

Testiranje hipoteze za srednju vrijednost



Izv.prof. Rosa Karlić
Predavanje 7, MZIRuB 2024/2025
11.12.2024.

Testiranje statističkih hipoteza

- **Statistička hipoteza** – prepostavka o parametru populacije (može i ne mora biti istinita)
- **Nulta hipoteza (H_0)** – hipoteza koju testiramo, uglavnom hipoteza koja govori da su naša opažanja rezultat slučajnosti
- **Alternativna hipoteza (H_1 ili H_a)** – hipoteza koja govori da na ispitanike u uzorku utječe neki ne-slučajni (non-random) uzrok
- Ispitujemo nasumičan uzorak iz populacije
- Ako su podaci iz uzorka u skladu s nultom hipotezom (na određenoj razini pouzdanosti) ne odbacujemo ju, u suprotnom – odbacujemo nultu hipotezu

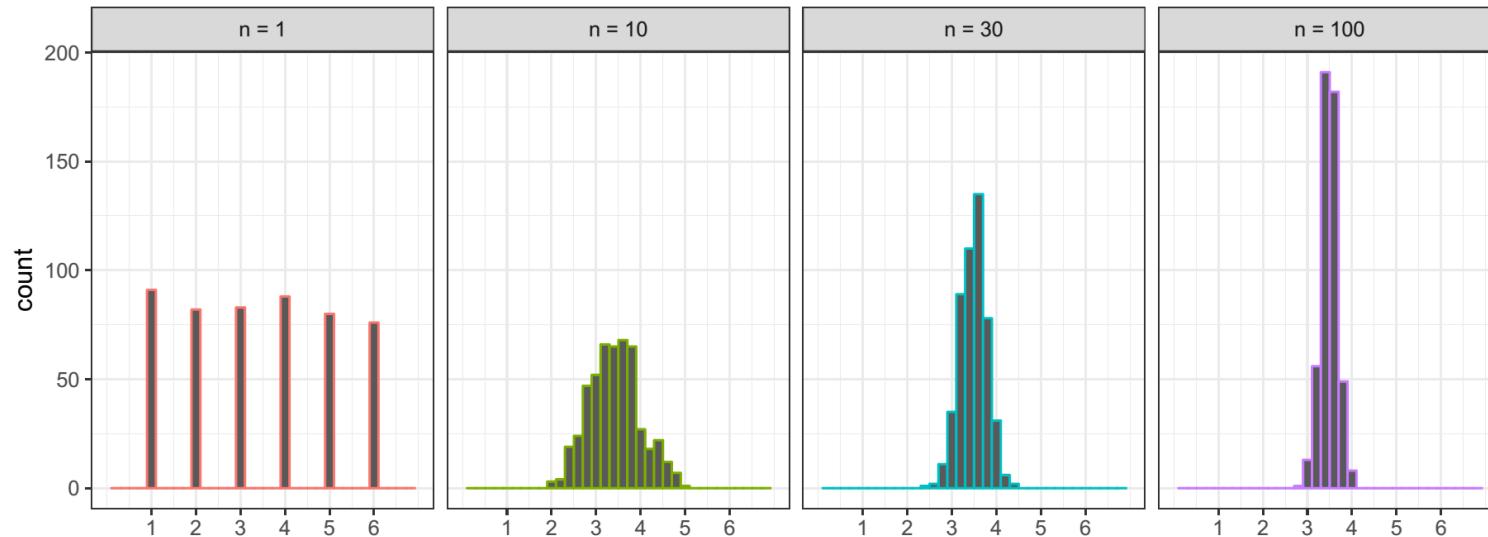
Logička podloga statističkih testova

$$\text{test statistika} = \frac{\text{sistematska varijacija}}{\text{nesistematska varijacija}} = \frac{\text{učinak}}{\text{greška}}$$

- Poznata nam je distribucija test statistike
- To nam omogućuje da izračunamo vjerojatnost da dobijemo određenu vrijednost test statistike ukoliko je nulta hipoteza točna (P-vrijednost)

Središnji granični teorem

- Distribucija procjene statistike (zbroja ili srednje vrijednosti) i.i.d. slučajnih varijabli biti će normalna ili gotovo normalna ukoliko je veličina uzorka dovoljno velika



Standardna devijacija statistike

$$\sigma_{\bar{x}} = \sigma / \sqrt{n}$$

Standardna greška statistike

$$SE_{\bar{x}} = s / \sqrt{n}$$

Studentov t-test (jedan uzorak)

