

9 Dvouvýběrové parametrické testy

Dataset: 01-one-sample-mean-skull-mf.txt

Z archivních materiálů (Schmidt, 1888; soubor 01-one-sample-mean-skull-mf.txt) máme k dispozici původní kranio-metrické údaje o délce a šířce mozkovny a ze starověké egyptské populace.

Popis proměnných v datasetu:

- pop – populace (egant – egyptská starověká);
- sex – pohlaví (m – muž, f – žena);
- skull.L – největší délka mozkovny (mm), t.j. přímá vzdálenost kraniometrických bodů *glabella* a *opistocranion*;
- skull.B – největší šířka mozkovny (mm), t.j. vzdálenost obou kraniometrických bodů *euryon*.

Příklad 9.1. Klasický test o rozdílu středních hodnot $\mu_1 - \mu_2$ (σ_1^2 a σ_2^2 jsou neznámé, ale shodné)

Mějme datový soubor 01-one-sample-mean-skull-mf.txt a proměnnou skull.B popisující největší šířku mozkovny. Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ testujte hypotézu o shodě střední hodnoty největší šířky mozkovny mužů a žen starověké egyptské populace.

Řešení příkladu 9.1

```
1 data <- read.delim(...) # nacteni datoveho souboru
2 skull.BM <- data[, ...] # vyber nejvetsi sirky mozkovny muzu (prvni vyber)
3 skull.BF <- data[... , ...] # vyber nejvetsi sirky mozkovny zen (druhy vyber)
4 skull.BM <- ... # odstraneni NA hodnot ze skull.BM
5 skull.BF <- ... # odstraneni NA hodnot ze skull.BF
6 n1 <- ... # rozsah prvnih nahodneho vyberu
7 n2 <- ... # rozsah druhoh nahodneho vyberu
8 tab <- data.frame(...) # rozsah, min a max prvnih, resp. druhoh nah. vyberu
```

| n1 | n2 | min1 | max1 | min2 | max2 |
|----|-----|------|------|------|---------|
| 1 | 216 | 109 | 124 | 149 | 118 146 |

9
10

V tomto příkladu pracujeme se náhodnými výběry. První náhodný výběr obsahuje údaje o největší šířce mozkovny mužů, druhý náhodný výběr obsahuje údaje o největší šířce mozkovny žen starověké egyptské populace. Naměřené hodnoty u mužů se pohybují v rozmezí-..... mm, naměřené hodnoty u žen se pohybují v rozmezí-..... mm.

Ze zadání máme za úkol porovnat střední hodnoty dvou populací (muži a ženy), použijeme tedy test o střední hodnotě / test o rozdílu středních hodnot / test o rozdílu korelačních koeficientů. Primárně bychom chtěli použít **parametrický** test. Nutným předpokladem parametrického testu je **normalita naměřených hodnot** (zvlášt v každém výběru).

Test normality naměřených hodnot pro muže

- H_0 : Data z normálního rozdělení.
- H_1 : Data z normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$ $n = \dots$ je menší / větší než 50 a menší / větší než 100 \rightarrow Shapirův-Wilkův / Lillieforsův test.

| | |
|-----|------------|
| [1] | 0.07662229 |
|-----|------------|

11

Náhodný výběr největších šírek mozkovny mužů starověké egyptské populace z normálního rozdělení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$).

Test normality naměřených hodnot pro ženy

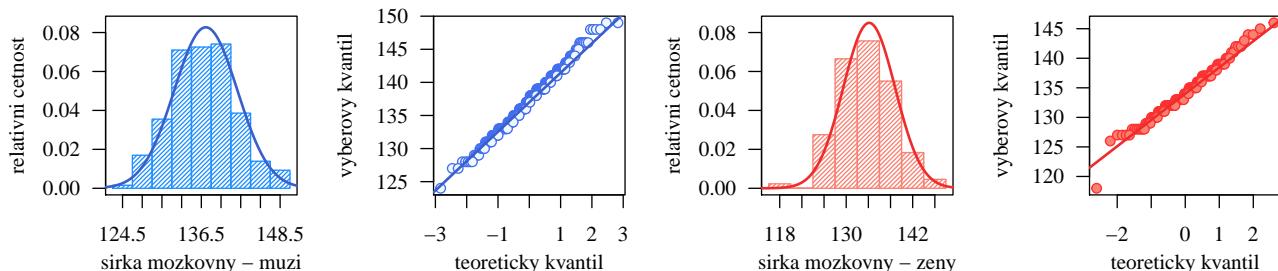
- H_0 : Data z normálního rozdělení.
- H_1 : Data z normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$, $n = \dots$ je menší / větší než 50 a menší / větší než 100 \rightarrow Shapirův-Wilkův / Lillieforsův test.

