

9 Jednovýběrové neparametrické testy

9.1 Znaménkový jednovýběrový exaktní test

Nechť X_1, \dots, X_{1n} , $n \geq 2$ je náhodný výběr ze spojitého rozdělení a necht' \tilde{x}_0 je konstanta. Na hladině významnosti α testujeme jednu z následujících tří hypotéz oproti příslušné alternativní hypotéze.

$$\begin{array}{lll} H_{01} : \tilde{x} = \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 \quad (\text{oboustranná alt.}) \\ H_{02} : \tilde{x} \leq \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 \quad (\text{pravostranná alt.}) \\ H_{03} : \tilde{x} \geq \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 \quad (\text{levostranná alt.}) \end{array}$$

Test nazýváme jednovýběrový znaménkový test o mediánu \tilde{x} . Testovací statistika má tvar

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0), \quad (9.1)$$

$I(X_i - \tilde{x}_0 > 0)$ je indikační funkce, která nabývá hodnoty 1, pokud $X_i - \tilde{x}_0 > 0$, a hodnoty 0, pokud $X_i - \tilde{x}_0 \leq 0$. S_E udává tedy počet kladných rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$. Za platnosti nulové hypotézy pochází statistika S_E z binomického rozdělení s parametry $N = m$, kde m je počet nenulových rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, a $p = \frac{1}{2}$, tj.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) \stackrel{H_0}{\sim} \text{Bin} \left(m, \frac{1}{2} \right).$$

Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & W = \left(-\infty; b_{m,1/2}(\alpha/2) - 1 \right) \cup \left(b_{m,1/2}(1 - \alpha/2); \infty \right) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & W = \left(b_{m,1/2}(1 - \alpha); \infty \right) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & W = \left(-\infty; b_{m,1/2}(\alpha) - 1 \right) \end{array}$$

kde m je počet nenulových rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, $b_{m,1/2}(\alpha/2)$, $b_{m,1/2}(1 - \alpha/2)$, $b_{m,1/2}(\alpha)$ a $b_{m,1/2}(1 - \alpha)$ jsou kvantily binomického rozdělení, jejichž hodnoty získáme pomocí \mathcal{R} a implementované funkce `qbinom()`.

Interval spolehlivosti má podle zvolené alternativní hypotézy jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & (d, h) = \left(X^{(b_{n,1/2}(\alpha/2))}; X^{(b_{n,1/2}(1-\alpha/2)+1)} \right) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & (d, \infty) = \left(X^{(b_{n,1/2}(\alpha))}; \infty \right) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & (-\infty, h) = \left(-\infty; X^{(b_{n,1/2}(1-\alpha)+1)} \right) \end{array}$$

kde n je rozsah náhodného výběru, $X^{(1)} \leq \dots \leq X^{(n)}$ značí vzestupně seřazené hodnoty X_i , $i = 1, \dots, n$, a $X^{(k)}$ značí k -tou hodnotu v seřazené posloupnosti $X^{(1)} \leq \dots \leq X^{(n)}$.

p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \leq s_E) \end{array}$$

kde S_E je náhodná veličina pocházející z binomického rozdělení, s_E je realizace testovací statistiky S_E (viz vzorec 9.1), tedy konkrétní číslo, $\Pr(S_E \geq s_E) = 1 - \Pr(S_E < s_E) = 1 - \Pr(S_E \leq s_E - 1)$, což vyplývá z faktu, že náhodná veličina S_E pochází z binomického (diskrétního) rozdělení (viz kapitola ??), a $\Pr(S_E \leq s_E)$, resp. $\Pr(S_E \leq s_E - 1)$ je distribuční funkce binomického rozdělení, jejíž hodnotu získáme pomocí \mathcal{R} a implementované funkce `pbinom()`.

Poznámka: Všimněme si, že ve vzorcích intervalu spolehlivosti figuruje rozsah náhodného výběru n , zatímco ve vzorcích hranic kritického oboru a u p -hodnoty pracujeme s počtem nenulových rozdílů m .

Příklad 9.1. Znaménkový jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv a proměnnou humer.DR popisující největší délku hlavice ramenní kosti z pravé strany v mm u skeletů z období raného středověku z oblasti *Staubing* (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje ze studie (Mall et al.) z roku 1999, v rámci které byla měřena největší délka hlavice ramenní kosti u mužů současné německé populace ($m_m = 50.0$ mm, $n_m = 64$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda existuje rozdíl mezi největší délkou hlavice ramenní kosti z pravé strany u mužů z raně středověké německé populace a u mužů současné německé populace.

Řešení příkladu 9.1

Pomocí příkazu `read.delim()` načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` vybereme z datové tabulky údaje o největší délce hlavice ramenní kosti z pravé strany (`humer.DR`) u mužů (`sex == 'm'`) z oblasti *Staubing* (`pop == 'Staubing'`). Z vektoru naměřených hodnot odstraníme chybějící údaje (`na.omit()`) zjistíme rozsah náhodného výběru (`length()`).

```
1 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
2 head(data)
3 humer.DRM <- data[data$pop == 'Staubing' & data$sex == 'm', 'humer.DR']
4 humer.DRM <- na.omit(humer.DRM)
5 n <- length(humer.DRM) # 12
```

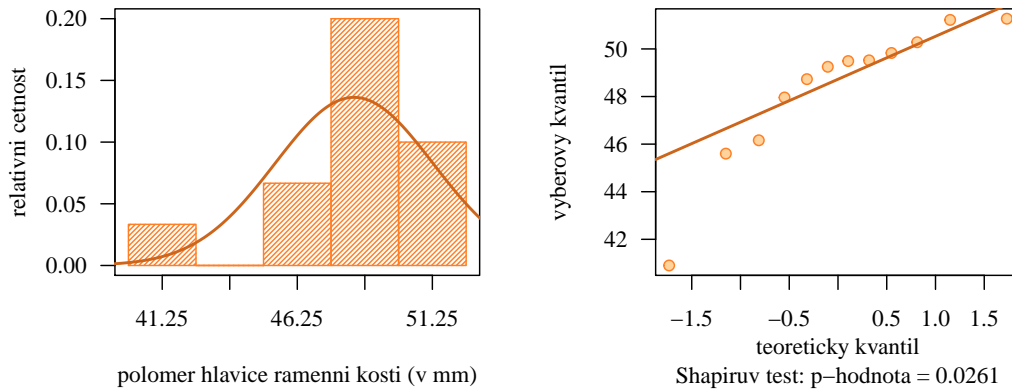
Datový soubor obsahuje údaje o největší délce hlavice ramenní kosti z pravé strany u 12 mužů raně středověké německé populace.

Naším úkolem ze zadání je porovnat střední hodnoty dvou německých populací, přičemž u jedné populace (německé raně středověké populace) máme k dispozici naměřené hodnoty. Na základě těchto hodnot můžeme zjistit, zda náhodný výběr pochází z normálního rozdělení, tj. zda náhodná veličina X popisující největší délku hlavice ramenní kosti u mužů raně středověké populace pochází z normálního rozdělení, tj. $X \sim N(\mu, \sigma^2)$, kde skutečný rozptyl σ^2 neznáme. Druhá populace (současná německá populace) je reprezentována pouze hodnotou aritmetického průměru ($m_R = 50.00$ mm). Řešení příkladu tedy vede na situaci, kdy střední hodnotu jednoho náhodného výběru (jehož skutečnou hodnotu rozptylu neznáme) porovnáváme s konkrétním číslem, tedy na jednovýběrový test o střední hodnotě μ při neznámém rozptylu σ^2 (viz kapitola ??). Jediným předpokladem k použití tohoto testu je normalita náhodného výběru naměřených délek hlavic ramenních kostí. Před použitím testu tedy tento předpoklad ověříme.

Jelikož je rozsah náhodného výběru menší než 30, ověříme předpoklad normality Shapiro-Wilkovým testem ($\alpha = 0.05$). Grafické ověření provedeme na základě kvantilového diagramu a histogramu superponovaného křivkou normálního rozdělení, jejíž parametry odhadneme pomocí výběrového průměru a výběrového rozptylu (viz obrázek 1). Datový soubor rozdělíme do pěti ekvidistatních intervalů s šířkou 3 mm prostřednictvím stanovených hranic 37, 40, ..., 52.

Protože p -hodnota = 0.0261 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě dat zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z histogramu na obrázku 1 vidíme, že naměřené hodnoty jsou vyšikmené doprava s chvostem na levé straně a tvar křivky hustoty normálního rozdělení příliš dobře nekopírují. Na kvantilovém diagramu je zřejmé odchýlení bodů od referenční křivky zejména na levém chvostu. Náhodný výběr největších délek hlavice ramenní kosti mužů z raně středověké německé populace tedy nepochází z normálního rozdělení.

Protože náhodný výběr nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme hypotézu ze zadání otestovat pomocí parametrického testu o střední hodnotě μ podle metod uvedených v sekci ???. K testování hypotézy musíme použít neparametrickou alternativu tohoto testu. Zde konkrétně použijeme znaménkový jednovýběrový test. Jelikož rozsah náhodného výběru je menší než 30, použijeme exaktní variantu znaménkového testu. Naším úkolem je zjistit, zda existuje rozdíl mezi největší délkou hlavice ramenní kosti z pravé strany u mužů z raně středověké německé populace a u mužů současné německé populace. Tato věta bude součástí alternativní hypotézy, neboť rozdíl implikuje nerovnost a nerovnost je vždy součástí alternativní hypotézy. Nulovou hypotézu potom stanovíme jako doplněk k alternativní hypotéze. Závěrem poznamenejme, že zatímco u parametrických testů (viz kapitola ??) figuruje v



Obrázek 1: Histogram a kvantilový diagram poloměru hlavice ramenní kosti na pravé straně u skeletů mužů z raně středověké populace z oblasti Staubing

hypotézách pojem *střední hodnota*, u neparametrických testů tento pojem nahrazujeme neparametrických ekvivalentem, kterým je *medián*. Testování provedeme v posloupnosti sedmi kroků.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy
 H_0 : Medián největší délky hlavice ramenní kosti raně středověké německé populace je shodný s mediánem největší délky hlavice ramenní kosti na pravé straně mužů současné německé populace.
 H_1 : Medián největší délky hlavice ramenní kosti raně středověké německé populace není shodný s mediánem největší délky hlavice ramenní kosti na pravé straně mužů současné německé populace.
- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy
 H_0 : $\tilde{x} = \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 50.00$
 H_1 : $\tilde{x} \neq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 50.00$ (oboustranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**
 Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, a stanovíme, které rozdíly jsou kladné. (viz tabulka 1).

Tabulka 1: Naměřené hodnoty X_i , rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$ a znaménka těchto rozdílů

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
X_i	49.83	47.96	49.49	48.73	49.25	40.90	51.22	51.27	46.16	49.52	50.28	45.60
$X_i - \tilde{x}_0$	-0.17	-2.04	-0.51	-1.27	-0.75	-9.10	1.22	1.27	-3.84	-0.48	0.28	-4.40
+/-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-

Z tabulky 1 vidíme, že celkem tři rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 12$ jsou kladné. Hodnota testovací statistiky S_E , která je definovaná jako počet kladných rozdílů, bude tedy rovná 3.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{13} I(X_i - 50 > 0) = 3.$$

```

6 x0 <- 50.00
7 I <- (humer.DRM > x0)
8 tab <- data.frame(rbind("Xi" = humer.DRM, "Xi-x0" = humer.DRM - x0, "+/-" = I))
9 names(tab) <- 1 : 12
10 #
11 # Xi      49.83 47.96 49.49 48.73 49.25 40.9 51.22 51.27 46.16 49.52 50.28 45.6
12 # Xi-x0  -0.17 -2.04 -0.51 -1.27 -0.75 -9.1  1.22  1.27 -3.84 -0.48  0.28  -4.4
13 # +/-     0.00  0.00  0.00  0.00  0.00  0.0  1.00  1.00  0.00  0.00  1.00  0.0
14 SE <- sum(I) # 3

```

- **Kritický obor**

Z tabulky 1 dále vidíme, že žádný z celkového počtu $n = 12$ rozdílů není nulový, a tedy počet nenulových rozdílů $m = 12$. Počet nenulových rozdílů využíváme při stanovení hranic kritického oboru a později také u výpočtu p -hodnoty.

$$\begin{aligned}
W &= (-\infty; b_{m,1/2}(\alpha/2) - 1) \cup (b_{m,1/2}(1 - \alpha/2); \infty) \\
&= (-\infty; b_{12,1/2}(0.05/2) - 1) \cup (b_{12,1/2}(1 - 0.05/2); \infty) \\
&= (-\infty; b_{12,1/2}(0.025) - 1) \cup (b_{12,1/2}(0.975); \infty) \\
&= (-\infty; 3 - 1) \cup (9; \infty) \\
&= (-\infty; 2) \cup (9; \infty)
\end{aligned}$$

```

15 m <- sum(humer.DRM - x0 != 0) # 12
16 alpha <- 0.05
17 q1 <- qbinom(alpha / 2, m, 1 / 2) - 1 # 2
18 q2 <- qbinom(1 - alpha / 2, m, 1 / 2) # 9

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 3$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_E \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 95 % intervalu spolehlivosti, musíme nejprve naměřené hodnoty největší délky hlavice ramenní kosti vzestupně seřadit. To provedeme jednoduše příkazem `sort()`. Seřazené hodnoty jsou k dispozici v tabulce 2.

Tabulka 2: Seřazené hodnoty největší délky hlavice ramenního kloubu

pořadí	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	13
seřazené X_i	40.90	45.60	46.16	47.96	48.73	49.25	49.49	49.52	49.83	50.28	51.22	51.27

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří ty hodnoty, které se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(\alpha/2))$ -té pozici a na $(b_{n,1/2}(1 - \alpha/2) + 1)$ -té pozici. Hodnoty $b_{n,1/2}(\alpha/2)$ a $b_{n,1/2}(1 - \alpha/2) + 1$ nalezneme opět pomocí funkce `qbinom()`.

$$\begin{aligned}
(d, h) &= (X^{(b_{n,1/2}(\alpha/2))}; X^{(b_{n,1/2}(1-\alpha/2)+1)}) \\
&= (X^{(b_{12,1/2}(0.05/2))}; X^{(b_{12,1/2}(1-0.05/2)+1)}) \\
&= (X^{(3)}; X^{(10)}) \\
&= (46.16; 50.28)
\end{aligned}$$

```

19 qbinom(alpha / 2, n, 1 / 2) # 3
20 qbinom(1 - alpha / 2, n, 1 / 2) + 1 # 10
21 humer.DRMs[3] # 46.16
22 humer.DRMs[10] # 50.28

```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 50.00$ náleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 50.00 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$\begin{aligned}
 p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\
 &= 2 \min\{\Pr(S_E \leq 3), \Pr(S_E \geq 3)\} \\
 &= 2 \min\{\Pr(S_E \leq 3), 1 - \Pr(S_E \leq 2)\} \\
 &= 2 \min\{0.07299805, 0.9807129\} \\
 &= 2 \times 0.07299805 = 0.1459961 \doteq 0.1460
 \end{aligned}$$

```

23 2 * min(pbinom(SE, m, 1 / 2), 1 - pbinom(SE - 1, m, 1 / 2)) # 0.1459961

```

- **Závěr testování**

Protože p -hodnota = 0.1460 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Mezi největší délkou hlavice ramenní kosti na pravé straně u mužů raně středověké a současné populace neexistuje statisticky významný rozdíl.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání náhodného výběru s konstantou $\tilde{x}_0 = 50.00$ zobrazíme nejlépe pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 2).

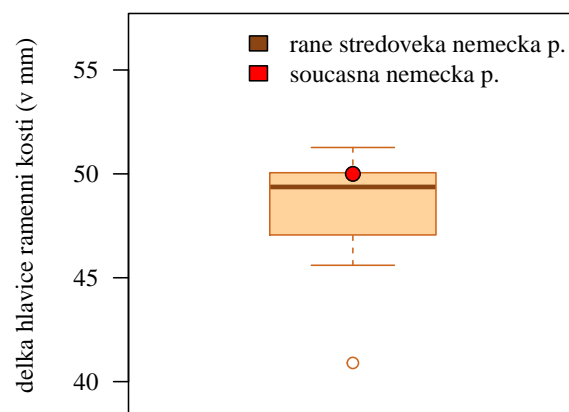
Poznámka: Znaménkový jednovýběrový exaktní test můžeme provést pomocí funkce `SIGN.test()` implementované v knihovně `BSDA`. Vstupními parametry budou vektor reprezentující náhodný výběr (`humer.DRM`), hodnota parametru \tilde{x}_0 z nulové hypotézy zadaná argumentem `md = 50.00`, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ nastavením hodnoty argumentu `conf.level = 0.95` a typ zvolené alternativní hypotézy (oboustranná) zadaný pomocí argumentu `alternative = 'two.sided'`. Součástí výstupu je hodnota mediánu náhodného

