Bruksguide BinomialTest fra apache

En implementasjon av en binomial test er tilgjengelig i Apache Commons Math biblioteket, se denne linken for referanse.

Class BinomialTest

java.lang.Object

org.apache.commons.math3.stat.inference.BinomialTest

public class BinomialTest
extends Object

Implements binomial test statistics.

Exact test for the statistical significance of deviations from a theoretically expected distribution of observations into two categories.

Denne kan brukes i programmet ditt. For å ta den i bruk kan du lastes ned binærfilen (commons-math3-3.6.1-bin.zip) fra apache.org.

Du må importere både BinomialTest og AlternativeHypothesis.

import org.apache.commons.math3.stat.inference.BinomialTest; import org.apache.commons.math3.stat.inference.AlternativeHypothesis;

Så kan du inkludere dette biblioteket i kompileringen og kjøringen ved å legge til -cp ;"path/to/commons-math3-3.6.1/commons-math3-3.6.1.jar" i mellom javac og det du ønsker å kompilere, og java og det du ønsker å kjøre.

Eksempel på kjøring kan være:

javac -cp .";C:\brukernavn\oblig5\commons-math3-3.6.1\commons-math3-3.6.1.jar" *.java && java -cp .";\brukernavn\oblig5\commons-math3-3.6.1\commons-math3-3.6.1.jar" Main 10

Hvordan BionomialTest kan brukes er beskrevet i <u>dokumentasjonen</u>. Brukes sammen med denne beskrivelsen.

- Antall forsøk: Dette er det totale antallet repertoarer subsekvensen finnes i, som kommer fra både personer som hadde viruset og folk som ikke hadde.
- Antall suksesser: Dette er antallet i repertoarer som kommer fra personer som hadde viruset.
- Sannsynligheten for suksess: Hvor sannsynlig det er for subsekvensen å forekomme hos syke mennesker. Denne settes til 0,5, noe som betyr at det er like sannsynlig å forekomme som å ikke forekomme.
- Typen hypotese som evalueres: Her ser vi bare på subsekvenser som er mer sannsynlig å forekomme hos syke mennesker, så en ensidige test kan brukes her. I dette biblioteket tilsvarer dette: AlternativeHypothesis.GREATER_THAN.

Skriv ut informasjon om subsekvenser som har p-verdi < 0.05. Og gjerne hvor mange subsekvenser dette gjelder.