



# Testowanie hipotez



**mgr Patryk Czortek, mgr inż. Marcin K. Dyderski**

# 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

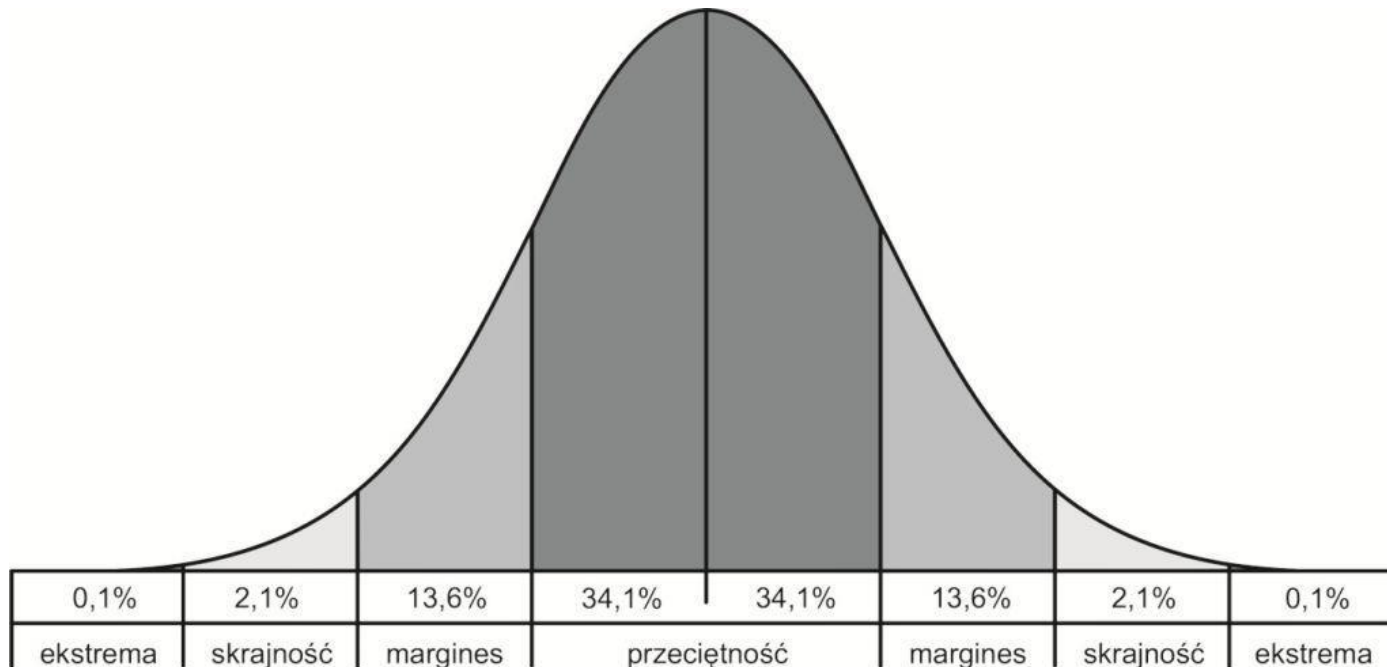
- Maksymalne ryzyko błędu jakie badacz jest skłonny zaakceptować - prawdopodobieństwo odrzucenia hipotezy zerowej gdy jest ona prawdziwa