```

24 BSDA::SIGN.test(humer.DRM, md = 50.0, conf.level = 0.95,
25                 alternative = 'two.sided') # IS interpolovany

```

výběru `median of x = 49.37`, hodnota testovací statistiky `s = 3`, interpolované hranice 95% Waldova empirického oboustranného intervalu spolehlivosti 46.35145 a 50.23214, které jsou mírně přesnější, než námi stanovené hranice intervalu spolehlivosti (zpřesnění hranic bylo provedeno procesem nazývaným *interpolace*), a p -hodnota `p-value = 0.146`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, jsou dolní a horní hranice kritického oboru. ★



Obrázek 2: Krabicový diagram poloměru hlavice ramenní kosti na pravé straně u skeletů mužů z raně středověké populace z oblasti Staubing

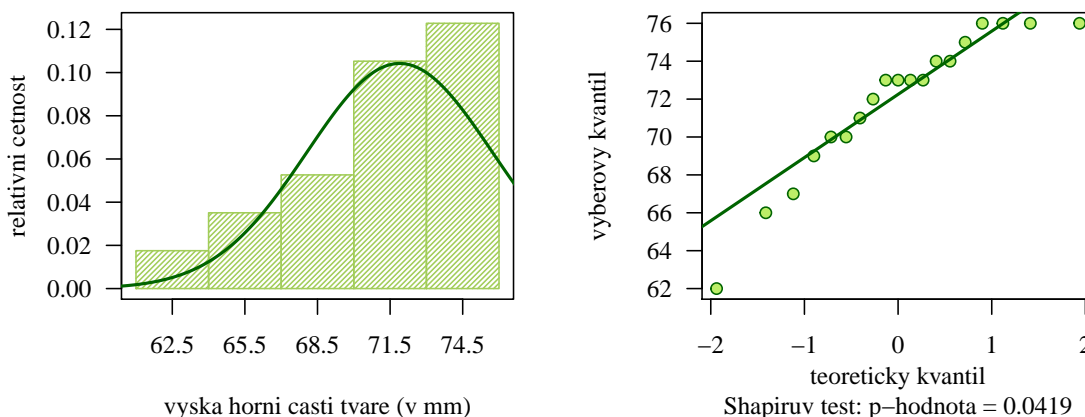
One-sample Sign-Test			
data:	humer.DRM		
s =	3	p-value =	0.146
alternative hypothesis:	true median is not equal to 50		
95 percent confidence interval:	46.35145	50.23214	
sample estimates:	median of x		
	49.37		
Achieved and Interpolated Confidence Intervals:			
	Conf.Level	L.E.pt	U.E.pt
Lower Achieved CI	0.8540	47.9600	49.8300
Interpolated CI	0.9500	46.3515	50.2321
Upper Achieved CI	0.9614	46.1600	50.2800

Příklad 9.2. Znaménkový jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 15-anova-means-skull.txt a proměnnou upface.H popisující výšku horní části tváře mužů německé populace (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje o výšce horní části tváře mužů Černjachovské kultury na území dnešní Ukrajiny ($m_{ck} = 70.00$ mm, $n_{ck} = 99$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.10$ testujte hypotézu, že výška horní části tváře německé mužské populace je menší nebo rovna výšce horní části tváře mužské populace Černjachovské kultury.

Řešení příkladu 9.2

Úvodu tohoto příkladu jsme se věnovali v příkladu ?? v rámci sekce ??. Zde jsme za základě testování normality pomocí Shapiro-Wilkova testu (p -hodnota = 0.0419) a grafické vizualizace (kombinace histogramu a kvantilového diagramu) dospěli k závěru, že náhodný výběr výšek horní části tváře u 19 mužů německé populace nepochází z normálního rozdělení (pro připomenutí viz obrázek 3).



Obrázek 3: Histogram a kvantilový diagram výšky horní části tváře u mužů německé populace

Jelikož data nepochází z normálního rozdělení, není možné otestovat hypotézu ze zadání pomocí parametrického testu o střední hodnotě μ , ale bude potřeba použít neparametrickou alternativu tohoto testu. Vzhledem k nízkému rozsahu náhodného výběru použijeme k otestování hypotézy ze zadání exaktní znaménkový jednovýběrový test. Naším úkolem je testovat (nulovou) hypotézu, že výška horní části tváře německé mužské populace je menší nebo rovna výšce horní části tváře mužské populace Černjachovské kultury. Alternativní hypotézu potom stanovíme jako doplněk k nulové hypotéze. Protože budeme hypotézu ze zadání testovat pomocí neparametrického testu, bude v jejím přesném znění figurovat pojem medián namísto pojmu střední hodnota.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián výšky horní části tváře německé mužské populace je menší nebo roven mediánu výšky horní části tváře mužské populace z Černjachovské kultury.

H_1 : Medián výšky horní části tváře německé mužské populace je větší než medián výšky horní části tváře mužské populace z Černjachovské kultury.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{x} \leq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 70.00$

H_1 : $\tilde{x} > \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 70.00$ (pravostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.10$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, a stanovíme, které rozdíly jsou kladné (viz tabulka 3).

Tabulka 3: Naměřené hodnoty X_i , rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$ a znaménka těchto rozdílů

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
X_i	73	73	67	75	70	62	76	73	71	66	76	73	74	74	70	76	72	69	76
$X_i - \tilde{x}_0$	3	3	-3	5	0	-8	6	3	1	-4	6	3	4	4	0	6	2	-1	6
+/-	+	+	-	+	0	-	+	+	+	-	+	+	+	+	0	+	+	-	+

Z tabulky 3 vidíme, že celkem 13 rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 19$ je kladných. Hodnota testovací statistiky S_E , která je definovaná jako počet kladných rozdílů, bude tedy rovná 13.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{19} I(X_i - 70.00 > 0) = 13.$$

```

44 x0 <- 70.00
45 I <- (upface.HN > x0)
46 tab <- data.frame(rbind("Xi" = upface.HN, "Xi-x0" = upface.HN - x0, "+/-" = I))
47 names(tab) <- 1 : 19
48 #      1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19
49 # Xi    73 73 67 75 70 62 76 73 71 66 76 73 74 74 70 76 72 69 76
50 # Xi-x0  3  3 -3  5  0 -8  6  3  1 -4  6  3  4  4  0  6  2 -1  6
51 # +/-   1  1  0  1  0  0  1  1  1  0  1  1  1  1  0  1  1  0  1
52 SE <- sum(I) # 13

```

- **Kritický obor**

Z tabulky 3 dále vidíme, že z celkového počtu $n = 19$ rozdílů jsou dva rozdíly nulové, a tedy počet nenulových rozdílů $m = 17$. Počet nenulových rozdílů využijeme při stanovení hranic kritického oboru a u výpočtu p -hodnoty.

$$\begin{aligned}
 W &= \langle b_{m,1/2}(\alpha); \infty \rangle \\
 &= \langle b_{17,1/2}(0.10); \infty \rangle \\
 &= \langle 10; \infty \rangle
 \end{aligned}$$

```

53 m <- sum(upface.HN - x0 != 0) # 17
54 alpha <- 0.10
55 q <- qbinom(1 - alpha, m, 1 / 2) - 1 # 10

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 13$ náleží do kritického oboru, tj. $s_E \in W$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 90% intervalu spolehlivosti, musíme nejprve naměřené hodnoty výšky horní části lebky vzestupně seřadit. To provedeme příkazem `sort()`. Seřazené hodnoty jsou k dispozici v tabulce 4.

Tabulka 4: Seřazené hodnoty naměřených výšek horní části tváře

pořadí	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
seřazené X_i	62	66	67	69	70	70	71	72	73	73	73	73	74	74	75	76	76	76	76

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří hodnota, která se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(\alpha))$ -té pozici a nekonečno.

$$\begin{aligned}
 (d, \infty) &= \left(X^{(b_{n,1/2}(\alpha))}; \infty \right) \\
 &= \left(X^{(b_{19,1/2}(0.10))}; \infty \right) \\
 &= \left(X^{(7)}; \infty \right) \\
 &= (71; \infty)
 \end{aligned}$$

```
56 qbinom(alpha, n, 1 / 2) # 7
57 upface.HNs [7] # 71
```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 70.00$ nenáleží do 90% empirického levostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 70.00 \notin IS$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) = \Pr(S_E \geq 13) = 1 - \Pr(S_E \leq 12) = 1 - 0.9754791 = 0.0245209 \doteq 0.02452$$

```
58 1 - pbinom(SE - 1, m, 1 / 2) # 0.02452087
```

- **Závěr testování**

Protože p -hodnota = 0.02452 je menší než $\alpha = 0.10$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

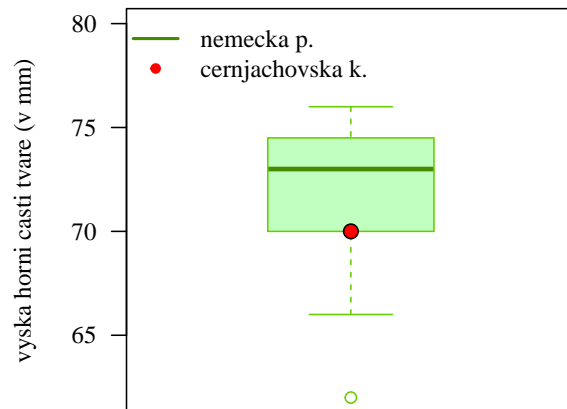
6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování zamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.10$. Výška horní části tváře mužů německé populace je statisticky významně větší než výška horní části tváře mužů Černjachovské populace z oblasti dnešní Ukrajiny.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Významný rozdíl horní části tváře mužů mezi oběma populacemi vizualizujeme krabicovým diagramem (viz obrázek 4).

Poznámka: K provedení znaménkového jednovýběrového exaktního testu můžeme použít funkci `SIGN.test()` z knihovny BSDA. Vstupními parametry budou vektor reprezentující náhodný výběr (`upface.HN`), hodnota parametru \tilde{x}_0 z nulové hypotézy (`md = 70.00`), hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ (`conf.level = 0.90`) a typ zvolené alternativní hypotézy (pravostranná, `alternative = 'greater'`). Součástí výstupu je hodnota mediánu náhodného výběru `median of x = 73`, hodnota testovací statistiky `s = 13`, interpolované hranice 90% empirického levostranného intervalu spolehlivosti 71.17133 a `lnf` a p -hodnota `p-value = 0.02452`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, je dolní hranice kritického oboru. ★



Obrázek 4: Krabicový diagram výšky horní části tváře u mužů německé populace

```
59 BSDA::SIGN.test(upface.HN, md = 70.00, conf.level = 0.90, alt = 'greater') # IS
    interpolovany
```

```

One-sample Sign-Test
data: upface.HN
s = 13, p-value = 0.02452
alternative hypothesis: true median is greater than 70
90 percent confidence interval:
 71.17133      Inf
sample estimates:
median of x
      73

Achieved and Interpolated Confidence Intervals:

      Conf.Level  L.E.pt  U.E.pt
Lower Achieved CI  0.8204 72.0000   Inf
Interpolated CI   0.9000 71.1713   Inf
Upper Achieved CI  0.9165 71.0000   Inf
```

60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77

Příklad 9.3. Znaménkový jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv a proměnnou tibia.LR popisující největší délku lýtkové kosti z pravé strany v mm u skeletů z období neolitu z oblasti *Yoshigo* (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje ze studie (Hasegawa et al.) z roku 2009, v rámci které byla měřena největší délka lýtkové kosti z pravé strany u žen současné japonské populace ($m_f = 329.40$ mm, $s_f = 17.3$ mm, $n_f = 342$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.01$ zjistěte, zda je největší délka lýtkové kosti z pravé strany u žen z neolitické japonské populace významně menší než u žen současné japonské populace.

Řešení příkladu 9.3

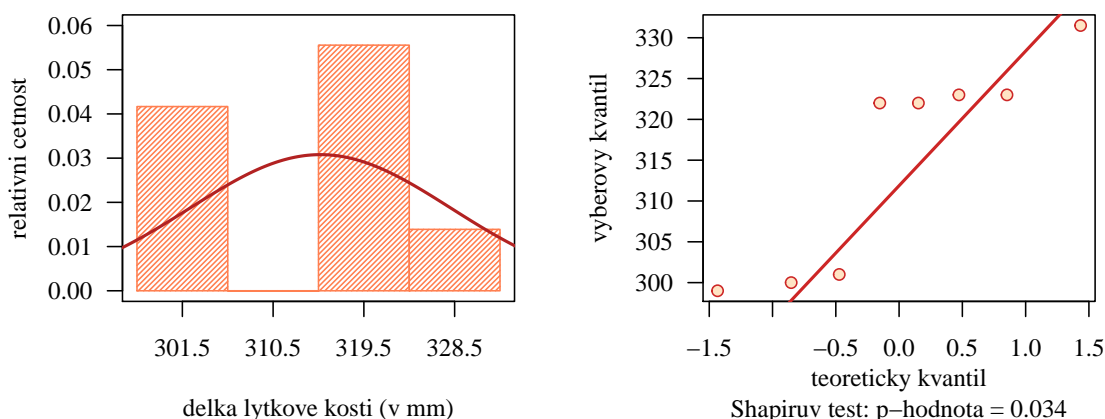
Načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` vybereme z datové tabulky údaje o největší délce lýtkové kosti z pravé strany (tibia.LR) u žen (`sex == 'f'`) z oblasti Yoshigo (`pop == 'Yoshigo Shell Mound'`). Z vektoru naměřených hodnot odstraníme chybějící údaje a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
78 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
79 # head(data)
80 tibia.LRF <- data[data$pop == 'Yoshigo Shell Mound' & data$sex == 'f', 'tibia.LR']
81 tibia.LRF <- na.omit(tibia.LRF)
82 n <- length(tibia.LRF) # 8
```

Datový soubor obsahuje údaje o největší délce lýtkové kosti z pravé strany u 8 žen z neolitické japonské populace.

V příkladu se zaměříme na porovnání délky lýtkové kosti dvou japonských populací, přičemž u jedné populace (neolitická populace) máme k dispozici naměřené hodnoty. Na základě těchto hodnot můžeme zjistit, zda náhodná veličina X popisující největší délku lýtkové kosti u žen neolitické japonské populace pochází z normálního rozdělení, tj. $X \sim N(\mu, \sigma^2)$, kde skutečný rozptyl σ^2 neznáme. Druhá populace (současná japonská populace) je reprezentována pouze hodnotou aritmetického průměru ($m_f = 329.40$ mm) a směrodatné odchylky ($s_f = 17.3$ mm). Řešení příkladu vede na situaci, kdy střední hodnotu jednoho náhodného výběru porovnáváme s konkrétním číslem, tedy na jednovýběrový test o střední hodnotě μ při neznámém rozptylu σ^2 . Před použitím parametrického testu je třeba ověřit normalitu náhodného výběru naměřených délek lýtkových kostí.

Předpoklad normality ověříme Shapiro-Wilkovým testem ($\alpha = 0.05$), kvantilovým diagramem a histogramem (viz obrázek 5). Datový soubor rozdělíme do čtyř ekvidistatních intervalů s šířkou 9 mm prostřednictvím stanovených hranic 297, 306, ..., 333.



Obrázek 5: Histogram a kvantilový diagram délky lýtkové kosti na pravé straně u skeletů žen neolitické populace z oblasti Yoshigo Shell Mound

Protože p -hodnota = 0.034 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě dat zamítáme na hladině významnosti

$\alpha = 0.05$. Z histogramu na obrázku 5 vidíme, že naměřené hodnoty charakterem normálního rozdělení příliš nedisponují. Navíc body v kvantilovém diagramu se realizují jve shlučích, kde se střídavě vzdalují a přibližují k referenční přímce. Náhodný výběr největších délek lýtkových kostí žen z neolitické japonské populace nepochází z normálního rozdělení.

Protože náhodný výběr nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme k testování použít parametrický test o střední hodnotě μ . Testování tedy provedeme na základě exaktního neparametrického znaménkového jednovýběrového testu. Naším úkolem je zjistit, zda je největší délka lýtkové kosti z pravé strany u žen z neolitické japonské populace významně menší než u žen současné japonské populace. Tato věta bude zněním alternativní hypotézy, neboť v zadání se zaměřujeme na nerovnost, přičemž nikde není zmínka o znění nulové hypotézy. Nulovou hypotézu stanovíme následně jako doplněk k alternativní hypotéze.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián největší délky lýtkové kosti z pravé strany u žen z neolitické japonské populace je větší nebo roven mediánu největší délky lýtkové kosti z pravé strany u žen současné japonské populace.

H_1 : Medián největší délky lýtkové kosti z pravé strany u žen z neolitické japonské populace je menší než medián největší délky lýtkové kosti z pravé strany u žen současné japonské populace.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{x} \geq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 329.40$

H_1 : $\tilde{x} < \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 329.40$ (levostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme podle zadání $\alpha = 0.01$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$ a stanovíme znaménka těchto rozdílů (viz tabulka 6).

Tabulka 5: Naměřené hodnoty X_i , rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$ a znaménka těchto rozdílů

měření	1	2	3	4	5	6	7	8
X_i	300.0	299.0	323.0	323.0	322.0	301.0	331.5	322.0
$X_i - \tilde{x}_0$	-29.4	-30.4	-6.4	-6.4	-7.4	-28.4	2.1	-7.4
+/-	-	-	-	-	-	-	+	-

Z tabulky 6 vidíme, že pouze jeden rozdíl $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 8$ je kladný. Hodnota testovací statistiky S_E bude tedy rovná 1.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = \sum_{i=1}^8 I(X_i - 329.40 > 0) = 1.$$

- **Kritický obor**

Z tabulky 6 dále vidíme, že žádný z celkového počtu $n = 8$ rozdílů není nulový, a tedy počet nenulových rozdílů $m = 8$.

$$\begin{aligned} W &= (-\infty; b_{m,1/2}(\alpha) - 1) \\ &= (-\infty; b_{8,1/2}(0.01) - 1) \\ &= (-\infty; 1 - 1) \\ &= (-\infty; 0) \end{aligned}$$

