

Biostatistik, WS 2013/2014

Der zwei-Stichproben- t -Test
(t -Test für ungepaarte Stichproben)

Matthias Birkner

<http://www.mathematik.uni-mainz.de/~birkner/Biostatistik1314/>

20.12.2013



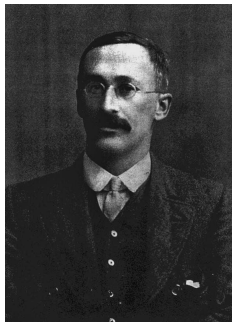
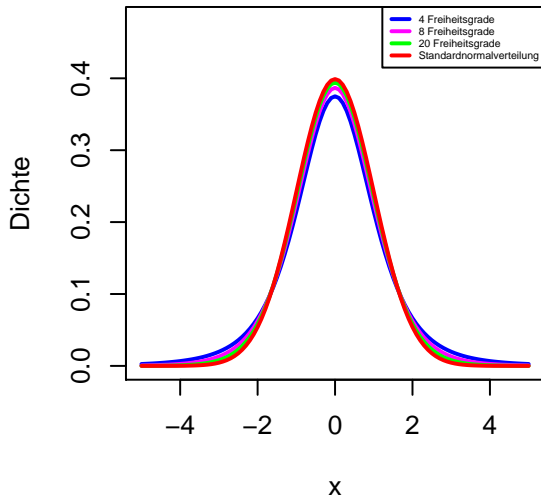
JOHANNES GUTENBERG
UNIVERSITÄT MAINZ

1 Wiederholung: Ein-Stichproben- t -Test

2 t -Test für ungepaarte Stichproben

- Beispiel: Backenzähne von Hipparions
- Allgemein: ungepaarter t -Test mit Annahme gleicher Varianzen
- Bericht: t -Test ohne Annahme gleicher Varianz
- Power eines Tests
- Vergleich: gepaarter t -Test und ungepaarter t -Test

„Student“ und seine Verteilung(en)



William S. Gosset,
1876–1937
(c): public domain

Zusammenfassung gepaarter t-Test

Gegeben: gepaarte Beobachtungen

$$(Y_1, Z_1), (Y_2, Z_2), \dots, (Y_n, Z_n)$$

Nullhypothese $H_0: \mu_Y = \mu_Z$

Signifikanzniveau: α (meist $\alpha = 5\%$)

Test: gepaarter t-Test (genauer: zweiseitiger gepaarter t-Test)

Berechne Differenz $X := Y - Z$

Berechne Teststatistik

$$t := \frac{\bar{X}}{s(X)/\sqrt{n}}$$

p-Wert = $\mathbb{P}(|T_{n-1}| \geq |t|)$ ($n - 1$ Freiheitsgrade)

Verwirf Nullhypothese, falls p-Wert $\leq \alpha$

Zusammenfassung Ein-Stichproben t-Test

Gegeben: Beobachtungen

$$X_1, X_2, \dots, X_n$$

Nullhypothese $H_0: \mu_X = c$ (Den Wert c testet man, oft $c = 0$)

Signifikanzniveau: α (meist $\alpha = 5\%$)

Test: t-Test

Berechne Teststatistik

$$t := \frac{\bar{X} - c}{s(X)/\sqrt{n}}$$

p-Wert = $\mathbb{P}(|T_{n-1}| \geq |t|)$ ($n - 1$ Freiheitsgrade)

