

Kapitel 6

Schließende Statistik

Thorsten Dickhaus

Universität Bremen
Institut für Statistik

Mathematik 3: Stochastik
Universität Bremen, Fachbereich 03, SoSe 2025

Einleitung

$Y : \Omega \rightarrow \mathcal{Y}$ Zufallsgröße, die das (zufällige) Ergebnis eines Experiments beschreibt.

Statistisches Modell:

$(\mathcal{Y}, \mathcal{B}(\mathcal{Y}), (\mathbb{P}_\theta)_{\theta \in \Theta})$

\mathcal{Y} heißt der **Stichprobenraum** des Experiments.

θ heißt der **Parameter** des Modells,

Θ heißt der **Parameterraum**.

Das Tupel $(\mathcal{Y}, \mathcal{B}(\mathcal{Y}))$ heißt ein messbarer Raum.

Der Wert von θ ist **unbekannt und unbeobachtbar**.

Er soll aus den Daten $Y = y$ **inferiert werden**.

Illustratives Beispiel

Bernoulli'sches Versuchsschema:

$X = (X_i)_{i=1,\dots,n}$, $X_i \sim \text{Bernoulli}(p)$ für alle $1 \leq i \leq n$,
 X_i stoch. unabhängige Zufallsvariablen mit Werten in $\{0, 1\}$,
 $p \in (0, 1)$ Trefferw'keit, $n \in \mathbb{N}$,

$$Y = \sum_{i=1}^n X_i$$

$\mathcal{Y} = \{0, \dots, n\}$, $\mathcal{B}(\mathcal{Y}) = 2^{\mathcal{Y}}$,

$\theta = (n, p) \in \mathbb{N} \times [0, 1] = \Theta$,

\mathbb{P}_θ ist die Binomialverteilung mit Parametern n und p .

Übersicht

- 1 Punktschätzung
- 2 Konfidenzbereiche
- 3 Hypothesentests
- 4 Anwendungsbeispiel: Genetische Assoziationsstudien

Übersicht

- 1 Punktschätzung
- 2 Konfidenzbereiche
- 3 Hypothesentests
- 4 Anwendungsbeispiel: Genetische Assoziationsstudien

Schätzer und ihre Eigenschaften

$\hat{\theta} : \mathcal{Y} \rightarrow \Theta$ heißt eine **Schätzvorschrift**.

Die Zufallsvariable $\hat{\theta}(Y)$ heißt ein **Schätzer**,

$\hat{\theta}(y)$ heißt der **Schätzwert für θ**

basierend auf der Stichprobe (Realisierung) $Y = y$.

Definition: (Eigenschaften eines Schätzers $\hat{\theta}(Y)$)

- $\hat{\theta}(Y)$ heißt **unverzerrt bzw. erwartungstreu**, falls
$$\forall \theta \in \Theta : \mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}(Y)] = \theta.$$
- $\hat{\theta}(Y)$ heißt **effizient**, falls $\text{Var}_\theta(\hat{\theta}(Y))$ minimal ist
(innerhalb einer gegebenen Klasse von Schätzern).

Mittlerer quadratischer Schätzfehler, Bias-Varianz-Zerlegung

Sei $\Theta \subseteq \mathbb{R}$. Dann heißt

$$\text{MSE}_\theta(\hat{\theta}) = \mathbb{E}_\theta[(\hat{\theta} - \theta)^2]$$

mittlerer quadratischer Schätzfehler (mean squared error)
von $\hat{\theta}$ bzw. von $\hat{\theta}(Y)$.

Es gilt:

$$\begin{aligned}\text{MSE}_\theta(\hat{\theta}) &= \mathbb{E}_\theta[(\hat{\theta} - \mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] + \mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] - \theta)^2] \\ &= \mathbb{E}_\theta[(\hat{\theta} - \mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}])^2] + (\mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] - \theta)^2 \\ &\quad + \underbrace{2(\mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] - \mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}])(\mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] - \theta)}_{=0}\end{aligned}$$

Also: $\text{MSE}_\theta(\hat{\theta}) = \text{Var}_\theta(\hat{\theta}) + (\mathbb{E}_\theta[\hat{\theta}] - \theta)^2$

Verzerrung bzw. Bias

Der Wert

$$b(\hat{\theta}, \theta) = \mathbb{E}_{\theta}[\hat{\theta}] - \theta$$

heißt die Verzerrung bzw. der Bias von $\hat{\theta}$ bzw. von $\hat{\theta}(Y)$.

Falls $\hat{\theta}$ unverzerrt ist, so gilt (gleichbedeutenderweise):

$$\forall \theta \in \Theta : b(\hat{\theta}, \theta) = 0$$

Für einen unverzerrten Schätzer eines univariaten Parameters gilt also:

$$\text{MSE}_{\theta}(\hat{\theta}) = \text{Var}_{\theta}(\hat{\theta})$$

Erinnerung: Momente

Definition:

Falls es existiert, so ist das k -te Moment einer (reellwertigen) Zufallsvariable X definiert als

$$m_k(X) = \mathbb{E}[X^k] = \begin{cases} \sum_{x \in \mathcal{X}} x^k f_X(x), & X \text{ diskret verteilt}, \\ \int_{\mathcal{X}} x^k f_X(x) dx, & X \text{ stetig verteilt}. \end{cases}$$

Dabei bezeichnet \mathcal{X} den Träger von X und f_X bezeichnet die Zähl- bzw. Lebesgue-dichte von X .