## 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**).

# 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

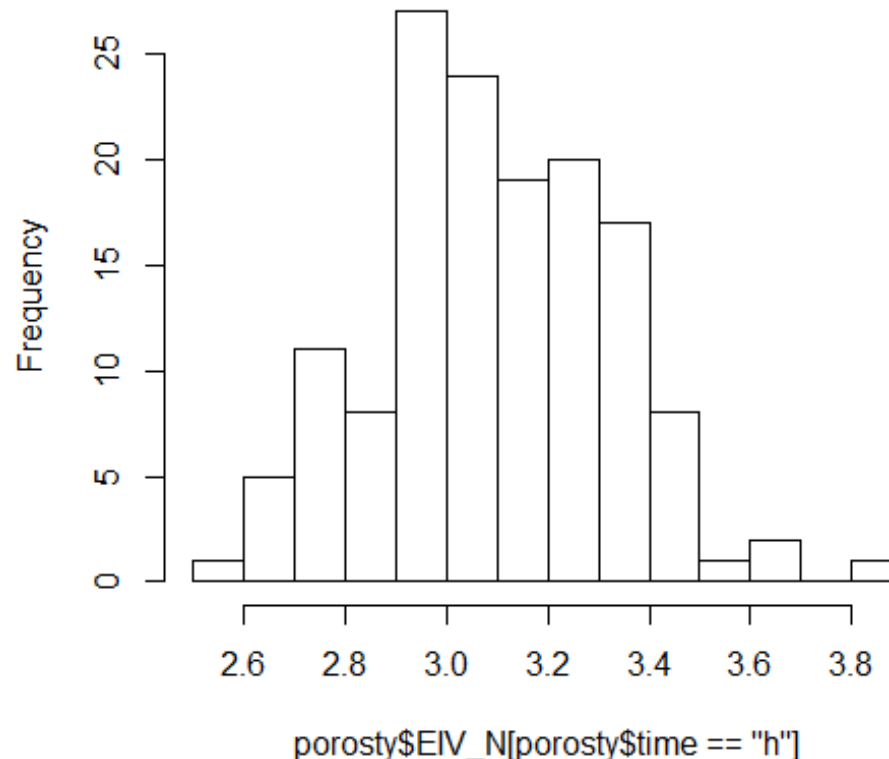
	habitat	time	EIV_N	Rich	Shan
1	decid	h	3.125000	28	3.245232
2	decid	n	3.158730	40	3.589339
3	decid	h	2.921569	33	3.404548
4	decid	n	3.253968	42	3.633877
5	decid	h	2.925000	32	3.394398
6	decid	n	3.225806	43	3.645540
7	decid	h	3.134615	36	3.486709
8	decid	n	3.350877	40	3.606988
9	decid	h	3.226415	36	3.499831
10	decid	n	3.094340	41	3.615386
11	decid	h	3.058824	40	3.606320
12	decid	n	3.116667	44	3.678743
13	decid	h	3.092593	43	3.663126
14	decid	n	3.166667	35	3.462455
15	decid	h	3.052632	30	3.317751
16	decid	n	3.075758	46	3.730752
17	decid	h	2.904762	35	3.466130
18	decid	n	2.785714	37	3.504765
19	decid	h	2.829787	38	3.551726
20	decid	n	3.121622	48	3.762703

```
#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  
#test normalności Kołmogorova-Smirnova
```

```
library(fBasics)  
ksnormTest(porosty$EIV_N[porosty$time=="h"])
```

```
Title:  
One-sample Kolmogorov-Smirnov test
```

```
Test Results:
```

```
STATISTIC:
```

```
D: 0.9953
```

```
P VALUE:
```

```
Alternative Two-Sided: < 2.2e-16
```

```
Alternative Less: < 2.2e-16
```

```
Alternative Greater: 1
```

```
Description:
```

```
wed Apr 11 10:04:36 2018 by user: Patryk
```



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

```
shapiroTest(porosty$EIV_N[porosty$time=="h"])
```

Title:

shapiro - wilk Normality Test

Test Results:

STATISTIC:

W: 0.9924

P VALUE:

0.6422

Description:

wed Apr 11 10:08:29 2018 by user: Patryk

# Testy statystyczne

- Służą do badania istotności różnic pomiędzy próbami

## Rozkład normalny

Tak

### Testy parametryczne

- Test t Studenta dla par niewiązanych
- Test t Studenta dla par wiązanych
- ANOVA

Nie

### Testy Nieparametryczne

- Test Chi kwadrat
- Test Manna-Whitneya dla par niewiązanych
- Test Manna-Whitneya dla par związanych
- Test Kruskala-Wallisa (nieparametryczna ANOVA)