Verwirf Nullhypothese, falls p-Wert $\leq \alpha$

Beispiel: Backenzähne von Hipparions



(c): public domain

Die Daten

77 Backenzähne

gefunden in den Chiwondo Beds, Malawi,

jetzt in den Sammlungen des
Hessischen Landesmuseums, Darmstadt



(c): Rei-artur

Zuordnung

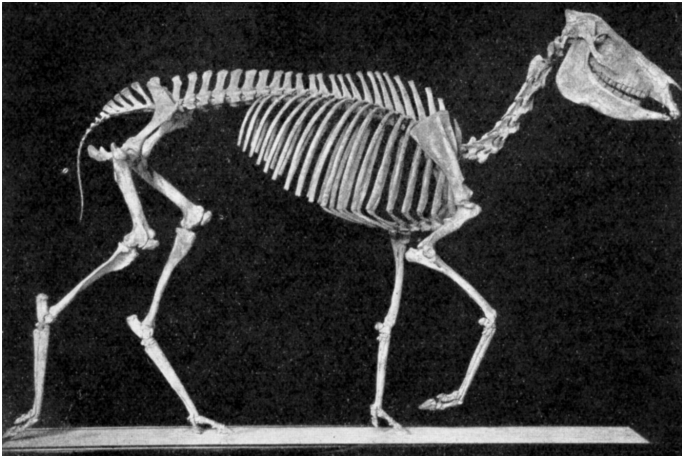
Die Zähne wurden zwei Arten zugeordnet:

Hipparion africanum

≈ 4 Mio. Jahre

Hipparion libycum

≈ 2,5 Mio. Jahre



(c): public domain

Geologischer Hintergrund

Vor 2,8 Mio. Jahren kühlte sich das Klima weltweit ab.

Das Klima in Ostafrika:
warm-feucht → kühl-trocken

Hipparion:
Laubfresser → Grasfresser

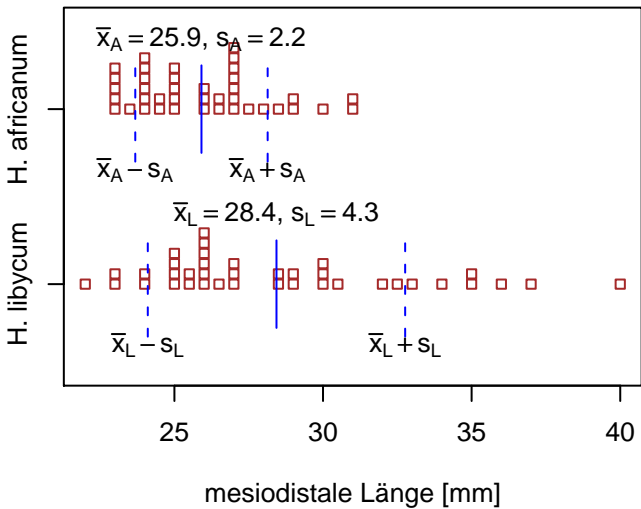
Frage

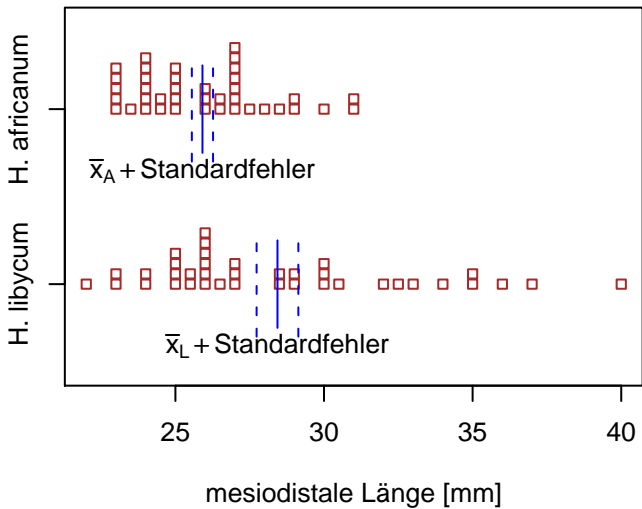
Hipparion:

Laubfresser → Grasfresser

andere Nahrung → andere Zähne?

