STK1110-h21: Obligatorisk innlevering 2

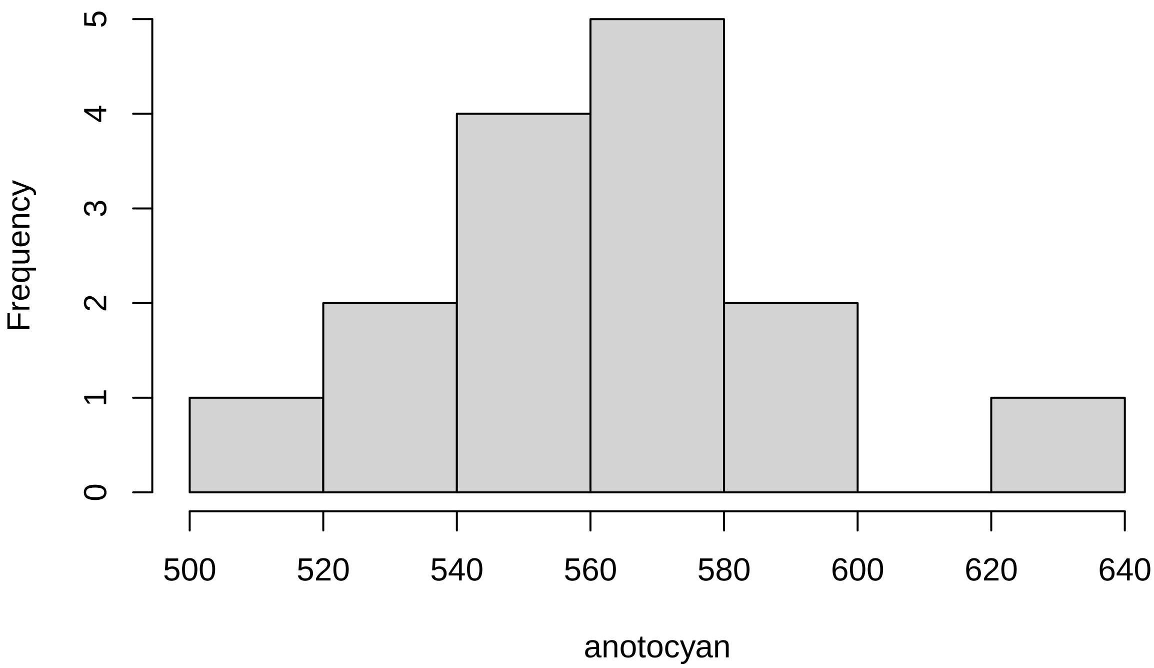
Martin Mihle Nygaard (martimn)

Oppgave 1 — Bare blåbær

Deloppgave (a) — 95% konfidensintervall

Jeg lager et histogram over målingene, $X_1, X_2, ..., X_n$, for å forsikre meg om at de er sånn passe normalfordelt.

```
anotocyan <- c(525, 587, 547, 558, 591, 531, 571, 551, 566, 622, 561, 502, 556, 565, 562)
hist(anotocyan, main = '')
```



Og det ser det ut som de er. $X_1, X_2, ..., X_n$ kan da sees på som tilfeldige uttrekninger fra en normalfordeling med forventningsverdi μ og standardavvik σ. Ettersom antall observasjoner n er mindre enn tommelfingerreglen 40, tar jeg utgangspunkt i t-fordelingen. Fra læreboka (Devore s. 403) bruker jeg proposisjon (8.14),

$$\left(\bar{X} - t_{\alpha/2,n-1} \cdot \frac{s}{\sqrt{n}}, \bar{X} + t_{\alpha/2,n-1} \cdot \frac{s}{\sqrt{n}}\right)$$

hvor $\bar{X}$ er snittet av observasjonene, s standardavviket og $t_{\alpha,n-1}$ ønsket andel α av tetthetsfunksjonen til t-fordelingen med $n-1$ frihetsgrader. Jeg setter inn for disse og gjør beregningene i R.

```
alpha <- 1 - 0.95
anotocyan.mean <- mean(anotocyan)
anotocyan.sd   <- sd(anotocyan)
anotocyan.n    <- length(anotocyan)
KI <- c(anotocyan.mean - qt(1-alpha, anotocyan.n-1) * anotocyan.sd / sqrt(anotocyan.n),
        anotocyan.mean + qt(1-alpha, anotocyan.n-1) * anotocyan.sd / sqrt(anotocyan.n))
```

Dette gir 95% konfidensintervallet (546.679, 572.655).