Momenten- bzw. plug-in Schätzer

Angenommen, es liegen beobachtbare i.i.d. Zufallsvariablen Y_1, \dots, Y_n vor, wobei $m_k \equiv m_k(Y_1)$ für ein gegebenes $k \in \mathbb{N}$ existiert.

Dann ist der Momenten- bzw. plug-in Schätzer \hat{m}_k für m_k gegeben durch

$$\hat{m}_k = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Y_i^k.$$

(k -tes Moment der induzierten empirischen Verteilung)

Momentenschätzer: Beispiele

Angenommen, Y_1 besitzt ein endliches zweites Moment.

Dann erhalten wir die folgenden Momentenschätzer:

- 1 $\hat{m}_1 = \bar{Y}_n = \sum_{i=1}^n Y_i/n$ (arithmetisches Mittel)
- 2 $\hat{m}_2 = \sum_{i=1}^n Y_i^2/n$
- 3 $\hat{\sigma}^2 = \hat{m}_2 - \hat{m}_1^2$, denn $\text{Var}(Y_1) = \mathbb{E}[Y_1^2] - \mathbb{E}^2[Y_1]$
("plug-in"-Methode, unkorrigierte Stichprobenvarianz)

Verallgemeinerte Momentenmethode (I)

Sei $\Theta \subseteq \mathbb{R}$ der Parameterraum eines statistischen Modells.

Sei $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ eine Funktion, so dass das "Moment"

$$m_g(\theta) = \mathbb{E}_\theta [g(Y_1)]$$

für alle $\theta \in \Theta$ existiert.

Ferner angenommen, die so definierte Funktion $m_g : \Theta \rightarrow \mathbb{R}$ ist stetig und umkehrbar. Dann gilt:

$$\theta = m_g^{-1} (\mathbb{E}_\theta [g(Y_1)])$$

Verallgemeinerte Momentenmethode (II)

Auf der Basis der vorangegangenen Überlegungen liefert die plug in-Methode den Schätzer

$$\hat{\theta} = m_g^{-1} \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n g(Y_i) \right).$$

Häufig wird $g(y) = y$ oder $g(y) = y^2$ gewählt.

Verallgemeinerte Momentenmethode: Beispiel

Angenommen, Y_1 ist exponentialverteilt mit unbekanntem Intensitätsparameter $\theta > 0$.

Dann gilt gemäß Kapitel 4:

$$\mathbb{E}_\theta[Y_1] = \frac{1}{\theta}$$

Wählen wir nun die durch $g(y) = y$ gegebene Momentenfunktion g , so ergibt sich als plug in- Schätzer

$$\hat{\theta} = \frac{1}{\bar{Y}_n} = \frac{n}{\sum_{i=1}^n Y_i}.$$

Momentenschätzer sind nicht immer unverzerrt!

Die unkorrigierte Stichprobenvarianz $\hat{\sigma}^2$ ist Momentenschätzer für $\sigma^2 = \text{Var}(Y_1)$ im i.i.d.-Modell.

Allerdings ist

$$\mathbb{E}_{\sigma^2} [\hat{\sigma}^2] = \frac{n-1}{n} \sigma^2 \neq \sigma^2.$$

Somit ist $\hat{\sigma}^2$ **verzerrt**. In der Praxis wird daher die korrigierte Stichprobenvarianz

$$\tilde{\sigma}^2 = \frac{n}{n-1} \hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y}_n)^2$$

oftmals bevorzugt, da sie σ^2 **erwartungstreu** schätzt.

Definition: (Likelihoodfunktion)

Gegeben: Statistisches Modell $(\mathcal{Y}, \mathcal{B}(\mathcal{Y}), (\mathbb{P}_\theta)_{\theta \in \Theta})$

Angenommen, Zufallsvariablen $(Y_i)_{i=1,\dots,n}$ mit Realisierungen $(y_i)_{i=1,\dots,n}$ liegen vor.

Dann definieren wir

$$Z(\mathbf{y}, \theta) = \prod_{i=1}^n p(y_i, \theta), \quad \mathbf{y} = (y_1, \dots, y_n).$$

$p(\cdot, \theta)$: Zähl- oder Lebesgue-dichte von Y_1 unter $\theta \in \Theta$.

$Z(\mathbf{y}, \theta)$ ist (eine Approximation für) die W'keit, die Stichprobe $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_n)$ unter $\theta \in \Theta$ zu beobachten.

Maximum-Likelihood-Schätzer (MLE)

Der MLE für θ ist gegeben durch

$$\hat{\theta}(\mathbf{y}) = \arg \max_{\theta \in \Theta} Z(\mathbf{y}, \theta).$$

In vielen Modellen ist es (analytisch und numerisch) einfacher, die äquivalente Formulierung

$$\hat{\theta}(\mathbf{y}) = \arg \max_{\theta \in \Theta} L(\mathbf{y}, \theta),$$

zu verwenden, mit $L(\mathbf{y}, \theta) = \log(Z(\mathbf{y}, \theta)) = \sum_{i=1}^n \log(p(y_i, \theta)).$

Oftmals ist garantiert, dass $L(\mathbf{y}, \cdot)$ strikt konkav ist, so dass der MLE dann eindeutig bestimmt ist.

MLE: Beispiel (I)

Wir betrachten das Binomialmodell mit **fest vorgegebenem Stichprobenumfang $n = 10$** und unbekannter Trefferw'keit p .