```

83 x0 <- 329.40
84 I <- (tibia.LRF > x0)
85 tab <- data.frame(rbind("Xi" = tibia.LRF, "Xi-x0" = tibia.LRF - x0, "+/-" = I))
86 names(tab) <- 1 : 8
87 #
88 # Xi      300.0 299.0 323.0 323.0 322.0 301.0 331.5 322.0
89 # Xi-x0  -29.4 -30.4  -6.4  -6.4  -7.4 -28.4  2.1  -7.4
90 # +/-     0.0  0.0   0.0   0.0   0.0   0.0   1.0   0.0
91 SE <- sum(I) # 1

```

```

92 m <- sum(tibia.LRF - x0 != 0) # 8
93 alpha <- 0.01
94 q1 <- qbinom(alpha , m, 1 / 2) - 1 # 1

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 1$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_E \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 95 % pravostranného intervalu spolehlivosti, musíme nejprve naměřené hodnoty největší délky lýtkové kosti vzestupně seřadit. Seřazené hodnoty jsou k dispozici v tabulce 6.

Tabulka 6: Seřazené hodnoty největší délky lýtkové kosti

pořadí	1	2	3	4	5	6	7	8
seřazené X_i	300.0	299.0	323.0	323.0	322.0	301.0	331.5	322.0

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří mínus nekonečno a hodnota, která se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(1 - \alpha) + 1)$ -té pozici.

$$\begin{aligned}
(d, h) &= \left(-\infty; X^{(b_{n,1/2}(1-\alpha)+1)}\right) \\
&= \left(-\infty; X^{(b_{8,1/2}(1-0.01)+1)}\right) \\
&= \left(-\infty; X^{(b_{8,1/2}(0.99)+1)}\right) \\
&= \left(-\infty; X^{(8)}\right) \\
&= \left(-\infty; 331.5\right)
\end{aligned}$$

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 329.4$ náleží do 99% empirického pravostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 329.40 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \leq s_E) \Pr(S_E \leq 1) = 0.03515625 \doteq 0.03516$$

- **Závěr testování**

Protože p -hodnota = 0.03515625 je větší než $\alpha = 0.01$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

```
95 qbinom(1 - alpha, n, 1 / 2) + 1 # 8
96 tibia.LRFs [8] # 331.5
```

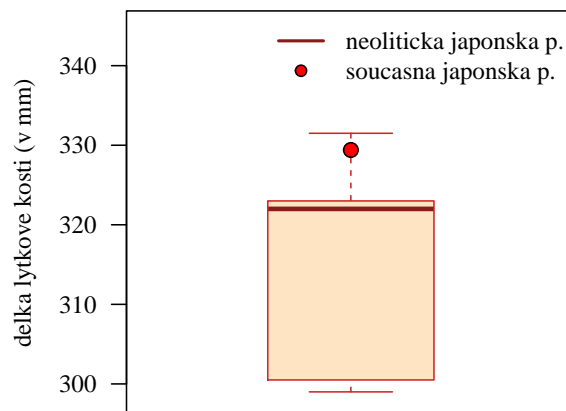
```
97 pbinom(SE, m, 1 / 2) # 0.03515625
```

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.01$. Největší délka lýtkové kosti na pravé straně u žen neolitické japonské populace není statisticky významně menší než u žen současné japonské populace.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání náhodného výběru s konstantou $\tilde{x}_0 = 329.40$ zobrazíme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 6).



Obrázek 6: Krabicový diagram největší délky lýtkové kosti na pravé straně u skeletů žen z neolitické japonské populace z oblasti Yoshigo Shell Mound

Poznámka: Znaménkový jednovýběrový exaktní test můžeme provést pomocí funkce `SIGN.test()`. Vstupními parametry budou vektor reprezentující náhodný výběr (`tibia.LRF`), hodnota parametru \tilde{x}_0 z nulové hypotézy zadaná argumentem `md = 329.40`, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ nastavením hodnoty argumentu `conf.level = 0.99` a typ zvolené alternativní hypotézy (levostranná) zadaný pomocí argumentu `alternative = 'less'`. Součástí výstupu je hodnota mediánu náhodného výběru `median of x = 322`, hodnota testovací statistiky `s = 1`, interpolované hranice 99% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti `-lnf` a `329.8425` a p -hodnota `p-value = 0.03516`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, je horní hranice kritického oboru. ★

```
98 BSDA::SIGN.test(tibia.LRF, md = 329.4, conf.level = 0.99, alt = 'less', exact = F) #
    interpolovany IS
```

```
One-sample Sign-Test
data: tibia.LRF
s = 1, p-value = 0.03516
alternative hypothesis: true median is less than 329.4
99 percent confidence interval:
 -Inf 329.8425
sample estimates:
median of x
    322

Achieved and Interpolated Confidence Intervals:

      Conf.Level L.E.pt  U.E.pt
Lower Achieved CI   0.9648  -Inf 323.0000
Interpolated CI     0.9900  -Inf 329.8425
Upper Achieved CI   0.9961  -Inf 331.5000
```

99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116

9.2 Znaménkový jednovýběrový asymptotický test

Pro náhodný výběr o rozsahu $n > 30$ máme možnost použít k otestování nulové hypotézy asymptotickou variantu testu. Tuto variantu nazýváme znaménkovým jednovýběrovým asymptotickým testem. Testovací statistika asymptotického variantu testu má tvar

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} \quad (9.2)$$

kde S_E je testovací statistika definovaná vztahem 9.1 a m je počet nenulových rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$. Za platnosti nulové hypotézy pochází statistika S_A ze standardizovaného normálního rozdělení, tj.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} \stackrel{H_0}{\sim} N(0, 1).$$

Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & W = (-\infty; u_{\alpha/2}) \cup (u_{1-\alpha/2}; \infty) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & W = (u_{1-\alpha}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & W = (-\infty; u_{\alpha}) \end{array}$$

kde $u_{\alpha/2}$, $u_{1-\alpha/2}$, u_{α} , $u_{1-\alpha}$ jsou kvantily standardizovaného normálního rozdělení, jejichž hodnoty získáme pomocí \mathbb{R} a implementované funkce `qnorm()`.

Interval spolehlivosti má podle zvolené alternativní hypotézy jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & (d, h) = (X^{(C_{1-\alpha/2})}; X^{(n+1-C_{1-\alpha/2})}) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & (d, \infty) = (X^{(C_{1-\alpha})}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & (-\infty, h) = (-\infty; X^{(n+1-C_{1-\alpha})}) \end{array}$$

kde n je rozsah náhodného výběru, $C_{1-\alpha/2} = \frac{n}{2} - u_{1-\alpha/2}\sqrt{\frac{n}{4}}$, $C_{1-\alpha} = \frac{n}{2} - u_{1-\alpha}\sqrt{\frac{n}{4}}$, $X^{(1)} \leq \dots \leq X^{(n)}$ značí vzestupně seřazené hodnoty X_i , $i = 1, \dots, n$, a $X^{(k)}$ značí k -tou hodnotu v seřazené posloupnosti $X^{(1)} \leq \dots \leq X^{(n)}$.

p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = 2 \min\{\Pr(S_A \leq s_A), \Pr(S_A \geq s_A)\} \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \geq s_A) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \leq s_A) \end{array}$$

kde S_A je náhodná veličina, s_A je realizace testovací statistiky S_A (viz vzorec 9.2), tedy konkrétní číslo, $\Pr(S_A \geq s_A) = 1 - \Pr(S_A < s_A) = 1 - \Pr(S_A \leq s_A)$, což vyplývá z faktu, že náhodná veličina S_A pochází z normálního (spojitého) rozdělení (viz kapitola ??), a $\Pr(S_A \leq s_A)$ je distribuční funkce standardizovaného normálního rozdělení, jejíž hodnotu získáme pomocí \mathbb{R} a implementované funkce `pnorm()`.

Poznámka: Všimněme si, že ve vzorcích intervalu spolehlivosti figuruje rozsah náhodného výběru n , zatímco ve vzorcích testovací statistiky a hranic kritického oboru pracujeme s počtem nenulových rozdílů m .

Příklad 9.4. Znaménkový jednovýběrový asymptotický test

Mějme datový soubor 19-more-samples-correlations-skull.txt a proměnnou nose.B popisující šířku nosu v mm (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje o šířce nosu mužů současné malajské populace ($m_m = 26.90$ mm, $n_m = 45$) uveřejněné ve studii (Ibrahim, 2017). Na hladině významnosti $\alpha = 0.01$ testujte hypotézu o shodě šířky nosu starověké malajské populace a současné malajské populace.

Řešení příkladu 9.4

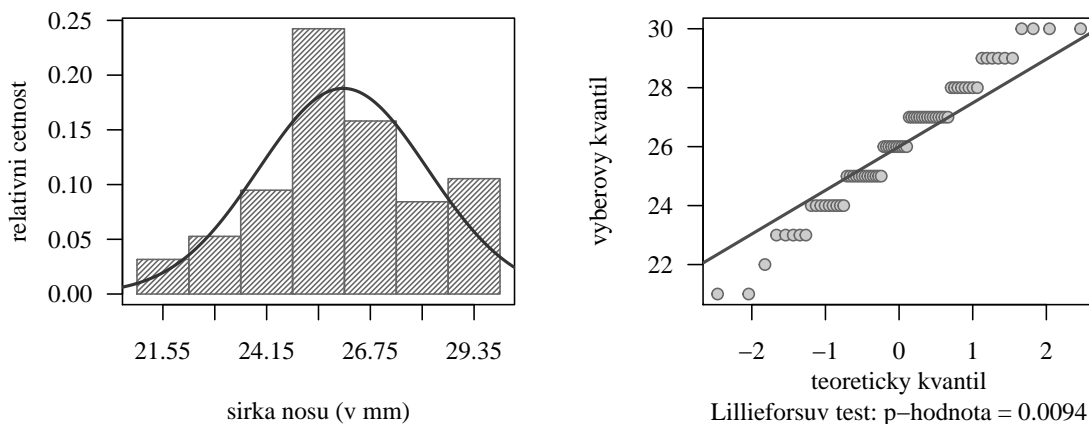
Načteme datový soubor a vybereme z datové tabulky naměřené šířky nosu (nose.B) mužů malajské populace (pop == 'mal'). Nakonec z vektoru naměřených hodnot odstraníme chybějící hodnoty a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
117 data <- read.delim('00-Data//19-more-samples-correlations-skull.txt')
118 # head(data)
119 nose.BM <- data[data$pop == 'mal', 'nose.B']
120 nose.BM <- na.omit(nose.BM)
121 n <- length(nose.BM) # 73
```

Datový soubor obsahuje údaje o šířce nosu u 73 mužů starověké malajské populace.

V příkladu se zaměříme na porovnání šířek nosu dvou malajských populací, přičemž u jedné populace (starověká) máme k dispozici naměřené hodnoty, na základě kterých můžeme zjistit, zda náhodná veličina X popisující šířku nosu u mužů této populace pochází z normálního rozdělení, tj. $X \sim N(\mu, \sigma^2)$, kde skutečný rozptyl σ^2 neznáme. Druhá populace (současné) je reprezentována pouze hodnotou aritmetického průměru ($m_m = 26.90$ mm). Řešení příkladu tedy vede na situaci, kdy střední hodnotu jednoho náhodného výběru porovnáváme s konkrétním číslem, tedy na jednovýběrový test o střední hodnotě μ při neznámém rozptylu σ^2 . Nejprve je však potřeba ověřit, zda náhodný výběr šířek nosu u mužů starověké malajské populace pochází z normálního rozdělení.

Vzhledem k velkému rozsahu náhodného výběru otestujeme normalitu Lillieforsovým testem ($\alpha = 0.05$) v kombinaci s kvantilovým diagramem a histogramem. Naměřené hodnoty rozdělíme do sedmi ekvidistantních intervalů se šířkou 1.3 mm prostřednictvím stanovených hranic 20.9, 22.2, ..., 30.0 (viz obrázek 7).



Obrázek 7: Histogram a kvantilový diagram šířky nosu mužů malajské populace

Protože p -hodnota = 0.0094 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě náhodného výběru šířek nosu mužů starověké malajské populace zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z pohledu na histogram by se mohlo zdát, že naměřené hodnoty kopírují křivku hustoty normálního rozdělení dostatečně. Je však potřeba si uvědomit, že rozsah náhodného výběru je již celkem vysoký a při takovém počtu hodnot by podobnost histogramu s křivkou hustoty měla být mnohem vyšší. Z kvantilového grafu je potom jasně patrné, že vykreslené body se v těsném okolí

referenční křivky příliš nepochybují. Náhodný výběr naměřených šířek nosu u mužů starověké malajské populace tedy nepochází z normálního rozdělení.

Protože se náhodný výběr neřídí normálním rozdělením, nemůžeme hypotézu ze zadání otestovat pomocí parametrického testu o střední hodnotě μ . K testování hypotézy použijeme neparametrický znaménkový jednovýběrový test, zde konkrétně jeho asymptotickou variantu, jelikož rozsah náhodného výběru je větší než 30. Připomeňme, že při použití neparametrických testů pracujeme s mediány namísto se středními hodnotami. Naším úkolem je otestovat hypotézu o shodě šířky nosu starověké malajské populace a současné malajské populace. Tato věta je zněním nulové hypotézy, jednak proto, že v zadání přímo o nulové hypotéze mluvíme a jednak proto, že shoda implikuje rovnost a rovnost je vždy součástí nulové hypotézy. Zbývá dodefinovat alternativní hypotézu tak, aby byla doplňkem k nulové hypotéze. Testování provedeme v posloupnosti sedmi kroků.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián šířky nosu mužů malajské populace je shodný s mediánem šířky nosu mužů současné malajské populace.

H_1 : Medián šířky nosu mužů malajské populace není shodný s mediánem šířky nosu mužů současné malajské populace.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{x} = \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 26.90$

H_1 : $\tilde{x} \neq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 26.90$ (levostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti podle zadání $\alpha = 0.01$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, následně stanovíme počet kladných rozdílů S_E a počet nenulových rozdílů m .

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{73} I(X_i - 26.90 > 0) = 33.$$

```
122 x0 <- 26.90
123 I <- (nose.BM > x0)
124 SE <- sum(I) # 33
125 m <- sum(nose.BM - x0 != 0) # 73
```

Všech 73 rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 73$, je nenulových, tedy $m = 73$. Počet kladných rozdílů $S_E = 33$. Nyní vypočítáme testovací statistiku asymptotické varianty znaménkového testu podle vzorce 9.2.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} = \frac{33 - \frac{73}{2}}{\sqrt{\frac{73}{4}}} = \frac{0}{33 - 36.5} \sqrt{18.25} = \frac{-3.5}{4.272002} = -0.819288 \doteq -0.8193$$

```
126 SA <- (SE - m / 2) / sqrt(m / 4) # -0.819288
```

- Kritický obor

$$\begin{aligned}
 W &= (-\infty; u_{\alpha/2}) \cup (u_{1-\alpha/2}; \infty) \\
 &= (-\infty; u_{0.01/2}) \cup (u_{1-0.01/2}; \infty) \\
 &= (-\infty; u_{0.005}) \cup (u_{0.99}; \infty) \\
 &= (-\infty; -2.575829) \cup (2.575829; \infty)
 \end{aligned}$$