Deloppgave (b) — Simulert t-fordeling konfidensintervall

```
teller <- 0
for (i in 1:10000) {
  uttrekk      <- rnorm(15, mean = 558, sd = 30)      # trekk ut 15 observasjoner
  uttrekk.mean <- mean(uttrekk)                       # finn snittet av disse
  uttrekk.sd   <- sd(uttrekk)                         # finn standardavvik
  intervall    <- c(uttrekk.mean - qt(0.975, 15-1) * uttrekk.sd / sqrt(15),
                    uttrekk.mean + qt(0.975, 15-1) * uttrekk.sd / sqrt(15))
  if (intervall[1] <= 558 & 558 <= intervall[2]) {    # hvis 558 er innenfor KI
    teller <- teller + 1                              # => øk teller med én
  }
}
```

Dette gir 9502 antall simulerte konfidensintervaller som inneholder 558. Dette utgjør 95.02% av totalt antall simuleringer. Hvis koden min er lusløs, er dette akkurat som intervallet forutså; 95%-konfidensintervall betyr at verdien vi undersøker skal være innafor 95% av tiden, som er omtrent tilfellet i disse simuleringene.

Deloppgave (c) — Simulert konfidensintervall for store utvalg

Gjør akkurat samme steg som forrige gang, bare med alternativt intervall, som spesifisert i oppgaven.

```
teller <- 0
for (i in 1:10000) {
  uttrekk      <- rnorm(15, mean = 558, sd = 30)      # trekk ut 15 observasjoner
  uttrekk.mean <- mean(uttrekk)                       # finn snittet av disse
  uttrekk.sd   <- sd(uttrekk)                         # finn standardavvik
  intervall    <- c(uttrekk.mean - 1.96 * uttrekk.sd / sqrt(15),
                    uttrekk.mean + 1.96 * uttrekk.sd / sqrt(15))
  if (intervall[1] <= 558 & 558 <= intervall[2]) {    # hvis 558 er innenfor KI
    teller <- teller + 1                              # => øk teller med én
  }
}
```

Dette gir (i en eksempelkjøring) 9346 antall simulerte konfidensintervaller som inneholder 558. Dette utgjør 93.46% av totalt antall simuleringer. Altså, dette blir slett ikke et 95% konfidensintervall; andelen innenfor intervallet blir for lavt. Dette er som forventet, siden vi har så få observasjoner (15), som strider med betingelsen «stort utvalg».

Deloppgave (d) — Konfidensintervall for σ

Jeg bruker formuleringen av konfidensintervall for varians og standardavvik fra læreboka (Devore, s. 410).

$$\left(\frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{\alpha/2,n-1}}, \frac{(n-1)S^2}{\chi^2_{1-\alpha/2,n-1}} \right) \tag{1}$$

Hvor $\chi^2_{\alpha,v}$ er kvantilfunksjonen chi-kvadrat fordelingen. Jeg bruker så `R` som i tidligere deloppgaver.

```
teller <- 0
for (i in 1:10000) {
  uttrekk      <- rnorm(15, mean = 558, sd = 30)    # trekk ut 15 observasjoner
```

```
  uttrekk.var  <- var(uttrekk)                     # finn standardavvik
  intervall    <- sqrt(c((15-1) * uttrekk.var / qchisq(0.975, 15-1, lower.tail = TRUE),
                         (15-1) * uttrekk.var / qchisq(0.975, 15-1, lower.tail = FALSE)))
  if (intervall[1] <= 30 & 30 <= intervall[2]) {   # hvis 30 er innenfor KI
    teller <- teller + 1                           # ==> øk teller med én
  }
}
```

I en eksempelkjøring, får vi 9446 intervaller som inneholder 30. Dette utgjør en andel på 94.46%. Som er som er svært nær forventningen på 95%.

Deloppgave (e) — Konfidensintervall for μ med t-fordelt populasjon

```
teller <- 0
for (i in 1:10000) {
  uttrekk   <- rt(15, 7)
  x         <- 558 + uttrekk * 30
  intervall <- c(mean(x) - qt(0.975, 15-1) * sd(x) / sqrt(15),
                 mean(x) + qt(0.975, 15-1) * sd(x) / sqrt(15))
  if (intervall[1] <= 558 & 558 <= intervall[2]) {   # hvis 30 er innenfor KI
    teller <- teller + 1                           # ==> øk teller med én
  }
}
```

I en eksempelkjøring, får vi 9534 intervaller som inneholder 30. Dette utgjør en andel på 95.34%.