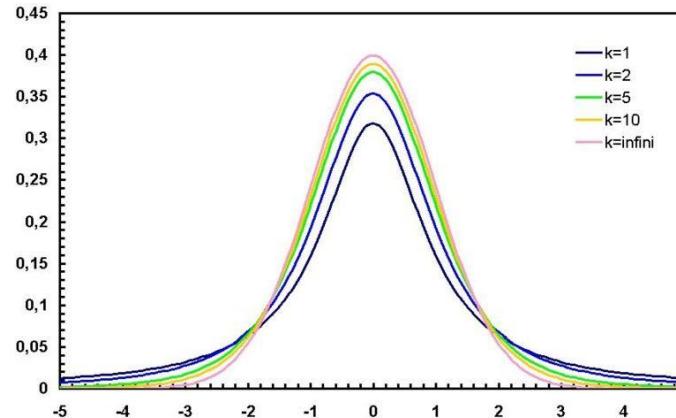
- t-statistika

$$t = \frac{\bar{x} - \mu}{s / \sqrt{n}}$$

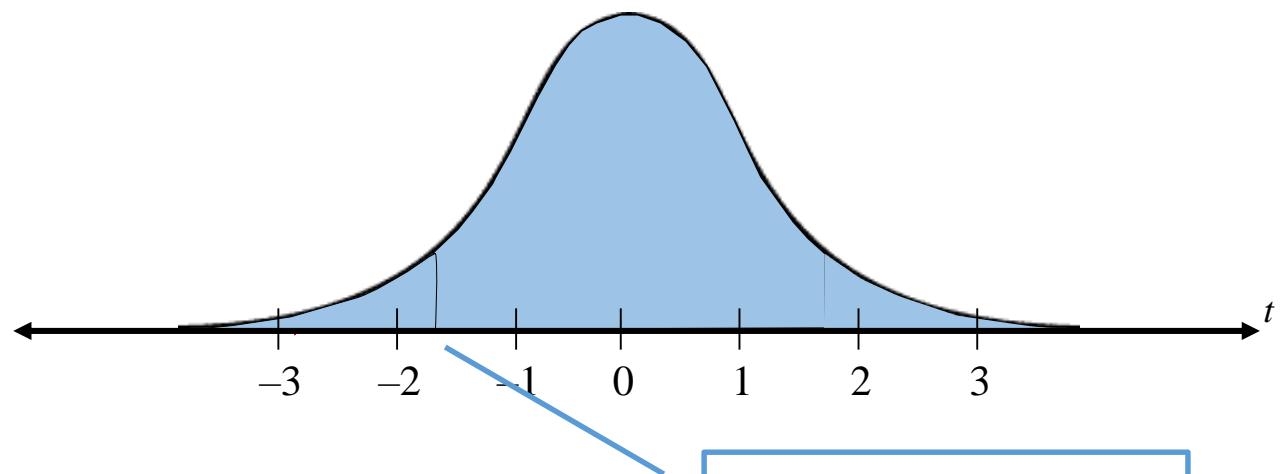
↗ vâimâk
↗ greska

$$SE_{\bar{x}} = s / \sqrt{n}$$

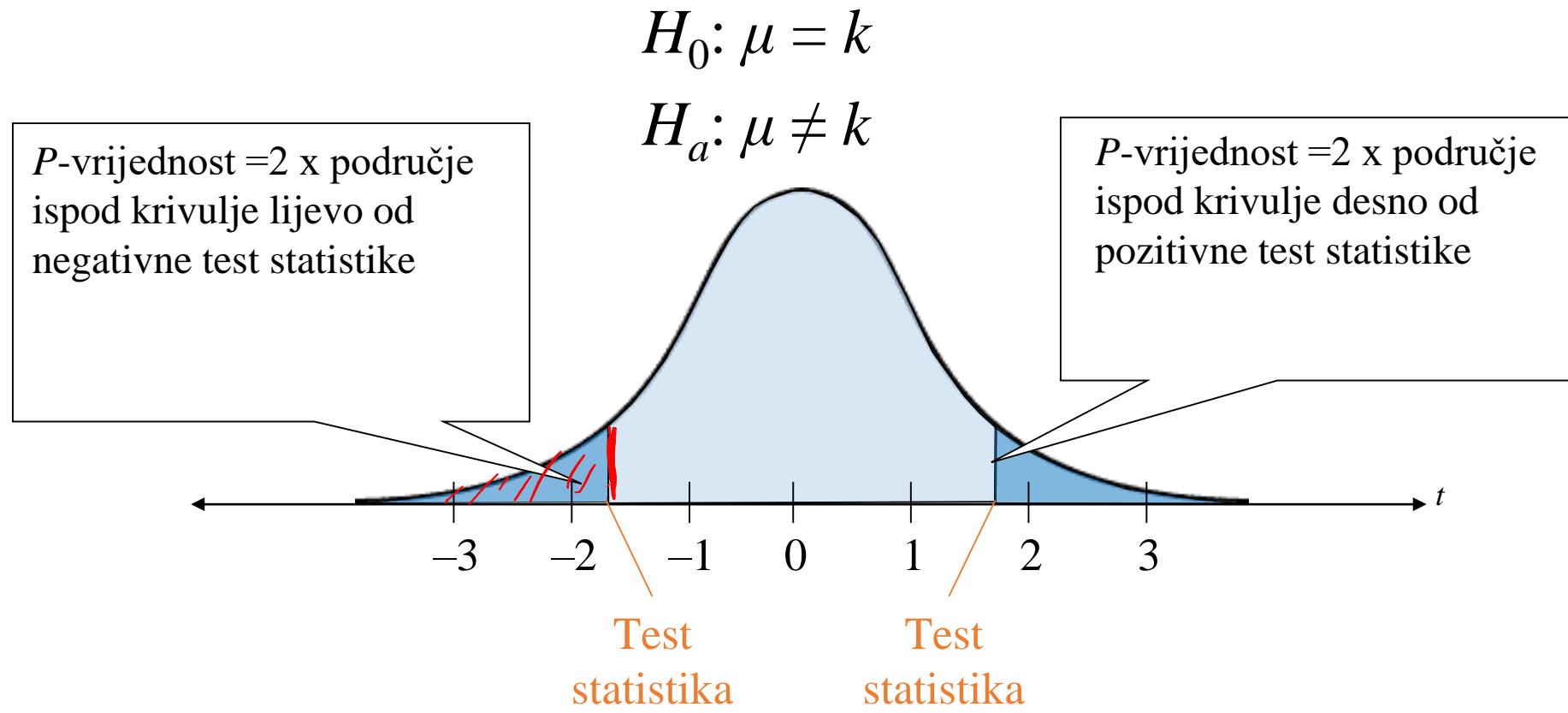
- Ukoliko je nulta hipoteza točna t-statistika će slijediti t-distribuciju sa $n-1$ stupnjeva slobode



$$f_{\nu}(t) = \frac{\Gamma(\frac{\nu+1}{2})}{\sqrt{\nu\pi}\Gamma(\frac{\nu}{2})} (1 + \frac{t^2}{\nu})^{-(\nu+1)/2}$$



Studentov t-test (jedan uzorak)

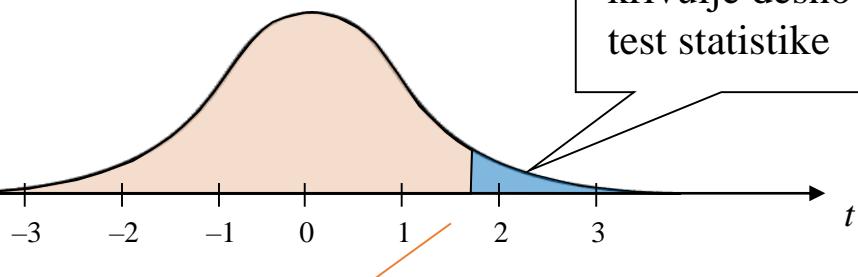


Studentov t-test (jedan uzorak)

$$H_0: \mu \leq k$$

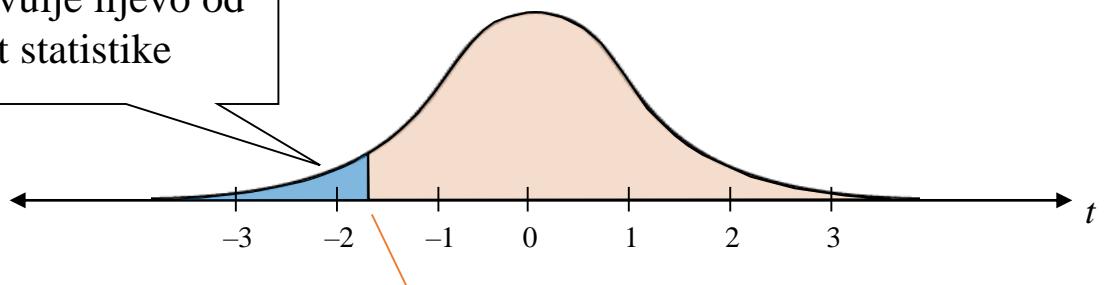
$$H_a: \mu > k$$

P-vrijednost =
područje ispod
krivulje desno od
test statistike



Test
statistika

P-vrijednost =
područje ispod
krivulje lijevo od
test statistike



Test
statistika

Studentov t-test (jedan uzorak)