Angenommen, es werden genau neun "Treffer" beobachtet, also: $y = 9$.

$$\begin{aligned}Z(y=9,p) &= p^9(1-p) \\L(y,p) &= 9 \ln(p) + \ln(1-p) \\ \frac{dL(y,p)}{dp} &= \frac{9}{p} - \frac{1}{1-p}\end{aligned}$$

MLE: Beispiel (II)

Wir bestimmen die Nullstelle der Ableitung:

$$\begin{aligned}\frac{dL(y, p)}{dp} &= 0 \\ \iff \frac{9}{p} &= \frac{1}{1-p} \\ \iff 9 - 9 \cdot p &= p \\ \iff 9 &= 10 \cdot p\end{aligned}$$

Somit erhalten wir den ML-Schätzwert $\hat{p}(y) = 9/10$.

Kleinste Quadrate (KQ)-Methode

Modellannahme:

Jeder Datenpunkt y_i ist **additiv** zusammengesetzt aus einer Funktion $f_i(\theta)$ des Parameters von Interesse plus einer zufälligen Störung (Rauschen).

Definition:

Die **Fehlerquadratsumme** ist dann gegeben durch

$$S(\theta) = \sum_{i=1}^n (y_i - f_i(\theta))^2.$$

KQ-Methode: Minimiere $S(\theta)$ bzgl. θ !

KQ-Methode: Beispiel (I)

Im Falle der einfachen linearen Regression ist

$$f_i(\theta) = f_i(\alpha, \beta) = \alpha + \beta x_i$$

für die Ausprägung $x_i \in \mathbb{R}$ eines Regressors für Beobachtungseinheit i .

Wir beobachten also Merkmalspaare $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$.

Es ergibt sich:

$$S(\alpha, \beta) = \sum_{i=1}^n (y_i - (\alpha + \beta x_i))^2$$

KQ-Methode: Beispiel (II)

$$\frac{\partial S(\alpha, \beta)}{\partial \alpha} = -2 \sum_{i=1}^n (y_i - \alpha - \beta x_i),$$

$$\frac{\partial S(\alpha, \beta)}{\partial \beta} = -2 \sum_{i=1}^n (y_i - \alpha - \beta x_i) x_i,$$

$$\hat{\alpha} = \bar{y}_n - \hat{\beta} \bar{x}_n,$$

$$\hat{\beta} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}_n)(y_i - \bar{y}_n)}{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}_n)^2} = \frac{s_{xy}}{s_x^2}.$$

Übersicht

- 1 Punktschätzung
- 2 Konfidenzbereiche
- 3 Hypothesentests
- 4 Anwendungsbeispiel: Genetische Assoziationsstudien

Konfidenzschätzung

Sei ein statistisches Modell $(\mathcal{Y}, \mathcal{B}(\mathcal{Y}), (\mathbb{P}_\theta)_{\theta \in \Theta})$ mit $\Theta \subseteq \mathbb{R}$ gegeben.

Definition:

Ein **Konfidenzintervall** $I = [\hat{\theta}_{\text{unten}}, \hat{\theta}_{\text{oben}}]$ besteht aus zwei Abbildungen $\hat{\theta}_{\text{unten/oben}} : \mathcal{Y} \rightarrow \Theta$, so dass

$$\forall \theta \in \Theta : \mathbb{P}_\theta(\hat{\theta}_{\text{unten}} \leq \theta \leq \hat{\theta}_{\text{oben}}) \geq 1 - \alpha$$

für ein gegebenes **Konfidenzniveau** $(1 - \alpha) \in (0, 1)$.

Idealerweise sollten die Funktionen $\hat{\theta}_{\text{unten}}$ und $\hat{\theta}_{\text{oben}}$ so gewählt werden, dass die Länge von I minimal ist.
(Informativität der Datenanalyse!)

Konfidenzintervalle unter (Gauß'scher) Normalverteilung

Sei $\hat{\theta}(Y)$ ein unverzerrter und **normalverteilter** Punktschätzer für θ mit endlicher Varianz σ^2 .

Dann wird die (mittlere bzw. erwartete) Länge von I minimal, falls **I symmetrisch um $\hat{\theta}$ liegt**.

Wir rechnen:

$$\begin{aligned}\mathbb{P}_\theta(\hat{\theta} - c \leq \theta \leq \hat{\theta} + c) &= 1 - \alpha \\ \iff c &= \sigma\Phi^{-1}(1 - \alpha/2),\end{aligned}$$

wobei Φ die Vtfkt. der Standardnormalverteilung bezeichnet.

Für $\alpha = 5\%$ erhalten wir $c \approx 1.96\sigma \approx 2\sigma$. Deswegen wird diese Methode auch **2σ -Regel** genannt.

Höhere Dimensionen (von Θ)

Falls Θ hoch-dimensional ist, also $\Theta \subseteq \mathbb{R}^k, k \gg 1$,
so sind klassische Schätzmethoden oftmals suboptimal.

Einige moderne Schätzmethoden für diesen Fall sind:

- Regularisierte Schätzer
(mit einem **Strafterm** für Komplexität)
- Schrumpfungs- bzw. Shrinkage-Schätzer
(James-Stein, etc.)
- Statistische Lernverfahren (ERM, SRM, ...)

Übersicht

- 1 Punktschätzung
- 2 Konfidenzbereiche
- 3 Hypothesentests
- 4 Anwendungsbeispiel: Genetische Assoziationsstudien

Definition: (Statistischer Test)

Y : Zufallsgröße mit Werten in \mathcal{Y} ,
 $(\mathcal{Y}, \mathcal{B}(\mathcal{Y}), (\mathbb{P}_\theta)_{\theta \in \Theta})$ statistisches Modell

Aufgabe: Teste $H_0 : \theta \in \Theta_0$ gegen $H_1 : \theta \in \Theta_1 = \Theta \setminus \Theta_0$
auf der Basis der Daten $Y = y$.

