich[porosty$time == "h"] and porosty$Rich[porosty$time == "n"]  
t = -16.962, df = 143, p-value < 2.2e-16  
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
 -14.39094 -11.38684  
sample estimates:  
mean of the differences  
      -12.88889
```



# **Testy nieparametryczne**

# Test Chi kwadrat (tylko dla par niewiązanych)

#Znakomity do badania różnic we frekwencji gatunku np. pomiędzy dwoma punktami w czasie

```
chisq.test(freq.epiphytes[,c(2:3)][8,])
```

```
> freq.epiphytes
  species freq.dec.old freq.dec.new
1  Ram.far         15         72
2  Ino.bys         38         72
3  Ope.niv         84         73
4  Cha.tri         28         74
5  Cha.fur         43         74
6  Prt.coc         52         76
7  Aly.var         72         76
8  Coe.pin          4         77
9  Lcr.arg         72         79
10 Rei.leo          9         81
```

chi-squared test for given probabilities

```
data:  freq.epiphytes[, c(2:3)][8, ]
X-squared = 65.79, df = 1,
p-value = 5.016e-16
```

# Test Manna-Whitneya dla par niewiązanych

```
> cover.clearcut
[1] 7 28 19 29 2 7 24 5 30 14 18 10 28 8 11 6 54 34 29 37 32 31 13 37 12 22 19
[28] 11 31 17
> cover.forest
[1] 35 50 33 31 32 25 36 54 39 43 41 3 39 44 44 27 4 39 55 33 21 22 36 30 40 51 53
[28] 3 23 1 49
```

#H0: pokrycie gatunków leśnych nie różni się pomiędzy lasem a zrębem zupełnym

#H1: pokrycie gatunków leśnych różni się pomiędzy lasem a zrębem zupełnym

```
wilcox.test(cover.clearcut, cover.forest, paired=FALSE)
```

```
      wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  cover.clearcut and cover.forest
W = 229, p-value = 0.0006779
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

warning message:
In wilcox.test.default(cover.clearcut, cover.forest, paired = FALSE) :
nie można obliczyć dokładnej wartości prawdopodobieństwa z powtórzonymi wartościami
```

# Test Manna-Whitneya dla par wiązanych

wylezyska

#H0: bogactwo gatunkowe wyleżysk nie różni się pomiędzy dwoma punktami w czasie

#H1: bogactwo gatunkowe wyleżysk różni się pomiędzy dwoma punktami w czasie

```
> wylezyska
      rich time
58k      18    k
58n      28    n
67k      20    k
67n      17    n
32k      23    k
32n      25    n
85k      22    k
85n      22    n
8k       20    k
8n       21    n
30k      20    k
30n      18    n
122k     25    k
122n     26    n
100k     20    k
100n     33    n
107k     19    k
107n     33    n
45k      23    k
```

```
wilcox.test(wylezyska$rich[wylezyska$time=='k'],  
            wylezyska$rich[wylezyska$time=='n'],  
            paired=TRUE)
```

```
wilcoxon signed rank test with continuity correction
```

```
data: wylezyska$rich[wylezyska$time == "k"] and wylezyska$rich[wylezyska$time == "n"]  
V = 8.5, p-value = 0.01067  
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