ID	STAROST	SPOL	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS
87	53	F	trt2	17.41	28.23	4.17	zdrav
119	53	M	ctrl	19.84	52.56	47.24	zdrav
67	52	M	trt2	19.19	27.49	12.07	zdrav
62	54	M	trt2	22.77	28.45	9.62	bolestan
131	55	F	ctrl	24.17	49.91	49.55	bolestan
50	54	F	trt1	17.15	15.32	10.67	zdrav
106	54	M	ctrl	17.92	44.95	51.39	zdrav
127	58	F	ctrl	20.06	53.19	49.71	bolestan
30	54	M	trt1	19.97	16.18	13.78	zdrav
72	54	F	trt2	25.44	27.58	11.81	zdrav

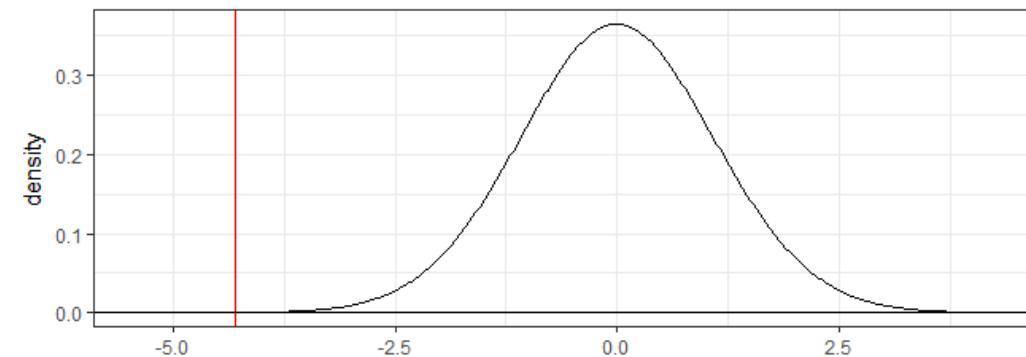
One Sample t-test

```
data: data[, "GEN1"]
t = -4.3036, df = 9, p-value = 0.00198
alternative hypothesis: true mean is not equal to 25
95 percent confidence interval:
 18.64107 23.02285
sample estimates:
mean of x
20.83196
```

$$H_0: \mu = 25$$

$$H_a: \mu \neq 25$$

$$t_{n-1} = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}}$$



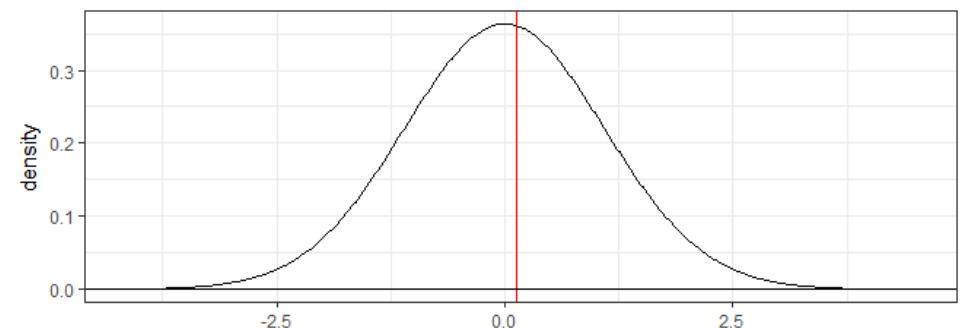
Studentov t-test (dva uzorka)

ID	STAROST	SPOL	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS
87	53	F	trt2	17.41	28.23	4.17	zdrav
119	53	M	ctrl	19.84	52.56	47.24	zdrav
67	52	M	trt2	19.19	27.49	12.07	zdrav
62	54	M	trt2	22.77	28.45	9.62	bolestan
131	55	F	ctrl	24.17	49.91	49.55	bolestan
50	54	F	trt1	17.15	15.32	10.67	zdrav
106	54	M	ctrl	17.92	44.95	51.39	zdrav
127	58	F	ctrl	20.06	53.19	49.71	bolestan
30	54	M	trt1	19.97	16.18	13.78	zdrav
72	54	F	trt2	25.44	27.58	11.81	zdrav

Two Sample t-test

```
data: data[data$TRETMAN == "trt2", "GEN1"] and data[data$TRETMAN == "ctrl", "GEN1"]
t = 0.13371, df = 98, p-value = 0.8939
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
-0.7221867 0.8265337
sample estimates:
mean of x mean of y
20.38154 20.32937
```

$$t_{n_1+n_2-2} = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{SE_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}} = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{S_P^2 \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}}.$$



Studentov t-test (dva uzorka)

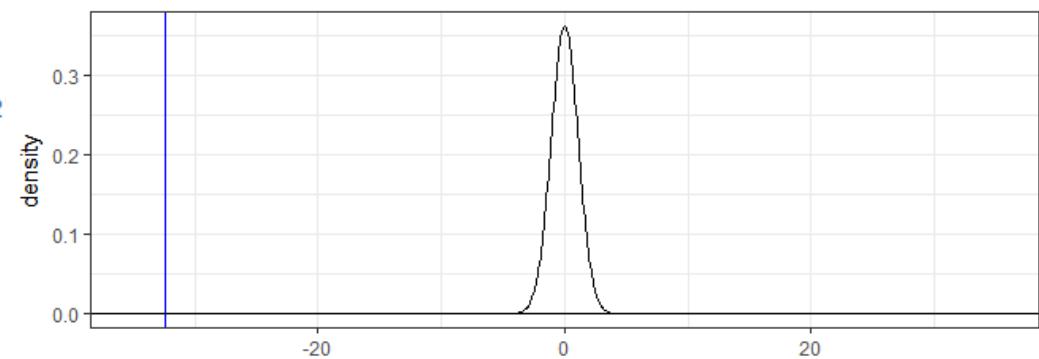
ID	STAROST	SPOL	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS
87	53	F	trt2	17.41	28.23	4.17	zdrav
119	53	M	ctrl	19.84	52.56	47.24	zdrav
67	52	M	trt2	19.19	27.49	12.07	zdrav
62	54	M	trt2	22.77	28.45	9.62	bolestan
131	55	F	ctrl	24.17	49.91	49.55	bolestan
50	54	F	trt1	17.15	15.32	10.67	zdrav
106	54	M	ctrl	17.92	44.95	51.39	zdrav
127	58	F	ctrl	20.06	53.19	49.71	bolestan
30	54	M	trt1	19.97	16.18	13.78	zdrav
72	54	F	trt2	25.44	27.58	11.81	zdrav

Two Sample t-test

```
data <- data[data$TRETMAN == "trt2", "GEN2"] and data[data$TRETMAN == "ctrl", "GEN2"]
t = -32.433, df = 98, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
-20.7178 -18.3287
sample estimates:
mean of x mean of y
30.10788 49.63114
```

$$t_{n_1+n_2-2} = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{SE_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}} = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{s_p^2 \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}}$$

$$s_p^2 = \frac{\sum_{i=1}^k (n_i - 1)s_i^2}{\sum_{i=1}^k (n_i - 1)} = \frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2 + \dots + (n_k - 1)s_k^2}{n_1 + n_2 + \dots + n_k - k}$$