Øh, hvis oppgaven er tiltenkt å ta stilling til robusthet som beskrevet i denne Wikipedia artikkelen[1], er jeg usikker. Jeg får jo samme resultat som i deloppgave (b), men vet ikke om dette betyr at metoden er «robust» under en eller annen streng definisjon.

Deloppgave (f) — Konfidensintervall for σ med t-fordelt populasjon

```
teller <- 0
for (i in 1:10000) {
  uttrekk   <- rt(15, 7)
  x         <- 558 + uttrekk * 30
  intervall <- sqrt(c((15-1) * var(x) / qchisq(0.975, 15-1, lower.tail = TRUE),
                      (15-1) * var(x) / qchisq(0.975, 15-1, lower.tail = FALSE)))
  if (intervall[1] <= 30 & 30 <= intervall[2]) {
    teller <- teller + 1
  }
}
```

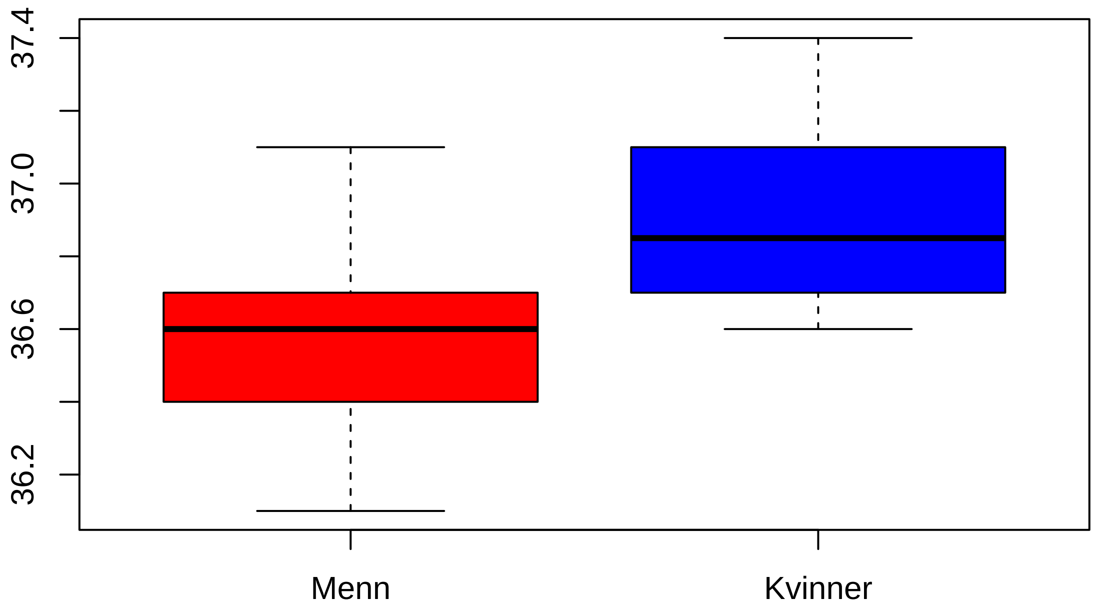
I en eksempelkjøring, får vi 7940 intervaller som inneholder 30. Dette utgjør en andel på 79.4%. Dette er betydelig mindre enn 95%, som var det jeg siktet på. Tror dette kommer av at betingelsen om en normalfordelt populasjon for bruk av (1) er brutt; populasjonen er nå t-fordelt i stedet.

