Cvičení z biostatistiky 06

Poslední úprava dokumentu: 29. března 2024.

P-hodnota, jednovýběrový a párový t-test, Wilcoxonův a znaménkový test

Dnes budeme pokračovat v testování hypotéz u výběrů z normálního rozdělení a zopakujeme si pojmy, které s tím souvisejí. V závěru se pak dostaneme tzv. pořadovým (neparametrickým) testům, které použijeme v situaci, kdy předpoklad normálního rozdělení není splněn. K lepšímu pochopení teorie vám může pomoci text *Párové testy* a *Neparametrické jednovýběrové testy* (dále jako *NJT*), které najdete na mých stránkách.

> Ještě jednou pro jistotu zdůrazňuji, že populační průměr znaku X = střední hodnota X. Označuje se většinou jako μ (popř. μ_x) nebo $\mathsf{E}(X)$. Všechno to znamená totéž, a to průměrnou hodnotu znaku X v populaci.

Rozcvička

Spočtěte 99% interval spolehlivosti pro střední hodnotu (tj. populační průměr) porodní hmotnosti chlapců. Nezapomeňte ověřit předpoklad normálního rozdělení!

1 Úvod

Budeme pokračovat v analýze dat Kojeni, s nimiž jsme pracovali na minulém cvičení.

1) Načtěte si data do RStudia.
2) Vytvořte podmnožiny dat obsahující pouze chlapce, resp. pouze dívky. Výsledné datové tabulky nazvěte KojeniH, KojeniD.

```
KojeniH <- subset(Kojeni, Hoch == "hoch")
KojeniD <- subset(Kojeni, Hoch == "divka")
```

2 Jednovýběrový t-test - oboustranná alternativa (dokončení z minula)

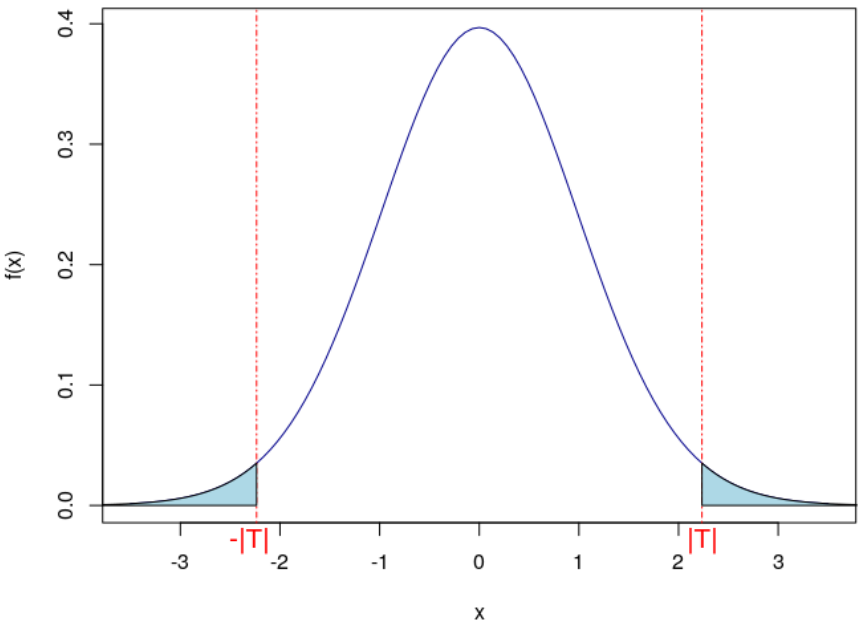
Za náhodnout veličinu X si označíme hmotnost náhodně vybraného chlapce. Na hladině $\alpha = 5\,\%$ otestujte hypotézu $H_0 : \mu = 8\,200$ g. Jako alternativní hypotézu uvažujte $H_1 : \mu \neq 8\,200$ g.

```
t.test(KojeniH$hmotnost, mu=8200)
```

1) Pomocí **p-hodnoty** rozhodněte, zda na dané hladině testu zamítáme/nezamítáme H_0?
Na základě výstupu z R můžeme o platnosti nulové hypotézy H_0 rozhodnout třemi způsoby: pomocí hodnoty testové statistiky, pomocí intervalu spolehlivosti a pomocí p-hodnoty.

