

4. PARAMETRYCZNE TESTY ISTOTNOŚCI

<i>Lp.</i>	<i>Hipoteza H₀</i>	<i>Założenia</i>	<i>Statystyka testowa</i>	<i>Rozkład statystyki testowej</i>
1.	$\mu = \mu_0$	znane σ lub nieznane σ i duża próba	$U = \frac{\bar{x} - \mu}{\sigma} \sqrt{n}$	$\mathcal{N}(0, 1)$ dla nieznanego σ : $\sigma \approx S$ lub $\sigma \approx s$
2.	$\mu = \mu_0$	nieznane σ i mała próba	$t = \frac{\bar{x} - \mu}{s} \sqrt{n}$	<i>t</i> – Studenta o ($n - 1$) stopniach swobody
3.	$\mu_1 = \mu_2$	znane σ_1 i σ_2	$U = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}}$	$\mathcal{N}(0, 1)$
4.	$\mu_1 = \mu_2$	nieznane ale równe σ_1 i σ_2	$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}},$ gdzie: $s = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{(n_1 - 1) + (n_2 - 1)}}$	rozkład <i>t</i> – Studenta o ($n_1 + n_2 - 2$) stopniach swobody
5.	$\sigma_1^2 = \sigma_2^2$		$F = \frac{s_1^2}{s_2^2}, \quad (s_1^2 > s_2^2)$	rozkład <i>F</i> o $v_1 = n_1 - 1$ i $v_2 = n_2 - 1$ stopniach swobody
6.	$p = p_0$	duża próba ($n \geq 100$)	$U = \frac{\hat{p} - p}{\sqrt{p(1-p)/n}}$	$\mathcal{N}(0, 1)$
7.	$p_1 = p_2$	duża próba ($n_1, n_2 \geq 100$)	$U = \frac{p_1 - p_2}{\sqrt{\bar{p}(1-\bar{p})/n}},$ gdzie: $p_1 = m_1/n_1, p_2 = m_2/n_2,$ $\bar{p} = (m_1 + m_2)/(n_1 + n_2),$ $n = n_1 n_2 / (n_1 + n_2)$	$\mathcal{N}(0, 1)$



4.1 Testy parametryczne w MATLAB-ie

Test dla μ (znane σ)

`[h p u wart] = ztest(x, m0, s, alfa, ha)`

gdzie:

- x – wektor zawierający wartości dla których przeprowadzane będą obliczenia;
- m_0 – weryfikowana wartość średniej populacji; s – znane odchylenie standardowe populacji;
- $alfa$ – założony *poziom istotności*, domyślnie równy 0.05;
- ha – określa postać hipotezy alternatywnej, dozwolone wartości: 'both' ($H_1: m \neq m_0$) – jest wartością domyślną, 'left' ($H_1: m < m_0$), 'right' ($H_1: m > m_0$);
- h – wynik testu, jeśli $h=0$ hipoteza nie może być odrzucona, w przeciwnym przypadku $h=1$ należy ją odrzucić;
- p – *graniczny poziom istotności p-value*;
- u – *przedział ufności* o którym z prawdopodobieństwem $(1 - \alpha)$ można twierdzić, że zawiera średnią populacji generalnej;
- $wart$ – wartość statystyki testowej.

Test dla μ (nieznane σ)

`[h p u stat] = ttest(x, m0, alfa, ha)`

gdzie:

- $x, m_0, alfa, ha, h, p, u$ – jw.;
- $stat$ – struktura zawierająca informacje o przeprowadzonym teście: wartość statystyki testowej (pole: $tstat$), liczbę stopni swobody statystyki (pole: df), estymowane odchylenie standardowe populacji (pole: sd).

Test o równości średnich $\mu_1 = \mu_2$ (nieznane ale równe σ_1 i σ_2)

`[h p u stat] = ttest2(x, y, alfa, ha)`

gdzie:

- x, y – wektory zawierające wartości dla których przeprowadzane będą obliczenia;
- $alfa, ha, h, p, u, stat$ – jw.;
- u – *przedział ufności* o którym z prawdopodobieństwem $(1 - \alpha)$ można twierdzić, że zawiera różnicę średnich populacji.

Test o równości wariancji $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$

`[h p u stat] = vartest2(x, y, alfa, ha)`

gdzie: $x, y, alfa, ha, h, p, u, stat$ – jw. (funkcja niedostępna w Statistics Toolbox wersja 5.0.1.)

Uwaga! Pozostałe testy istotności przeprowadza się korzystając z wzorów (patrz punkt 4.).



Przykład 1.