[1] 0.06380994

12

Náhodný výběr největších šírek mozkovny žen starověké egyptské populace z normálního rozdělení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$).



Protože oba výběry pochází z normálního rozdělení, použijeme na otestování hypotézy ze zadání **parametrický test**. Vhodný parametrický test vybereme v závislosti na výsledku testu o podílu rozptylů.

Test o podílu rozptylů

- $H_0 : \dots \rightarrow \dots$
- $H_1 : \dots \rightarrow \dots$ (..... alternativa).
- Hladina významnosti $\alpha = \dots$

```
13 alpha <- ... # hladina významnosti
14 var.test(skull.BM, skull.BF, alternative = ..., conf.level = ...) # test o podílu rozptylu
15 qf(...) # horní hranice kritického oboru
16 qf(...) # dolní hranice kritického oboru
```

```
F test to compare two variances

data: skull.BM and skull.BF
F = 1.0555, num df = 215, denom df = 108, p-value = 0.761
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.7532968 1.4525763
sample estimates:
ratio of variances
      1.055543
```

a) Test kritickým oborem

Hodnota testovací statistiky $f_w = \dots$, kritický obor W má tvar Protože H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$.

b) Test intervalem spolehlivosti

Interval spolehlivosti má tvar Protože H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$.

c) Test **p -hodnotou**

P -hodnota = Protože H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$

Mezi rozptylem největší šírky mozkovny u mužů a žen starověké egyptské populace existuje / neexistuje statisticky významný rozdíl. Protože rozptyly obou výběrů jsou shodné, použijeme na otestování hypotézy ze zadání **klasický test o rozdílu středních hodnot** (rozptyly σ_1^2 a σ_2^2 jsou neznámé, ale shodné).

17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27

28
29

Klasický test o rozdílu středních hodnot

- H_0 : →
- H_1 : → (..... alternativa).
- Hladina významnosti $\alpha =$

```
30 t.test(skull.BM, skull.BF, alternative = ..., conf.level = ...,
31     var.equal = T) # klasicky test o rozdilu strednich hodnot
32 qt(...) # horni hranice kritickeho oboru
33 qt(...) # dolni hranice kritickeho oboru
```

```
Two Sample t-test

data: skull.BM and skull.BF
t = 5.4079, df = 323, p-value = 1.243e-07
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 1.933070 4.143723
sample estimates:
mean of x mean of y
 137.1852 134.1468
```

```
q1      q2
1 -1.967336 1.967336
```

34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44

45
46

a) Test kritickým oborem

Hodnota testovací statistiky $t_w =$, kritický obor W má tvar Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha =$

b) Test intervalem spolehlivosti

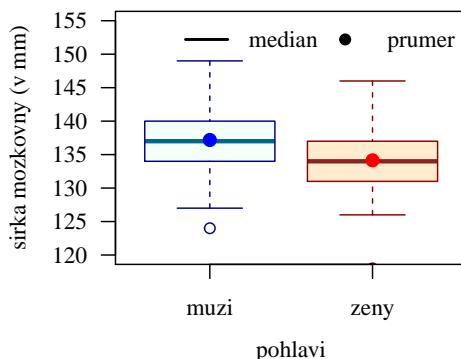
Interval spolehlivosti má tvar Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha =$

c) Test p -hodnotou

P -hodnota = Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha =$

Interpretace výsledků: Mezi největší šírkou mozkovny u mužů a žen starověké egyptské populace existuje / neexistuje statisticky významný rozdíl.

```
47 par(mar = ...) # nastaveni okraju grafu 4, 4, 1, 1
48 boxplot(skull.BM, skull.BF, las = 1, ylim = c(120, 155), col = c(..., ...), medcol = c(..., ...),
49     border = c(..., ...), xlab = '', ylab = ..., names = c(..., ...)) # krabicovy diagram
50 mtext('pohlavi', line = ..., side = ...) # popisek osy x
51 points(c(mean(skull.BM), mean(skull.BF)), pch = ..., col = c(..., ...)) # aritmeticke prumery
52 legend('topright', horiz = T, pch = c(NA, ...), lty = c(..., NA),
53     lwd = c(..., NA), legend = c(..., ...), bty = ...) # legenda
```