# **Testy parametryczne**

# Test t Studenta dla par niewiązanych

- Stosowany, gdy obserwacje z próby A nie odpowiadają obserwacjom z próby B
- Liczba obserwacji z próby A może być równa liczbie obserwacji z próby B lub różna od liczby obserwacji z próby B

barley

	Barley	yield
1	Common	0.38
2	Common	0.26
3	Common	0.37
4	Common	0.27
5	Common	0.39
6	Common	0.19
7	Common	0.26
8	Common	0.25
9	Common	0.32
10	Common	0.34
11	Common	0.41
12	Common	0.19
13	Common	0.27
14	Highland	0.30
15	Highland	0.19
16	Highland	0.35
17	Highland	0.26
18	Highland	0.39
19	Highland	0.17
20	Highland	0.24
21	Highland	0.24
22	Highland	0.22
23	Highland	0.33
24	Highland	0.39
25	Highland	0.17
26	Highland	0.23

- $H_0$ : średni plon dwóch odmian jęczmienia nie różni się
- $H_1$ : średni plon dwóch odmian jęczmienia istotnie różni się od siebie

```
t.test(barley$Yield[barley$Barley=="Common"],  
barley$Yield[barley$Barley=="Highland"], paired=FALSE)
```

welch Two sample t-test

data: Yield by Barley

$t = 1.0893$ ,  $df = 23.941$ ,  $p\text{-value} = 0.2869$

alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-0.02891448 0.09352987

sample estimates:

mean in group Common mean in group Highland

0.3000000

0.2676923

# Test t Studenta dla par wiązanych

herbs

rich time

1	21	k
2	18	n
3	9	k
4	20	n
5	14	k
6	32	n
7	21	k
8	30	n
9	24	k
10	29	n
11	38	k
12	47	n
13	15	k
14	28	n
15	32	k
16	35	n
17	18	k
18	33	n

- Stosowany, gdy obserwacje z próby A odpowiadają obserwacjom z próby B
- Liczba obserwacji z próby A równa liczbie obserwacji z próby B
- $H_0$ : średnie bogactwo gatunkowe higrofilnych ziołorośli nie różni się pomiędzy dwoma okresami badań k i n
- $H_1$ : średnie bogactwo gatunkowe higrofilnych ziołorośli różni się pomiędzy dwoma okresami badań k i n

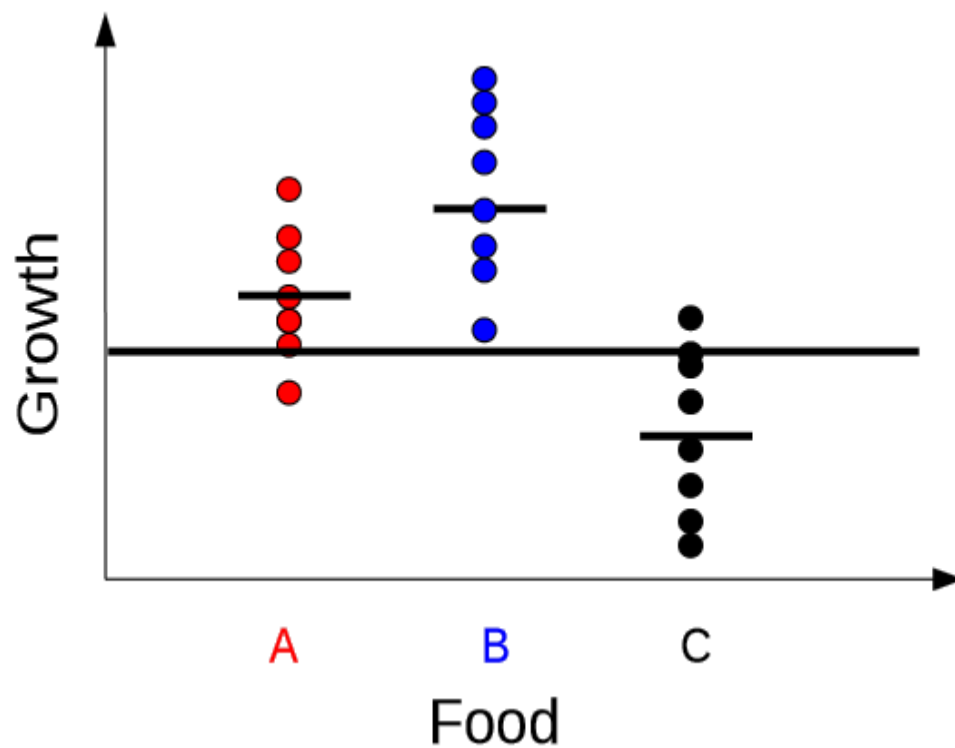
```
t.test(herbs$rich[herbs$time=="k"],  
herbs$rich[herbs$time=="n"], paired=TRUE)
```