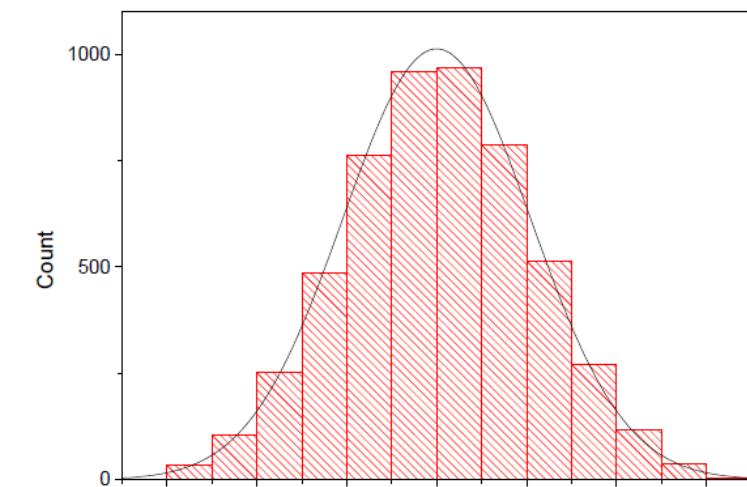


Prepostavke za t-test

- Varijabla koju testiramo je normalno distribuirana
- Uzorci imaju jednake varijance
- Uzorci su međusobno neovisni

Testiranje normalnosti:

- Histogram, druge grafičke metode
- Statistički testovi (Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Smirnov, Anderson-Darling)



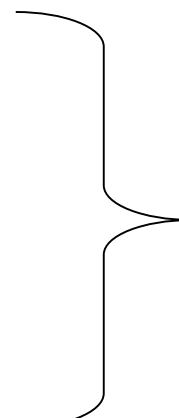
Što ako naši podaci krše neku od pretpostavki?

- **Welch test** – koristi se u slučaju nejednakih varijanci
- Modificirana t-statistika
- Obično se koristi za uzorke jako različitih veličina
- **Studentov t-test za povezane uzorke** – koristi se u slučaju da su podaci u uzorcima međusobno ovisni

Studentov t-test za povezane uzorke

- Kada uspoređujemo dva povezana uzorka često nas ne zanimaju apsolutne vrijednosti već razlika između izmjerениh vrijednosti za svaki par observacija u povezanih uzorcima

<u>Uzorak 1</u>	<u>Uzorak 2</u>	<u>Razlika</u>	
X_{11}	X_{21}	$X_{11} - X_{21}$	
X_{12}	X_{22}	$X_{12} - X_{22}$	
.	.	.	
.	.	.	
.	.	.	
X_{1n}	X_{2n}	$X_{1n} - X_{2n}$	



- Uzorak razlika u mjerljima uzet iz populacije razlika
- Karakterizira ga srednja vrijednost i standardna devijacija
- Srednja vrijednost razlika u mjerljima \bar{D}

Studentov t-test za povezane uzorke

- Nulta hipoteza: Nema razlike među dva međusobno ovisna mjerenja u našem uzorku
- Zbog varijabilnosti očekujemo da će neke razlike biti pozitivne, neke negativne, ali srednja vrijednost tih razlika biti će jednaka nuli

Studentov t-test za povezane uzorke

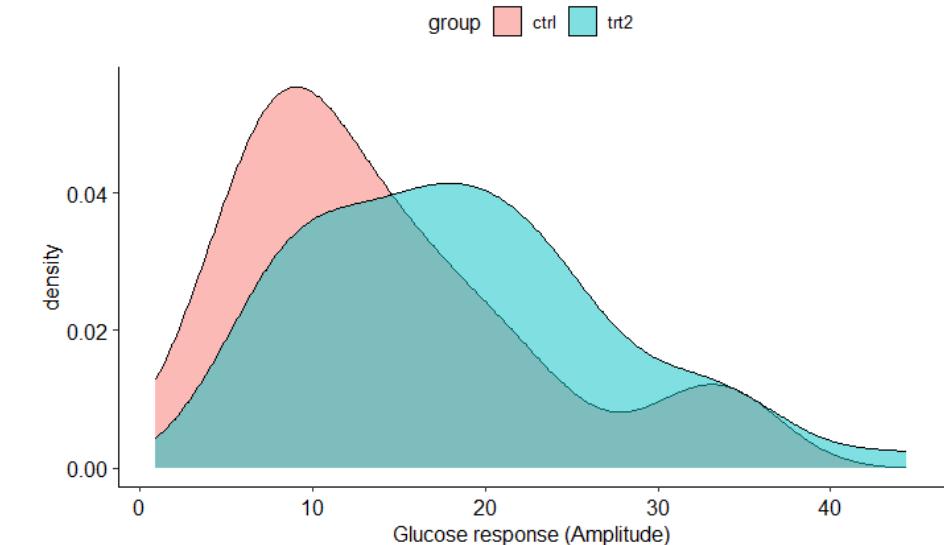
- Koristimo t-test kako bismo utvrdili je li srednja vrijednost razlika značajno različita od nule

$$t_{n-1} = \frac{\bar{D} - \mu_{\bar{D}}}{SE_{\bar{D}}}$$

- Naš uzorak je zapravo stupac s razlikama u mjeranjima na kojem ćemo napraviti t-test na jednom uzorku s nultom hipotezom da je $\mu = 0$

Što ako podaci nisu normalno distribuirani?

ID	AGE	SEX	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS	GLUCOSE RESPONSE (Amplitude)
87	53	F	trt2	17.41	28.23	4.17	healthy	6.95
119	53	M	ctrl	19.84	52.56	47.24	healthy	6.41
67	52	M	trt2	19.19	27.49	12.07	healthy	12.85
62	54	M	trt2	22.77	28.45	9.62	sick	7.88
131	55	F	ctrl	24.17	49.91	49.55	sick	6.05
50	54	F	trt1	17.15	15.32	10.67	healthy	9.76
106	54	M	ctrl	17.92	44.95	51.39	healthy	5.16
127	58	F	ctrl	20.06	53.19	49.71	sick	13.51
30	54	M	trt1	19.97	16.18	13.78	healthy	11.41
72	54	F	trt2	25.44	27.58	11.81	healthy	30.85



Neparametarski testovi

- Testovi koji nemaju pretpostavki o distribuciji proučavanih varijabli
 - Testiraju se rangovi podataka, a ne same vrijednosti podataka
 - Mogu se koristiti za male uzorke ($N<30$) i za varijable koje ne slijede normalnu distribuciju (!)
 - Manja statistička snaga testa
-
- **Wilcoxon-Mann-Whitney rank-sum test (Mann-Whitney U) –** usporedba dva neovisna uzorka
 - **Wilcoxon signed rank test** – usporedba dva ovisna uzorka