(Nicht-randomisierter) statistischer Test:

$\varphi : \mathcal{Y} \rightarrow \{0, 1\}$ mit der Konvention

$\varphi(y) = 1 \iff H_0$ wird zu Gunsten von H_1 verworfen,

$\varphi(y) = 0 \iff H_0$ wird beibehalten (also nicht verworfen).

Randomisierter Test:

$\varphi : \mathcal{Y} \rightarrow [0, 1]$ liefert eine Ablehnwahrscheinlichkeit.

Entscheidungsstruktur, Bezeichnungen

$\varphi(y)$	H_0 wahr	H_0 falsch
1	Typ I-Fehler	Güte
0	Niveau	Typ II-Fehler

H_0 einfach (einelementig)	$ \Theta_0 = 1$
H_0 zusammengesetzt	$ \Theta_0 > 1$ (z. B. ein Intervall auf \mathbb{R})

φ einseitig	$\Theta_1 \subseteq \mathbb{R}$ auf einer Seite beschränkt
φ zweiseitig	$\Theta_1 \subseteq \mathbb{R}$ beidseitig unbeschränkt

Teststatistik, Niveau α -Test, Gütfunktion

Eine Teststatistik ist eine Abbildung $T : \mathcal{Y} \rightarrow \mathbb{R}$.

Für vorgegebenes $\alpha \in [0, 1]$ sei eine Ablehnregion $\Gamma_\alpha \subset \mathbb{R}$ so, dass

$$\sup_{\theta \in \Theta_0} \mathbb{P}_\theta(T \in \Gamma_\alpha) \leq \alpha.$$

Dann definiert $\varphi(y) = \mathbf{1}_{\Gamma_\alpha}(T(y))$ einen Test zum Signifikanzniveau α .

Gütfunktion: $\beta_\varphi(\theta) = \mathbb{P}_\theta(T \in \Gamma_\alpha)$ für $\theta \in \Theta_1$

Optimale Signifikanztests

Definition:

Ein Test φ heißt *gleichmäßig bester Niveau α -Test*, falls für jeden anderen Niveau α -Test $\tilde{\varphi}$ gilt:

$$\forall \theta_1 \in \Theta_1 : \beta_{\tilde{\varphi}}(\theta_1) \leq \beta_{\varphi}(\theta_1)$$

Leider existieren gleichmäßig beste Niveau α -Tests nur in eingeschränkten Modellklassen bzw. nur für spezielle Typen von Testproblemen.

Lemma: (Neyman-Pearson-Test)

Betrachte zwei einfache Hypothesen $H_0 : \theta = \theta_0$ und $H_1 : \theta = \theta_1$.

Dann ist der Neyman-Pearson-Test, gegeben durch

$$\varphi(y) = \begin{cases} 0, & \text{falls } q(y) < c_\alpha \\ \gamma, & \text{falls } q(y) = c_\alpha, \\ 1, & \text{falls } q(y) > c_\alpha, \end{cases} \quad \text{wobei } q(y) = \frac{Z(y, \theta_1)}{Z(y, \theta_0)}$$

den Likelihood-Quotienten bezeichnet, der beste Niveau α -Test.

Dabei werden $c_\alpha \in \mathbb{R}$ und $\gamma \in [0, 1]$ so gewählt, dass $\mathbb{P}_{\theta_0}(\varphi = 1) = \alpha$ gilt.

Kritische Werte

Der Wert c_α heißt **kritischer Wert** des Tests.

Falls der Likelihood-Quotient monoton in einer Statistik T ist, so können wir äquivalenterweise **kritische Werte** für $T(y)$ angeben.

Ist nämlich z. B. $q(y) = f(T(y))$ für strikt isotones f , so ist

$$q(y) > c_\alpha \iff T(y) > f^{-1}(c_\alpha).$$

Somit ist dann $f^{-1}(c_\alpha)$ der kritische Wert für $T(y)$.

(Allgemeiner) Likelihood-Quotienten-Test

Für ein allgemeines Testproblem $H_0 : \theta \in \Theta_0$ gegen $H_1 : \theta \in \Theta_1$ kann der Likelihood-Quotienten (LQ)-Test verwendet werden, der als Teststatistik den Likelihood-Quotienten Λ verwendet.

Dieser ist gegeben durch

$$\Lambda(y) = \frac{\sup_{\theta \in \Theta} Z(y, \theta)}{\sup_{\theta \in \Theta_0} Z(y, \theta)} \in [1, \infty].$$

Große Werte von $\Lambda(y)$ sprechen für H_1 .

p-Wert

Der zu einem gegebenen Test φ gehörige *p*-Wert bezeichnet das **kleinste Signifikanzniveau $\alpha_{\min}(y)$** , zu dem H_0 gerade noch abgelehnt werden kann, wenn $Y = y$ beobachtet wurde. Man spricht daher auch vom **beobachteten Signifikanzniveau von φ gegeben $Y = y$** .

Statistik-Software-Systeme geben typischerweise *p*-Werte statt expliziter Testentscheidungen aus.

Die Nullhypothese H_0 kann bei beobachteter Stichprobe $Y = y$ zu Gunsten von H_1 zum Niveau α verworfen werden, falls der entsprechende *p*-Wert kleiner ist als α .

