Mathematik für Biologen

Prof. Dr. Rüdiger W. Braun
http://blog.ruediger-braun.net

Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

24. Januar 2014

t-Tests für Erwartungswerte

Vergleich zweier Erwartungswerte

Zwei Versuchsreihen liefern Messergebnisse. Der Test soll entscheiden, ob sich diese Ergebnisse signifikant unterscheiden.

Unverbundene Stichproben: Die Messerergebnisse werden an verschiedenen Populationen gewonnen.

Beispiel: 9 Maisfelder werden mit einem Bodenbakterium behandelt, 10 weitere bleiben unbehandelt. Bei allen wird der Befall mit Maiszünsler bestimmt.

Verbundene Stichproben: Beide Messungen werden an derselben Population unter bis auf den zu testenden Parameter identischen Bedingungen durchgeführt.

Beispiel: Bei 10 Patienten mit Bluthochdruck wird der Blutdruck vor und nach einer Therapie bestimmt. Man rechnet einen t-Test für die Differenz der beiden Messungen

Unverbundene Stichproben

- Ein Versuch wird n_1-mal durchgeführt
- Ein Parameter wird geändert
- Der Versuch wird mit dem geänderten Parameter n_2-mal **mit einem anderen Kollektiv** wiederholt
- Die Messergebnisse werden verglichen
- Da die Stichproben unverbunden sind, ist $n_1 \neq n_2$ möglich

t-Test zum Vergleich zweier Erwartungswerte bei unverbundenen Stichproben

- Gegeben sind Zufallsvariable $X_1, \dots, X_{n_1}$ und $Y_1, \dots, Y_{n_2}$
- Verteilungsvoraussetzungen sind
  - Alle X_j sind normalverteilt mit Erwartungswert μ_1 und unbekannter Varianz σ^2
  - Alle Y_j sind normalverteilt mit Erwartungswert μ_2 und unbekannter Varianz σ^2
  - Die beiden Varianzen müssen also gleich sein
- Ziel: μ_1 und μ_2 sollen verglichen werden

t-Test für unverbundene Stichproben, Fortsetzung

- x_j und y_j seien Realisierungen
- Bestimme arithmetische Mittelwerte

$$\overline{x} = \frac{1}{n_1} \sum_{j=1}^{n_1} x_j \qquad \overline{y} = \frac{1}{n_2} \sum_{j=1}^{n_2} y_j$$

- und Stichprobenstreuungen

$$s_x = \sqrt{\frac{1}{n_1 - 1} \sum_{j=1}^{n_1} (x_j - \overline{x})^2} \qquad s_y = \sqrt{\frac{1}{n_2 - 1} \sum_{j=1}^{n_2} (y_j - \overline{y})^2}$$

- Bestimme die *Standardabweichung der gepoolten Stichproben*

$$s_p = \sqrt{\frac{(n_1 - 1) \cdot s_x^2 + (n_2 - 1) \cdot s_y^2}{n_1 + n_2 - 2}}$$

- Die Teststatistik ist

$$t = \frac{\overline{x} - \overline{y}}{s_p} \sqrt{\frac{n_1 \cdot n_2}{n_1 + n_2}}$$

Unverbundene Stichproben, Fortsetzung

- Das Signifikanzniveau sei α
- Bestimme zugehörige Quantile der t-Verteilung

$t_{n_1+n_2-2,\,1-\alpha/2}$	beim zweiseitigen Test
$t_{n_1+n_2-2,\,1-\alpha}$	bei einem einseitigen Test

- Entscheidung

$H_0 = \{\mu_1 = \mu_2\}$: Die Nullhypothese H_0 wird abgelehnt, wenn

$$|t| > t_{n_1+n_2-2,\,1-\alpha/2}$$

$H_0 = \{\mu_1 \geq \mu_2\}$: Die Nullhypothese H_0 wird abgelehnt, wenn

$$t < -t_{n_1+n_2-2,\,1-\alpha}$$

$H_0 = \{\mu_1 \leq \mu_2\}$: Die Nullhypothese H_0 wird abgelehnt, wenn

$$t > t_{n_1+n_2-2,\,1-\alpha}$$

Alternative Formel für die Standardabweichung der gepoolten Stichproben

$$
\begin{aligned}
s_p &= \sqrt{\frac{(n_1 - 1)\cdot s_x^2 + (n_2 - 1)\cdot s_y^2}{n_1 + n_2 - 2}} \\
&= \sqrt{\frac{1}{n_1 + n_2 - 2}\left(\sum_{j=1}^{n_1}(x_j - \overline{x})^2 + \sum_{j=1}^{n_2}(y_j - \overline{y})^2\right)}
\end{aligned}
$$