```

127 alpha <- 0.01
128 qnorm(alpha / 2) # -2.575829
129 qnorm(1 - alpha / 2) # 2.575829

```

- Závěr testování

Protože realizace testovací statistiky $s_A = -0.819288$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_A \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- Interval spolehlivosti

Pomocí příkazu `sort()` nejprve vzestupně seřadíme naměřené hodnoty X_i , $i = 1, \dots, 73$. Hranice 99% intervalu spolehlivosti budou potom $(C_{1-\alpha/2})$ -tá a $(n + 1 - C_{1-\alpha/2})$ -tá hodnota v seřazeném vektoru naměřených hodnot, kde

$$\begin{aligned}
 C_{1-\alpha/2} &= \frac{n}{2} - u_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{n}{4}} \\
 &= \frac{73}{2} - u_{1-0.01/2} \sqrt{\frac{73}{4}} \\
 &= 36.5 - u_{0.995} \sqrt{18.25} \\
 &= 36.5 - 2.575829 \times 4.272002 \\
 &= 25.49605 \doteq 25
 \end{aligned}$$

Interval spolehlivosti má potom následující tvar

$$\begin{aligned}
 (d, h) &= (X^{(C_{1-\alpha/2})}; X^{(n+1-C_{1-\alpha/2})}) \\
 &= (X^{(25)}; X^{(73+1-25)}) \\
 &= (X^{(25)}; X^{(49)}) \\
 &= (25; 27)
 \end{aligned}$$

```

130 nose.BMs <- sort(nose.BM)
131 C1 <- round(n / 2 - qnorm(1 - alpha / 2) * sqrt(n / 4)) # 29
132 C2 <- round(n + 1 - C1) # 53
133 nose.BMs[C1] # 25
134 nose.BMs[C2] # 27

```

- Závěr testování

Protože $\tilde{x}_0 = 26.90$ náleží do 99% empirického pravostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 26.90 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

5. Testování p -hodnotou

- p -hodnota

$$\begin{aligned} p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq s_A), \Pr(S_A \geq s_A)\} \\ &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq -0.819288), \Pr(S_A \geq -0.819288)\} \\ &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq -0.819288), 1 - \Pr(S_A \leq -0.819288)\} \\ &= 2 \min\{0.206311, 0.793689\} \\ &= 2 \times 0.206311 = 0.412622 \doteq 0.4126 \end{aligned}$$

```
135 p.val <- 2 * min (pnorm(SA), 1 - pnorm(SA)) # 0.4126221
```

- Závěr testování

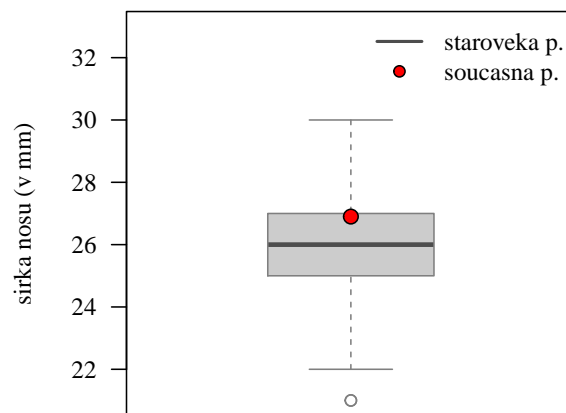
Protože p -hodnota = 0.4126 je větší než $\alpha = 0.01$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.01$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.01$. Mezi šířkou nosu mužů starověké a současné malajské populace není statisticky významný rozdíl.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Grafické porovnání šířky nosu obou malajských populací provedeme krabicovým diagramem (viz obrázek 8).



Obrázek 8: Krabicový diagram šířky nosu mužů malajské populace



Příklad 9.5. Znaménkový jednovýběrový asymptotický test

Mějme datový soubor 18-more-samples-variances-clavicle.txt a proměnnou cla.L popisující největší délku klíční kosti z pravé strany v mm (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje o největší délce klíční kosti z pravé strany mužů z populace severní Indie ($m_I = 148.0$ mm, $s_I = 8.60$ mm, $n_I = 260$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda je délka klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi menší než u mužů ze severní Indie.

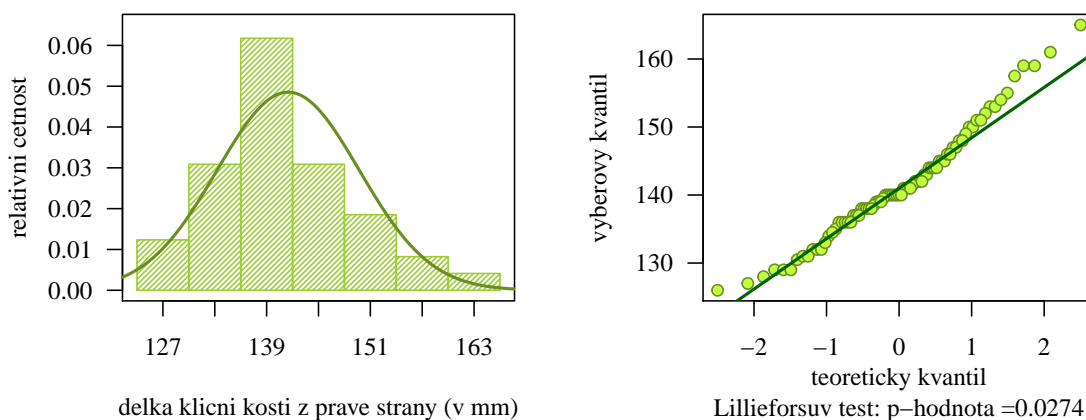
Řešení příkladu 9.5

Načteme datový soubor a vybereme z datové tabulky naměřené délky klíční kosti (cla.L) mužů populace z Varanasi (pop == 'ind2'). Nakonec z vektoru naměřených hodnot odstraníme chybějící údaje a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
136 data <- read.delim('00-Data//18-more-samples-variances-clavicle.txt')
137 # head(data)
138 cla.LV <- data[data$pop == 'ind2', 'cla.L']
139 cla.LV <- na.omit(cla.LV)
140 n <- length(cla.LV) # 81
```

Datový soubor obsahuje údaje o největší délce klíční kosti z pravé strany u 81 mužů indické populace z Varanasi.

V příkladu se zaměříme na porovnání délek klíčních kostí dvou populací, přičemž u jedné populace (indická populace z Varanasi) máme k dispozici naměřené hodnoty. Na základě těchto hodnot můžeme zjistit, zda náhodná veličina X popisující největší délku klíční kosti u mužů indické populace z Varanasi pochází z normálního rozdělení, tj. $X \sim N(\mu, \sigma^2)$, kde skutečný rozptyl σ^2 neznáme. Druhá populace (populace ze severní Indie) je reprezentována pouze hodnotou aritmetického průměru ($m_I = 148.00$ mm) a směrodatnou odchylkou ($s_I = 8.60$ mm). Řešení příkladu tedy vede na situaci, kdy střední hodnotu jednoho náhodného výběru porovnáváme s konkrétním číslem, tedy na jednovýběrový test o střední hodnotě μ při neznámém rozptylu σ^2 (viz kapitola ??). Nejprve je však potřeba ověřit, zda náhodný výběr délek klíčních kostí u mužů indické populace z Varanasi pochází z normálního rozdělení. Tomuto předpokladu jsme se však už věnovali v rámci příkladu ?? v sekci ??, kde jsme zjistili, že náhodný výběr délek klíčních kostí u mužů indické populace z Varanasi z normálního rozdělení nepochází (pro připomenutí viz obrázek 9).



Obrázek 9: Histogram a kvantilový diagram největší délky klíční kosti z pravé strany u mužů z populace z Varanasi

Protože náhodný výběr nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme hypotézu ze zadání otestovat pomocí parametrického testu o střední hodnotě μ . K testování hypotézy použijeme neparametrický znaménkový jednovýběrový asymptotický test. Naším úkolem je zjistit, zda je délka klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi

menší než u mužů ze severní Indie. Tato věta je zněním alternativní hypotézy, neboť v jejím znění není zmínka o (nulové) hypotéze, ani o rovnosti. Zbývá dodefinovat nulovou hypotézu tak, aby byla doplňkem k hypotéze alternativní.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián největší délky klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi je větší nebo rovný mediánu největší délky klíční kosti z pravé strany u mužů ze severní Indie.

H_1 : Medián největší délky klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi je menší než medián největší délky klíční kosti z pravé strany u mužů ze severní Indie.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{x} \geq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 148.00$

H_1 : $\tilde{x} < \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 148.00$ (oboustranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti podle zadání $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, následně stanovíme počet kladných rozdílů S_E a počet nenulových rozdílů m .

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{81} I(X_i - 148 > 0) = 15.$$

```
141 x0 <- 148.00
142 I <- (cla.LV > x0)
143 SE <- sum(I) # 15
144 m <- sum(cla.LV - x0 != 0) # 79
```

Z celkového počtu 81 rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 81$, je 79 rozdílů nenulových, tedy $m = 79$. Počet kladných rozdílů $S_E = 15$. Nyní již můžeme vypočítat testovací statistiku asymptotické varianty znaménkového testu podle vzorce 9.2.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} = \frac{15 - \frac{79}{2}}{\sqrt{\frac{79}{4}}} = \frac{0}{15 - 39.5} \sqrt{19.75} = \frac{-24.5}{4.444097} = -5.512931 \doteq -5.5129$$

```
145 SA <- (SE - m / 2) / sqrt(m / 4) # -5.512931
```

- **Kritický obor**

$$\begin{aligned} W &= (-\infty; u_\alpha) \\ &= (-\infty; u_{0.05}) \\ &= (-\infty; -1.644854) \end{aligned}$$

```
146 alpha <- 0.05
147 qnorm(alpha) # -1.644854
```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_A = -5.512931$ náleží do kritického oboru, tj. $s_A \in W$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Pomocí příkazu `sort()` nejprve vzestupně seřadíme naměřené hodnoty X_i , $i = 1, \dots, 79$. Hranice 95% intervalu spolehlivosti budou potom mínus nekonečno a $(n + 1 - C_{1-\alpha})$ -tá hodnota v seřazeném vektoru naměřených hodnot, kde

$$\begin{aligned} C_{1-\alpha} &= \frac{n}{2} - u_{1-\alpha} \sqrt{\frac{n}{4}} \\ &= \frac{81}{2} - u_{1-0.05} \sqrt{\frac{81}{4}} \\ &= 40.5 - u_{0.95} \sqrt{20.25} \\ &= 40.5 - 1.644854 \times 4.5 \\ &= 33.09816 \doteq 33 \end{aligned}$$

Interval spolehlivosti má potom následující tvar

$$\begin{aligned} (d, h) &= \left(-\infty; X^{(n+1-C_{1-\alpha})}\right) \\ &= \left(-\infty; X^{(81+1-33)}\right) \\ &= \left(-\infty; X^{(49)}\right) \\ &= \left(-\infty; 27\right) \end{aligned}$$

```
148 cla.LVs <- sort(cla.LV)
149 C1 <- round(n / 2 - qnorm(1 - alpha) * sqrt(n / 4)) # 33
150 C2 <- round(n + 1 - C1) # 49
151 cla.LVs[49] # 142
```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 148.00$ nenáleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 148.00 \notin IS$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \leq s_A) = \Pr(S_A \leq -5.512931) = 1.764536^{-8} \doteq 1.7645^{-8}$$

```
152 p.val <- pnorm(SA) # 1.764536e-08
```

- **Závěr testování**

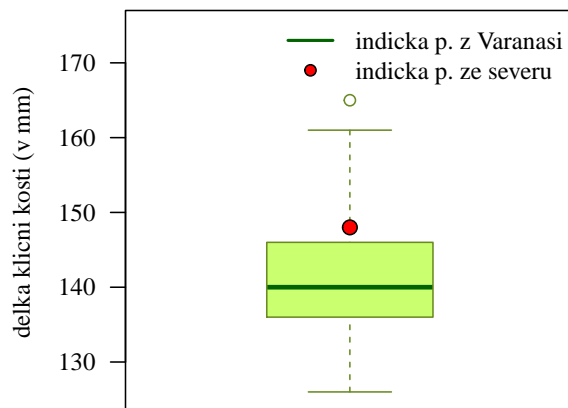
Protože p -hodnota = $1.7645 \cdot 10^{-8}$ je menší než $\alpha = 0.05$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování zamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Největší délka klíční kosti na pravé straně u mužů indické populace z Varanasi je statisticky významně menší než největší délka klíční kosti na pravé straně u mužů populace ze severní Indie.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Rozdíl v délce klíčních kostí zaznamenaný mezi oběma populacemi vizualizujeme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 10).



Obrázek 10: Krabicový diagram délky klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi



9.3 Znaménkový párový test

Nechť $(X_1, Y_1)^T \dots (X_n, Y_n)^T$ je náhodný výběr z libovolného (ne nutně normálního) dvourozměrného rozdělení. Nechť dále Z_1, \dots, Z_n , $n \geq 2$ je náhodný výběr rozdílů $X - Y$, tj. $Z = (Z_1, \dots, Z_n)^T$, kde $Z_i = X_i - Y_i$, $i = 1, \dots, n$, a necht' tento náhodný výběr pochází z libovolného spojitého rozdělení. Konečně, necht' \tilde{z}_0 je konstanta. Na hladině významnosti α testujeme jednu z následujících tří hypotéz oproti příslušné alternativní hypotéze.

$$\begin{array}{lll} H_{01} : \tilde{z} = \tilde{z}_0 & \text{oproti} & H_{11} : \tilde{z} \neq \tilde{z}_0 \quad (\text{oboustranná alt.}) \\ H_{02} : \tilde{z} \leq \tilde{z}_0 & \text{oproti} & H_{12} : \tilde{z} > \tilde{z}_0 \quad (\text{pravostranná alt.}) \\ H_{03} : \tilde{z} \geq \tilde{z}_0 & \text{oproti} & H_{13} : \tilde{z} < \tilde{z}_0 \quad (\text{levostranná alt.}) \end{array}$$

kde \tilde{z} je medián rozdílů Z_1, \dots, Z_n a \tilde{z}_0 je konstanta, jejíž hodnotu nejčastěji volíme jako $\tilde{z}_0 = 0$. Tato volba odpovídá hypotéze, že rozdíl mezi mediány náhodných veličin X a Y neexistuje (resp. hypotéze, že medián náhodné veličiny X je menší, resp. větší, než medián náhodné veličiny Y). Vzhledem k tomu, že jde finálně o situaci, kdy medián \tilde{z} porovnáváme s konstantou \tilde{z}_0 , testujeme hypotézy o rozdílu mediánů $X - Y$ pomocí exaktní nebo asymptotické varianty znaménkového jednovýběrového testu, analogicky jako je uvedeno v sekcích 9.1 a 9.2.

Výše popsaný test, v rámci kterého převádíme problém porovnávání mediánů dvou náhodných veličin X a Y na problém srovnávání mediánu jejich rozdílů Z s konstantou $\tilde{z}_0 = 0$ a následně jej řešíme pomocí exaktní resp. asymptotické varianty znaménkového jednovýběrového testu, nazýváme znaménkový párový test.

Příklad 9.6. Znaménkový párový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv obsahující údaje o největší výšce kloubní jamky na pravé straně (acetab.HR) a na levé straně (acetab.HL) u skeletů ze starověké egyptské populace (detaily viz sekce ??). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda existuje rozdíl mezi výškou kloubní jamky z pravé a levé strany u skeletů mužského pohlaví.

Řešení příkladu 9.6

Pomocí příkazu read.delim() načteme datový soubor a pomocí operátoru [] vybereme z datové tabulky údaje o výšce kloubní jamky z pravé strany (acetab.HR), resp. z levé strany (acetab.HL) u mužů (sex == 'm') ze starověké egyptské populace (pop == 'Dynastic Egyptian, El Hesa'). Z vektoru naměřených hodnot odstraníme pomocí funkce na.omit() chybějící údaje a zjistíme rozsah náhodného výběru (dim()).