Oppgave 2 — Hete kropper

Deloppgave (a) — Boksplott

[1] https://en.wikipedia.org/wiki/Robust_confidence_intervals

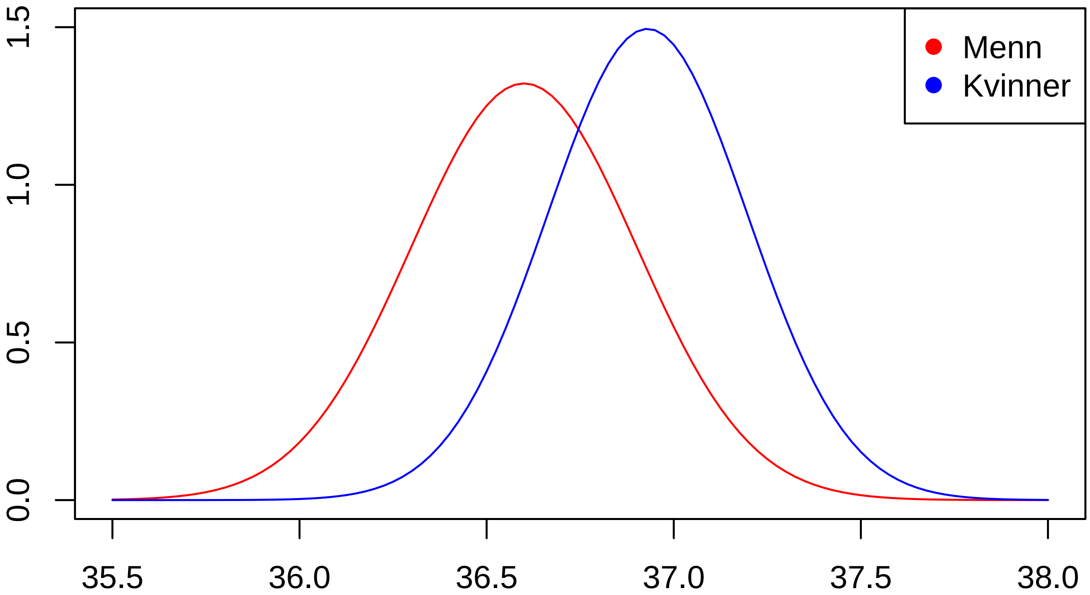
```r
temp <- read.table("https://www.uio.no/studier/emner/matnat/math/STK1110/data/temp.txt",
                   header = TRUE)
boxplot(temp, col = c("red", "blue"))
```



Det ser ut som menn har en lavere kroppstemperatur enn kvinner i dette datasettet. Men snittverdiene er ikke ekstremt forskjellige.

Deloppgave (b) — Normalfordelingsplott

```r
curve(dnorm(x, mean(temp$Menn), sd(temp$Menn)),
      xlim=c(35.5,38), ylim = c(0,1.5),
      col  = "red",
      ylab = "", xlab = "")
curve(dnorm(x, mean(temp$Kvinner), sd(temp$Kvinner)),
      xlim=c(35.5,38), ylim = c(0,1.5),
      col  = "blue",
      add  = TRUE)
legend("topright",
       legend = c("Menn", "Kvinner"),
       col    = c("red", "blue"),
       pch    = 19)
```



Igjen, så ser det ut som mennene i målingene har en lavere kroppstemperatur enn kvinnene.

Deloppgave (c) — Normalfordelte, små, utvalg med ukjent, lik, varians

La den stokastiske variabelen X være kroppstemperaturen en tilfeldig kvinne og Y til en tilfeldig mann. Jeg antar at observasjonene $X_1, ..., X_m$ og $Y_1, ..., Y_n$ er uavhengig identisk fordelt med henholdsvis forventning μ_K og μ_M.

Jeg antar at variansene er like, altså $\sigma_K^2 = \sigma_M^2 = \sigma^2$, men ukjente. Ettersom både X og Y er antatt normalfordelte, vil også transformasjonen $\bar{X} - \bar{Y}$ også være normalfordelt med forventning $\mu_K - \mu_M$. En estimator for σ^2 som tar høyde for forskjellig utvalgstørrelse (altså at $m \neq n$) er

$$S_p^2 = \frac{m-1}{m+n-2} S_K^2 + \frac{n-1}{n+m-2} S_M^2$$

hvor $S_{\{K,M\}}^2$ er den observerte variansen.

Jeg kan nå konstruere en ny stokastisk, standardisert, variabel T. Denne er t-fordelt ettersom vi har for få observasjoner til å anta «stort» utvalg. Altså,[2]

$$T = \frac{\left(\bar{X} - \bar{Y}\right) - (\mu_K - \mu_M)}{S_p \sqrt{\frac{1}{m} + \frac{1}{n}}} \sim t_{m+n-2} \tag{2}$$

Hypotesetest

Jeg ønsker å undersøke om $\mu_K \neq \mu_M$, eller ekvivalent $\mu_K - \mu_M \neq 0$. Jeg formulerer derfor nullhypotesen H_0 og alternativhypotesen H_a som følger:

- H_0: $\mu_K - \mu_M = \Delta_0 = 0$
- H_a: $\mu_K - \mu_M \neq \Delta_0 = 0$

Jeg bruker (2) som testvariabel, hvor $\mu_K - \mu_M$ erstattes med Δ_0. Dette fungerer ettersom denne t-fordelingen er sentrert rundt 0 (standardisert), og jeg ønsker å undersøke om differansen Δ_0 er langt nok unna 0, gitt

[2] `TODO`: kjapt forklar hvor $\sqrt{\frac{1}{m} + \frac{1}{n}}$ kommer fra.

et visst standardavvik. Jeg ønsker å være 95% sikker, eller «konfident», om du vil. Derfor formuleres forkastingsbettingelsen slik:

$$H_0 \text{ forkastes dersom } \begin{cases} t \leq t_{\alpha/2,m+n-2} \\ t \geq t_{1-\alpha/2,m+n-2} \end{cases} \text{ hvor } t = \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-\Delta_0}{S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}} \text{ og } \alpha = 1-95\%.$$

Konfidensintervall

Jeg ønsker et intervall som det er $1-\alpha$ sannsynlighet for at T befinner seg i. Øvre og nedre skranke for dette intervallet blir $\pm t_{\alpha/2,m+n-2}$. Jeg manipulerer dette intervallet til heller å beskrive $(\mu_K - \mu_M)$:

$$\begin{aligned}
1-\alpha &= \mathrm{P}\left(t_{\alpha/2,m+n-2} \leq \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}} \leq t_{1-\alpha/2,m+n-2}\right) \\
&= \mathrm{P}\left(t_{\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}} \leq \left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M) \leq t_{1-\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}\right) \\
&= \mathrm{P}\left(-\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)+t_{\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}} \leq -\mu_K-\mu_M \leq -\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)+t_{1-\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}\right) \\
&= \mathrm{P}\left(\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}} \geq \mu_K-\mu_M \geq \left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{1-\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}\right) \\
&= \mathrm{P}\left(\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{1-\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}} \leq \mu_K-\mu_M \leq \left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{\alpha/2,m+n-2}S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}\right)
\end{aligned}$$

Siste linje gir meg formuleringen av konfidensintervallet for differansen mellom forventningene til de to variablene X og Y:

$$\left(\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{1-\alpha/2,m+n-2}\cdot S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}, \left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{\alpha/2,m+n-2}\cdot S_p\sqrt{\frac{1}{m}+\frac{1}{n}}\right)$$

P-verdi

$$\begin{aligned}
P\text{-verdi} &= P\left(-t \geq T \geq t \mid \mu_K-\mu_M = 0\right) \\
&\approx \text{ område under } t\text{-kurven før } -t \text{ og etter } t \\
&= 1 - \int_{-t}^{t} t_{m+n-2} \\
&= 2\cdot\left(1-F_{m+n-2}(t)\right)
\end{aligned}$$

Hvor F_v er den kumulative fordelingsfunksjonen for t-fordelingen med v frihetsgrader. Her utnytter jeg at t-fordelingen er symmetrisk, som er hvorfor jeg ganger med to (for nedre og øvre hale).

Sjekk i `R`

```r
# Hypotesetest
alpha    <- 1-0.95
Δ_0      <- 0
x_strek  <- mean(temp$Kvinner)
```

```
y_strek  <- mean(temp$Menn)
m        <- length(temp$Kvinner)
n        <- length(temp$Menn)
S_p      <- sqrt(((m-1)/(m+n-2)) * var(temp$Kvinner) + ((n-1)/(n+m-2)) * var(temp$Menn))
t        <- ((x_strek-y_strek) - Δ_0) / (S_p * sqrt(1/m + 1/n))
skranker <- c(qt(alpha/2, m+n-2), qt(1-alpha/2, m+n-2))

# Konfidensintervall
KI <- c((x_strek-y_strek) - qt(1-alpha/2, m+n-2) * S_p * sqrt(1/m + 1/n),
        (x_strek-y_strek) - qt(alpha/2, m+n-2) * S_p * sqrt(1/m + 1/n))

# P-verdi
P_verdi <- 2*(1-pt(t, m+n-2))
```

Dette gir $t = 2.5900616$, som ligger utenfor intervallet $(-2.100922, 2.100922)$. H_0 bør derfor forkastes. P-verdien er i samsvar med denne konklusjonen, siden P-verdi $= 0.0184813 < \alpha = 0.05$. Konfidensintervallet blir $(0.0623213, 0.5976787)$.