Beispiel: Maiszünsler

- Der Maiszünsler soll mit einem Bodenbakterium bekämpft werden
- Die folgenden Befallraten (in Larven pro Quadratmeter) wurden beobachtet:

Unbehandelte Felder

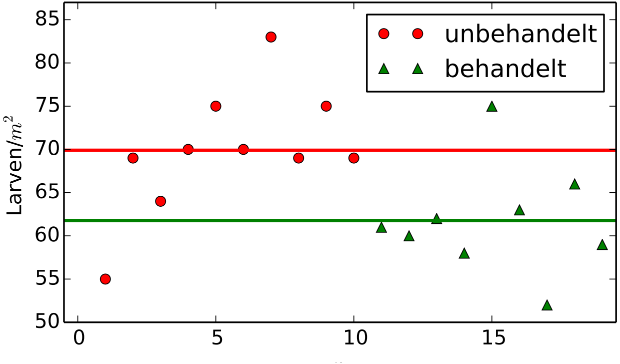
55	69	64	70	75	70	83	69	75	69

Behandelte Felder

61	60	62	58	75	63	52	66	59

- $n_1 = 10$, $n_2 = 9$
- Da die Stichproben unverbunden sind, sind unterschiedliche Umfänge der beiden Stichproben zulässig

Datensatz des Beispiels



Maiszünsler, Fortsetzung

- Zum Signifikanzniveau $\alpha = 0.05$ soll nachgewiesen werden, dass die Behandlung mit einem Bodenbakterium den Befall mit Maiszünsler verringert
- $X_1 \ldots, X_{10}$ sind die Werte für die unbehandelten Felder, $Y_1, \ldots, Y_9$ die Werte für die behandelten
- μ_1 ist der Erwartungswert der X_i, μ_2 der Erwartungswert der Y_i
- Die Nullhypothese ist, dass die Behandlung keinen Nutzen bringt, also
$$H_0 = \{\mu_1 \leq \mu_2\}$$

Maiszünsler, Fortsetzung

- Benötigtes Quantil der t-Verteilung

$$t_{17,\,0.95} = 1.740$$

- Die arithmetischen Mittel und die Stichprobenstreuungen betragen

$$\begin{aligned} \overline{x} &= 69.00 \qquad & s_x &= 7.972 \\ \overline{y} &= 61.78 \qquad & s_y &= 6.280 \end{aligned}$$

- Die Streuungen der X_i und der Y_i müssen gleich sein. Wir gehen mal davon aus, dass diese Voraussetzung erfüllt ist. (Auch dafür gibt es einen Test.)
- Die Standardabweichung der gepoolten Stichproben beträgt

$$s_p = 7.226$$

Maiszünsler, Fortsetzung

- Damit kann man die Teststatistik ausrechnen

$$t = 2.175$$

- Das ist größer als $t_{17,\,0.95} = 1.740$, also wird die Nullhypothese abgelehnt
- Die Behandlung mit dem Bodenbakterium verringert den Befall mit Maiszünsler

Der p-Wert

- Der p-Wert beantwortet die Frage

  Wie knapp wurde das vorgeschriebene Signifikanzniveau eingehalten bzw. verfehlt?

- Wenn α das Signifikanzniveau ist

  $$\begin{aligned} p \leq \alpha &: \text{Nullhypothese wird abgelehnt} \\ p > \alpha &: \text{Nullhypothese wird beibehalten} \end{aligned}$$

- Da der Test in der Regel durchgeführt wird, um die Nullhypothese abzulehnen, ist ein kleiner p-Wert günstig

Der p-Wert

- Der p-Wert ist das kleinste Signifikanzniveau, zu dem die Daten den Test noch bestehen würden.
- Softwarepakete geben den p-Wert aus. Ist er kleiner als das geforderte Signifikanzniveau, so wird H_0 abgelehnt, ansonsten beibehalten
- Wenn man für einen t-Test einen p-Wert bestimmen will, benötigt man eine Tabelle der Werte der t-Verteilung für die entsprechende Anzahl an Freiheitsgraden
- Freies Software-Paket: `http://www.r-project.org/`