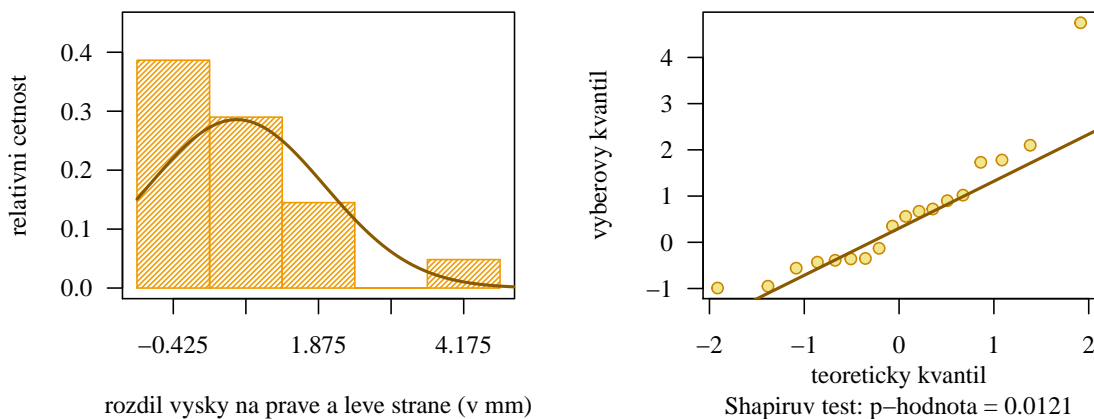
```
153 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
154 # head(data)
155 data.HRL <- data[data$pop == 'Dynastic Egyptian, El Hesa' & data$sex == 'm',
156               c('acetab.HL', 'acetab.HR')]
157 data.HRL <- na.omit(data.HRL)
158 dim(data.HRL) # 18x2
```

Datový soubor obsahuje kompletní údaje o výšce kloubní jamky z pravé i levé strany u 18 mužů ze starověké egyptské populace.

Naším úkolem ze zadání je porovnat naměřené hodnoty na pravé a levé straně. Jde tedy o měření stejného znaku (výška kloubní jamky) sledovaného na stejných subjektech (muži), proto použijeme pro tuto situaci párový test. Prvním krokem k použití tohoto testu je vytvoření rozdílů hodnot naměřených na pravé a levé straně.

```
159 acetab.HR <- data.HRL$acetab.HR
160 acetab.HL <- data.HRL$acetab.HL
161 acetab.HRL <- acetab.HR - acetab.HL
```

Ve druhém kroku je potřeba ověřit normální rozdělení těchto rozdílů. Vzhledem k rozsahu náhodného výběru ($n = 18 < 30$) otestujeme normalitu rozdílů Shapiro-Wilkovým testem ($\alpha = 0.05$). Pro potřeby vykreslení histogramu rozdělíme naměřené hodnoty do pěti ekvidistatních intervalů s šířkou 1.15 mm prostřednictvím stanovených hranic $-1, 0.15, \dots, 05.75$ (viz obrázek 11).



Obrázek 11: Histogram a diagram rozdílů mezi největší výškou kloubní jamky u mužů na pravé a levé straně

Protože p -hodnota = 0.0121 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě rozdílů zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z histogramu na obrázku 11 vidíme, že naměřené hodnoty jsou vyšikmené doleva s odlehlým pozorováním na pravém chvostu. Histogram naměřených hodnot navíc nevykazuje symetrii ani postupné snižování počtu hodnot na levé straně, jak bychom u normálního rozdělení očekávali. Náhodný výběr rozdílů mezi výškou kloubní jamky na pravé a levé straně nepochází z normálního rozdělení.

Protože náhodný výběr rozdílů nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme hypotézu ze zadání otestovat pomocí parametrického párového testu uvedeného v sekci ???. K testování hypotézy musíme použít neparametrickou alternativu párového testu. S ohledem na nízký rozsah náhodného výběru použijeme exaktní variantu znaménkového párového testu. Naším úkolem je zjistit, existuje rozdíl mezi výškou kloubní jamky z pravé a levé strany u skeletů mužského pohlaví. Tato věta bude součástí alternativní hypotézy, neboť rozdíl implikuje nerovnost a nerovnost je vždy součástí alternativní hypotézy. Nulovou hypotézu stanovíme jako doplněk k tomuto tvrzení. Testování provedeme v posloupnosti sedmi kroků.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů výšky kloubní jamky na pravé a levé straně u mužů je rovný nule.

H_1 : Medián rozdílů výšky kloubní jamky na pravé a levé straně u mužů není rovný nule.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{z} = \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

H_1 : $\tilde{z} \neq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (oboustranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor Z_i jako vektor rozdílů výšky kloubní jamky na pravé straně X_i a výšky kloubní jamky na levé straně Y_i , tj. $Z_i = X_i - Y_i$, $i = 1, \dots, 18$. Nyní je potřeba stanovit rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$. Protože ale $\tilde{z}_0 = 0$, jsou rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$ rovny vektoru rozdílů Z_i , tj. $Z_i - \tilde{z}_0 = Z_i - 0 = Z_i$. Původní hodnoty výšky kloubní jamky na pravé straně, resp. na levé straně, rozdíl mezi pravou a levou stranou, rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$ a znaménko posledních uvedených rozdílů jsou pro názornost uvedeny v tabulce 7.

Tabulka 7: Naměřené hodnoty X_i , Y_i , rozdíl $Z_i = X_i - Y_i$, rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$ a znaménka těchto rozdílů

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
X_i	50.84	52.36	47.80	51.75	46.06	46.64	50.54	47.03	49.02	47.96	48.25	47.78	49.86	49.56	55.41	52.82	52.47	46.02
Y_i	50.97	51.80	48.75	51.40	43.96	44.86	49.64	48.02	49.45	48.52	48.64	48.14	48.13	48.54	50.66	52.10	52.82	45.35
Z_i	-0.13	0.56	-0.95	0.35	2.10	1.78	0.90	-0.99	-0.43	-0.56	-0.39	-0.36	1.73	1.02	4.75	0.72	-0.35	0.67
$Z_i - \tilde{z}_0$	-0.13	0.56	-0.95	0.35	2.10	1.78	0.90	-0.99	-0.43	-0.56	-0.39	-0.36	1.73	1.02	4.75	0.72	-0.35	0.61
+/-	-	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+

Z tabulky 7 vidíme, že celkem deset rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$, $i = 1, \dots, 18$ je kladných. Hodnota testovací statistiky S_E , která je definovaná jako počet kladných rozdílů, bude tedy rovná 10.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{18} I(Z_i - 0 > 0) = 10.$$

- **Kritický obor**

Z tabulky 7 dále vidíme, že žádný z celkového počtu $n = 18$ rozdílů není nulový, a tedy počet nenulových

```

162 z0 <- 0
163 I <- (acetab.HRL > z0)
164 tab <- data.frame(rbind("Xi" = acetab.HR, "Yi" = acetab.HL,
165 "Zi" = acetab.HRL, "Zi-z0" = acetab.HRL - z0, "+/-" = I))
166 SE <- sum(I) # 10

```

rozdílů $m = 18$. Kritický obor má potom tvar

$$\begin{aligned}
W &= (-\infty; b_{m,1/2}(\alpha/2) - 1) \cup (b_{m,1/2}(1 - \alpha/2); \infty) \\
&= (-\infty; b_{18,1/2}(0.05/2) - 1) \cup (b_{18,1/2}(1 - 0.05/2); \infty) \\
&= (-\infty; b_{18,1/2}(0.025) - 1) \cup (b_{18,1/2}(0.975); \infty) \\
&= (-\infty; 5 - 1) \cup (13; \infty) \\
&= (-\infty; 4) \cup (13; \infty)
\end{aligned}$$

```

167 m <- sum(acetab.HRL - z0 != 0) # 18
168 alpha <- 0.05
169 q1 <- qbinom(alpha / 2, m, 1 / 2) - 1 # 4
170 q2 <- qbinom(1 - alpha / 2, m, 1 / 2) # 13

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 10$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_E \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 95% intervalu spolehlivosti, musíme nejprve naměřené rozdíly mezi výškami kloubní jamky na pravé a levé straně vzestupně seřadit. To provedeme příkazem `sort()`. Seřazené hodnoty jsou k dispozici v tabulce 8.

Tabulka 8: Seřazené rozdíly mezi výškami kloubní jamky na pravé a levé straně

pořadí	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
seřazené Z_i	-0.99	-0.95	-0.56	-0.43	-0.39	-0.36	-0.35	-0.13	0.35	0.56	0.67	0.72	0.90	1.02	1.73	1.78	2.10	4.75

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří ty hodnoty, které se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(\alpha/2))$ -té pozici a na $(b_{n,1/2}(1 - \alpha/2) + 1)$ -té pozici.

$$\begin{aligned}
(d, h) &= \left(Z^{(b_{n,1/2}(\alpha/2))}; Z^{(b_{n,1/2}(1 - \alpha/2) + 1)} \right) \\
&= \left(Z^{(b_{18,1/2}(0.05/2))}; Z^{(b_{18,1/2}(1 - 0.05/2) + 1)} \right) \\
&= \left(Z^{(5)}; Z^{(14)} \right) \\
&= (-0.39; 1.02)
\end{aligned}$$

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ náleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{z}_0 = 0 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

```

171 n <-length(acetab.HRL)
172 qbinom(alpha / 2, n, 1 / 2) # 5
173 qbinom(1 - alpha / 2, n, 1 / 2) + 1 # 14
174 acetab.HRLs [5] # -0.39
175 acetab.HRLs [14] # 1.02

```

- *p*-hodnota

$$\begin{aligned}
p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\
&= 2 \min\{\Pr(S_E \leq 10), \Pr(S_E \geq 10)\} \\
&= 2 \min\{\Pr(S_E \leq 10), 1 - \Pr(S_E \leq 9)\} \\
&= 2 \min\{0.7596588, 0.4072647\} \\
&= 2 \times 0.4072647 = 0.8145294 \doteq 0.8145
\end{aligned}$$

```

176 2 * min (pbinom(SE, m, 1 / 2), 1 - pbinom(SE - 1, m, 1 / 2)) # 0.8145294

```

- Závěr testování

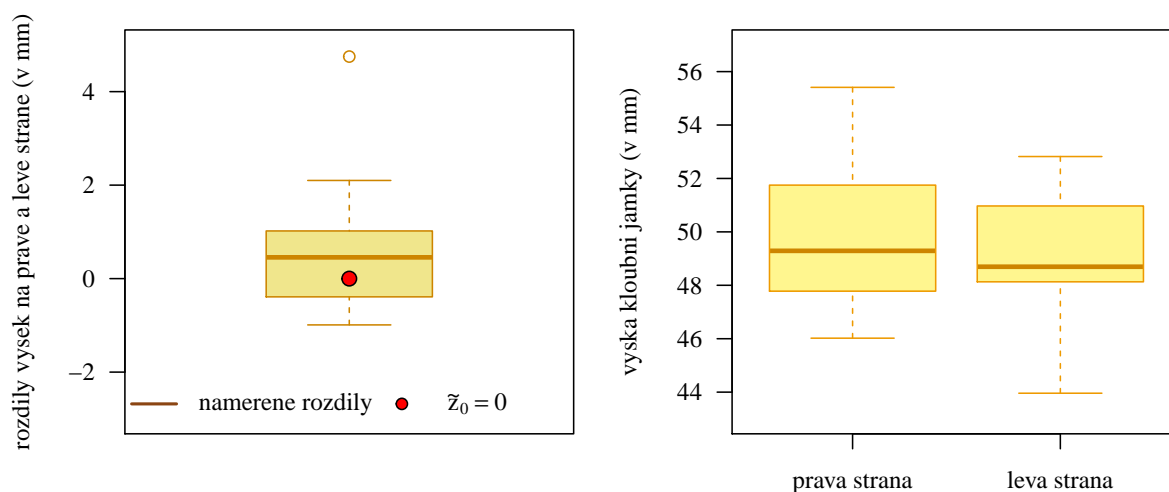
Protože *p*-hodnota = 0.8145 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Mezi největší výškou kloubní jamky na pravé a levé straně u mužů starověké egyptské populace neexistuje statisticky významný rozdíl.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání měření na pravé a levé straně zobrazíme nejlépe pomocí krabicového diagramu. Analogicky jako v sekci ?? můžeme buď sestavit krabicový diagram rozdílů mezi výškami kloubní jamky na pravé a levé straně a porovnat je s konstantou $\tilde{z}_0 = 0$ (viz obrázek 12 vlevo) nebo sestavit krabicový diagram zvlášť pro výšky kloubní jamky na pravé straně a zvlášť pro výšky kloubní jamky na levé straně a porovnat tyto diagramy navzájem (viz obrázek 12 vpravo).



Obrázek 12: Krabicový diagram rozdílů mezi největší výškou kloubní jamky u mužů na pravé a levé straně

Poznámka: Znaménkový párový test můžeme provést pomocí funkce `SIGN.test()` implementované v knihovně `BSDA`. Vstupními parametry budou vektor naměřených hodnot výšek kloubní jamky na pravé straně (`acetab.HR`), vektor naměřených hodnot výšek kloubní jamky na levé straně (`acetab.HL`), argument `paired = T` určující, že oba vektory považujeme za párová pozorování, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ nastavením hodnoty argumentu `conf.level = 0.95` a typ zvolené alternativní hypotézy (oboustranná) zadaný pomocí argumentu `alternative = 'two.sided'`. Součástí výstupu je hodnota mediánu rozdílů naměřených výšek na

```
177 BSDA::SIGN.test(acetab.HR, acetab.HL, paired = T,
178                 conf.level = 0.95, alternative = 'two.sided')
```

Dependent-samples Sign-Test	179
data: acetab.HR and acetab.HL	180
S = 10, p-value = 0.8145	181
alternative hypothesis: true median difference is not equal to 0	182
95 percent confidence interval:	183
-0.3812269 0.9849076	184
sample estimates:	185
median of x-y	186
0.455	187
Achieved and Interpolated Confidence Intervals:	188
	189
	190
	191
	192
	193
	194
	195
	196

pravé a levé straně `median of x-y = 0.455`, hodnota testovací statistiky `S = 10`, interpolované hranice 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti `-0.3812269` a `0.9849076` pro rozdíl naměřených výšek na pravé a levé straně, které jsou mírně přesnější, než námi stanovené hranice intervalu spolehlivosti (zpřesnění hranic bylo provedeno procesem nazývaným *interpolace*), a *p*-hodnota `p-value = 0.8145`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, jsou dolní a horní hranice kritického oboru.

Druhou možností provedení párového testu je opět pomocí funkce `SIGN.test()`, kde vstupními parametry budou vektor rozdílů naměřených hodnot na pravé a levé straně (`acetab.HRL`), argument `md = 0` určující, že rozdíly porovnáваме s konstantou $\tilde{z}_0 = 0$, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ (`conf.level = 0.95`) a typ zvolené alternativní hypotézy (`alternative = 'two.sided'`). Výstup tohoto příkazu je

```
197 BSDA::SIGN.test(acetab.HRL, md = 0, conf.level = 0.95, alternative = 'two.sided')
```

totožný s výše uvedeným výstupem. Záleží tedy na nás, jakou syntaxi k zadání exaktního znaménkového párového testu použijeme. ★

One-sample Sign-Test				198
data: acetab.HRL				199
s = 10, p-value = 0.8145				200
alternative hypothesis: true median is not equal to 0				201
95 percent confidence interval:				202
-0.3812269 0.9849076				203
sample estimates:				204
median of x				205
0.455				206
Achieved and Interpolated Confidence Intervals:				207
	Conf.Level	L.E.pt	U.E.pt	208
Lower Achieved CI	0.9037	-0.3600	0.9000	209
Interpolated CI	0.9500	-0.3812	0.9849	210
Upper Achieved CI	0.9691	-0.3900	1.0200	211
				212
				213
				214
				215

Příklad 9.7. Znaménkový párový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv obsahující údaje o délkách lýtkových kostí v mm na pravé straně (tibia.LR) a na levé straně (tibia.LL) u skeletů obyvatel útesových obydlí (Cliff Dwellings) v Utahu (detaily viz sekce ??). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ testujte nulovou hypotézu, že délka lýtkové kosti z pravé strany u skeletů mužského pohlaví je menší než délka lýtkové kosti z levé strany.

Řešení příkladu 9.7

Načteme datový soubor a pomocí operátoru [] vybereme z datové tabulky údaje o délce lýtkové kosti z pravé strany (tibia.LR), resp. z levé strany (tibia.LL) u mužů (sex == 'm') z populace obyvatel útesových obydlí (pop == 'Cliff Dweller'). Z vektoru naměřených hodnot následně odstraníme chybějící hodnoty a zjistíme rozsah náhodného výběru.

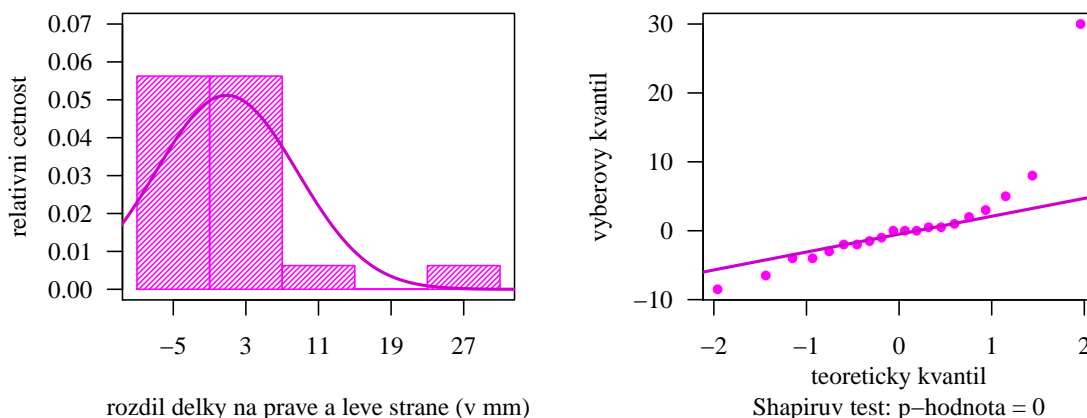
```
216 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
217 # head(data)
218 data.TRL <- data[data$pop == 'Cliff Dweller' & data$sex == 'm',
219                 c('tibia.LR', 'tibia.LL')]
220 data.TRL <- na.omit(data.TRL)
221 dim(data.TRL) # 20
```

Datový soubor obsahuje kompletní údaje o délce lýtkových kostí u 26 mužů z populace obyvatel útesových obydlí na území Utahu.

Naším úkolem ze zadání je porovnat naměřené hodnoty na pravé a levé straně. Jde tedy o měření stejného znaku (délka lýtkové kosti) sledovaného na stejných subjektech (muži). Proto použijeme pro tuto situaci párový test. Prvním krokem k použití párového testu je vytvoření rozdílů hodnot naměřených na pravé a levé straně.