Beispiel: Binomialtest

Angenommen, wir möchten prüfen, ob eine gewisse Münze "fair" ist oder nicht: $H_0 : p = p_0 = 0.5$ versus $H_1 : p \neq p_0$

```
> binom.test(15,20,p=0.5,alternative="two.sided")  
  
Exact binomial test  
  
number of successes = 15, number of trials = 20, p-value = 0.04139  
alternative hypothesis: true probability of success is not equal to 0.5  
95 percent confidence interval: 0.5089541 0.9134285  
sample estimates: probability of success = 0.75
```

Dualität von Tests und Konfidenzbereichen:

Wir verwerfen $H_0 : p = p_0$ zum Niveau α , falls das $(1 - \alpha)$ -Konfidenzintervall für p den Wert p_0 **nicht überdeckt**.

Einstichproben-*t*-Test

Seien Y_1, \dots, Y_n i. i. d. mit $Y_1 \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$, für unbekannte Parameterwerte μ und σ^2 .

$H_0 : \mu = \mu_0$ (oder auch einseitige Nullhypothese)

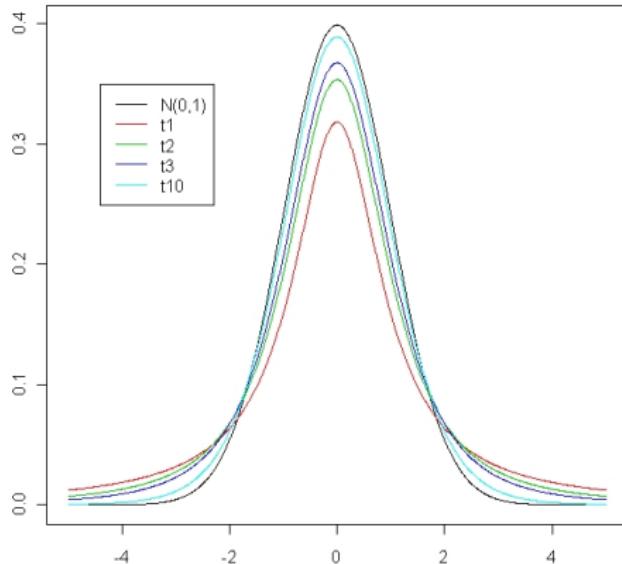
Teststatistik:

$$T(Y) = \frac{\sqrt{n(n-1)}(\bar{Y} - \mu_0)}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2}}$$

es kann gezeigt werden, dass $|T(y)|$ (bzw. $T(y)$) eine monotone Transformation des Likelihood-Quotienten $\Lambda(y)$ ist.

Ferner gilt $T(Y) \underset{H_0}{\sim} t_{n-1}$ unabhängig von μ_0 und σ^2 (Student, 1908).

Dichten von Studentischen t -Verteilungen



Kritische Bereiche

Ablehnungsbereiche Γ_α der Niveau α - t -Tests
für ein- bzw. zweiseitige Hypothesen:

H_0	H_1	Γ_α
$\mu \leq \mu_0$	$\mu > \mu_0$	$\{y \in \mathcal{Y} : T(y) > t_{n-1;1-\alpha}\}$
$\mu \geq \mu_0$	$\mu < \mu_0$	$\{y \in \mathcal{Y} : T(y) < -t_{n-1;1-\alpha}\}$
$\mu = \mu_0$	$\mu \neq \mu_0$	$\{y \in \mathcal{Y} : T(y) > t_{n-1;1-\alpha/2}\}$

Dabei bezeichnet $t_{n-1;\gamma}$ das γ -Quantil der Studentischen t -Verteilung mit $n - 1$ Freiheitsgraden.

Einstichproben-*t*-Test in R

Temperatur-Datensatz `temp` sei gegeben.

Nullhypothese: Erwartete Temperatur ist $\leq 37^{\circ}\text{C}$

```
> temp<-c(36.8,37.2,37.5,36.9,37.0,37.4,37.9,38.0)
> t.test(temp, alternative="greater", mu=37)
```

One Sample **t**-test

```
data: temp
t = 2.1355, df = 7, p-value = 0.03505
alternative hypothesis: true mean is greater than 37
95 percent confidence interval:
 37.03807      Inf
sample estimates:
mean of x
37.3375
```

Fallzahlabschätzung (I)

Beispielhaft:

Einseitiges Hypothesenpaar $H_0 : \mu \leq \mu_0$ versus $H_1 : \mu > \mu_0$
Analysiere Trennschärfe (Güte) als Funktion in n .

Eine Differenz $\delta = \mu - \mu_0$ soll mit Wahrscheinlichkeit $(1 - \beta) \in (0, 1)$ aufgedeckt werden können, d. h., unter $\mu_1 = \mu_0 + \delta$ soll $\beta_\varphi(\mu_1) = 1 - \beta$ gelten.

Fallzahlabschätzung (II)

Sei $\nu := n - 1$. Wir rechnen:

$$\begin{aligned}1 - \beta &\stackrel{!}{=} \mathbb{P}_{\mu_1} \left(\sqrt{n} \frac{(\bar{X} - \mu_0)}{s} > t_{\nu;1-\alpha} \right) \\&= \mathbb{P}_{\mu_1} \left(\sqrt{n} \frac{(\bar{X} - \mu_1)}{s} > t_{\nu;1-\alpha} - \sqrt{n} \frac{\delta}{s} \right), \text{ also}\end{aligned}$$

$$t_{\nu;1-\alpha} - \sqrt{n}\delta/s \stackrel{!}{=} t_{\nu;\beta} \iff \textcolor{blue}{n = (s/\delta)^2 \cdot (t_{\nu;\alpha} + t_{\nu;\beta})^2}.$$

Problem: Man benötigt eine Vorschätzung von s !