Rozkład pomiarów długości detalu jest rozkładem normalnym z odchyleniem standardowym $\sigma = 1.5$. Na podstawie 10 niezależnych pomiarów długości detalu, których wyniki zestawiono w poniższej tabeli:

18	21	22,4	23	21,3	21,9	17,6	21	17,8	19,4
----	----	------	----	------	------	------	----	------	------

wyznaczono jego średnią długość równą ok. 20.34. Zweryfikować na poziomie istotności $\alpha = 0.01$ hipotezę, że rzeczywista długość detalu wynosi 20.

`X=[18 21 22.4 23 21.3 21.9 17.6 21 17.8 19.4];`

`n = 10; alfa = 0.01; s = 1.5; m0= 20; %weryfikowana średnia`

wersja 1.	wersja 2.
<pre>xs=mean(X) xs = 20.3400 % wartość statystyki testowej un = (xs-m0)/s*n^0.5 un = 0.7168 % obszar krytyczny ua = -norminv(alfa/2) ua = 2.5758 % p-value p = 2*normcdf(-un) p = 0.4735</pre>	<pre>[h,p,u,wart] = ... ztest(X,m0,s,alfa,'both') h = 0 p = 0.4735 u = 19.1182 21.5618 wart = 0.7168</pre>
<p>wartość statystyki poza obszarem krytycznym: → nie można odrzucić hipotezy H_0</p>	<p>$h = 0 \rightarrow$ nie można odrzucić hipotezy H_0</p>
<p>$\alpha < p\text{-value} \rightarrow$ nie można odrzucić hipotezy H_0</p>	

Przykład 2.

Automat produkuje detale o nominalnej długości 20. Wykonano 10 niezależnych pomiarów długości pewnego detalu otrzymując wyniki: 20, 21, 22.4, 23, 21.3, 21.9, 20.6, 21, 19.8, 20.4. Czy obliczona średnia długość detalu równa 21.14 pozwala na stwierdzenie, że rzeczywista długość jest większa od nominalnej. Przyjąć poziom istotności $\alpha = 0.01$.

`X=[20 21 22.4 23 21.3 21.9 20.6 21 19.8 20.4];`

`n = 10; alfa = 0.01; m0= 20; %weryfikowana średnia`

wersja 1.	wersja 2.
<pre>xs=mean(X) , s=std(X) xs = 20.3400 s = 1.0341 % wartość statystyki testowej t = (xs-m0)/s*n^0.5 t = 3.4862</pre>	<pre>[h,p,u,stat] = ... ttest(X,m0,alfa,'right') h = 1 p = 0.0034</pre>
<p>wartość statystyki w obszarze krytycznym: → hipotezę H_0 należy odrzucić</p>	<p>$h = 1 \rightarrow$ hipotezę H_0 należy odrzucić</p>
	<p>$\alpha > p\text{-value} \rightarrow$ hipotezę H_0 należy odrzucić</p>



<pre>% obszar krytyczny ta = -tinv(alfa,n-1) ta = 2.8214 ←</pre>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin: 5px;">wartość statystyki w obszarze krytycznym: → hipotezę H_0 należy odrzucić</div>	<pre>u = 20.2174 Inf</pre>
<pre>% p-value p = tcdf(-tn,n-1) p = 0.0034 ←</pre>	<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; margin: 5px;">$\alpha > p\text{-value}$ → hipotezę H_0 należy odrzucić</div>	<pre>stat = tstat: 3.4862 df: 9 sd: 1.0341</pre>

Przykład 3.

Wykonano dwie serie pomiarów długości detalu z jednakową dokładnością $\sigma_1 = \sigma_2 = 1.5$. W pierwszej serii przeprowadzono 10 pomiarów: 18, 21, 22.4, 23, 21.3, 21.9, 17.6, 21, 17.8, 19.4 a w drugiej 8 pomiarów: 22.1, 20.3, 21.4, 23.1, 21.1, 21.8, 20.6, 22.8. Zweryfikować na poziomie istotności $\alpha = 0.01$ hipotezę, że rozbieżność średnich jest nieprzypadkowa.

```
X1 = [18 21 22.4 23 21.3 21.9 17.6 21 17.8 19.4];
X2 = [22.1 20.3 21.4 23.1 21.1 21.8 20.6 22.8];
alfa = 0.01; n1 = length(X1); n2 = length(X2);
s1=1.5; s2=1.5; xs1 = mean(X1), xs2 = mean(X2)
xs1 = 20.3400, xs2 = 21.6500
```

```
% wartość statystyki testowej
un=(xs1-xs2)/(s1^2/n1+s2^2/n2)^0.5
```

```
un = -1.8411 ←
```

wartość statystyki poza obszarem krytycznym: → nie można odrzucić hipotezy H_0

```
% obszar krytyczny
ua = -norminv(alfa/2)
ua = 2.5758 ←
```

```
% p-value
p = 2*normcdf(un)
p = 0.0656 ←
```

$\alpha < p\text{-value}$ → nie można odrzucić hipotezy H_0

Przykład 4.