```
222 tibia.LR <- data.TRL$tibia.LR
223 tibia.LL <- data.TRL$tibia.LL
224 tibia.LRL <- tibia.LR - tibia.LL
```

V druhém kroku je potřeba ověřit normální charakter těchto rozdílů. Tímto předpokladem jsme se zabývali již v rámci příkladu ?? v sekci ??, kde jsme zjistili, že náhodný výběr rozdílů mezi délkami lýtkových kostí na pravé a levé straně nepochází z normálního rozdělení (p -hodnota < 0.0001). Pro připomenutí viz obrázek 13.



Obrázek 13: Histogram a diagram rozdílů mezi délkou lýtkové kosti na levé a pravé straně u mužů z populace obyvatel skalních obydlí v Utahu

Z histogramu na obrázku 13 vidíme, že rozdíly mezi pravou a levou stranou jsou výrazně vyšší doleva s od-

lehlým pozorováním na pravé straně. Z kvantilového diagramu potom vidíme, že toho odlehlé pozorování je extrémně vzdálené od referenční přímký. Z příkladu ?? již víme, že toho pozorování narušuje fatálním způsobem normalitu náhodného výběru. V příkladu ?? jsme tuto situaci vyřešili odstraněním odlehlého pozorování a následným provedením parametrického párového testu. Zde budeme pracovat s předpokladem, že naměřené údaje jsou správné a pozorování v souboru ponecháme. Protože však náhodný výběr rozdílů nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme hypotézu ze zadání otestovat pomocí parametrického testu, analogicky jako v příkladu ?. K otestování použijeme neparametrický exaktní znaménkový párový test. V zadání příkladu máme explicitně uvedeno, že máme testovat nulovou hypotézu o menší délce lýtkové kosti z pravé strany vzhledem k délce lýtkové kosti z levé strany. To odpovídá tvrzení, že rozdíly získané odečtením naměřených hodnot na levé straně od naměřených hodnot na pravé straně budou menší než nula. Zbývá dodefinovat alternativní hypotézu.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů délky ramenní kosti na pravé a levé straně u mužů je menší nebo roven nule.

H_1 : Medián rozdílů délky ramenní kosti na pravé a levé straně u mužů je větší než nula.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{z} \leq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

H_1 : $\tilde{z} > \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (pravostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor `tibia.LRL` ($Z_i, i = 1, \dots, 20$) jako vektor rozdílů mezi délkami lýtkových kostí na pravé a levé straně. Nyní je potřeba stanovit rozdíly $Z_i - \tilde{z}_0$. Protože ale $\tilde{z}_0 = 0$, jsou rozdíly $Z_i - \tilde{z}_0$ rovny původnímu vektoru rozdílů Z_i . Hodnoty délky lýtkové kosti na pravé straně (X_i), resp. na levé straně (Y_i), rozdíly Z_i , rozdíly $Z_i - \tilde{z}_0$ a znaménko posledních uvedených rozdílů jsou pro názornost uvedeny v tabulce 9.

Tabulka 9: Naměřené hodnoty X_i, Y_i , rozdíly $Z_i = X_i - Y_i$, rozdíly $Z_i - \tilde{z}_0$ a znaménka těchto rozdílů

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
X_i	376	370	346	388	380	335	372.5	388	364.0	361	370	396.5	373.0	378	368	370	374	356.0	355	337
Y_i	379	370	350	386	380	334	372.0	388	365.5	362	374	396.0	379.5	370	365	372	376	364.5	350	307
Z_i	-3	0	-4	2	0	1	0.5	0	-1.5	-1	-4	0.5	-6.5	8	3	-2	-2	-8.5	5	30
$Z_i - \tilde{z}_0$	-3	0	-4	2	0	1	0.5	0	-1.5	-1	-4	0.5	-6.5	8	3	-2	-2	-8.5	5	30
+/-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+

Z tabulky 9 vidíme, že celkem osm rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0, i = 1, \dots, 20$, je kladných. Hodnota testovací statistiky S_E bude tedy rovná 8.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{20} I(Z_i - 0 > 0) = 8.$$

```

225 z0 <- 0
226 I <- (tibia.LRL > z0)
227 tab <- data.frame(rbind("Xi" = tibia.LR, "Yi" = tibia.LL,
228                        "Zi" = tibia.LRL, "Zi-z0" = tibia.LRL - z0, "+/-" = I))
229 names(tab) <- 1 : 20
230 SE <- sum(I) # 8

```

- **Kritický obor**

Z tabulky 9 dále vidíme, že z celkového počtu $n = 20$ rozdílů jsou tři rozdílů nulové, a tedy počet nenulových rozdílů $m = 17$. Kritický obor bude potom tvořen hodnotou kvantilu $b_{m,1/2}(1 - \alpha)$ a nekonečnem.

$$\begin{aligned} W &= \langle b_{m,1/2}(1 - \alpha); \infty \rangle \\ &= \langle b_{17,1/2}(1 - 0.05); \infty \rangle \\ &= \langle b_{17,1/2}(0.95); \infty \rangle \\ &= \langle 12; \infty \rangle \end{aligned}$$

```
231 n <- length(tibia.LRL)
232 m <- sum(tibia.LRL - z0 != 0) # 17
233 alpha <- 0.05
234 q <- qbinom(1 - alpha, m, 1 / 2) # 12
```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 8$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_E \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 95% intervalu spolehlivosti, musíme nejprve rozdílů mezi naměřenými délkami pravé a levé strany vzestupně seřadit. Seřazené rozdílů jsou k dispozici v tabulce 10.

Tabulka 10: Seřazené rozdílů mezi délkami lýtkových kostí na pravé a levé straně

pořadí	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
seřazené Z_i	-8.5	-6.5	-4.0	-4.0	-3.0	-2.0	-2.0	-1.5	-1.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.5	1.0	2.0	3.0	5.0	8.0	30.0

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří hodnota, která se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(\alpha))$ -té pozici, a nekonečno.

$$\begin{aligned} (d, h) &= \left(Z^{(b_{n,1/2}(\alpha))}; \infty \right) \\ &= \left(Z^{(b_{17,1/2}(0.05))}; \infty \right) \\ &= \left(Z^{(6)}; \infty \right) \\ &= (-2; \infty) \end{aligned}$$

```
235 qbinom(alpha, n, 1 / 2) # 6
236 tibia.LRLs[6] # -2
```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ náleží do 95% empirického jednostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{z}_0 = 0 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) = \Pr(S_E \geq 8) = 1 - \Pr(S_E < 8) = 1 - \Pr(S_E \leq 7) = 0.6854706 \doteq 0.6855$$

- **Závěr testování**

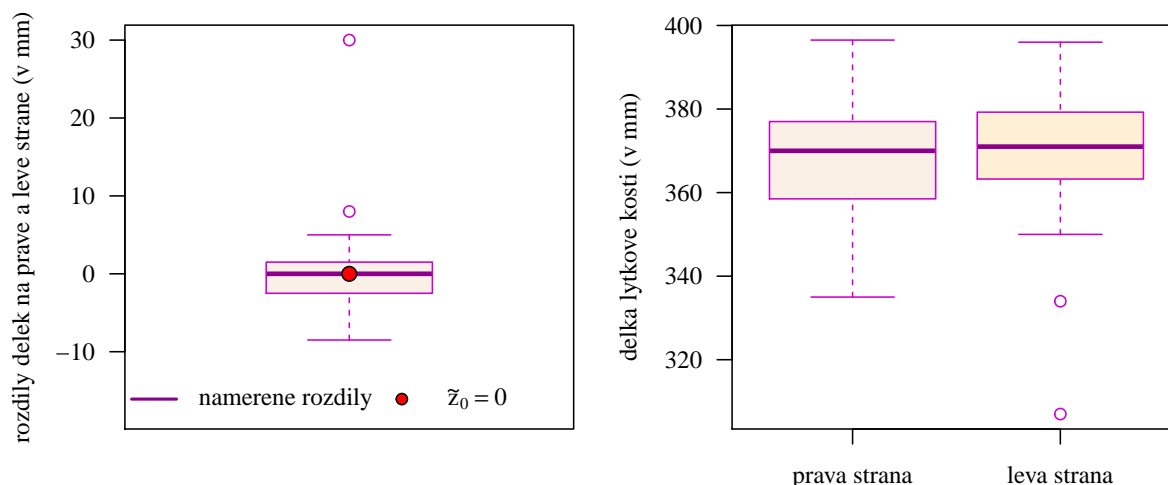
Protože p -hodnota = 0.6855 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Na základě všech tří typů testování na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ nezamítáme nulovou hypotézu, že délka lýtkové kosti z pravé strany u skeletů mužského pohlaví je menší než délka lýtkové kosti z levé strany. Uvědomme si, že zamítnutí nulové hypotézy by vedlo k závěru, že délka lýtkové kosti z pravé strany je statisticky významně větší než délka lýtkové kosti z levé strany. Nezamítnutí nulové hypotézy tedy vede k závěru, že délka lýtkové kosti z pravé strany není statisticky významně větší než délka lýtkové kosti z levé strany.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání měření na pravé a levé straně vizualizujeme pomocí krabicového diagramu, přičemž opět se můžeme rozhodnout, zda dáme přednost diagramu porovnávajícímu rozdíly mezi pravou a levou stranou s konstantou $\tilde{z}_0 = 0$ (obrázek 14 vlevo), nebo diagramu porovnávajícímu naměřené hodnoty na pravé straně s hodnotami naměřenými na levé straně (obrázek 14 vpravo).



Obrázek 14: Krabicový diagram rozdílů mezi délkou lýtkové kosti na levé a pravé straně u mužů z populace obyvatel skalních obydlí v Utahu

Poznámka: Znaménkový exaktní párový test provedeme pomocí funkce `SIGN.test()` z knihovny `BSDA`. Vstupními parametry budou vektor naměřených hodnot délek lýtkové kosti na pravé straně (`tibia.LR`), vektor naměřených hodnot délek lýtkové kosti na levé straně (`tibia.LL`), specifikace párového testu (`paired = T`), hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ (`conf.level = 0.95`) a pravostranný typ alternativní hypotézy (`alternative = 'greater'`). Součástí výstupu je hodnota mediánu rozdílů naměřených výšek na pravé a levé straně

```
238 BSDA::SIGN.test(tibia.LR, tibia.LL, paired = T, conf.level = 0.95,
239                 alt = 'greater') # IS interpolovany
```

median of $x-y = 0$, hodnota testovací statistiky $s = 8$, interpolované hranice 95% empirického levostranného intervalu spolehlivosti -2 a Inf pro rozdíl mezi délkami na pravé a levé straně a p -hodnota $p\text{-value} = 0.6855$. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, je dolní hranice kritického oboru. ★

Příklad 9.8. Znaménkový párový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv obsahující údaje o délkách ramenních kostí v mm na pravé straně (humer.LR) a na levé straně (humer.LL) u skeletů z římského pohřebiště v Poundbury (detaily viz sekce ??). Na hladině významnosti $\alpha = 0.10$ zjistíte, zda je u skeletů ženského pohlaví délka pažní kosti z levé strany menší než délka pažní kosti z pravé strany.

Řešení příkladu 9.8

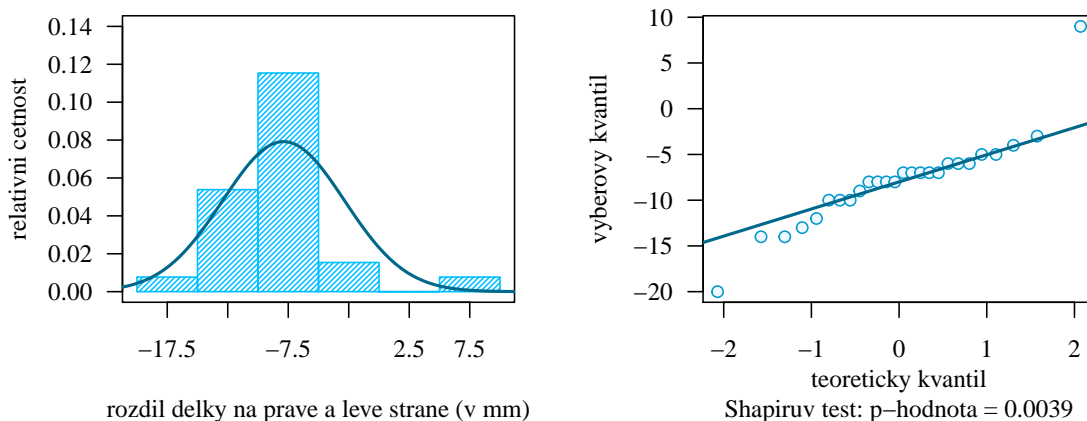
Načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` vybereme z datové tabulky údaje o délce pažní kosti z levé strany (humer.LL), resp. z pravé strany (humer.LR) u žen (`sex == 'f'`) z římského pohřebiště v Poundbury (`pop == 'Poundbury'`). Z vektoru naměřených hodnot odstraníme chybějící hodnoty a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
240 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
241 # head(data)
242 data.LLR <- data[data$pop == 'Poundbury' & data$sex == 'f',
243                c('humer.LL', 'humer.LR')]
244 data.LLR <- na.omit(data.LLR)
245 dim(data.LLR) # 26x2
```

Datový soubor obsahuje kompletní údaje o délce pažní kosti z levé i pravé strany u 26 skeletů žen z římského pohřebiště v Poundbury.

Naším úkolem ze zadání je porovnat naměřené hodnoty na levé a pravé straně. Jde tedy o měření stejného znaku (délka pažní kosti) sledovaného na stejných subjektech (ženy), proto použijeme pro tuto situaci párový test. Nejprve tedy vytvoříme rozdíly hodnot délek pažních kostí naměřených na levé a pravé straně a následně ověříme normální rozdělení těchto rozdílů. K tomu využijeme Shapirov-Wilkovým testem ($\alpha = 0.05$), kvantilový diagram a histogram, přičemž naměřené hodnoty rozdělíme do šesti ekvidistatních intervalů s šířkou 5 mm prostřednictvím stanovených hranic $-20, -15, \dots, 10$ (viz obrázek ??).

```
246 humer.LL <- data.LLR$humer.LL
247 humer.LR <- data.LLR$humer.LR
248 humer.LLR <- humer.LL - humer.LR
```



Obrázek 15: Histogram a diagram rozdílů mezi délkami těla pažní kosti na pravé a levé straně u skeletů žen z římského pohřebiště v Poundbury

Protože p -hodnota = 0.0039 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě rozdílů zamítáme na hladině významnosti

$\alpha = 0.05$. Z histogramu na obrázku ?? vidíme, že naměřené hodnoty jsou výrazně špičatější s mírně prodlouženým pravým chvostem. Z kvantilového diagramu potom vidíme, že hodnoty na chvostech se zjevně odchyľují od referenční přímký. Shapiro-Wilkův test vyhodnotil tyto nedostatky jako fatální pro normální charakter náhodného výběru. Náhodný výběr rozdílů mezi délkou pažní kosti na levé a pravé straně nepochází z normálního rozdělení.