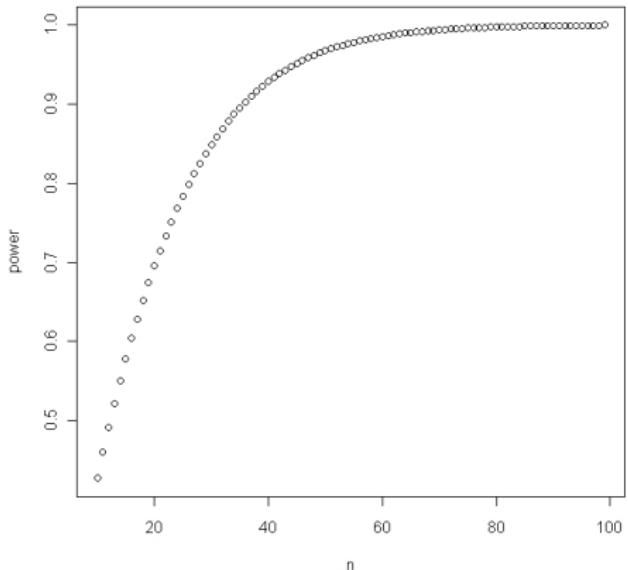
Powerberechnung in R

```
> d<-15;s<-30;r<-d/s;alpha<-0.05;beta<-0.2
> n1<-ceiling((qnorm(1-alpha)+qnorm(1-beta))^2/(r^2));n1
[1] 25
> n2<-ceiling((qt(1-alpha,n1-1)+qt(1-beta,n1-1))^2/(r^2));n2
[1] 27
> n3<-ceiling((qt(1-alpha,n2-1)+qt(1-beta,n2-1))^2/(r^2));n3
[1] 27
> power.t.test(delta=15,sd=30,sig.level=0.05,power=0.80,
+ type="one.sample",alternative="one.sided")
```

One-**sample t test power calculation**

```
n = 26.13751
delta = 15
sd = 30
sig.level = 0.05
power = 0.8
alternative = one.sided
```

Grafik: Fallzahlabschätzung (beispielhaft)



χ^2 -Anpassungstest

Beobachtbar seien reellwertige i.i.d. Zufallsvariablen mit unbekannter Verteilungsfunktion F von Y_1 .

Zu testen sei $H_0 : F = F_0$ gegen $H_1 : F \neq F_0$.

Beobachtungen werden aufgeteilt in m Klassen mit beobachteten Häufigkeiten $n_j, j = 1, \dots, m$.

Wir vergleichen diese mit den unter F_0 erwarteten Häufigkeiten $n_{j,0}, j = 1, \dots, m$.

Teststatistik des χ^2 -Anpassungstests:

$$T(n_1, \dots, n_m) = \sum_{j=1}^m \frac{(n_j - n_{j,0})^2}{n_{j,0}}$$

Unter H_0 ist diese Teststatistik T für große Stichprobenumfänge approximativ Chi-Quadrat-verteilt mit $m - 1$ Freiheitsgraden.

Ablehnbereich des zugehörigen χ^2 -Signifikanztests:

$$\Gamma_\alpha = (\chi_{m-1;1-\alpha}^2, \infty),$$

wobei $\chi_{m-1;1-\alpha}^2$ das $(1 - \alpha)$ -Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit $m - 1$ Freiheitsgraden bezeichnet.

Anwendungsbeispiel: χ^2 -Test

Problem: Teste nach 60 Würfen, ob ein Würfel fair ist.

```
> AZ<-c(1,2,3,4,5,6)
> H<-c(7,12,9,15,7,10)
> chisq.test(H)
```

Chi-squared test **for** given probabilities

```
data: H
X-squared = 4.8, df = 5, p-value = 0.4408
```

χ^2 -Unabhängigkeitstest

Angenommen, wir beobachten n Tupel $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$ zweier diskreter Merkmale.

Mögliche Werte für Merkmal X :

a_1, a_2, \dots, a_k

Mögliche Werte für Merkmal Y :

b_1, b_2, \dots, b_ℓ

Wir möchten prüfen, ob X stochastisch unabhängig von Y ist oder nicht.

Kontingenztafel

Die Kontingenztafel (auch: $(k \times \ell)$ -Feldertafel) ist die Matrix der absoluten Häufigkeiten aller Kombinationen (a_i, b_j) , $1 \leq i \leq k$, $1 \leq j \leq \ell$, in der Stichprobe vom Umfang n .

	b_1	b_2	\dots	b_ℓ	\sum
a_1	n_{11}	n_{12}	\dots	$n_{1\ell}$	$n_{1\cdot}$
a_2	n_{21}	n_{22}	\dots	$n_{2\ell}$	$n_{2\cdot}$
\dots	\dots	\dots	\dots	\dots	\dots
a_k	n_{k1}	n_{k2}	\dots	$n_{k\ell}$	$n_{k\cdot}$
\sum	$n_{\cdot 1}$	$n_{\cdot 2}$	\dots	$n_{\cdot \ell}$	n

Teststatistik des χ^2 -Unabhängigkeitstests

$$Q((n_{ij})) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{\ell} \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}},$$

wobei $e_{ij} = n_i \cdot n_j / n$ die unter H_0 erwartete absolute Häufigkeit von Merkmalskombination (a_i, b_j) in der Stichprobe vom Umfang n bezeichnet, gegeben die Randhäufigkeiten $\mathbf{n} = (n_{1.}, n_{2.}, \dots, n_{k.}, n_{.1}, n_{.2}, \dots, n_{.\ell}) \in \mathbb{N}^{k+\ell}$.