Tabelle der t-Verteilung mit 17 Freiheitsgraden, links

u	0.00	0.01	0.02	0.03	0.04
0.0	0,500000	0,503931	0,507862	0,511792	0,515720
0.1	,539243	,543151	,547055	,550954	,554847
0.2	,578073	,581918	,585754	,589582	,593400
0.3	,616093	,619836	,623566	,627284	,630989
0.4	,652931	,656537	,660127	,663702	,667260
0.5	,688257	,691696	,695115	,698517	,701900
0.6	,721790	,725035	,728260	,731464	,734648
0.7	,753302	,756335	,759346	,762335	,765301
0.8	,782626	,785433	,788218	,790979	,793717
0.9	,809654	,812228	,814778	,817305	,819808
1.0	,834334	,836672	,838987	,841279	,843547
1.1	,856667	,858773	,860856	,862916	,864953
1.2	,876702	,878582	,880440	,882276	,884090
1.3	,894524	,896189	,897833	,899456	,901059
1.4	,910251	,911713	,913156	,914580	,915985
1.5	,924021	,925297	,926554	,927794	,929017
1.6	,935992	,937096	,938184	,939256	,940312
1.7	,946324	,947273	,948208	,949129	,950035
1.8	,955184	,955995	,956794	,957579	,958352
1.9	,962734	,963423	,964101	,964767	,965423
2.0	,969131	,969713	,970285	,970847	,971399
2.1	,974520	,975009	,975489	,975961	,976425

Tabelle der t-Verteilung mit 17 Freiheitsgraden, rechts

u	0.05	0.06	0.07	0.08	0.09
0.0	0,519647	0,523572	0,527495	0,531414	0,535330
0.1	,558735	,562617	,566492	,570360	,574220
0.2	,597208	,601007	,604795	,608572	,612338
0.3	,634681	,638360	,642024	,645674	,649310
0.4	,670802	,674328	,677836	,681327	,684801
0.5	,705263	,708608	,711933	,715239	,718524
0.6	,737810	,740952	,744072	,747170	,750247
0.7	,768246	,771167	,774066	,776942	,779796
0.8	,796431	,799123	,801791	,804435	,807056
0.9	,822288	,824744	,827177	,829586	,831972
1.0	,845792	,848013	,850212	,852387	,854538
1.1	,866967	,868959	,870928	,872875	,874800
1.2	,885883	,887654	,889403	,891131	,892838
1.3	,902641	,904203	,905745	,907267	,908768
1.4	,917371	,918738	,920087	,921416	,922728
1.5	,930222	,931409	,932580	,933734	,934871
1.6	,941352	,942377	,943386	,944380	,945360
1.7	,950928	,951806	,952671	,953522	,954360
1.8	,959113	,959861	,960597	,961321	,962034
1.9	,966067	,966701	,967324	,967937	,968539
2.0	,971943	,972476	,973001	,973516	,974023
2.1	,976880	,977327	,977766	,978198	,978622

Bestimmung des p-Werts

- Bestimmung des p-Werts am Beispiel eines einseitigen oberen Tests $H_0 : \mu \leq \mu_0$ zum Signifikanzniveau α
- Man bestimmt den Wert t der Teststatistik
- H_0 wird abgelehnt, wenn $t \geq t_{n-1,1-\alpha}$
- Der p-Wert ist das beste α, zu dem noch abgelehnt werden kann
- Also $t = t_{n-1,\,1-p}$
- Wir bezeichen mit F die Verteilungsfunktion der t-Verteilung mit $n-1$ Freiheitsgraden
- $q \mapsto t_{n-1,\,q}$ ist die Umkehrfunktion zu F
- Daher $F(t_{n-1,\,1-p}) = 1 - p$
- Also $F(t) = 1 - p$ und

$$p = 1 - F(t)$$

Der p-Wert, Fortsetzung

$$H_0 = \{\mu = \mu_0\}\colon\ p = 2 \cdot (1 - F(|t|)$$
$$H_0 = \{\mu \geq \mu_0\}\colon\ p = 1 - F(-t)$$
$$H_0 = \{\mu \leq \mu_0\}\colon\ p = 1 - F(t)$$