Protože náhodný výběr rozdílů nepochází z normálního rozdělení, nemůžeme k ověření otázky ze zadání použít parametrický párový test. Použijeme tedy jeho neparametrickou alternativu, a sice exaktní znaménkový párový test. Naším úkolem je zjistit, zda je u skeletů ženského pohlaví délka pažní kosti z levé strany menší než délka pažní kosti z pravé strany. Tato věta je zněním alternativní hypotézy, přičemž nulovou hypotézu dodefinujeme jako doplněk k tomuto tvrzení.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů délký pažní kosti na levé a pravé straně u žen je větší nebo rovný nule.

H_1 : Medián rozdílů délký pažní kosti na levé a pravé straně u žen je menší než nula.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{z} \geq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

H_1 : $\tilde{z} < \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (levostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.10$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor humer.LLR (Z_i) jako vektor rozdílů mezi délkou pažní kosti na levé a pravé straně. Nyní je potřeba stanovit rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$ a určit počet kladných rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$ a počet nenulových rozdílů m .

```
249 z0 <- 0
250 I <- (humer.LLR > z0)
251 tab <- data.frame(rbind("Xi" = humer.LL, "Yi" = humer.LR,
252 "Zi" = humer.LLR, "Zi-z0" = humer.LLR - z0, "+/-" = I))
253 SE <- sum(I) # 1
254 n <- length(humer.LLR) # 26
255 m <- sum(humer.LLR - z0 != 0) # 26
```

Z celkového počtu 26 rozdílů není žádný rozdíl nulový, tj. $m = 26$. Dále pouze jeden rozdíl je kladný, tedy

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{26} I(Z_i - 0 > 0) = 1.$$

- **Kritický obor**

$$\begin{aligned} W &= (-\infty; b_{m,1/2}(\alpha) - 1) \\ &= (-\infty; b_{26,1/2}(0.10) - 1) \\ &= (-\infty; 10 - 1) \\ &= (-\infty; 9) \end{aligned}$$

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 1$ náleží do kritického oboru, tj. $s_E \in W$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

```
256 alpha <- 0.10
257 q <- qbinom(alpha, m, 1 / 2) - 1 # 6
```

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 90 % intervalu spolehlivosti, musíme nejprve rozdíly mezi naměřenými délkami pažní kosti na levé a pravé straně vzestupně seřadit.

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří mínus nekonečno a hodnota, která se v seřazeném vektoru hodnot nachází na $(b_{n,1/2}(1 - \alpha) + 1)$ -té pozici.

$$\begin{aligned} (d, h) &= \left(-\infty; Z^{(b_{n,1/2}(1-\alpha)+1)}\right) \\ &= \left(-\infty; Z^{(b_{26,1/2}(1-0.10)+1)}\right) \\ &= \left(-\infty; Z^{(b_{26,1/2}(0.90)+1)}\right) \\ &= \left(-\infty; Z^{(17)}\right) \\ &= (-\infty; -7) \end{aligned}$$

```
258 qbinom(1 - alpha, n, 1 / 2) + 1 # 17
259 humer.LLRs [17] # -7
```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ nenáleží do 90% empirického pravostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 0 \notin IS$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \leq s_E) = \Pr(S_E \leq 1) = 4.02331^{-7}$$

```
260 pbinom(SE, m, 1 / 2) # 4.023314e-07
```

- **Závěr testování**

Protože p -hodnota = 4.02331^{-7} je menší než $\alpha = 0.10$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

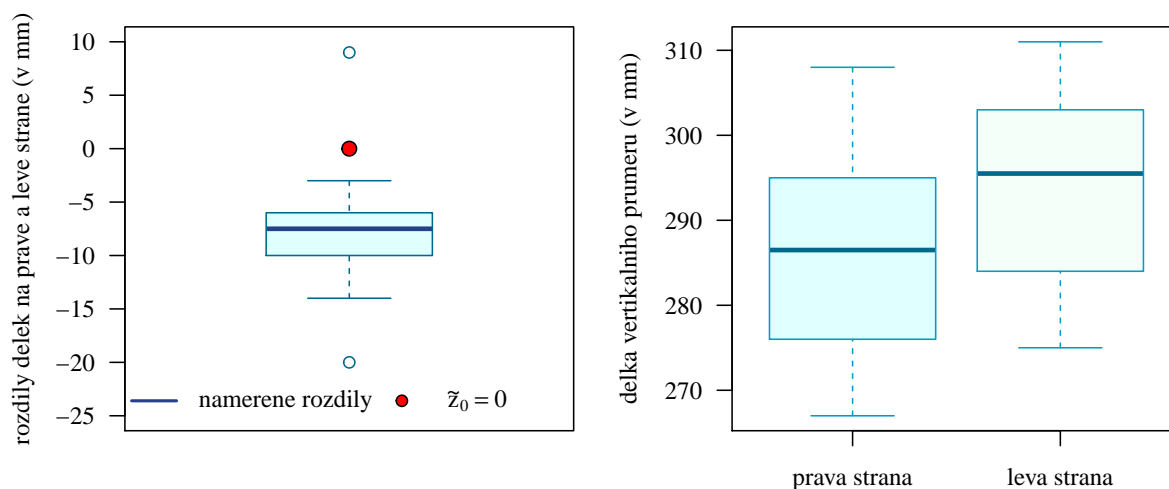
6. Interpretace výsledků

Na základě všech tří typů testování zamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.10$. Délka pažní kosti na levé straně u žen je statisticky významně větší než na pravé straně.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Rozdíl v délce pažní kosti na pravé a levé straně vizualizujeme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 16).

Poznámka: Znaménkový párový test můžeme provést pomocí funkce `SIGN.test()`. Vstupními parametry budou vektor naměřených hodnot délek pažních kostí na levé straně (`humer.LL`), vektor naměřených hodnot délek pažních kostí na pravé straně (`humer.LR`), volba párového testu (`paired = T`), hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím



Obrázek 16: Krabicový diagram rozdílů mezi délkami těla pažní kosti na pravé a levé straně u skeletů žen z římského pohřebiště v Poundbury

```
261 BSDA::SIGN.test(humer.LL, humer.LR, paired = T,
262                 conf.level = 0.90, alternative = 'less')
```

koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ (`conf.level = 0.90`) a levostranný typ alternativní hypotézy (`alternative = 'less'`). Součástí výstupu je hodnota mediánu rozdílů naměřených délek na levé a pravé straně `median of x-y = -7.5`, hodnota testovací statistiky `S = 1`, interpolované hranice 90% empirického pravo intervalu spolehlivosti `-lnf a -7` pro rozdíl naměřených délek na levé a pravé straně a *p*-hodnota `p-value = 4.023e-07`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, je horní hranice kritického oboru. ★

Dependent-samples Sign-Test				263
data: humer.LL and humer.LR				264
S = 1, p-value = 4.023e-07				265
alternative hypothesis: true median difference is less than 0				266
90 percent confidence interval:				267
-Inf	-7			268
sample estimates:				269
median of x-y				270
	-7.5			271
Achieved and Interpolated Confidence Intervals:				272
	Conf.Level	L.E.pt	U.E.pt	273
Lower Achieved CI	0.8365	-Inf	-7	274
Interpolated CI	0.9000	-Inf	-7	275
Upper Achieved CI	0.9157	-Inf	-7	276
				277
				278
				279
				280

Příklad 9.9. Znaménkový párový asymptotický test

Máme datový soubor 02-paired-means-clavicula.txt obsahující údaje o hodnotách vertikálního průměru středu délky těla klíční kosti z pravé a levé strany (*clavicula*) z pohřebiště u Sv. Jakuba v Brně, převážně z období středověku, naměřené jedním výzkumníkem ve dvou opakovaných měřeních (viz sekce ??). Hodnoty naměřené při prvním opakování jsou uloženy v proměnné `simd.1`, hodnoty naměřené při druhém opakování jsou uloženy v proměnné `simd.2`. Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda je střední hodnota prvního měření shodná se střední hodnotou druhého měření vertikálního průměru délky těla klíční kosti na pravé straně provedené tímto výzkumníkem.

Řešení příkladu ??

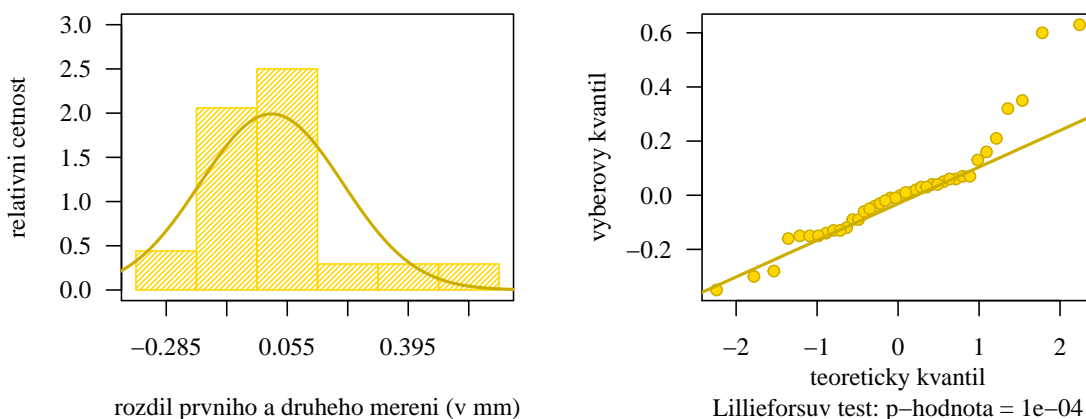
Nejprve příkazem `read.delim()` načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` z něj vybereme pouze údaje naměřené sledovaným výzkumníkem (sloupce `simd.1` a `simd.2`) na pravé straně `side == 'R'`. Údaje vložíme do proměnné `data.12R`. Z datové tabulky následně odstraníme chybějící údaje a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
281 data <- read.delim('00-Data//02-paired-means-clavicula.txt')
282 #head(data)
283 data.12R <- data[data$side == 'R', c('simd.1', 'simd.2')]
284 data.12R <- na.omit(data.12R)
285 dim(data.12R) # 40x2
```

Datový soubor obsahuje 40 opakovaných měření délky těla klíční kosti z pravé strany. Jelikož máme za úkol porovnat opakovaná měření provedená na jednom subjektu, použijeme k tomuto porovnání párový test. Prvním krokem k provedení tohoto testu je vytvoření rozdílů hodnot získaných v prvním a druhém měření. V druhém kroku je potřeba ověřit předpoklad normálního rozdělení těchto rozdílů.

```
286 simd.1R <- data.12R$simd.1
287 simd.2R <- data.12R$simd.2
288 simd.12R <- simd.1R - simd.2R
```

Vzhledem k velkému rozsahu náhodného výběru otestujeme normalitu Lillieforsovým testem ($\alpha = 0.05$) v kombinaci s kvantilovým diagramem a histogramem. Naměřené hodnoty rozdělíme do šesti ekvidistantních intervalů se šířkou 0.17 mm prostřednictvím stanovených hranic $-0.37, -0.20, \dots, 0.65$ (viz obrázek 17).



Obrázek 17: Histogram a diagram rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru ve středu délky těla klíční kosti na pravé straně získaných jedním výzkumníkem

Protože p -hodnota = 0.0001 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě rozdílů zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Histogram naměřených hodnot, stejně jako kvantilový diagram ukazují na vyšikmení naměřených hodnot směrem doleva s odlehlými pozorováními na pravé straně, které jsou pro normální charakter naměřených hodnot

fatální. Náhodný výběr rozdílů hodnot získaných v prvním a druhém měření nepochází z normálního rozdělení.

Předpoklad normality pro použití parametrického testu není splněn, proto není možné tvrzení ze zadání ověřit pomocí parametrického párového testu. Otázku ze zadání tedy ověříme pomocí neparametrické alternativy, a sice asymptotického znaménkového párového testu. Naším úkolem je zjistit, zda je střední hodnota prvního měření shodná se střední hodnotou druhého měření. Toto tvrzení bude zněním nulové hypotézy, neboť shoda implikuje rovnost a rovnost je vždy součástí nulové hypotézy. Dále je potřeba si uvědomit, že možnost testovat hypotézu o středních hodnotách jsme ztratili při rozhodnutí použít k testování neparametrický test. Namísto toho budeme testovat hypotézu o shodě mediánu prvního měření s mediánem druhých měření, což je analogie hypotézy, že medián rozdílů prvního a druhého měření je roven nule.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru těla klíční kosti na pravé straně měřených jedním výzkumníkem je roven nule.

H_1 : Medián rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru těla klíční kosti na pravé straně měřených jedním výzkumníkem není roven nule.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{z} = \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

H_1 : $\tilde{z} \leq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (levostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti podle zadání $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor `simd.12R` (Z_i) jako vektor rozdílů mezi naměřenými hodnotami v rámci prvního a druhého měření. Nyní je potřeba stanovit rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$ a určit počet kladných rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$ a počet nenulových rozdílů m .

```
289 z0 <- 0
290 I <- (simd.12R > z0)
291 SE <- sum(I) # 19
292 n <- length(simd.12R) # 40
293 m <- sum(simd.12R - z0 != 0) # 39
```

Z celkového počtu 40 rozdílů je právě jeden rozdíl nulový, tj. $m = 39$ a 19 rozdílů je kladných, tj. $S_E = 19$.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{40} I(Z_i - 0 > 0) = 19.$$

Nyní vypočítáme testovací statistiku asymptotické varianty znaménkového testu podle vzorce 9.2.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} = \frac{19 - \frac{39}{2}}{\sqrt{\frac{39}{4}}} = \frac{0}{39 - 19.5} \sqrt{9.75} = \frac{-0.5}{3.122499} = -0.1601282 \doteq -0.16013$$

```
294 SA <- (SE - m / 2) / sqrt(m / 4) # -0.1601282
```

- Kritický obor

$$\begin{aligned}
 W &= (-\infty; u_{\alpha/2}) \cup (u_{1-\alpha/2}; \infty) \\
 &= (-\infty; u_{0.05/2}) \cup (u_{1-0.05/2}; \infty) \\
 &= (-\infty; u_{0.025}) \cup (u_{0.975}; \infty) \\
 &= (-\infty; -1.959964) \cup (1.959964; \infty)
 \end{aligned}$$

```

295 alpha <- 0.05
296 qnorm(alpha / 2) # -1.959964
297 qnorm(1 - alpha / 2) # 1.959964

```

- Závěr testování

Protože realizace testovací statistiky $s_A = -0.16013$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_A \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- Interval spolehlivosti

Pomocí příkazu `sort()` nejprve vzestupně seřadíme naměřené hodnoty Z_i , $i = 1, \dots, 40$. Hranice 95% intervalu spolehlivosti budou potom $(C_{1-\alpha/2})$ -tá a $(n + 1 - C_{1-\alpha/2})$ -tá hodnota v seřazeném vektoru naměřených hodnot, kde

$$\begin{aligned}
 C_{1-\alpha/2} &= \frac{n}{2} - u_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{n}{4}} \\
 &= \frac{40}{2} - u_{1-0.05/2} \sqrt{\frac{40}{4}} \\
 &= 20 - u_{0.975} \sqrt{10} \\
 &= 20 - 1.959964 \times 3.162278 \\
 &= 13.80205 \doteq 14
 \end{aligned}$$

Interval spolehlivosti má potom následující tvar

$$\begin{aligned}
 (d, h) &= (X^{(C_{1-\alpha/2})}; X^{(n+1-C_{1-\alpha/2})}) \\
 &= (X^{(14)}; X^{(40+1-14)}) \\
 &= (X^{(14)}; X^{(27)}) \\
 &= (-0.06; 0.04)
 \end{aligned}$$

```

298 simd.12Rs <- sort(simd.12R)
299 C1 <- round(n / 2 - qnorm(1 - alpha / 2) * sqrt(n / 4)) # 14
300 C2 <- round(n + 1 - C1) # 27
301 simd.12Rs[C1] # -0.06
302 simd.12Rs[C2] # 0.04

```

- Závěr testování

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ náleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{z}_0 = 0 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- p -hodnota

$$\begin{aligned} p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq s_A), \Pr(S_A \geq s_A)\} \\ &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq -0.16013), \Pr(S_A \geq -0.16013)\} \\ &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq -0.16013), 1 - \Pr(S_A \leq -0.16013)\} \\ &= 2 \min\{0.4363901, 0.5636099\} \\ &= 2 \times 0.4363901 = 0.8727801 \doteq 0.8728 \end{aligned}$$