Dataset: 19-more-samples-correlations-skull.txt

Datový soubor 19-more-samples-correlations-skull.txt obsahuje údaje o šířce nosu a o interorbitální šířce mužů z německé, malajské, čínské, peruánské a bantuské populace. Data pochází z archivních materiálů (Schmitd, 1888).

Popis proměnných v datasetu:

- pop ... populace (nem - německá, mal - malajská, cin - čínská, per - peruánská, ban - bantuská);
- sex ... pohlaví jedince (m - muž);
- nose.B ... šířka nosu (v mm);
- intorb.B ... interorbitální šířka (v mm).

Příklad 9.2. Welchův test o rozdílu středních hodnot $\mu_1 - \mu_2$ (σ_1^2 a σ_2^2 jsou neznámé a různé)

Mějme datový soubor 19-more-samples-correlations-skull.txt a proměnnou nose.B popisující šířku nosu. Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistěte, zda je šířka nosu mužů čínské populace menší než šířka nosu mužů bantuské populace.

Řešení příkladu 9.2

```
54 data <- read.delim(...) # nacteni datoveho souboru
55 nose.BC <- data[... , ...] # vyber sirky nosu muzu cinske populace (prvni vyber)
56 nose.BB <- data[... , ...] # vyber sirky nosu muzu bantuske populace (druhy vyber)
57 nose.BC <- ... # odstraneni NA hodnot z nose.BC
58 nose.BB <- ... # odstraneni NA hodnot z nose.BB
59 n1 <- ... # rozsah prvního nahodneho vyberu
60 n2 <- ... # rozsah druhého nahodneho vyberu
61 tab <- data.frame(...) # rozsah, min a max prvního, resp. druhého nah. vyberu
```

| n1 | n2 | min1 | max1 | min2 | max2 | |
|----|----|------|------|------|------|----|
| 1 | 19 | 14 | 23 | 28 | 22 | 31 |

62
63

V tomto příkladu pracujeme se náhodnými výběry. První výběr obsahuje údaje o šířce nosu mužů populace, druhý výběr obsahuje údaje o šířce nosu mužů populace. Hodnoty u mužů čínské populace se pohybují v rozmezí-..... mm, hodnoty u mužů bantuské populace se pohybují v rozmezí-..... mm.

Ze zadání máme za úkol porovnat střední hodnoty dvou populací (čínské a bantuské), použijeme tedy párový test / test o rozdílu středních hodnot / test o rozdílu korelačních koeficientů. Primárně bychom chtěli použít parametrický test. Nutným předpokladem parametrického testu je **normalita naměřených hodnot** (zvláště v každém výběru).

Test normality naměřených hodnot u mužů čínské populace

- H_0 : Data z normálního rozdělení.
- H_1 : Data z normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$ $n = \dots$ je menší / větší než 50 a menší / větší než 100 \rightarrow Shapirův-Wilkův Lillieforsův test.

[1] 0.1173442

64

Náhodný výběr šírek nosu mužů čínské populace z normálního rozdělení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$).

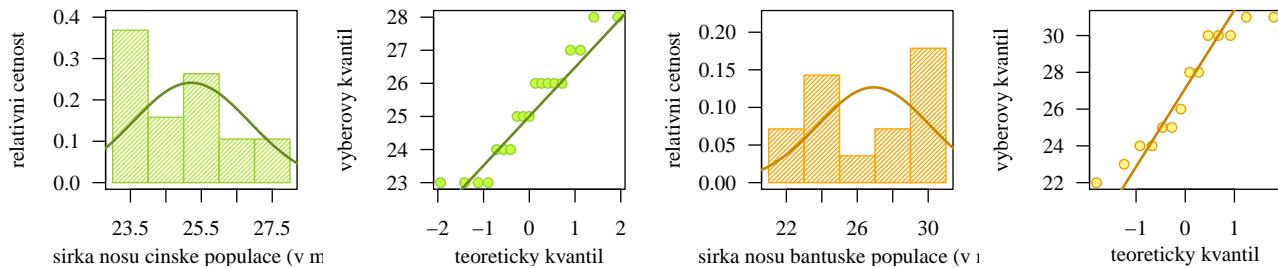
Test normality naměřených hodnot u mužů bantuské populace