Messungen: mesiodistale Länge





Wir beobachten ($n_A = 39$, $n_L = 38$):

$$\bar{x}_A = 25,9, s_A = 2,2$$

(unser Schätzwert für die Streuung von \bar{x}_A ist also

$$f_A = \frac{s_A}{\sqrt{n_A}} = 2,2/\sqrt{39} = 0,36 \text{ (Standardfehler)},$$

$$\bar{x}_L = 28,4, s_L = 4,3$$

(unser Schätzwert für die Streuung von \bar{x}_L ist also

$$f_L = \frac{s_L}{\sqrt{n_L}} = 4,3/\sqrt{38} = 0,70).$$

Ist die beobachtete Abweichung $\bar{x}_L - \bar{x}_A = 2,5$ mit der **Nullhypothese** verträglich, dass $\mu_L = \mu_A$?

Die „Bilderbuchsituation“

Annahme: Wir haben zwei unabhängige Stichproben

$x_{1,1}, \dots, x_{1,n_1}$ und $x_{2,1}, \dots, x_{2,n_2}$.

Die $x_{1,i}$ stammen aus einer Normalverteilung mit (unbekanntem) Mittelwert μ_1 und (unbekannter) Varianz $\sigma^2 > 0$, die $x_{2,i}$ aus einer Normalverteilung mit (unbekanntem) Mittelwert μ_2 und derselben Varianz σ^2 .

Seien

$$\bar{x}_1 = \frac{1}{n_1} \sum_{i=1}^{n_1} x_{1,i}, \quad \bar{x}_2 = \frac{1}{n_2} \sum_{i=1}^{n_2} x_{2,i}$$

die jeweiligen Stichprobenmittelwerte,

$$s_1^2 = \frac{1}{n_1 - 1} \sum_{i=1}^{n_1} (x_{1,i} - \bar{x}_1)^2, \quad s_2^2 = \frac{1}{n_2 - 1} \sum_{i=1}^{n_2} (x_{2,i} - \bar{x}_2)^2,$$

die (korrigierten) Stichprobenvarianzen.

Wir möchten die Hypothese $H_0 : \mu_1 = \mu_2$ prüfen.

Wenn $\mu_1 = \mu_2$ gilt, so sollte $\bar{x}_1 = \bar{x}_2$ „bis auf

Zufallsschwankungen“ gelten, denn $\mathbb{E}[\bar{X}_1] = \mu_1$, $\mathbb{E}[\bar{X}_2] = \mu_2$.

Was ist die Skala der typischen Schwankungen von $\bar{X}_1 - \bar{X}_2$?

$$\text{Var}(\bar{X}_1 - \bar{X}_2) = \sigma^2 \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)$$

Problem (wie bereits im ein-Stichproben-Fall): Wir kennen σ^2 nicht.

Wir schätzen es im zwei-Stichproben-Fall durch die gepoolte Stichprobenvarianz

$$s^2 = \frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2} \left(= \frac{1}{n_1 + n_2 - 2} \left(\sum_{i=1}^{n_1} (x_{1,i} - \bar{x}_1)^2 + \sum_{i=1}^{n_2} (x_{2,i} - \bar{x}_2)^2 \right) \right)$$

und bilden die Teststatistik

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

Es gilt dann: Wenn $\mu_1 = \mu_2$ gilt, so ist

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}.$$

Student-verteilt mit $n_1 + n_2 - 2$ Freiheitsgraden.

Verfahren des zwei-Stichproben t -Tests (mit Annahme gleicher Varianzen) also:

Lehne die Nullhypothese $\mu_1 = \mu_2$ zum Signifikanzniveau α ab, wenn der beobachtete Wert von $|t|$ größer ist als das $(1 - \alpha/2)$ -Quantil der Student-Verteilung mit $n_1 + n_2 - 2$ Freiheitsgraden.

Im Hipparion-Beispiel war $\bar{x}_L = 28,4$, $\bar{x}_A = 25,9$, $s_A = 2,2$,
 $s_A = 4,3$.

Wir finden $t = 3,2$, das 99,5%-Quantil der Student-Vert. mit 75 Freiheitsgraden ist 2,64.

Wir können die Nullhypothese „die mittlere mesiodistale Länge bei *H. lybicum* und bei *H. africanum* sind gleich“ zum Signifikanzniveau 1% ablehnen.