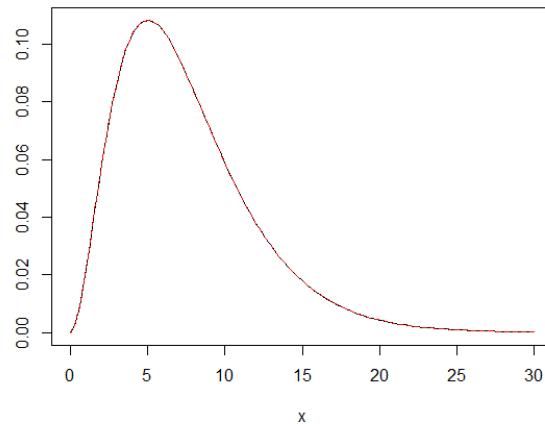
Wilcoxon-Mann-Whitney Rank Sum Test

- Test statistika računa se na rangovima, a ne sirovim podacima
- Hipoteza
 - H_0 – dvije populacije imaju identičnu distribuciju
 - H_1 – “lokacije populacija se razlikuju”
- Pretpostavke:
 - Podaci dolaze iz nasumičnih uzoraka
 - Podaci unutar uzorka su međusobno neovisni
 - Uzorci su međusobno neovisni

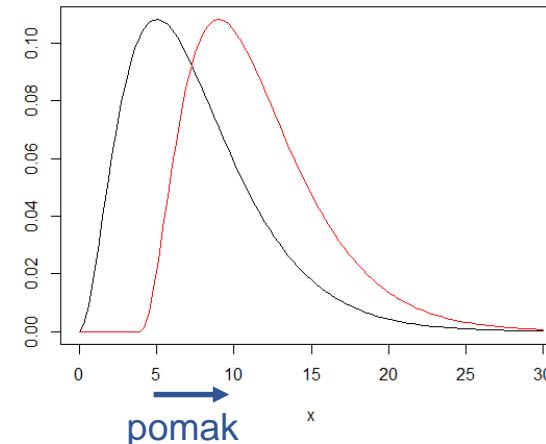
Wilcoxon-Mann-Whitney Rank Sum Test

- Wilcoxon -Mann-Whitney Rank Sum Test pokušava otkriti pomake u lokaciji
 - $H_1 : A > B$ (A pomaknuta u desno od B)
 - $H_1 : A < B$ (A pomaknuta u lijevo od B)
 - $H_1 : A \neq B$

$$H_0: A = B$$

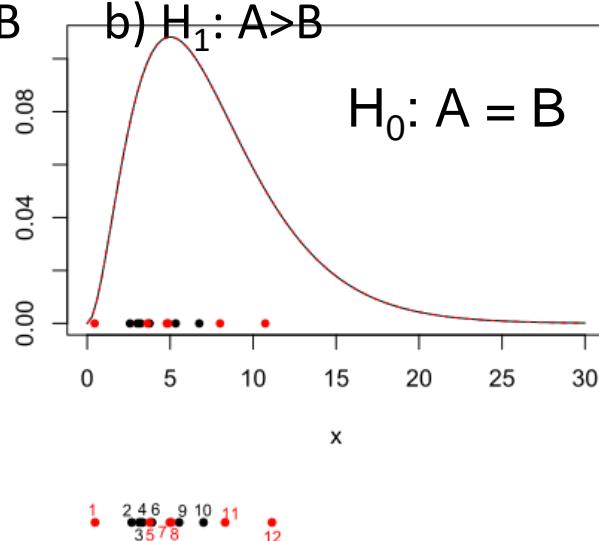


$$H_1: A > B$$



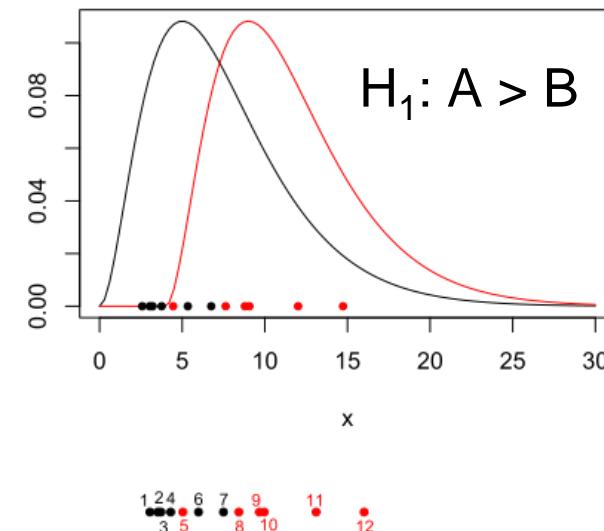
Wilcoxon-Mann-Whitney Rank Sum Test

- Staviti sve observacije u jedan uzorak i rangirati $n_A + n_B$ observacija kombiniranog uzorka
- Wilcoxon rank-sum statistika – suma rangova observacija iz jednog od uzoraka
- w_A = suma rangova observacija iz uzorka A
- a) $H_0: A=B$ b) $H_1: A>B$



$$(H_1 : A > B)$$

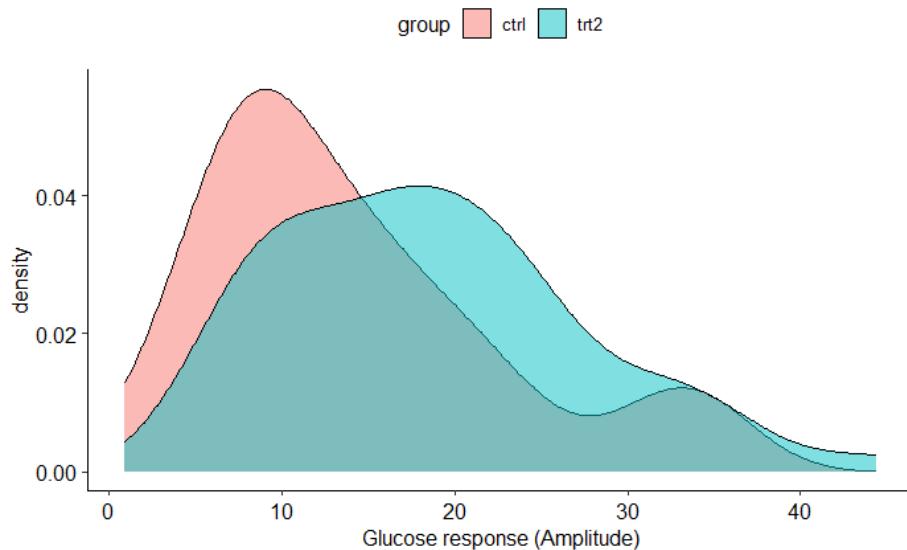
$$(H_1 : A < B)$$



$$P\text{-value} = \text{pr}(W_A \geq w_A),$$

$$P\text{-value} = \text{pr}(W_A \leq w_A).$$

Wilcoxon rank-sum test na našem primjeru



```
> wilcox.test(ctrl, trt2)

Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data: ctrl and trt2
W = 851, p-value = 0.006011
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

> t.test(ctrl, trt2, var.equal = T)

Two Sample t-test

data: ctrl and trt2
t = -2.5267, df = 98, p-value = 0.01311
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
-7.931406 -0.953410
sample estimates:
mean of x mean of y
14.17141 18.61381
```