Jeg får god overensstemmelse med `R`s innebygde t-test.

```
t.test(temp$Kvinner, temp$Menn)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  temp$Kvinner and temp$Menn
## t = 2.5901, df = 17.734, p-value = 0.01863
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.06203301 0.59796699
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##     36.93     36.60
```

Deloppgave (d) — Ulik varians

I tilfellet med forskjellig varians må jeg justere litt på (2).[3]

[3] Her er jeg lite stødig, og innrømmer ærlig at jeg regurgiterer forelesningsfoilene.

$$
\begin{aligned}
T &= \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{\frac{S_K^2}{m}+\frac{S_M^2}{n}}} \\
&= \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{\frac{S_K^2}{m}+\frac{S_M^2}{n}}} \cdot \frac{\left(\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}\right)^{-1}}{\left(\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}\right)^{-1}} \\
&= \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}} \cdot \frac{\left(\sqrt{\frac{S_K^2}{m}+\frac{S_M^2}{n}}\right)^{-1}}{\left(\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}\right)^{-1}} \\
&= \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}} \cdot \left(\sqrt{\frac{\frac{S_K^2}{m}+\frac{S_M^2}{n}}{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}}\right)^{-1} \\
&= Z \cdot \left[\sqrt{\frac{U}{\nu}}\right]^{-1}, \text{ hvor } Z = \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}} \sim N(0,1) \text{ og } \frac{U}{\nu} = \frac{\frac{S_K^2}{m}+\frac{S_M^2}{n}}{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}
\end{aligned}
$$

U kan tilnærmes med χ_ν^2 fordelingen. Da brukes en justert v, som tilnærmes med de observerte variansene S_K^2 og S_M^2 slik:

$$
\nu = \frac{\sigma_K^2/m+\sigma_M^2/n}{\left(\frac{\sigma_K^2}{m}\right)^2/(m-1)+\left(\frac{\sigma_M^2}{n}\right)^2/(n-1)} \approx \frac{S_K^2/m+S_M^2/n}{\left(\frac{S_K^2}{m}\right)^2/(m-1)+\left(\frac{S_M^2}{n}\right)^2/(n-1)}
$$

Denne ν-en brukes tilnærme riktig t-fordeling:

$$
T = \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-(\mu_K-\mu_M)}{\sqrt{S_K^2/m+S_M^2/n}} \sim t_\nu
$$

Hypotesetest

Som i forrige deloppgave, men forkastingsbettingelsen blir

$$
H_0 \text{ forkastes dersom } \begin{Bmatrix} t \le t_{\alpha/2,\nu} \\ t \ge t_{1-\alpha/2,\nu} \end{Bmatrix} \text{ hvor } t = \frac{\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-\Delta_0}{\sqrt{S_K^2/m+S_M^2/n}} \text{ og } \alpha = 1-95\%.
$$

Konfidensintervall

Utledningen er analog til forrige oppgave. Konfidensintervallet blir

$$
\left(\left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{1-\alpha/2,\nu}\cdot\sqrt{S_K^2/m+S_M^2/n}, \left(\bar{X}-\bar{Y}\right)-t_{\alpha/2,\nu}\cdot\sqrt{S_K^2/m+S_M^2/n}\right)
$$

***P*-verdi**

Igjen, som i forrige oppgave, men med ν innsatt for $m+n-2$.

$$
\begin{aligned}
P\text{-verdi} &= P\left(-t \ge T \ge t \mid \mu_K-\mu_M = 0\right) \\
&\approx \text{ område under } t\text{-kurven før } -t \text{ og etter } t \\
&= 1 - \int_{-t}^{t} t_\nu \\
&= 2\cdot(1-F_\nu(t))
\end{aligned}
$$

Utregning i `R`

```
# Hypotesetest
v        <- ( (var(temp$Kvinner)/m + var(temp$Menn)/n)
            / ((var(temp$Kvinner)/m)^2/(m-1) + (var(temp$Menn)/n)^2/(n-1)))
t        <- ( ((x_strek-y_strek) - Δ_0)
            / sqrt(var(temp$Kvinner)/m + var(temp$Menn)/n))
skranker <- c(qt(alpha/2, v), qt(1-alpha/2, v))

# Konfidensintervall
KI <- c((x_strek-y_strek)-qt(1-alpha/2, v) * sqrt(var(temp$Kvinner)/m+var(temp$Menn)/n),
        (x_strek-y_strek)-qt(alpha/2, v)   * sqrt(var(temp$Kvinner)/m+var(temp$Menn)/n))

# P-verdi
P_verdi <- 2*(1-pt(t, v))
```