- H_0 : Data z normálního rozdělení.
- H_1 : Data z normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$ $n = \dots$ je menší / větší než 50 a menší / větší než 100 \rightarrow Shapirův-Wilkův Lillieforsův test.

[1] 0.1511379

Náhodný výběr šířek nosu mužů bantuské populace z normálního rozdělení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$).



Protože oba výběry pochází z normálního rozdělení, použijeme na otestování hypotézy ze zadání **parametrický test**. Vhodný parametrický test vybereme v závislosti na výsledku testu o podílu rozptylů.

Test o podílu rozptylů

- H_0 : →
- H_1 : → (..... alternativa).
- Hladina významnosti $\alpha =$

```
66 alpha <- ... # hladina významnosti
67 var.test(..., ..., alternative = ..., conf.level = ...) # test o podílu rozptylu
68 qf(...) # horní hranice kritického oboru
69 qf(...) # dolní hranice kritického oboru
```

```
F test to compare two variances

data: nose.BC and nose.BB
F = 0.27537, num df = 18, denom df = 13, p-value = 0.01258
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.09230537 0.75180759
sample estimates:
ratio of variances
 0.2753689
```

- | | |
|-------------|----------|
| q1 | q2 |
| 1 0.3662758 | 2.983239 |
- a) Test kritickým oborem Hodnota testovací statistiky $f_w =$, kritický obor W má tvar
 Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha =$
 Interval spolehlivosti má tvar Protože , H_0
 na hladině významnosti $\alpha =$

b) **Test p -hodnotou**

P -hodnota = Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha =$

Mezi rozptylem šířky nosu mužů čínské a bantuské populace existuje / neexistuje statisticky významný rozdíl. Protože rozptyly obou výběrů nejsou shodné, použijeme na otestování hypotézy ze zadání **Welchův test o rozdílu středních hodnot** (rozptyly σ_1^2 a σ_2^2 jsou neznámé a různé).

70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
8081
82

Welchův test o rozdílu středních hodnot

- H_0 : →
- H_1 : → (..... alternativa).
- Hladina významnosti $\alpha = \dots$

```

83 t.test(..., ..., alternative = ..., conf.level = ...,
84     var.equal = F) # Welchuv test o rozdilu strednich hodnot
85 df <- t.test(..., ..., alternative = ..., conf.level = ..., var.equal = F)$parameter # pocet
86 # stupnu volnosti; argumenty funkce jsou stejne jako vyse; pocet stupnu volnosti je ulozен
87 # ve vystupu s nazvem 'parameter'
88 qt(...) # horni hranice kritickeho oboru

```

```

Welch Two Sample t-test

data: nose.BC and nose.BB
t = -1.8611, df = 18.268, p-value = 0.03945
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
95 percent confidence interval:
-Inf -0.1185797
sample estimates:
mean of x mean of y
25.21053 26.92857

```

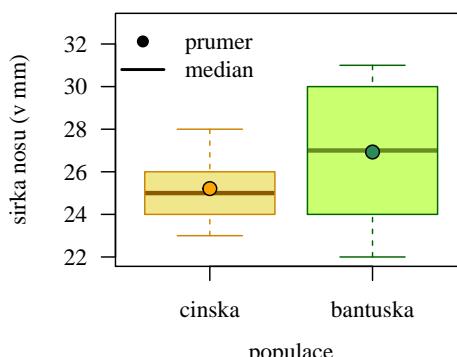
- | | |
|---|-------------|
| q | 1 -1.732689 |
|---|-------------|
- a) **Test kritickým oborem** Hodnota testovací statistiky $t_w = \dots$, kritický obor W má tvar
Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$.
- b) **Test intervalem spolehlivosti** Interval spolehlivosti má tvar Protože ,
 H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$.
- c) **Test p -hodnotou**
 P -hodnota = Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$.