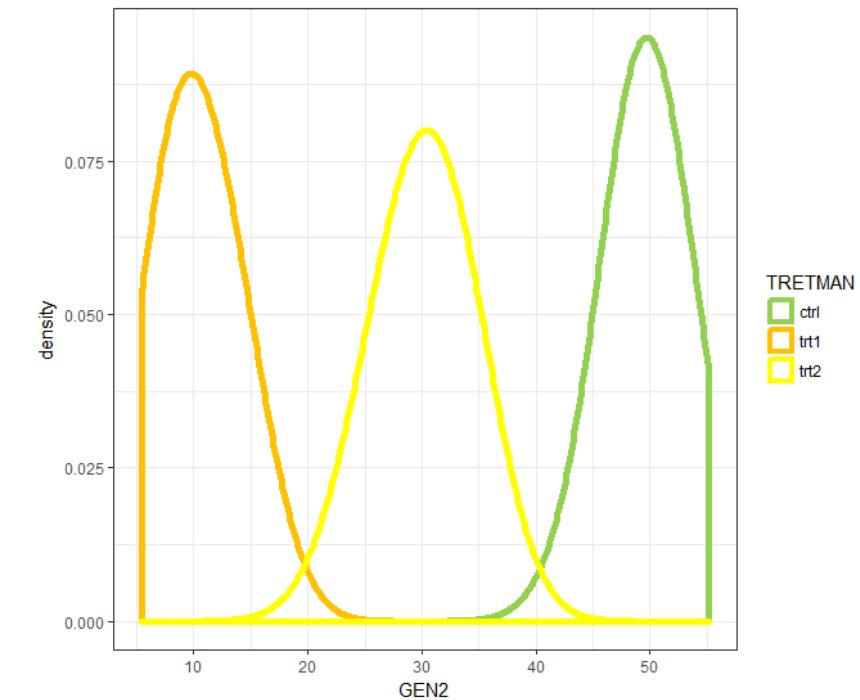
Wilcoxon signed rank test

- Verzija prethodnog testa gdje se pojedinci mogu mjeriti dvaput ili se mogu uzeti u obzir mjerjenja prije i poslije (spareni test)
- Podaci koji imaju isti broj mjerena.
- Upareni uzorci ($X_i, Y_i \rightarrow D_i = X_i - Y_i$)
- Ako niti jedan tretman nema učinka, tada ne samo da bi razlike trebale biti jednak raspoređene s obje strane 0, nego bi i to koliko su razlike udaljene od 0 trebale biti isto s obje strane.
- Postupak:
 - Izračunajte D_i i rangirati
 - Izračunajte $W+ =$ zbroj rangova s pozitivnim predznakom ili $W- =$ zbroj rangova s negativnim predznakom
 - Ideja: ako je distribucija $X (F(x))$ ista kao distribucija $Y (F(y))$, tada je jednako vjerojatno da će D_i biti pozitivni kao i negativni. Dakle, oko pola rangova je pozitivno, a pola je negativno. Ako je $F(y)$ veći od $F(x)$, očekujte da većina rangova ima pozitivne predznake i stoga će $W+$ biti velik
- Za $n \geq 20$ približno normalno raspoređen

ANOVA (Analiza varijance)

- Istovremeno želimo testirati više od dvije skupine ispitanika

ID	STAROST	SPOL	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS
87	53	F	trt2	17.41	28.23	4.17	zdrav
119	53	M	ctrl	19.84	52.56	47.24	zdrav
67	52	M	trt2	19.19	27.49	12.07	zdrav
62	54	M	trt2	22.77	28.45	9.62	bolestan
131	55	F	ctrl	24.17	49.91	49.55	bolestan
50	54	F	trt1	17.15	15.32	10.67	zdrav
106	54	M	ctrl	17.92	44.95	51.39	zdrav
127	58	F	ctrl	20.06	53.19	49.71	bolestan
30	54	M	trt1	19.97	16.18	13.78	zdrav
72	54	F	trt2	25.44	27.58	11.81	zdrav



ANOVA (Analiza varijance)

- F-statistika – testira omjer varijabilnosti između skupina i unutar skupina

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
TRETMAN      2   38784   19392   2207 <2e-16 ***
Residuals  147   1292      9
---
signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

- Post-hoc testovi – ako želimo odrediti između kojih skupina postoji statistički značajna razlika
- Tukey's HSD test**

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

Fit: aov(formula = GEN2 ~ TRETMAN, data = data)

