Elementos de un contraste de hipótesis

Hipótesis nula H0

hipótesis que estamos dispuestos a aceptar si no encontramos evidencia suficiente de la hipótesis alternativa. Suele plantearse en términos de “no hay diferencia”.

Hipótesis alternativa H1

aquella de la que buscamos evidencia en nuestro estudio

Contraste unilateral

contraste en el que la hipótesis alternativa viene definida por un > o un < : que un parámetro sea mayor que un valor dado, que un parámetro sobre una población sea menor que el mismo parámetro sobre otra población, …

Contraste bilateral

contraste en el que la hipótesis alternativa viene definida por un ≠ : que un parámetro sea diferente de un valor dado, que un parámetro sobre una población sea diferente del mismo parámetro sobre otra población, …

Error de tipo I

Falso positivo: concluir que la hipótesis alternativa es verdadera cuando en realidad es falsa.

Nivel de significación alpha

la probabilidad de cometer un error de tipo I, es decir, de la H1 sea falsa Suele fijarse en 5%

Nivel de confianza (1-alpha)

la probabilidad de no cometer un error de tipo I

Error de tipo II

Falso negativo: concluir que la hipótesis alternativa es falsa cuando en realidad es verdadera.

Elementos de un contraste de hipótesis (cont)

Potencia (1-b)

la probabilidad de no cometer un error de tipo II.

Estadístico de contraste

el valor que se calcula a partir de la muestra obtenida en el estudio y que se usará para tomar la decisión en el contraste planteado.

p-valor

valor de probabilidad, por lo que oscila entre 0 y 1. El p-valor nos muestra la probabilidad de haber obtenido un resultado satisfactorio suponiendo que la hipótesis nula $H0$ es cierta. Es decir, lo utilizamos para saber si rechazamos o no $H0$.

Intervalo de confianza

intervalo en el que, en el (1−α)×100% de las ocasiones, contiene el valor del estadístico del contraste

Regla de decisión

rechazamos la hipótesis nula en favor de la alternativa con un nivel de significación α cuando el p-valor es menor o igual que el nivel de significación α .

Contraste de hipótesis de bondad de ajuste

1. Fijar la familia de distribuciones teóricas

Si la familia es la Bernoulli, el parámetro es p : la probabilidad poblacional de éxito.
Si la familia es la Poisson, el parámetro es λ : la esperanza.
Si la familia es la binomial, los parámetros son n y p : el tamaño de las muestras y la probabilidad de éxito, respectivamente.
Si la familia es la normal, los parámetros son μ y σ : la esperanza y la desviación típica, respectivamente

Contraste de hipótesis de bondad de ajuste (cont)

2. Si el diseño del experimento no fija sus valores, tendremos que **estimar** a partir de la muestra los valores de los parámetros que mejor se ajusten a nuestros datos. Ya hemos tratado este asunto en el Notebook 1 con la función fitdist, pero también existe una librería llamada $\tt MASS$ que tiene la función `fitdistr` que nos estima directamente los parámetros de todas las distribuciones vistas anteriormente según la familia. Tenemos que saber, a priori, que distribución se ajusta mejor a nuestro conjunto de datos.

```
library(MASS)
fitdistr(x, densfun="poisson")
```

3. Realizar el contraste y comprobar si rechazamos (o no) la **hipótesis nula** planteada. Se usa el **test de Kolgomorov-Smirnov (K-S)**. El test K-S se puede utilizar para saber si 1 muestra se ajusta a una distribución determinada o para comparar si dos muestras se ajustan a la misma distribución.

Su sintaxis básica es `ks.test(x, y, paráme tros)` donde:
`x` es la muestra de una variable continua.
`y` puede ser un segundo vector, y entonces se contrasta si ambas muestras han sido generados por la misma distribución continua, o el nombre de la función de distribución (empezando con `p`) que queremos contrastar, entre comillas; por ejemplo `" pno rm"` para la distribución normal.
Los `parámetros` de la función de distribución si se ha especificado una; por ejemplo `mean=0, sd=1` para una distribución normal estándar. Si el p-valor es mayor que 0.05 NO podemos rechazar nuestra hipótesis nula $H0$. Es decir, SÍ provienen de la misma distribución de probabilidad (con mismos valores de los parámetros).