Mögliche Formulierung:

„Die mittlere mesiodistale Länge war signifikant größer (28,4 mm) bei *H. libycum* als bei *H. africanum* (25,9 mm) (t -Test, $\alpha = 0,01$).“

t-Statistik ohne Annahme gleicher Varianz

Es gibt auch eine Version des zwei-Stichproben-t-Tests, der die Annahme gleicher Varianzen nicht trifft (wir werden ihn im Verlauf der Vorlesung allerdings nicht verwenden):

Ist die beobachtete Abweichung $\bar{x}_L - \bar{x}_A = 2,5$ mit der **Nullhypothese** verträglich, dass $\mu_L = \mu_A$?

Wir schätzen die Streuung von $\bar{x}_L - \bar{x}_A$ durch f , wo

$$f^2 = f_L^2 + f_A^2$$

und bilden $t = \frac{\bar{x}_L - \bar{x}_A}{f}$.

Wenn die Nullhypothese zutrifft, ist t „Student-verteilt mit g Freiheitsgraden“

(wobei g aus den Daten geschätzt wird, $g = \frac{\left(\frac{s_A^2}{n_A} + \frac{s_L^2}{n_L}\right)^2}{\frac{s_A^4}{n_A^2(n_A-1)} + \frac{s_L^4}{n_L^2(n_L-1)}}$)

Zwei-Stichproben-*t*-Test mit R

```
> A <- md[Art=="africanum"]  
> L <- md[Art=="libycum"]  
> t.test(L,A)
```

Welch Two Sample t-test

data: L and A

t = 3.2043, df = 54.975, p-value = 0.002255

alternative hypothesis: true difference in means
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

0.9453745 4.1025338

sample estimates:

mean of x mean of y

28.43421 25.91026

Formulierung:

„Die mittlere mesiodistale Länge war signifikant größer (28,4 mm) bei *H. libycum* als bei *H. africanum* (25,9 mm) (*t*-Test, $p = 0,002$).“

Testpower bzw. Testmacht

Salopp gesprochen ist die **Power** oder **Macht** eines Tests die Wahrscheinlichkeit, die Nullhypothese abzulehnen, falls die Alternative zutrifft.

Bei einer einelementigen Alternative ist dies leicht zu formulieren: $H_0 : \mu = 0$
 $H_1 : \mu = m_1$

Die Testpower (oder auch Testmacht) ist dann definiert als \mathbb{P}_{H_1} (Nullhypothese wird abgelehnt)

Warum interessiert uns die Testmacht?

Im Extremfall ist die Testmacht gleich 0, dann wird die Nullhypothese nie abgelehnt. Somit können wir unsere Vermutung nicht stützen.

Je größer die Testmacht, desto wahrscheinlicher wird die Nullhypothese abgelehnt.
Beachte: Die Testmacht hängt stark von der Stichprobenlänge ab.

In der Praxis muss man sich bereits **vor Versuchsbeginn** Gedanken machen, wie groß die Stichprobenlänge sein muss, damit man die Vermutung stützen kann.

Wann gepaarter t -Test und wann ungepaarter t -Test?

Wenn die **Stichprobenlänge unterschiedlich** ist, ergibt „gepaart“ keinen Sinn.

Wenn **die Stichprobenlänge gleich** ist:

- Sind die Stichproben unabhängig voneinander?
Falls ja, dann ungepaart testen. Ein gepaarter Test würde sinnlose Abhängigkeiten unterstellen und hätte wegen der geringeren Anzahl Freiheitsgrade auch eine geringere Macht.
- Sind die Stichproben voneinander abhängig?
(z.B. Messungen von denselben Individuen bzw. Objekten)
Falls ja, dann ist ein gepaarter Test sinnvoll. Bei starker Abhängigkeitsstruktur hat der gepaarte t -Test höhere Macht (da der Test von Variabilität zwischen den Individuen bereinigt ist)