$TRETMAN
    diff      lwr      upr p adj
trt1-ctrl -39.38705 -40.79070 -37.98339 0
trt2-ctrl -19.52325 -20.92691 -18.11960 0
trt2-trt1  19.86379  18.46014  21.26745 0
```

Prepostavke za korištenje ANOVE

- Varijabla koju testiramo je normalno distribuirana
- Uzorci imaju jednake varijance
- Uzorci su međusobno neovisni
- Neparametarske alternative:
- **Kruskal-Wallis test** – više od dva neovisna uzorka
- **Friedmanov test** – više od dva ovisna uzorka

Varijante ANOVE

- Proučavanje efekta dvije nezavisne kategoričke varijable
 - Interakcije među varijablama
- Analiza varijance ponovljenih uzoraka
 - Manji troškovi
 - Može dovesti do veće snage testa, jer varijabilnost unutar ispitanika može biti sistematska

Two-way ANOVA (dvofaktorska ANOVA)

- 150 ispitanika: 50 ctrl, 50 trt1, 50 trt2
- 50% ispitanika na posebnom režimu prehrane
- Zavisna varijabla: Ekspresija gena GEN2
- Postoji li utjecaj tretmana?
Postoji li utjecaj prehrane?
- Two-way (dvofaktorski) dizajn

ID	STAROST	SPOL	TRETMAN	GEN1	GEN2	GEN3	STATUS	DIET
144	55	F	ctrl	18.17	58.79	50.80	bolestan	NO
111	54	M	ctrl	20.56	48.08	49.61	bolestan	YES
113	56	F	ctrl	19.66	45.08	51.40	bolestan	NO
11	53	F	trt1	18.69	-0.96	6.00	zdrav	NO
91	56	F	trt2	19.41	30.05	6.03	bolestan	NO
64	56	M	trt2	18.95	11.28	11.71	zdrav	YES
63	50	F	trt2	21.84	36.94	11.26	zdrav	NO
149	50	M	ctrl	17.85	55.66	50.29	zdrav	NO
143	53	M	ctrl	18.71	48.40	45.89	bolestan	YES
38	55	M	trt1	23.62	9.71	14.97	bolestan	YES

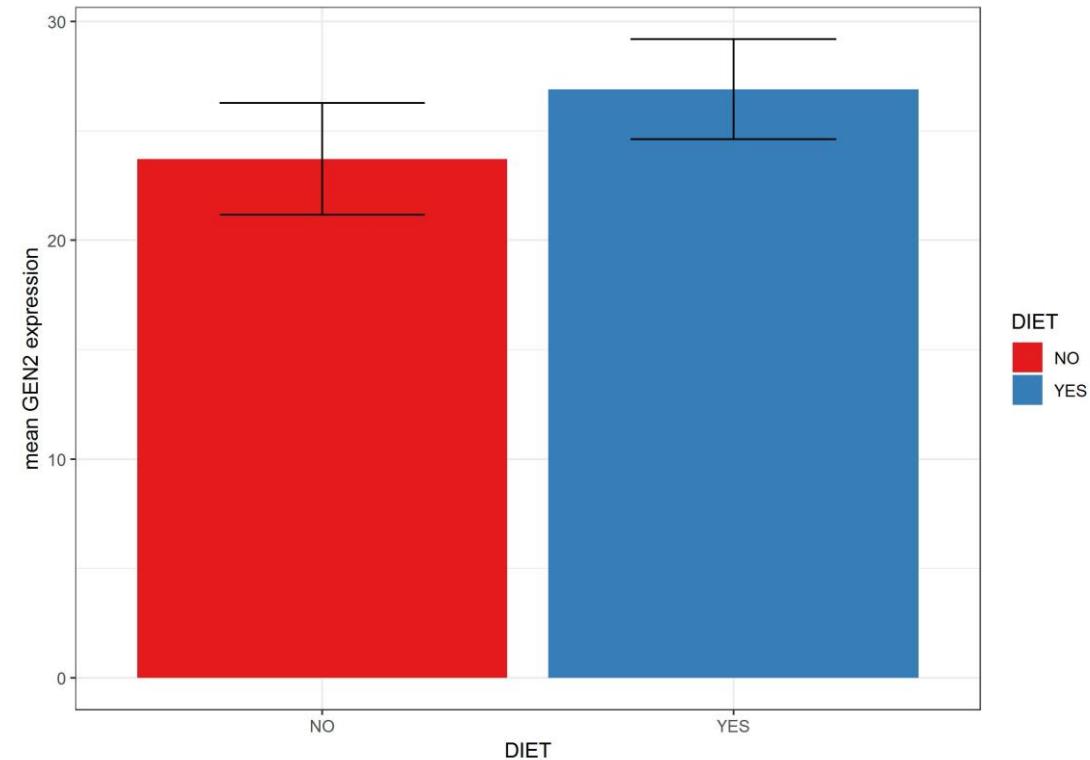
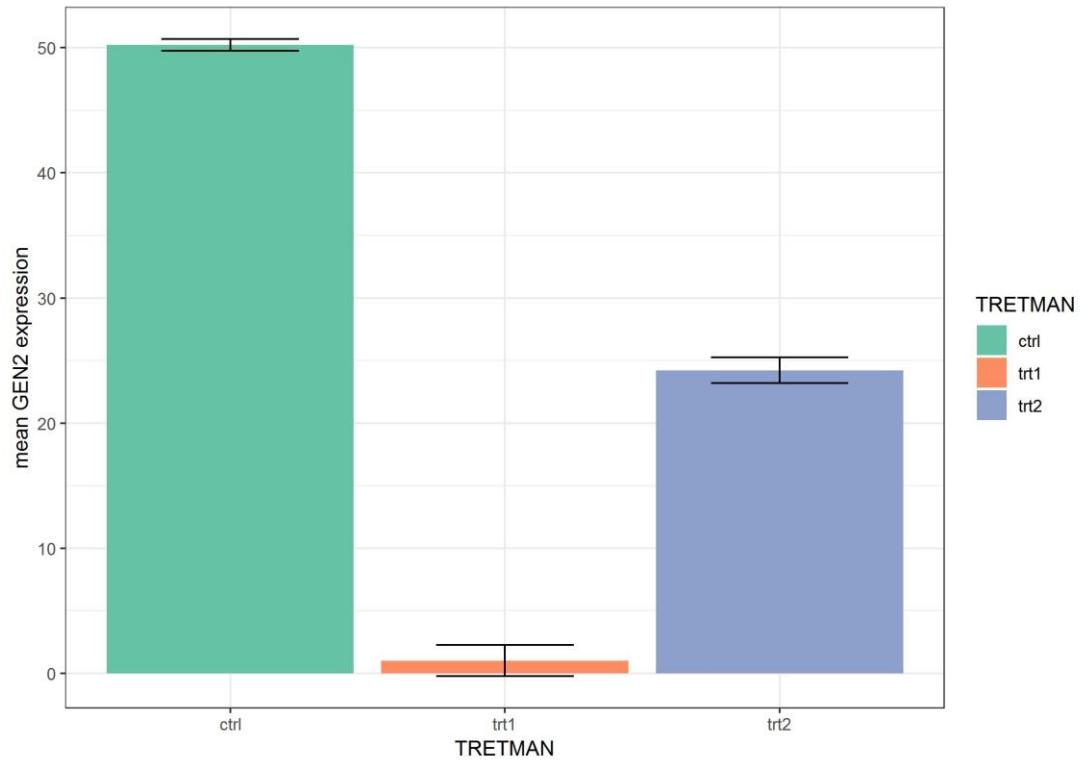
Testiranje hipoteza

- Simultano testiramo 3 hipoteze:
 - Postoji li učinak tretmana na ekspresiju gena GEN2?
 - Postoji li učinak prehrane na ekspresiju gena GEN2?
 - Ovisi li učinak tretmana na ekspresiju gena GEN2 o prehrani (postoji li interakcija?)
- 3 različita učinka
 - Glavni učinak
 - Interakcijski učinak
 - Jednostavni učinak

Naknadni testovi

- Naknadni testovi za značajne glavne učinke (post-hoc testovi)
- Naknadni testovi za značajne interakcijske učinke – analiza jednostavnih učinaka (učinak jedne varijable na svakoj razini druge varijable)

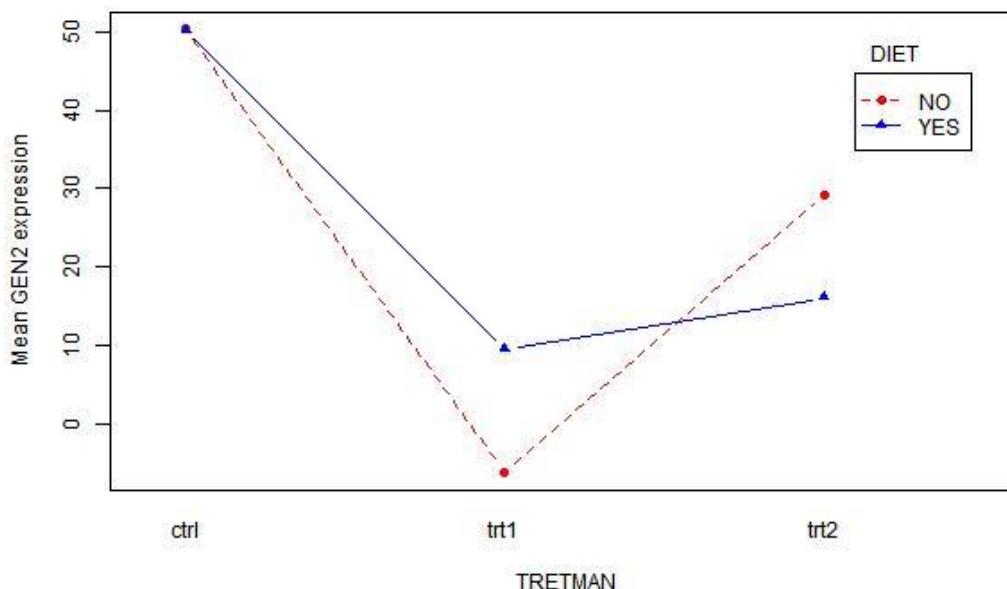
Glavni učinci



Prikazi interakcija

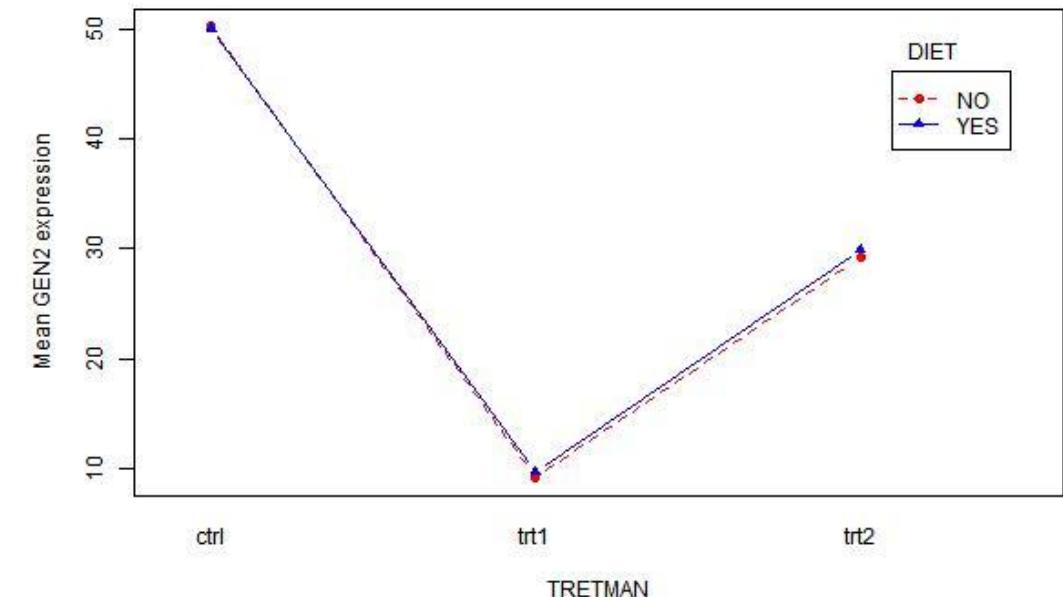
Naš primjer