   ✧ Pomocí p-hodnoty: Připomeňme, že p-hodnota je nejmenší hladina, na které bychom H_0 zamítli. Zde tedy bychom zamítli pro hladinu 0.03011 a vyšší. Naše zvolená hladina ze zadání příkladu je $\alpha = 0.05$ a jelikož $0.05 > 0.03011$, tak naše rozhodnutí opět je zamítnout H_0. Jednoduché pravidlo zní: „Je-li $\alpha >$ p-hodnota $\Rightarrow$ zamítáme H_0."

Ručně bychom p-hodnotu spočítali takto:
Z definice p-hodnoty (text *ÚTH*, str. 4-5) je jasné, že p-hodnota je součtem ploch vymezených vypočtenými hodnotami testové statistiky (viz obrázek níže). Tyto modré plochy odpovídají



pravděpodobnostem P(testová statistika $\leq -|T|$) a P(testová statistika $\geq |T|$). V R tyto pravděpodobnosti spočítáme pomocí distribuční funkce t-rozdělení:

```
(P.vlevo <- pt(-abs(T), df=n-1))         # = P(testová statistika <= -|T|)
(P.vpravo <- 1 - pt(abs(T), df=n-1))     # = P(testová statistika >= |T|)
(P <- P.vlevo + P.vpravo)                # p-hodnota je součtem obou ploch
```

✧ Jak je vidět, obě modré plochy jsou stejné, a tak p-hodnotu lze spočítat najednou:

```
(P <- 2*pt(-abs(T), df=n-1))
```

Ověřte si, že nám vyšla stejná hodnota jako ve výstupu procedury `t.test`.

2) Jak byste formulovali svůj závěr bez použití výrazů „zamítáme/nezamítáme H_0“?
„Data neprokázala, že by střední hmotnost chlapců ve 24. týdnu byla odlišná od 8 100 g.“ (Pokud tam nějaká odlišnost je, tak není statisticky významná. Na její případné prokázání bychom potřebovali více dat.)

3) Jaká jiná hodnota μ při nulové hypotéze by vedla k opačnému závěru?
No každá, která neleží v našem intervalu spolehlivosti. Tak třeba 9 000 g.

4) Je potřeba znovu počítat, jestliže bychom požadovali přísnější 1% hladinu významnosti, resp. benevolentnější 10% hladinu významnosti?
Ne. Stačí příslušnou hladinu porovnat s vypočtenou p-hodnotou 0.08226.

3 Testování předpokladu normálního rozdělení: Shapiro-Wilkův test

Ověření předpokadu normálního rozdělení našeho výběru jsme doposud prováděli pomocí QQ diagramu. Tento předpoklad lze ale též formálně otestovat pomocí Shapiro-Wilkova testu.

```
shapiro.test(hmotnost)
```

4 Jednovýběrový t-test - jednostranná alternativa

1) Pokusme se prokázat, že populační hmotnost chlapce ve 24. týdnu je **menší** než 8 100 g. Budeme požadovat, aby k chybnému prokázání tohoto tvrzení došlo s pravděpodobností nejvýše 0.05.

2) Za X označíme hmotnost náhodně vybraného chlapce a budeme předpokládat, že $X \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$, potom můžeme opět pomocí *jednovýběrového t-testu* testovat $\mathrm{H}_0 : \mu = 8\,100$ g proti $\mathrm{H}_1 : \mu < 8\,100$ g. Testujeme na hladině 5 %, tj. $\alpha = 0.05$.