### Paired t-test

```
data:  herbs$rich[herbs$time == "k"] and herbs$rich[herbs$time == "n"]  
t = -4.5977, df = 21, p-value = 0.0001558  
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
95 percent confidence interval:  
 -10.694352  -4.032921  
sample estimates:  
mean of the differences  
      -7.363636
```

# Jednoczynnikowa ANOVA

- Growth = zmienna objaśniana
- Food = zmienna objaśniająca (kategoryczna)



Food	Growth
A	51.16
A	46.24
A	48.79
etc	etc
B	56.19
B	50.83
B	49.83
etc	etc
C	49.26
C	42.19
C	40.08
etc	etc



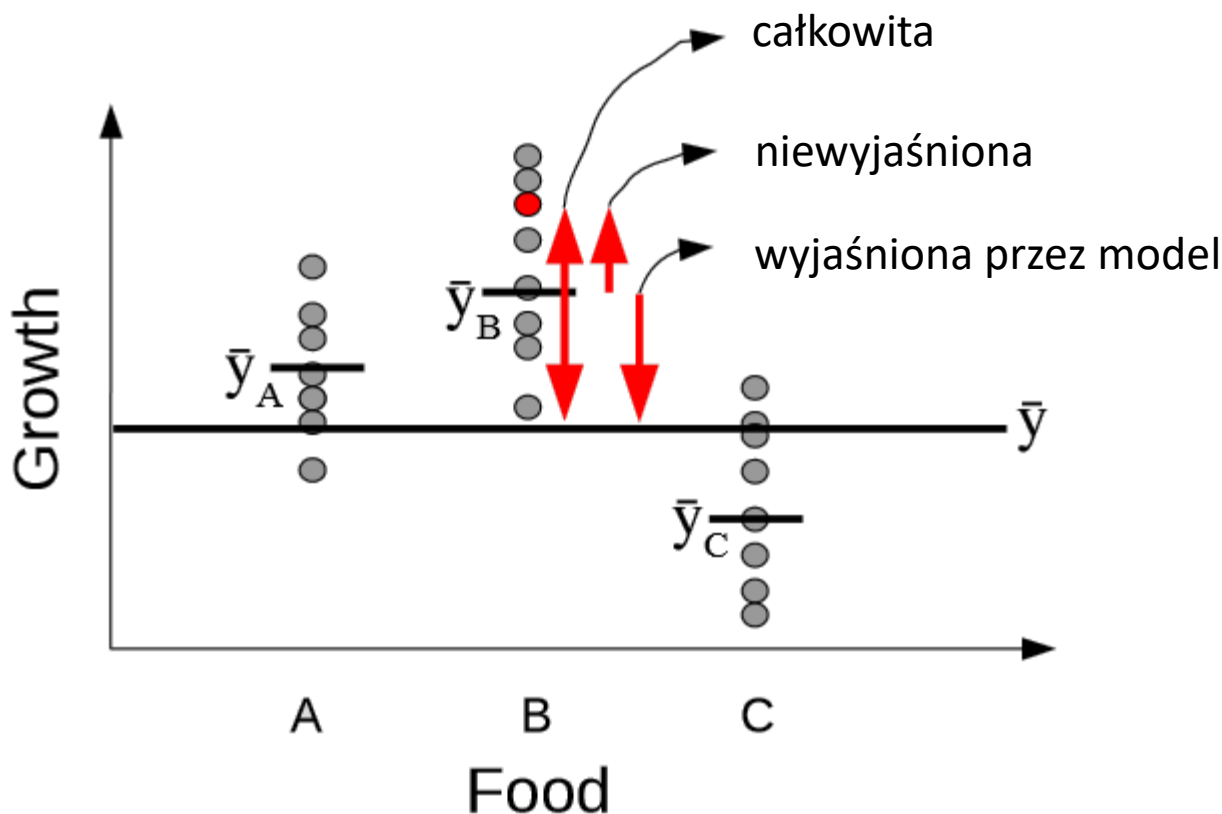
# Hipotezy

**H0:**  $\mu_{\text{Food A}} = \mu_{\text{Food B}} = \mu_{\text{Food C}}$

**H1:** Przynajmniej dwie średnie różnią się

# Statystyka testowa F

- Bardzo duża wartość F oznacza, że wyjaśniona wariancja (pomiędzy grupami) znacznie przewyższa niewyjaśnioną wariancję (w obrębie grup)
- $F = \text{"wyjaśniona wariancja"} / \text{"niewyjaśniona wariancja"}$



- $H_0$ : średni plon dwóch odmian jęczmienia nie różni się
- $H_1$ : średni plon dwóch odmian jęczmienia istotnie różni się od siebie

```
aov(barley$Yield~barley$Barley)
```

call:

```
aov(formula = barley$Yield ~ barley$Barley)
```

Terms:

	barley\$Barley	Residuals
Sum of Squares	0.00678462	0.13723077
Deg. of Freedom	1	24

Residual standard error: 0.07561712

Estimated effects may be unbalanced

```
summary(aov(barley$Yield~barley$Barley))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