Testentscheidung des χ^2 -Unabhängigkeitstests

Unter H_0 ist diese Teststatistik Q für große Stichprobenumfänge approximativ Chi-Quadrat-verteilt mit $(k - 1) \times (\ell - 1)$ Freiheitsgraden.

Ablehnbereich des zugehörigen χ^2 -Signifikanztests:

$$\Gamma_\alpha = (\chi_{(k-1)\times(\ell-1);1-\alpha}^2, \infty),$$

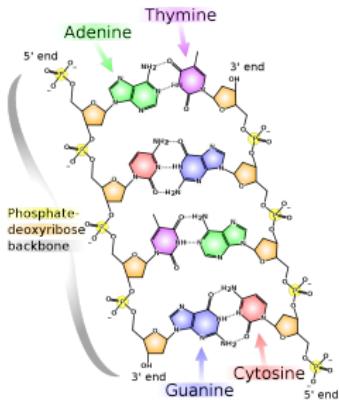
wobei $\chi_{(k-1)\times(\ell-1);1-\alpha}^2$ das $(1 - \alpha)$ -Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit $(k - 1) \times (\ell - 1)$ Freiheitsgraden bezeichnet.

Übersicht

- 1 Punktschätzung
- 2 Konfidenzbereiche
- 3 Hypothesentests
- 4 Anwendungsbeispiel: Genetische Assoziationsstudien

Genetische Assoziationsstudien

Fragestellung: Welche **Genorte** sind mit gewissen Phänotypen (typischerweise: Krankheiten) assoziiert?



SNiPs or SNPs =
sites of variation in the genome
(spelling mistakes)

Karen	AGCTTGAC TCCATGATGATT
Debo	AGCTTGAC GCCATGATGATT
Jose	AGCTTGAC TCCC TGATGATT
Thomas	AGCTTGAC CCC TGATGATT
Anupriya	AGCTTGAC TCCA TGATGATT
Robert	AGCTTGAC GCA TGATGATT
Michelle	AGCTTGAC CCC TGATGATT
Zhijun	AGCTTGAC CCC TGATGATT

Typische Dimensionalität: **500.000 – 2.5 Mio.**
Genorte gleichzeitig analysieren!

Kontingenztafeln in genetischen Fall-Kontroll-Assoziationsstudien

An einem gegebenen Genort lässt sich das Datenmaterial wie folgt zusammenfassen.

SNP-Ausprägung	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Σ
krank	$n_{1,1}$	$n_{1,2}$	$n_{1,3}$	$n_{1.}$
gesund	$n_{2,1}$	$n_{2,2}$	$n_{2,3}$	$n_{2.}$
Σ	$n_{.1}$	$n_{.2}$	$n_{.3}$	n

Im Falle allelischer Tests:

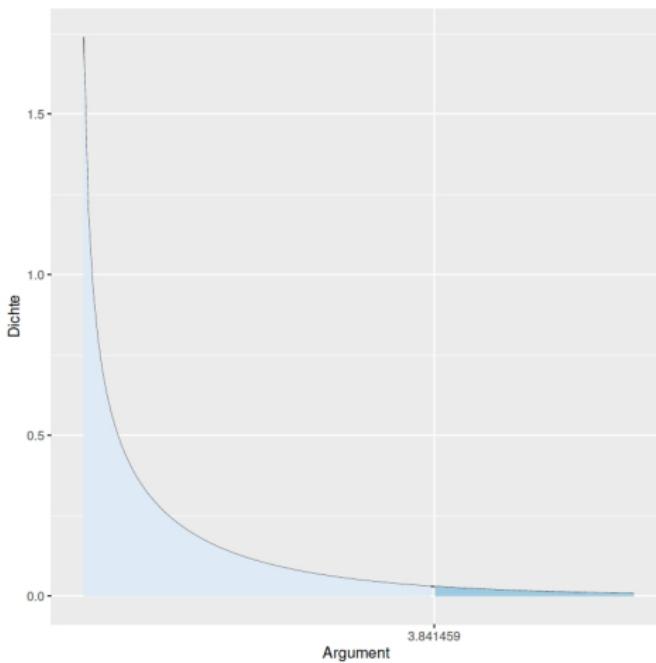
Allel	A_1	A_2	Σ
krank	$n_{1,1}$	$n_{1,2}$	$n_{1.}$
gesund	$n_{2,1}$	$n_{2,2}$	$n_{2.}$
Σ	$n_{.1}$	$n_{.2}$	n