✧ **Důležité připomenutí.** Znaménko (tj. $>$, $<$, $\neq$) v alternativní hypotéze je nutno zvolit podle toho, co nás zajímá a v každém případě ještě před tím než vidíme data! Jinými slovy, volba alternativní hypotézy podle toho, „ jak to vyšlo v datech“ je hrubou chybou.

3) Normalitu už jsme ověřovali před chvílí, tak to můžeme přeskočit.

4) Provedeme jednovýběrový t-test, kde do argumentu „`alternative=`“ musíme specifikovat tvar alternativní hypotézy, zde „menší než 8 100 g“, tj. `less`.

```
t.test(KojeniH$hmotnost, mu=8100, alternative="less")
```

5) Jaký je závěr (zamítáme/nezamítáme H_0 na požadované hladině)?
P-hodnota vychází 0.08226, tj. je větší než 0.05, a proto nezamítáme H_0. Stejný závěr bychom učinili i na základě příslušného intervalu[1] spolehlivosti $(-\infty; 8132.261)$, který obsahuje hodnotu 8 100 g (ta tedy má šanci být skutečným populačním průměrem hmotnosti).

6) Jak byste formulovali svůj závěr bez použití výrazů „zamítáme/nezamítáme H_0“?
„Data neprokázala, že by střední hmotnost chlapců ve 24. týdnu byla odlišná od 8 100 g.“ (Pokud tam nějaká odlišnost je, tak není statisticky významná. Na její případné prokázání bychom potřebovali více dat.)

7) Jaká jiná hodnota μ při nulové hypotéze by vedla k opačnému závěru?
No každá, která neleží v našem intervalu spolehlivosti. Tak třeba 9 000 g.

8) Je potřeba znovu počítat, jestliže bychom požadovali přísnější 1% hladinu významnosti, resp. benevolentnější 10% hladinu významnosti?
Ne. Stačí příslušnou hladinu porovnat s vypočtenou p-hodnotou 0.08226.

9) Ruční výpočet p-hodnoty by v tomto případě vypadal následovně:

```
pt(-1.4116, df=48)
```

kde -1.4116 je vypočtená hodnota t-statistiky.

5 Párový t-test (= převlečený jednovýběrový t-test)

Pokusíme se zjistit, zda jsou otcové v průměru o více jak 14 cm vyšší než matky.

Označme jako X výšku náhodně vybraného otce a jako Y výšku jeho partnerky. Data lze tedy považovat za realizaci náhodného výběru z dvourozměrného rozdělení náhodného vektoru $\begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix}$.

Jak víme, k zodpovězení naší otázky stačí zabývat se náhodnou veličinou $Z = X - Y$, kde Z reprezentuje výškový rozdíl otce a matky náhodně vybraného dítěte. Testujeme pak $\mathrm{H}_0 : \mathsf{E}(Z) = 14$ cm proti $\mathrm{H}_1 : \mathsf{E}(Z) > 14$ cm, kde $\mathsf{E}(Z)$ značí střední hodnotu veličiny Z, čili její populační průměr. Jestliže lze navíc předpokládat normální rozdělení náhodné veličiny Z, lze k testu těchto hypotéz použít nám dobře známý jednovýběrový t-test (aplikovaný na výškové rozdíly). Hladinu testu uvažujte 5 %.

[1] `Inf` ve výstupu je zkratka pro `Infinity`, tj. nekonečno.

1) Připravte novou proměnnou vyskaDif, jež bude udávat výškový rozdíl mezi otcem a jeho partnerkou.

```
Kojeni$vyskaDif <- Kojeni$vyska.o - Kojeni$vyska.m
```

2) Spočtěte základní popisné statistiky pro výškové rozdíly mezi otcem a matkou.

```
summary(Kojeni$vyskaDif)  # charakteristiky polohy
sd(Kojeni$vyskaDif)       # charakteristika variability
```

3) Pomocí obrázků i formálním testem zjistěte, zda je smysluplné předpokládat normální rozdělení pro výškové rozdíly mezi otcem a matkou.

```
hist(Kojeni$vyskaDif)          # histogram
qqnorm(Kojeni$vyskaDif)        # normalni diagram
qqline(Kojeni$vyskaDif)
shapiro.test(Kojeni$vyskaDif) # Shapiro-Wilkuv test normality
```

Normální rozdělení zde můžeme předpokládat (p-hodnota Shapiro-Wilkova testu je 0.4836).