Interpretace výsledků: Šířka nosu mužů čínské populace je / není statisticky významně menší než šířka nosu mužů bantuské populace.

```

102 par(mar = ...) # nastaveni okraju grafu 4, 4, 1, 1
103 boxplot(nose.BC, nose.BB, las = 1, ylim = c(22, 33), col = c(..., ...), medcol = c(..., ...),
104     border = c(..., ...), xlab = '', ylab = ..., names = c(..., ...)) # krabicovy diagram
105 mtext('pohlavi', line = ..., side = ...) # popisek osy x
106 points(c(mean(nose.BC), mean(nose.BB)), pch = ..., col = c(..., ...)) # aritmeticke prumery
107 legend('topright', pch = c(NA, ...), lty = c(..., NA),
108     lwd = c(..., NA), legend = c(..., ...), bty = ...) # legenda

```



Dataset: 13-two-samples-correlations-trunk.txt

Datový soubor 13-two-samples-correlations-trunk.txt obsahuje údaje o délce trupu a délce dolní končetiny mladých dospělých jedinců, převážně studentů vysokých škol z Brna a Ostravy (Králík, nepublikovaná data).

Popis proměnných v datasetu:

- sex - pohlaví (m - muž, f - žena);
- lowex.L - délka dolní končetiny (v mm);
- tru.L - délka trupu (v mm).

Příklad 9.3. Test o rozdílu korelačních koeficientů $\rho_1 - \rho_2$

Mějme datový soubor 13-two-samples-correlations-trunk.txt, proměnnou lowex.L popisující délku dolní končetiny a proměnnou tru.L popisující délku trupu. Na hladině významnosti $\alpha = 0.01$ zjistěte, zda je korelační koeficient délky dolní končetiny a délky trupu u mužů menší než u žen.

Řešení příkladu 9.3

```
109 data <- read.delim(...) # nacteni datoveho souboru
110 data.M <- na.omit(data[... , ...]) # vyber delky d. koncetiny a delky trupu muzu (prvni vyber)
111 data.F <- na.omit(data[... , ...]) # vyber delky d. koncetiny a delky trupu zen (druhy vyber)
112 lowex.LM <- # hodnoty delky dolni koncetiny muzu
113 tru.LM <- # hodnoty delky trupu muzu
114 lowex.LF <- # hodnoty delky dolni koncetiny zen
115 tru.LF <- # hodnoty delky trupu zen
116 n1 <- ... # rozsah prvniho nahodneho vyberu
117 n2 <- ... # rozsah druheho nahodneho vyberu
118 tab <- data.frame(...) # rozsah a koeficient korelace prvniho, resp. druheho nah. vyberu
```

| | | | | |
|----|------|------------|------|----------|
| n1 | rho1 | n2 | rho2 | |
| 1 | 75 | 0.05975781 | 100 | 0.285256 |

119

120

V tomto příkladu pracujeme se náhodnými výběry. První výběr obsahuje údaje o délce dolní končetiny a délce trupu u mužů, druhý výběr obsahuje údaje o délce dolní končetiny a délce trupu u žen. Hodnota výběrového korelačního koeficientu pro muže $R_1 = \dots$ a pro ženy $R_2 = \dots$. Nyní ověříme dvouozměrnou normalitu naměřených hodnot (zvlášť v každém výběru).

Test dvouozměrné normality naměřených hodnot pro muže

- H_0 : Data z dvouozměrného normálního rozdělení.
- H_1 : Data z dvouozměrného normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$. Mardiův test.

| | Test | Statistic | p value | Result |
|---|-----------------|--------------------|-------------------|--------|
| 1 | Mardia Skewness | 2.98735817484524 | 0.559943203738428 | YES |
| 2 | Mardia Kurtosis | -0.789574288194589 | 0.429776429043593 | YES |
| 3 | MVN | <NA> | <NA> | YES |

121

122

123

124

Náhodný výběr délek dolní končetiny a délek trupu u mužů z dvouozměrného normálního rozdělení. (Data vykazují / nevykazují výrazné zešikmení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$). Data vykazují / nevykazují výrazné zešpičatění či zploštění (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$)).

