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 **CrosswordCheats.com**
Learn to solve cryptic crosswords!
http://crosswordcheats.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 **CrosswordCheats.com**
Learn to solve cryptic crosswords!
http://crosswordcheats.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 **CrosswordCheats.com**
Learn to solve cryptic crosswords!
http://crosswordcheats.com