Dette gir $t = 2.5900616$, som ligger utenfor intervallet $(-1.9621379, 1.9621379)$. H_0 bør derfor fortsatt forkastes (om jeg ikke har regna feil). P-verdien er fortsatt i samsvar: $P\text{-verdi} = 0.0097236 < \alpha = 0.05$. Konfidensintervallet blir $(0.0800038, 0.5799962)$.

Det virker som antagelsen om ulik varians drastisk styrker H_a. Litt spekulasjon, men fra plottet i deloppgave (a) kan vi se at observasjonene av kvinnenes temperatur har noe mindre varians; hvis denne variansen hadde vært mer jevnstor med mennenes (altså antagelse om lik varians), ville de to fordelingene overlappet mer, og desto mer observasjonene overlapper, jo vanskeligere er det å fastslå med sikkerhet at de er forskjellige? Derfor vil sikkerheten øke (og P-verdien minske).

Deloppgave (e) — F-test

`TODO!`

Deloppgave (f) — Prediksjonsintervall

`TODO!`

Oppgave 3 — Fedre i tidsklemma

Deloppgave (a) — Hypotesetest, p-verdi

Dette er et «stort» utvalg. La p_M og p_F være henholdsvis andelen mødre og fedre i «tidsklemma», og $\hat{p}_{\{M,F\}}$ er de observerte andelene. La $\hat{p}$ være et vektet gjennomsnitt av de to populasjonsandelene, altså

$$\hat{p} = \frac{m}{m+n}\hat{p}_M + \frac{n}{n+m}\hat{p}_F.$$

Hvor m og n er antall mødre og fedre spurt, henholdsvis (begge er 3000 i denne undersøkelsen). Jeg formulerer følgende hypoteser:

- H_0: $p_M - p_F = 0$
- H_a: $p_M - p_F \neq 0$

Og setter forkastingsbettingelsen

$$H_0 \text{ forkastes dersom } \begin{Bmatrix} z \leq z_{\alpha/2} \\ z \geq z_{1-\alpha/2} \end{Bmatrix} \text{ hvor } z = \frac{\hat{p}_M - \hat{p}_F}{\sqrt{\hat{p}(1-\hat{p})\,(1/m + 1/n)}} \text{ og } \alpha = 1 - 95\%.$$

P-verdien er gitt ved $2 \cdot (1 - \Phi(|z|))$.

Jeg bruker `R` til å regne ut de faktiske verdiene.

```
pM <- 441
pF <- 486
m <- 3000
n <- 3000
pM_hatt <- pM/m
pF_hatt <- pF/n
p_hatt  <- (m*pM_hatt)/(m+n) + (n*pF_hatt)/(m+n)
z <- (pM_hatt - pF_hatt) / sqrt(p_hatt*(1/m+1/n))
forkast <- c(qnorm(alpha/2), qnorm(1-alpha/2))
p_verdi <- 2*(1-pnorm(abs(z)))
```

Test verdien $z = -1.4779939$ ligger innenfor skrankene -1.959964 og 1.959964. H_0 beholdes, og H_a forkastes. P-verdien er 0.1394094, som ikke er mindre enn signifikansnivået på 5%.

Altså, forskjellen mellom mødre og fedre er ikke signifikant.

Deloppgave (b) — Sjekk i `R`

```
prop.test(c(441, 486), c(3000, 3000))
```

```
##
##  2-sample test for equality of proportions with continuity correction
##
## data:  c(441, 486) out of c(3000, 3000)
## X-squared = 2.4701, df = 1, p-value = 0.116
## alternative hypothesis: two.sided
## 95 percent confidence interval:
##  -0.033619808  0.003619808
## sample estimates:
## prop 1 prop 2
##  0.147  0.162
```

Jeg vil si at forskjellen fortsatt *ikke* er signifikant. Men jeg får forskjellig p-verdi. Fra p-verdien her ser man at et slikt resultat vil forekomme minst 11.6% av tiden, hvis det ikke er noen forskjell mellom mødre og fedre (altså om H_0 er sann).