Rozwiązać zadanie z przykładu 3. zakładając, że odchylenia standardowe populacji σ_1 i σ_2 nie są znane ale są równe ($\sigma_1 = \sigma_2$).

```
% X1, X2, alfa - jak w przykładzie 3.
```



wersja 1.	wersja 2.
<pre>% n1, n2, xs1, xs2 - % jak w przykładzie 3. s1 = std(x1), s2 = std(x2) s1 = 1.9962, s2 = 0.9957 s=((n1-1)*s1^2+(n2-1)*s2^2) ... /((n1-1)+(n2-1)) ^0.5 % wartość statystyki testowej tn = (xs1-xs2)/ ... (s*(1/n1+1/n2)^0.5) tn = -1.6885 ta = -tinv(alfa/2,n1+n2-2) ta = 2.9208 p = 2*tcdf(tn,n1+n2-2) p = 0.1107</pre>	<pre>[h,p,u,stat] = ... test2(X1,X2,alfa,'both') h = 0 p = 0.1107 u = -3.5761 0.9561 stat = tstat: -1.6885 df: 16 sd: 1.6356</pre>
	<p>$h = 0 \rightarrow$ nie można odrzucić hipotezy H_0</p>
	<p>wartość statystyki poza obszarem krytycznym: \rightarrow nie można odrzucić hipotezy H_0</p>
	<p>$\alpha < p\text{-value} \rightarrow$ nie można odrzucić hipotezy H_0</p>

Przykład 5.

Wykonano dwie serie pomiarów długości detalu uzyskując wyniki takiej jak w przykładzie 3. Na poziomie istotności $\alpha = 0.01$ zweryfikować hipotezę o jednakowej wariancji obydwu serii pomiarów.

```
X1 = [18 21 22.4 23 21.3 21.9 17.6 21 17.8 19.4];
X2 = [22.1 20.3 21.4 23.1 21.1 21.8 20.6 22.8];
alfa = 0.01; n1 = length(X1); n2 = length(X2);
s1 = std(x1), s2 = std(x2)
s1 = 1.9962, s2 = 0.9957
```

```
Fn = s1^2/s2^2
```

```
Fn = 4.0193
```

```
Fa = finv(1-alfa,n1-1,n2-1)
```

```
Fa = 6.7188
```

wartość statystyki poza obszarem krytycznym: \rightarrow nie można odrzucić hipotezy H_0

```
p = 1-fcdf(Fn,n1-1,n2-1)
```

```
p = 0.0401
```

$\alpha < p\text{-value} \rightarrow$ nie można odrzucić hipotezy H_0



Przykład 6. Wysłano hipotezę, że wadliwość pewnego podzespołu wynosi 10%. W celu sprawdzenia tej hipotezy wylosowano próbkę 100 podzespołów i otrzymano w niej 15 podzespołów wadliwych. Zweryfikować hipotezę na poziomie istotności $\alpha = 0.05$.

```
alfa=0.05; n=100; m=15; p0=0.1; %weryfikowana frakcja braków
```

```
p_ = m/n
```

```
p_ = 0.1500
```

```
un = (p_-p0)/(p0*(1-p0)/n)^0.5
```

```
un = 1.6667
```

```
ua = -norminv(alfa/2)
```

```
ua = 1.9600
```

wartość statystyki poza
obszarem krytycznym: → nie
można odrzucić hipotezy H_0

```
p = 2*normcdf(-un)
```

```
p = 0.0956
```

$\alpha < p\text{-value}$ → nie można
odrzucić hipotezy H_0

Przykład 7.

Wysłano hipotezę, że jakość produkcji pewnego wyrobu po wprowadzeniu nowej technologii nie uległa zmianie. Wylosowano 120 sztuk wyprodukowanych starą technologią i otrzymano 12 sztuk wadliwych, wśród wylosowanych 160 sztuk wyprodukowanych nową technologią i otrzymano 20 sztuk wadliwych. Zweryfikować na poziomie istotności $\alpha = 0.05$ hipotezę o jednakowym wskaźniku braków przy produkcji obydwoma metodami.

```
alfa=0.05; n1=120; m1=12; n2=160; m2=20;
```

```
p1_=m1/n1, p2_=m2/n2, ps=(m1+m2)/(n1+n2), n=n1*n2/(n1+n2)
```

```
p1_ = 0.1000, p2_ = 0.1250, ps = 0.1143, n = 68.5714
```

```
un = (p1_-p2_)/(ps*(1-ps)/n)^0.5
```

```
un = -0.6507
```

```
ua = norminv(alfa/2)
```

```
ua = -1.9600
```

wartość statystyki poza
obszarem krytycznym: → nie
można odrzucić hipotezy H_0

```
p = 2*normcdf(un)
```

```
p = 0.5153
```

$\alpha < p\text{-value}$ → nie można
odrzucić hipotezy H_0