p-Wert im Beispiel Maiszünsler

- 17 Freiheitsgrade
- F ist die Verteilungsfunktion der t-Verteilung mit 17 Freiheitsgraden
- $t = 2.175$ und $F(2.175) = 0.978$. Wir erhalten

$$1 - p = 0.978$$

- Der p-Wert ist 2.2%

Beispiel: Babyfotos

- Experiment zur Überprüfung, ob Babies ihrem Vater ähnlicher sind als ihrer Mutter
- Foto jeweils eines Babies wurde zusammen mit Fotos von drei Männern, darunter der Vater, und drei Frauen, darunter die Mutter, einer Anzahl von Auswertern vorgelegt, die Vater und Mutter erraten sollen
- Für jedes Baby wurde sowohl der Anteil der korrekten Antworten für die Mutter und als auch für den Vater bestimmt
- Es sei μ_1 die Wahrscheinlichkeit, dass die Mutter richtig bestimmt wird, und μ_2 die Wahrscheinlichkeit, dass der Vater richtig bestimmt wird
- Getestet werden soll $H_0 = \{\mu_1 \geq \mu_2\}$ zum Signifikanzniveau $\alpha = 0.05$
- Der Stichprobenumfang war $n = 24$

Babyfotos: Daten

Die Tabelle zeigt für jedes Baby den Anteil der Auswerter, die Mutter bzw. Vater korrekt bestimmt haben

Baby	1	2	3	4	5	6	7	8
Mutter	0.34	0.16	0.29	0.35	0.33	0.41	0.35	0.29
Vater	0.26	0.55	0.21	0.54	0.46	0.28	0.70	0.46

Baby	9	10	11	12	13	14	14	16
Mutter	0.46	0.54	0.55	0.55	0.13	0.37	0.23	0.35
Vater	0.26	0.42	0.47	0.41	0.42	0.39	0.29	0.47

Baby	17	18	19	20	21	22	23	24
Mutter	0.28	0.42	0.30	0.52	0.34	0.40	0.53	0.33
Vater	0.35	0.48	0.47	0.38	0.15	0.42	0.44	0.30

Babyfotos: Tests auf $\mu \leq 0.33$

- Wir testen zuerst, ob die Wahrscheinlichkeit, die richtigen Eltern zu erkennen, größer als 33% ist
- $H_0 = \{\mu \leq \mu_0\}$ für $\mu_0 = 0.33$
- Zuerst für die Mütter (t ist die Teststatistik)

$$\overline{x} = 0.3674, \quad s_x = 0.1161, \quad t = \frac{\overline{x} - \mu_0}{s_x}\sqrt{n} = 1.441$$

- Das benötigte Quantil ist $t_{23,0.95} = 1.714$
- H_0 kann nicht abgelehnt werden: Es ist nicht gezeigt, dass Babies ihren Müttern überhaupt ähnlich sind

Babyfotos: Tests auf $\mu \leq 0.33$

- Jetzt dasselbe für die Väter
- $$\bar{y} = 0.3997, \quad s_y = 0.1224, \quad t = 2.658$$
- H_0 kann abgelehnt werden: Es ist gezeigt, dass Babies ihren Vätern ähnlich sind

Babyfotos: Direkter Vergleich

- Unverbundene Stichproben
- Standardabweichung der gepoolten Stichproben

$$s_p = \sqrt{\frac{(n_1 - 1) \cdot s_x^2 + (n_2 - 1) \cdot s_y^2}{n_1 + n_2 - 2}} = 0.1193$$

- Teststatistik für $n_1 = n_2 = n$

$$t = \frac{\overline{x} - \overline{y}}{s_p} \sqrt{\frac{n_1 \cdot n_2}{n_1 + n_2}} = -0.9175$$