barley\$Barley	1	0.00678	0.006785	1.187	0.287
Residuals	24	0.13723	0.005718		

Wniosek: średni plon dwóch odmian jęczmienia nie różni się. Przyjmujemy  $H_0$ , odrzucamy  $H_1$

# Dwuczynnikowa ANOVA

H0: Ani typ pokarmu, ani jego widzialność nie wpływa na wzrost dorsza

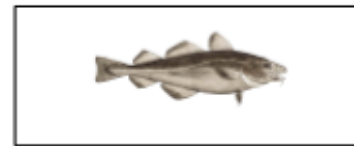
**Cladocera**



**granulki**



**Cladocera**



**granulki**



**Cladocera**



**granulki**



= woda czysta



= woda mętna

# Własności zmiennych

- Zmienna objaśniana jest ciągła (Growth)
- Zmienne objaśniające są kategoryczne (Food, Visibility)

dorsz1

	Growth	Food	visibility
1	495	mysids	turbid
2	501	mysids	turbid
3	483	mysids	turbid
4	490	mysids	turbid
5	482	mysids	turbid
6	462	mysids	turbid
7	497	mysids	turbid
8	498	mysids	turbid
9	501	mysids	turbid
10	491	mysids	turbid
11	504	mysids	clear
12	528	mysids	clear
13	509	mysids	clear
14	511	mysids	clear
15	525	mysids	clear
16	514	mysids	clear
17	526	mysids	clear
18	518	mysids	clear
19	504	mysids	clear
20	505	mysids	clear
21	527	pellets	turbid
22	526	pellets	turbid
23	519	pellets	turbid
24	525	pellets	turbid

```
aov(Growth~Visibility*Food)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
<b>B1</b> dorsz1\$Visibility	1	1716	1716	14.10	0.000613	***
<b>B2</b> dorsz1\$Food	1	6101	6101	50.12	2.58e-08	***
<b>B3</b> dorsz1\$Visibility:dorsz1\$Food	1	1277	1277	10.49	0.002582	**
Residuals	36	4382	122			