Test dvouozměrné normality naměřených hodnot pro ženy

- H_0 : Data z dvouozměrného normálního rozdělení.
- H_1 : Data z dvouozměrného normálního rozdělení.

Hladina významnosti $\alpha = \dots$. Mardiův test.

| | Test | Statistic | p value | Result |
|---|-----------------|--------------------|-------------------|--------|
| 1 | Mardia Skewness | 6.31326657225727 | 0.176942962210473 | YES |
| 2 | Mardia Kurtosis | -0.207066071208097 | 0.835958259081491 | YES |
| 3 | MVN | <NA> | <NA> | YES |

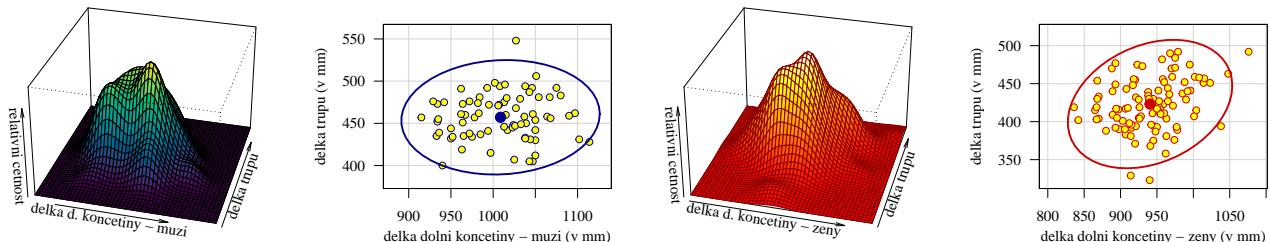
125

126

127

128

Náhodný výběr délek dolní končetiny a délek trupu u žen z dvourozměrného normálního rozdělení. (Data vykazují / nevykazují výrazné zešikmení (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$). Data vykazují / nevykazují výrazné zešpičatění či zploštění (p -hodnota = je menší / větší než $\alpha = 0.05$)).



Protože oba náhodné výběry pochází z dvourozměrných normálních rozdělení, použijeme **parametrický test**.

Test o rozdílu korelačních koeficientů $\rho_1 - \rho_2$

- $H_0 : \dots \rightarrow \dots$
- $H_1 : \dots \rightarrow \dots$ (..... alternativa).
- Hladina významnosti $\alpha = \dots$

```
129 alpha <- ... # hladina významnosti
130 source('Sbirka-AS-I-2018-funkce-II.txt') # nacteni souboru 'Sbirka-AS-I-2018-funkce-II.txt'
131 corZ.two.test(data.M, data.F, alternative = ..., conf.level = ...)
132 qnorm(...) # horni hranice kritickeho oboru
```

| | | | | | | |
|----|------------|----------|-----------|----|-----------|------------|
| R1 | R2 | u0 | dh | hh | p.val | |
| 1 | 0.05975781 | 0.285256 | -1.501471 | -2 | 0.1276162 | 0.06661688 |

| | |
|---|-----------|
| q | |
| 1 | -2.326348 |

133
134

135
136

a) Test kritickým oborem

Hodnota testovací statistiky $z_w = \dots$, kritický obor W má tvar Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$

b) Test intervalem spolehlivosti

Interval spolehlivosti má tvar Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$

c) Test p -hodnotou

P -hodnota = Protože , H_0 na hladině významnosti $\alpha = \dots$

Interpretace výsledků: Korelační koeficient délky dolní končetiny a délky trupu u mužů je / není statisticky významně menší než u žen. Mezi délkou dolní končetiny a délkou trupu mužů existuje stupeň závislosti ($R_1 = 0.0598$). Mezi délkou dolní končetiny a délkou trupu žen existuje stupeň závislosti ($R_2 = 0.2853$).

```
137 par(mar = ...) # nastaveni okraju 4, 4, 1, 1
138 source('Sbirka-AS-I-2018-funkce-II.R')
139 cor.plot(data.M, data.F, col = c('blue', 'red'), bg = c('cornflowerblue', 'salmon'), xlab = '',
140           line.col = c('darkblue', 'darkred'), lwd = c(2, 2))
141 mtext(..., side = 1, line = 2.3)
142 legend(..., pch = ..., pt.bg = c(..., ...), col = c(..., ...), legend = c(..., ...), bty = 'n')
```