4) Pomocí párového t-testu (pro výšky otců a matek), resp. jednovýběrového t-testu pro výškové rozdíly, otestujte $\mathrm{H}_0 : \mathsf{E}(Z) = 14$ cm proti $\mathrm{H}_1 : \mathsf{E}(Z) > 14$ cm.

```
t.test(Kojeni$vyskaDif, mu=14, alternative="greater")        # nebo:
t.test(Kojeni$vyska.o, Kojeni$vyska.m, mu=14, alternative="greater", paired=TRUE)
```

✧ Jaký je závěr (zamítáme/nezamítáme H_0 na požadované hladině)?
P-hodnota vyšla 0.9802, což je víc než zvolená 5% hladina. Nezamítáme tedy H_0. Na základě našich dat nelze zamítnout hypotézu, že rozdíl populačních průměrů výšek je 14 cm.

✧ Jak byste formulovali svůj závěr bez použití výrazů „zamítáme/nezamítáme H_0“?
Data neprokázala, že by rozdíl populačních průměrů výšek byl různý od 14 cm. (Pokud ten rozdíl není 14 cm, tak ale ne statisticky významně. Na detekci případné odchylky bychom potřebovali více dat.)

✧ Jak souvisí výsledek testu s intervalem spolehlivosti, jež je též uveden ve výstupu?
Je to 95% interval spolehlivosti pro $\mathsf{E}(Z)$, čili je to interval, který s pravděpodobností 0.95 obsahuje skutečnou hodnotu rozdílu populačních průměrů výšek otce a matky. Jelikož hodnota 14 leží v tomto intervalu, má šanci být tím skutečným rozdílem výšek. Docházíme tedy ke stejnému závěru, a to nezamítnutí H_0.

Výsledný interval spolehlivosti má tvar $(10.93, \infty)$, je tedy jednostranný. Je to proto, že jsme zvolili jednostrannou alternativní hypotézu.

6 Jednovýběrové pořadové testy (Wilcoxonův a znaménkový)

Pokusíme se zjistit, zda jsou otcové typicky o více jak 2 roky starší než matky.

Označme jako X věk náhodně vybraného otce a jako Y věk jeho partnerky. Data lze tedy opět považovat za realizaci náhodného výběru z dvourozměrného rozdělení náhodného vektoru $\begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix}$. K zodpovězení naší otázky však opět stačí zabývat se náhodnou veličinou $Z = X - Y$, kde Z reprezentuje věkový rozdíl otce a matky náhodně vybraného dítěte. Chceme testovat hypotézu $\mathrm{H}_0 : \mathsf{E}(Z) = 2$ roky proti $\mathrm{H}_1 : \mathsf{E}(Z) > 2$ roky, kde $\mathsf{E}(Z)$ značí střední hodnotu veličiny Z. Hladinu testu uvažujme opět 5 %.

1) Připravte novou proměnnou vekDif, jež bude udávat věkový rozdíl mezi otcem a jeho partnerkou.

```
Kojeni$vekDif <- Kojeni$vek.o - Kojeni$vek.m
```

2) Spočtěte základní popisné statistiky pro věkové rozdíly mezi otcem a matkou.

3) Obrázky i formálním testem zjistěte, zda je smysluplné předpokládat normální rozdělení pro věkové rozdíly mezi otcem a matkou. Pro posouzení normality nakreslete mimo jiné též histogram.

✧ Patrně jste zjistili, že rozdělení věkových rozdílů mezi otcem a matkou není normální, ale je značně zešikmené. K posouzení věkové odlišnosti mezi otcem a matkou musíme tedy použít nějaký neparametrický/pořadový test.