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Interakcja **B3** jest istotna. Na tej podstawie stwierdzamy, że zarówno widzialność pokarmu (**B1**), jak i jego typ (**B2**) istotnie wpływają na wzrost dorsza

# **Testy nieparametryczne**



# Test Chi kwadrat (tylko dla par niewiązanych)

- Znakomity do badania różnic we frekwencji gatunku np. pomiędzy dwoma okresami czasowymi

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

chi-squared test for given probabilities

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

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
11	Art.spa	49	81
12	Ope.ver	41	83
13	Cl.a.con	59	84
14	Par.sul	75	86
15	Cha.chr	83	87
16	Zwa.vir	78	88
17	Ath.rua	39	90
18	Flh.gyr	54	90
19	Lcr.thy	76	90
20	Mel.gla	86	90
21	Bue.gri	51	92

# 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 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 3 23 1
31] 49
```

- $H_0$ : pokrycie gatunków leśnych nie różni się pomiędzy lasem a zrębem zupełnym
- $H_1$ : pokrycie gatunków leśnych różni się pomiędzy lasem a zrębem zupełnym

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

```
data: cover.clearcut and cover.forest
```

```
W = 229, p-value = 0.0006779
```

```
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

# Test Manna-Whitneya dla par wiązanych

wyleżyska

- H0: proporcja gatunków termofilnych na wyleżyskach nie różni się pomiędzy dwoma okresami badawczymi
- H1: proporcja gatunków termofilnych na wyleżyskach różni się pomiędzy dwoma okresami badawczymi

	EIV_T	time
1	1.510870	old
2	1.792683	new
3	1.500000	old
4	1.455556	new
5	1.718750	old
6	1.657895	new
7	1.750000	old
8	1.864407	new
9	1.672727	old
10	1.900000	new
11	1.601852	old
12	1.509091	new
13	1.710145	old
14	1.670886	new
15	1.547170	old
16	1.562500	new
17	1.625000	old
18	1.797753	new
19	1.553571	old
20	1.684211	new

```
wilcox.test(wylezyska$EIV_T[wylezyska$time=="old"],  
wylezyska$EIV_T[wylezyska$time=="new"], paired=TRUE)
```

wilcoxon signed rank test

```
data: wylezyska$EIV_T[wylezyska$time == "old"]  
and wylezyska$EIV_T[wylezyska$time == "new"]  
V = 19, p-value = 0.01807  
alternative hypothesis: true location shift is  
not equal to 0
```

# Test Kruskala-Wallis (nieparametryczna ANOVA)

```
kruskal.test(cover ~ habitat,  
data = cover.plants)
```

```
Kruskal-wallis rank sum test
```

```
data: cover by habitat
```

```
Kruskal-wallis chi-squared = 19.921, df = 2
```

```
p-value = 4.722e-05
```

cover.plants

	habitat	cover
1	clearcut	25
2	clearcut	55
3	clearcut	43
4	clearcut	56
5	clearcut	108
6	clearcut	25
7	clearcut	50
8	clearcut	22
9	clearcut	57
10	clearcut	36
11	clearcut	42
12	clearcut	30
13	clearcut	55
14	clearcut	26

.		
.		
.		
38	dead	66
39	dead	92
40	dead	88
41	dead	56
42	dead	70
43	dead	39
44	dead	28
45	dead	40
46	dead	60
47	dead	53
48	dead	69
49	dead	74
50	forest	62
51	forest	85
52	forest	60
53	forest	58
54	forest	59

# Podział testów statystycznych pod względem liczby prób

Liczba wariantów prób

dwie

- Test t Studenta dla par  
niewiązanych i wiązanych
- Test Manna-Whitneya dla par  
niewiązanych i wiązanych
- ANOVA
- Test Kruskala-Wallisa  
(nieparametryczna ANOVA)

więcej niż dwie

- ANOVA
- Test Kruskala-Wallisa  
(nieparametryczna  
ANOVA)