- Das benötigte Quantil ist

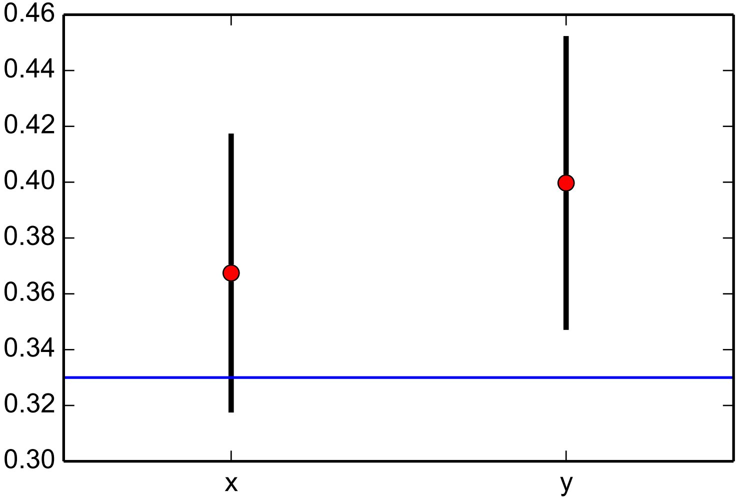
$$t_{46,\, 0.95} = 1.679$$

- H_0 kann nicht abgelehnt werden
- Wie kann das sein?

Babyfotos: Erklärung des scheinbaren Widerspruchs

- Nicht-Ablehnung von H_0 ist kein Argument für die Gültigkeit von H_0
- Das Bild auf der folgenden Folie zeigt die (zweiseitigen) Konfidenzintervalle für die Erkennungsraten bei Vätern und Müttern
- Diese überlappen: Keine Trennung der Erkennungsraten

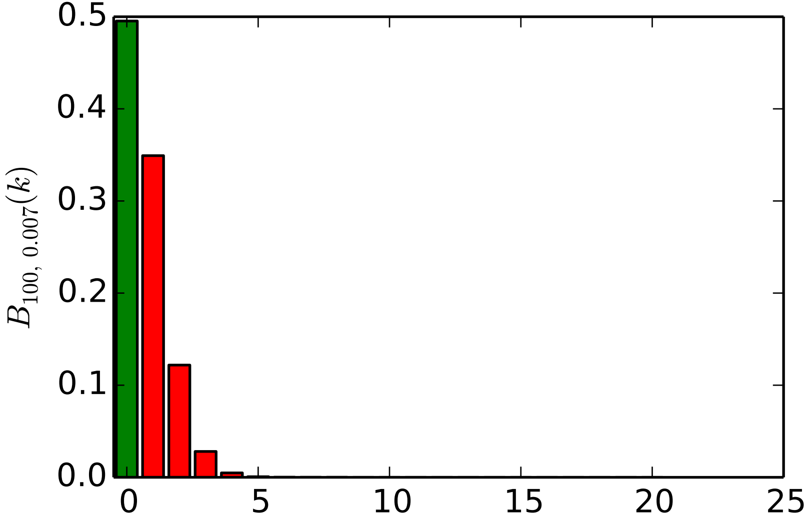
Babyfotos: Konfidenzintervalle



Data Snooping

- "Snooping" = "Schnüffeln"
- Data Snooping bedeutet, dass man den Test für dieselben Daten rechnet, die man auch für die Formulierung der Hypothese benutzt hat
- Die nächste Folie stammt aus einem schlechten Buch (und wird daher am Netz nicht gezeigt)

Binomialverteilung $B_{100,\,0.007}$



Multiple Vergleiche

Jelly Beans

http://xkcd.com/882

Multiple Vergleiche

Möglichkeiten für korrektes Vorgehen

- Man testet die Nullhypothese

$$H_0 = \{\text{“Grüne Gummibärchen verursachen keine Akne”}\}$$

  in einem neuen Experiment zum Signifikanzniveau 5%
- Man rechnet des multiple Experiment mit *Bonferroni-Korrektur*

Bonferroni-Korrektur

- Wenn man simultan n Vergleiche durchführt, dann schreibt die Bonferroni-Korrektur vor, dass man jeden einzelnen Vergleich zum Signifikanzniveau $\frac{\alpha}{n}$ durchführt.
- Im Beispiel der Gummibärchen hätten die Einzelversuche zum Signifikanzniveau $\alpha = 0.0025$ durchgeführt werden müssen.
- Im Beispiel der Schwarzstörche hätte für jeden Einzeltest das Signifikanzniveau $\alpha = \frac{0.05}{100} = 0.0005$ gewählt werden müssen.
- Es gibt subtilere Verfahren.