```
> my.aov = aov(GEN2 ~ TREATMAN + DIET + TREATMAN:DIET,  
+                data = data)  
> summary(my.aov)  
   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)  
TREATMAN        2 60620 30310 2393.450 <2e-16 ***  
DIET             1    43    43  3.374 0.0683 .  
TREATMAN:DIET   2  5110  2555 201.754 <2e-16 ***  
Residuals      144 1824     13  
---  
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Bez interakcija

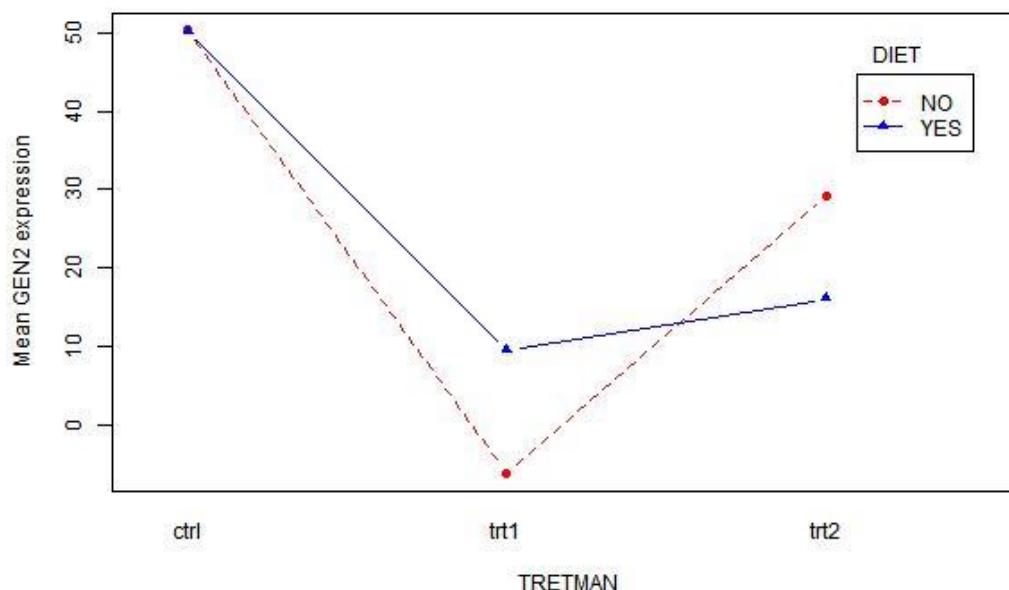
```
> my.aov = aov(GEN2 ~ TREATMAN + DIET + TREATMAN:DIET,  
+                data = data2)  
> summary(my.aov)  
   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)  
TREATMAN        2 41898 20949 2032.427 <2e-16 ***  
DIET             1    4     4  0.406 0.525  
TREATMAN:DIET   2    6     3  0.269 0.765  
Residuals      144 1484     10  
---  
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Prikazi interakcija

Naš primjer

```
> my.aov = aov(GEN2 ~ TREATMAN + DIET + TREATMAN:DIET,  
+                data = data)  
> summary(my.aov)  
   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)  
TREATMAN        2 60620 30310 2393.450 <2e-16 ***  
DIET             1    43    43   3.374 0.0683 .  
TREATMAN:DIET   2  5110   2555  201.754 <2e-16 ***  
Residuals      144 1824     13  
---  
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



Bez interakcija

```
> my.aov = aov(GEN2 ~ TREATMAN + DIET + TREATMAN:DIET,  
+                data = data2)  
> summary(my.aov)  
   Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)  
TREATMAN        2 41898 20949 2032.427 <2e-16 ***  
DIET             1    4     4   0.406 0.525  
TREATMAN:DIET   2    6     3   0.269 0.765  
Residuals      144 1484     10  
---  
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