6.1 Jednovýběrový Wilcoxonův test

Pokud chceme použít neparametrický test, musíme přeformulovat testované hypotézy pomocí populačního mediánu. Budeme nyní testovat nulovou hypotézu

$$\begin{aligned} &\mathrm{H}_0 : \text{populační medián } Z \text{ je roven 2 roky,} \qquad \text{proti alternativě:} \\ &\mathrm{H}_1 : \text{populační medián } Z \text{ není roven 2 roky.} \end{aligned}$$

4) Jednovýběrový Wilcoxonův test zjišťující, zda jsou otcové typicky o více jak 2 roky starší než matky provedeme pomocí příkazu

```
wilcox.test(Kojeni$vekDif, mu=2, alternative="greater")
```

```
        Wilcoxon signed rank test with continuity correction

data:  Kojeni$vekDif
V = 2690, p-value = 0.001054
alternative hypothesis: true location is greater than 2
```

Hodnota V je testová statistika Wilcoxonova testu (před vynormováním) a udává součet pořadí od těch hodnot Z_i, které byly větší než 2 (po vyloučení hodnot rovných 2). V textu *NJT* na str. 1 je tato statistika označena jako W.

✧ Jaký je závěr (zamítáme/nezamítáme H_0 na požadované hladině)?
P-hodnota vyšla 0.001, což je výrazně menší hodnota než hladina testu 0.05. Zamítáme tedy nulovou hypotézu.

✧ Jak byste formulovali svůj závěr bez použití výrazů „zamítáme/nezamítáme H_0“?
Na 5% hladině jsme prokázali, že rozdíl věku otců a matek v populaci je větší než 2 roky.

5) Nicméně ani použití Wilcoxonova testu nebylo v této situaci zrovna nejsprávnější. Jednovýběrový Wilcoxonův test sice nepředpokládá normální rozdělení, avšak stále předpokládá symetrické rozdělení (což nebyl případ věkových rozdílů mezi otcem a matkou, jak jsme viděli na histogramu).

6.2 Znaménkový test

Nejobecnějším (avšak zároveň nejslabším) testem pro tuto situaci je test znaménkový.

1) K provedení znaménkového testu je nejprve potřeba zjistit, u kolika párů (otec-matka) nastala situace, kdy je otec o více jak 2 roky starší než matka:

```
U <- sum(Kojeni$vekDif > 2)        # v textu NJT oznaceno jako U
```

2) Dále je potřeba zjistit, u kolika párů je věkový rozdíl odlišný od 2 let, neboť páry s věkovým rozdílem právě 2 roky jsou pro znaménkový test bezcenné (jako by v datech nebyly).

```
n2 <- sum(Kojeni$vekDif != 2)    # n* z textu NJT
```

3) Znaménkový test (asymptotický, s Yatesovými korekcemi) nyní provedeme takto:

```
prop.test(U, n2, alternative="greater")
```

```
        1-sample proportions test with continuity correction

data:  U out of n2, null probability 0.5
X-squared = 1.375, df = 1, p-value = 0.1205
alternative hypothesis: true p is greater than 0.5
95 percent confidence interval:
 0.4749392 1.0000000
sample estimates:
        p
0.5681818
```

✧ X-squared ve výstupu je druhá mocnina statistiky Z_2 z textu *NJT*, vzorec (3).

✧ Význam ostatních hodnot ve výstupu si ozřejmíme později, v rámci cvičení o kategoriálních datech.

✧ Jaký je závěr (zamítáme/nezamítáme H_0 na požadované hladině)?
P-hodnota je 0.1205, tedy je větší než požadovaná hladina 0.05. Nulovou hypotézu tedy nezamítáme.

✧ Jak byste formulovali svůj závěr bez použití výrazů „zamítáme/nezamítáme H_0“?
Data neprokázala, že by se populační průměr věku otců a matek neodlišoval o 2 roky.