Nullhypothese und Alternativhypothese für einen gegebenen Genort

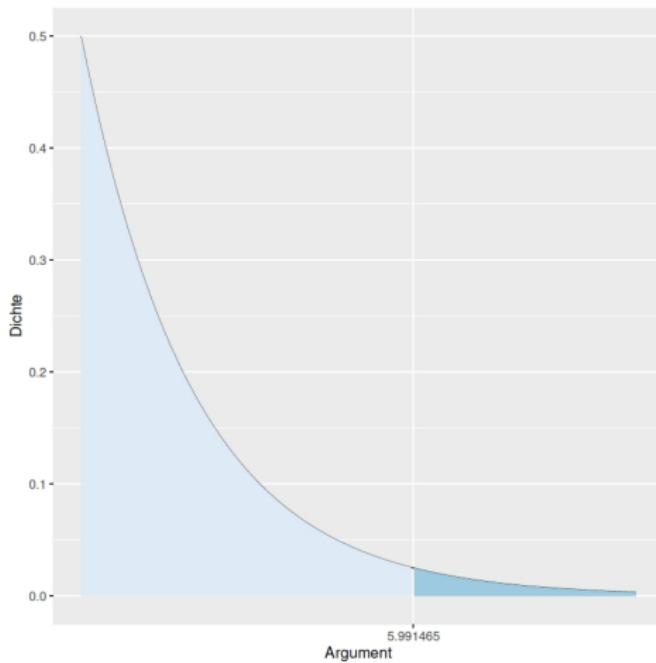
In unserem Fall ist eine adäquate Formulierung z. B.:

- H_0 : Am betrachteten Genort gibt es **keine** Assoziation zwischen Genotyp und Phänotyp,
- H_1 : Am betrachteten Genort gibt es **eine** Assoziation zwischen Genotyp und Phänotyp.

Chi-Quadrat-Verteilung mit einem Freiheitsgrad



Chi-Quadrat-Verteilung mit zwei Freiheitsgraden



Zahlenbeispiel (I)

Angenommen, wir haben an einem bestimmten Genort die folgende (2×2) -Kontingenttafel beobachtet.

Allel	A_1	A_2	Σ
krank	32	10	42
gesund	40	20	60
Σ	72	30	102

Wir erhalten

$$e_{11} = \frac{42 \cdot 72}{102} \approx 29,65, \quad e_{12} = \frac{42 \cdot 30}{102} \approx 12,35$$

$$e_{21} = \frac{60 \cdot 72}{102} \approx 42,35, \quad e_{22} = \frac{60 \cdot 30}{102} \approx 17,65$$

Zahlenbeispiel (I)

Angenommen, wir haben an einem bestimmten Genort die folgende (2×2) -Kontingenttafel beobachtet.

Allel	A_1	A_2	Σ
krank	32	10	42
gesund	40	20	60
Σ	72	30	102

Wir erhalten

$$e_{11} = \frac{42 \cdot 72}{102} \approx 29,65, \quad e_{12} = \frac{42 \cdot 30}{102} \approx 12,35$$

$$e_{21} = \frac{60 \cdot 72}{102} \approx 42,35, \quad e_{22} = \frac{60 \cdot 30}{102} \approx 17,65$$

Zahlenbeispiel (II)

Daraus ergibt sich

$$Q((n_{ij})) = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}} \approx 1,0794.$$

Wählen wir als Signifikanzniveau $\alpha = 5\%$, so ist der kritische Wert c_α des Tests gegeben als das 95%-Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit einem Freiheitsgrad.

Nachschauen in einer Tabelle oder Benutzung von Computer-Software liefert $c_\alpha \approx 3,841$.

Also wird H_0 zum 5%-Niveau auf der Basis der Daten nicht abgelehnt.

Zahlenbeispiel (II)

Daraus ergibt sich

$$Q((n_{ij})) = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}} \approx 1,0794.$$

Wählen wir als Signifikanzniveau $\alpha = 5\%$, so ist der kritische Wert c_α des Tests gegeben als das 95%-Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit einem Freiheitsgrad.

Nachschauen in einer Tabelle oder Benutzung von Computer-Software liefert $c_\alpha \approx 3,841$.

Also wird H_0 zum 5%-Niveau auf der Basis der Daten nicht abgelehnt.

Zahlenbeispiel (II)

Daraus ergibt sich

$$Q((n_{ij})) = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}} \approx 1,0794.$$

Wählen wir als Signifikanzniveau $\alpha = 5\%$, so ist der kritische Wert c_α des Tests gegeben als das 95%-Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit einem Freiheitsgrad.

Nachschauen in einer Tabelle oder Benutzung von Computer-Software liefert $c_\alpha \approx 3,841$.

Also wird H_0 zum 5%-Niveau auf der Basis der Daten nicht abgelehnt.

Zahlenbeispiel (II)

Daraus ergibt sich

$$Q((n_{ij})) = \sum_{i=1}^2 \sum_{j=1}^2 \frac{(n_{ij} - e_{ij})^2}{e_{ij}} \approx 1,0794.$$

Wählen wir als Signifikanzniveau $\alpha = 5\%$, so ist der kritische Wert c_α des Tests gegeben als das 95%-Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung mit einem Freiheitsgrad.

Nachschauen in einer Tabelle oder Benutzung von Computer-Software liefert $c_\alpha \approx 3,841$.

Also wird H_0 zum 5%-Niveau auf der Basis der Daten nicht abgelehnt.

*Statistical Applications in Genetics
and Molecular Biology*

Volume 11, Issue 4

2012

Article 12

How to analyze many contingency tables
simultaneously in genetic association studies

Thorsten Dickhaus, *Humboldt-University, Berlin*

Klaus Straßburger, *German Diabetes Center, Düsseldorf*

Daniel Schunk, *Johannes Gutenberg-Universität Mainz and
University of Zurich*

Carlos Morcillo-Suarez, *Universitat Pompeu Fabra,
Barcelona*

Thomas Illig, *Helmholtz Zentrum München*

Arcadi Navarro, *ICREA and Universitat Pompeu Fabra,
Barcelona*