Sponsored by **Readable.com**
Measure your website readability!
https://readable.com

Contraste de hipótesis de bondad de ajuste (cont)

Uso de gráficos para comparar una distribución con otra

```
boxplot(data1, data2, main="Boxplot
data1 vs data2")
#o
par(mfrow=c(1,2))
hist(data1,freq=FALSE,col="lightsalmon",main="Histograma",sub="Datos 1")
hist(data2,freq=FALSE,col="lightsalmon",main="Histograma",sub="Datos 2")
par(mfrow=c(1,1))
```

3.2. Si estamos trabajando con una distribución normal también podemos utilizar el test de Kolmogorov-Smirnov-Lilliefors (K-S-L). Al contrario que el test K-S, el test K-S-L nos dice si los datos provienen de una distribución normal **sin aportar los parámetros**.

```
library(nortest)
lillie.test(data)
```

Contrastes de hipótesis medias paramétricos

Requisitos

Que las muestras procedan de poblaciones en las que las variables se distribuyan **normalmente**. Test de **Kolmogorov y Smirnov** o **KSL**
Que las **varianzas** en ambas poblaciones no difieran significativamente. La $H0$ en este caso es que las varianzas son iguales. **Test de Barlett**

```
bartlett.test(list(data1,data2))
```

Ahora se realiza el contraste de hipótesis de medias con el test t de Student.

Contrastes de hipótesis medias paramétricos (cont)

t.test(x, y, mu=..., alternative=..., conf.level=..., paired=..., var.equal=...)

mu para especificar el valor de la media que queremos contrastar en un test de una media.
paired para indicar si en un contraste de dos medias usamos muestras independientes o emparejadas. El parámetro `paired` solo lo tenemos que especificar si llevamos a cabo un contraste de dos medias. En este caso, con `paired =TRUE` indicamos que las muestras son emparejadas, y con `paired =FALSE` (que es su valor por defecto) que son independientes
var.equal para indicar en un contraste de dos medias usando muestras independientes si las varianzas poblacionales son iguales (igualándolo a TRUE) o diferentes (igualándolo a FALSE, que es su valor por defecto).
conf.level es el nivel de confianza $1-\alpha$. En esta función, y en todas las que explicamos a lo largo de este capítulo, su valor por defecto, que no es necesario especificar, es 0.95, que corresponde a un nivel de confianza del 95%, es decir, a un nivel de significación $\alpha=0.05$.
alternative="two.sided" "lower" "greater"

```
t.test(x, mu=2)$p.value
```

```
t.test(x, mu=2)$conf.int
```

```
t.test(x, mu=2)$conf.int[1]
```

```
t.test(x, mu=2)$conf.int[2]
```

t.test(S, V, alternative="less", var.equal=TRUE)

Ejemplo con lontiud de sépalos de iris setosa y virginica

t.test(Hiosciamina, Hioscina, alternative="less", paired=TRUE)

Ejemplo test somníferos

Contrastes de hipótesis medias paramétricos (cont)

t.test(bwt~smoke, data=birthwt, alternative="greater", paired=FALSE, var.equal=TRUE)

Ejemplo con birthweight, donde smoke puede ser 0 o 1

Con no p mediana

Test de signos

permite contrastar si la mediana de una variable aleatoria cualquiera es un valor dado k estudiando la distribución de los signos de las diferencias entre este valor y los de una muestra (si la mediana fuera k, los números de diferencias positivas y negativas en muestras aleatorias seguirían distribuciones binomiales con p=0.5).

contrasta si la mediana de una sola variable difiere de un valor elegido. Es decir, ☐ ☐0:$\mu=k$.

NO se puede aplicar a dos muestras independientes

se puede aplicar a dos mue. En este caso, la hipótesis nula del contraste que realiza es que $H0$: la mediana de las diferencias de las dos variables es 0.

```
library(BSDA)
```

```
SIGN.test(colesterol, md=220, alternative="two.sided", conf.level=0.95)
```

Test de Wilcoxon

Asume que las variables son simétricas, es decir, media=mediana

contrasta si la mediana de una sola variable difiere de un valor elegido. Es decir, ☐ ☐0:$\mu=k$.

NO se puede aplicar a dos muestras independientes.

se puede aplicar a dos muestras emparejadas.

```
wilcox.test(colesterol, mu=220, alternative="two.sided",conf.level=0.95)
```


Sponsored by **Readable.com**
Measure your website readability!
https://readable.com

Con no p mediana (cont)

wilcox.test(Hiosciamina, Hioscina, alternative="less", paired=TRUE)

En este caso R nos avisa de nuevo de que el p-valor no es exacto, pero esto no afecta a la conclusión dado que el p-valor es muy pequeño: rechazamos la hipótesis nula en favor de la alternativa y también concluimos con este test no paramétrico que la hioscina tiene un mayor efecto somnífero que la hiosciamina.

Test de Mann-Whitney

> No utiliza la varianza

NO se puede aplicar para una muestra.

NO se puede aplicar a dos muestras emparejadas.

se puede aplicar a dos muestras independientes.

wilcox.test(hijos.20, hijos.30, alternative="two.sided",paired=FALSE)

Sponsored by **Readable.com**
Measure your website readability!
https://readable.com