# Testy post-hoc

Rozkład normalny

Tak

ANOVA

Nie

test Kruskala-Wallis

- Test post-hoc Tukeya

- Post-hoc Kruskal-Wallis test F

daphnia

# Test post-hoc Tukeya

```
#ANOVA
```

```
daphnia.aov<-aov(Size~Raptor, data=daphnia)
summary(daphnia.aov)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Raptor      2   151.3    75.67   18.68 5.92e-08 ***
Residuals 147   595.6     4.05
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

	Raptor	Size
1	Control	51.32528
2	Control	49.47403
3	Control	46.29725
4	Control	51.68031
5	Control	51.31674
6	Control	51.63683
7	Control	46.97353
	.	
	.	
	.	
88	Chaoborus	54.99894
89	Chaoborus	51.00465
90	Chaoborus	52.79750
91	Chaoborus	49.91849
92	Chaoborus	53.56127
93	Chaoborus	51.15398
94	Chaoborus	47.80309
95	Chaoborus	48.18658
96	Chaoborus	50.99292
97	Chaoborus	53.01449
98	Chaoborus	49.41519
99	Chaoborus	51.04582
100	Chaoborus	50.84654
101	Fish	48.33002
102	Fish	48.23373
103	Fish	49.08319
104	Fish	49.71485
105	Fish	51.10278
106	Fish	45.64875
107	Fish	51.25989
108	Fish	51.07233
109	Fish	48.74295
110	Fish	49.18916
111	Fish	50.17093
112	Fish	43.25811



```
#test Tukeya  
TukeyHSD(daphnia.aov)
```

```
Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = Size ~ Raptor, data = daphnia)
```

```
$Raptor
```

	diff	lwr	upr	p adj
Control-Chaoborus	-1.191735	-2.144893	-0.2385770	0.0099702
Fish-Chaoborus	-2.459964	-3.413122	-1.5068060	0.0000000
Fish-Control	-1.268229	-2.221387	-0.3150711	0.0055773

#Pytanie co wpływa na wzrost Daphnia w warunkach kontrolnych – tego nie wiemy. Efekt losowy?

# Post-hoc Kruskal-Wallis test F

```
cover.puszcza      habitat cover
1 clearcut      25
2 clearcut      55
3 clearcut      43
4 clearcut      56
5 clearcut     108
6 clearcut      25
7 clearcut      50
8 clearcut      22
9 clearcut      57
10 clearcut     36
11 clearcut     42
12 clearcut     30
13 clearcut     55
14 clearcut     26
.
.
.
38 dead         66
39 dead         92
40 dead         88
41 dead         56
42 dead         70
43 dead         39
44 dead         28
45 dead         40
46 dead         60
47 dead         53
48 dead         69
49 dead         74
50 forest       62
51 forest       85
52 forest       60
53 forest       58
54 forest       59
```

```
library(agricolae)
(kruskal(cover.puszcza$cover,cover.puszcza$habitat,
alpha = 0.05, p.adj=c("bonferroni")))
```

```
$statistics
      chisq Df      p.chisq
25.5417    2 2.84243e-06
```

```
$parameters
      test  p.adjusted      name.t ntr alpha
kruskal-wallis bonferroni cover.plants$habitat 3 0.05
```

```
$means
      cover.plants.cover      rank      std  r Min Max   Q25   Q50   Q75
clearcut      47.50000 26.01667 19.44533 30  22 108 32.25 45.5 57.75
dead      64.64286 50.94643 15.20530 28  28  92 56.75 66.0 74.50
forest      73.00000 58.00000 19.90477 31  47 126 59.50 68.0 85.50
```

```
$comparison
NULL
```

```
$groups
      cover.plants$cover groups
forest      58.00000      a
dead      50.94643      a
clearcut      26.01667      b
```

```
attr(,"class")
[1] "group"
```



**BSS**  
BIAŁOWIESKA SZKOŁA STATYSTYKI