```
303 p.val <- 2 * min(pnorm(SA), 1 - pnorm(SA)) # 0.8727801
```

- **Závěr testování**

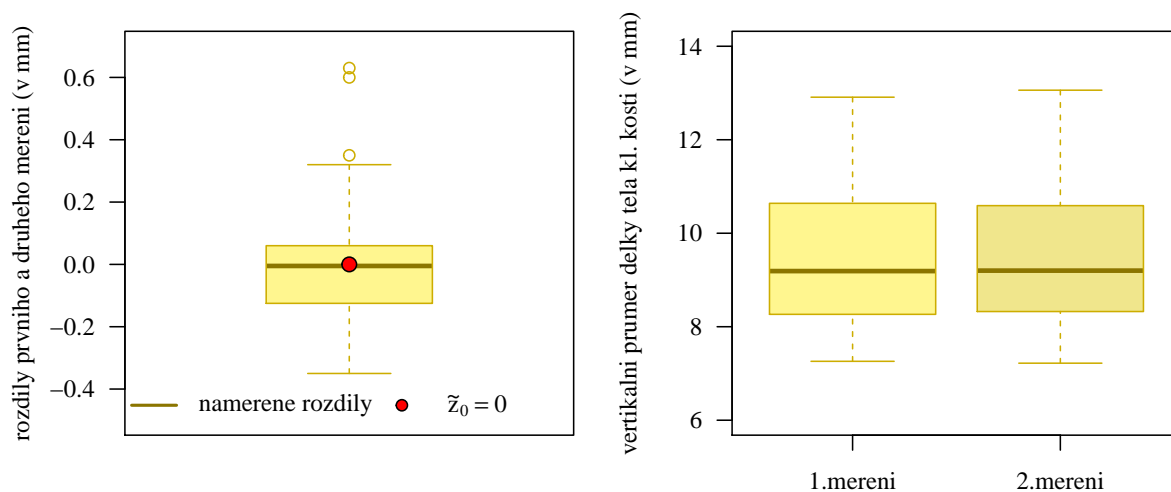
Protože p -hodnota = 0.8727801 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Mezi prvním a druhým měřením vertikálního průměru délky těla klíční kosti na pravé straně provedenými sledovaným výzkumníkem neexistuje statisticky významný rozdíl.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání naměřených hodnot získaných v rámci prvního a druhého měření zobrazíme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 18).



Obrázek 18: Krabicový diagram rozdílů mezi největší výškou kloubní jamky u mužů na pravé a levé straně



Příklad 9.10. Znaménkový párový asymptotický test

Máme datový soubor 02-paired-means-clavicle.txt obsahující údaje o hodnotách vertikálního průměru středu délky těla klíční kosti z pravé a levé strany (*clavicula*) z pohřebiště u Sv. Jakuba v Brně, převážně z období středověku, naměřené jedním výzkumníkem ve dvou opakovaných měřeních (viz sekce ??). Hodnoty naměřené při prvním opakování jsou uloženy v proměnné `simd.1`, hodnoty naměřené při druhém opakování jsou uloženy v proměnné `simd.2`. Můžeme zjistit, že aritmetický průměr hodnot získaných v rámci prvního měření je větší než aritmetický průměr hodnot získaných v rámci druhého měření. Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda je střední hodnota prvního měření větší než střední hodnota druhého měření vertikálního průměru délky těla klíční kosti na levé straně provedené tímto výzkumníkem.

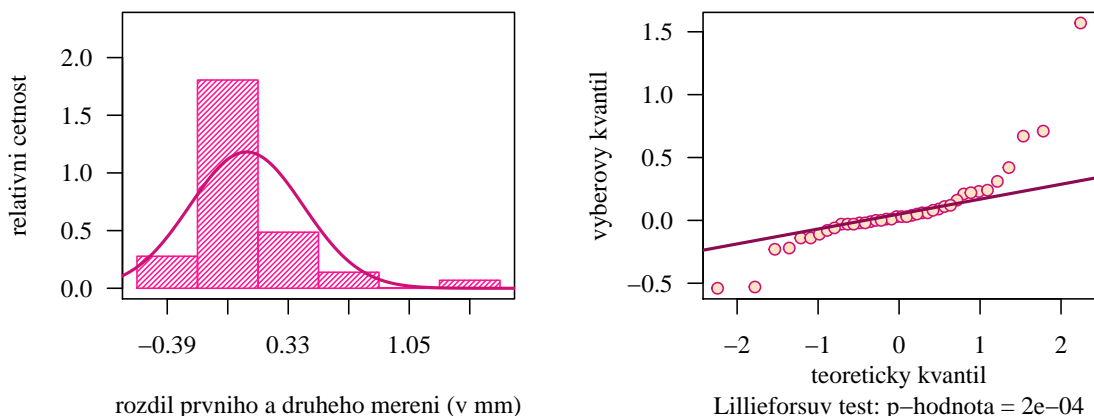
Řešení příkladu 9.10

Načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` z něj vybereme pouze údaje naměřené sledovaným výzkumníkem (sloupce `simd.1` a `simd.2`) na levé straně `side == 'L'`. Údaje vložíme do proměnné `data.12L`. Z datové tabulky následně odstraníme chybějící údaje a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
304 data <- read.delim('00-Data//02-paired-means-clavicle.txt')
305 #head(data)
306 data.12L <- data[data$side == 'L', c('simd.1', 'simd.2')]
307 data.12L <- na.omit(data.12L)
308 dim(data.12L) # 40 x 2
```

Datový soubor obsahuje 40 opakovaných měření délky těla klíční kosti z levé strany. Jelikož chceme porovnat opakovaná měření provedená na jednom subjektu, použijeme k tomuto porovnání párový test. Prvním krokem k provedení tohoto testu je vytvoření rozdílů hodnot získaných v prvním a druhém měření. V druhém kroku je potřeba ověřit předpoklad normálního rozdělení těchto rozdílů. Testováním normality náhodného výběru rozdílů jsme se zabývali v rámci příkladu ?? v sekci ??, přičemž jsme zjistili, že tento náhodný výběr nepochází z normálního rozdělení (p -hodnota = 0.0002), a to ani po odstranění nejvíce odlehlého rozdílu (p -hodnota = 0.0302). Pro připomenutí viz obrázek 19 zobrazující histogram a kvantilový diagram pro původní sadu 40 rozdílů.

```
309 simd.1L <- data.12L$simd.1
310 simd.2L <- data.12L$simd.2
311 simd.12L <- simd.1L - simd.2L
```



Obrázek 19: Histogram a diagram rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru ve středu délky těla klíční kosti na levé straně získaných jedním výzkumníkem

Protože předpoklad normality rozdílů prvního a druhého měření není splněn, a k jeho splnění nedošlo ani po

odstranění nejdlehlšího pozorování, vrátíme se zpátky k vektoru obsahujícímu všech 40 rozdílů. Otázku ze zadání ověříme pomocí neparametrické alternativy párového testu, a sice pomocí asymptotického znaménkového párového testu. Naším úkolem je zjistit, zda je střední hodnota prvního měření větší než střední hodnota druhého měření. Toto tvrzení bude zněním alternativní hypotézy, neboť v zadání není o znění nulové hypotézy žádná zmínka. Analogické znění alternativní hypotézy je, že střední hodnota rozdílů, získaných odečtením hodnot naměřených v druhém měření od hodnot naměřených v prvním měření, bude větší než nula. Nulovou hypotézu naformulujeme jako doplněk k této hypotéze. Namísto středních hodnot se opět zaměříme na jejich neparametrické alternativy a sice na mediány, které budou figurovat v konečném znění obou hypotéz.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru těla klíční kosti na levé straně měřených jedním výzkumníkem je menší než nula.

H_1 : Medián rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru těla klíční kosti na levé straně měřených jedním výzkumníkem je větší než nula.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

$H_0 : \tilde{z} \leq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

$H_1 : \tilde{z} > \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (pravostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme podle zadání $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor `simd.12L` (Z_i) jako vektor rozdílů mezi naměřenými hodnotami v rámci prvního a druhého měření na levé straně. Nyní je potřeba stanovit rozdíl $Z_i - \tilde{z}_0$ a určit počet kladných rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$ a počet nenulových rozdílů m .

```
312 z0 <- 0
313 I <- (simd.12L > z0)
314 SE <- sum(I) # 23
315 n <- length(simd.12L) # 40
316 m <- sum(simd.12L - z0 != 0) # 38
```

Z celkového počtu 40 rozdílů jsou dva rozdílů nenulové, tj. $m = 38$ a 23 rozdílů je kladných, tj. $S_E = 23$.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{40} I(Z_i - 0 > 0) = 23.$$

Dále vypočítáme testovací statistiku asymptotické varianty znaménkového testu S_A podle vzorce 9.2.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} = \frac{23 - \frac{38}{2}}{\sqrt{\frac{38}{4}}} = \frac{0}{23 - 19} \sqrt{9.5} = \frac{4}{3.082207} = 1.297771 \doteq 1.2978$$

```
317 SA <- (SE - m / 2) / sqrt(m / 4) # 1.297771
```

- Kritický obor

$$\begin{aligned}
 W &= \langle u_{1-\alpha}; \infty \rangle \\
 &= \langle u_{1-0.05}; \infty \rangle \\
 &= \langle u_{0.95}; \infty \rangle \\
 &= \langle 1.644854; \infty \rangle
 \end{aligned}$$

```

318 alpha <- 0.05
319 qnorm(1 - alpha) # 1.644854

```

- Závěr testování

Protože realizace testovací statistiky $s_A = 1.297771$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_A \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- Interval spolehlivosti

Pomocí příkazu `sort()` nejprve vzestupně seřadíme naměřené hodnoty Z_i , $i = 1, \dots, 40$. Hranice 95% intervalu spolehlivosti budou potom $(C_{1-\alpha})$ -tá hodnota v seřazeném vektoru naměřených hodnot, kde

$$\begin{aligned}
 C_{1-\alpha} &= \frac{n}{2} - u_{1-\alpha} \sqrt{\frac{n}{4}} \\
 &= \frac{40}{2} - u_{1-0.05} \sqrt{\frac{40}{4}} \\
 &= 20 - u_{0.95} \sqrt{10} \\
 &= 20 - 1.644854 \times 3.162278 \\
 &= 14.79851 \doteq 15
 \end{aligned}$$

a plus nekonečno.

Interval spolehlivosti má potom následující tvar

$$\begin{aligned}
 (d, h) &= \left(X^{(C_{1-\alpha})}; \infty \right) \\
 &= \left(X^{(15)}; \infty \right) \\
 &= \left(X^{(15)}; \infty \right) \\
 &= (-0.01; \infty)
 \end{aligned}$$

```

320 simd.12Ls <- sort(simd.12L)
321 C1 <- round(n / 2 - qnorm(1 - alpha) * sqrt(n / 4)) # 14
322 simd.12Ls[C1] # -0.01

```

- Závěr testování

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ náleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{z}_0 = 0 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- p -hodnota

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \geq s_A) = \Pr(S_A \geq 1.297771) = 1 - \Pr(S_A \leq 1.297771) = 0.09718296 \doteq 0.09718$$

```
323 p.val <- 1 - pnorm(SA) # 0.09718296
```

- **Závěr testování**

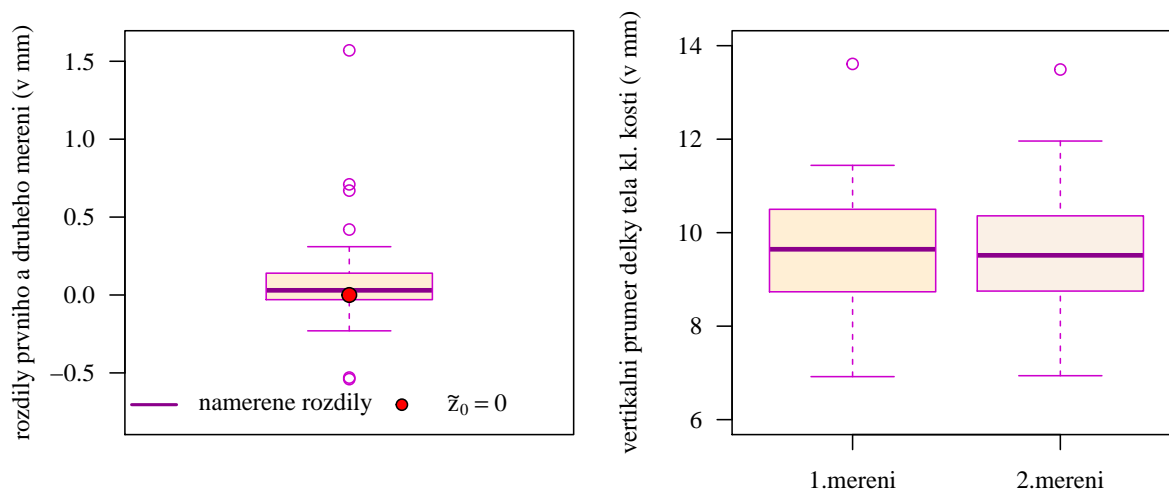
Protože p -hodnota = 0.09718 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Hodnoty získané v prvním měření nejsou statisticky významně větší než hodnoty získané v druhém měření.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Porovnání naměřených hodnot získaných v rámci prvního a druhého měření zobrazíme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 20).



Obrázek 20: Krabicový diagram rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru ve středu délky těla klíční kosti na levé straně získaných jedním výzkumníkem



Příklad 9.11. Znaménkový párový asymptotický test

Máme datový soubor 03-paired-means-clavicle2.txt obsahující údaje o délkách klíční kosti (*clavicula*) z pravé strany (`length.R`) a levé strany (`length.L`) z anglického souboru dokumentovaných skeletů (Parsons, 1916, viz soubor D-03-paired-means-clavicle2). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ testujte hypotézu, že střední hodnota délky klíční kosti u žen z pravé strany je větší než střední hodnota délky klíční kosti u žen z levé strany.

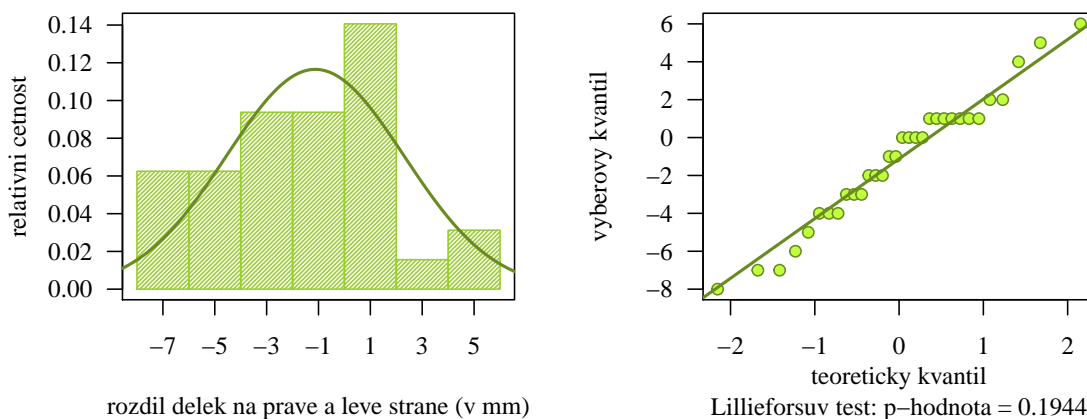
Řešení příkladu 9.11

Nejprve načteme datový soubor a pomocí operátoru `[]` z něj vybereme pouze údaje o délce klíční kosti z pravé strany (sloupce `length.R` resp. z levé strany (`length.L`) u žen `sex == 'f'`. Údaje vložíme do proměnné `length.RLF`. Z datové tabulky následně odstraníme chybějící hodnoty a zjistíme rozsah náhodného výběru.

```
324 data <- read.delim('00-Data//03-paired-means-clavicle2.txt')
325 #head(data)
326 data.RLF <- data[data$sex == 'f', c('length.R', 'length.L')]
327 data.RLF <- na.omit(data.RLF)
328 dim(data.RLF) # 50
```

Datový soubor obsahuje údaje o délce klíční kosti z pravé a levé strany u 50 mužů. Úkolem ze zadání je porovnat naměřené hodnoty na pravé a levé straně. Jde tedy o měření stejného znaku (délka klíční kosti) sledovaného na stejných subjektech (ženy), proto použijeme na tuto situaci párový test. Prvním krokem k tohoto testu je vytvoření rozdílů hodnot naměřených na pravé a levé straně. V druhém kroku je potřeba ověřit předpoklad normality těchto rozdílů.

Předpoklad normality ověříme Lillieforsovým testem ($\alpha = 0.05$) v kombinaci s kvantilovým diagramem a histogramem (viz obrázek 21). Datový soubor rozdělíme do sedmi ekvidistatních intervalů s šířkou 2 mm prostřednictvím stanovených hranic $-8, -6, \dots, 6$.



Obrázek 21: Histogram a kvantilový diagram rozdílů délky těla klíčních kostí na levé a pravé straně žen

Protože p -hodnota = 0.0481 je menší než 0.05, nulovou hypotézu o normalitě dat, zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z histogramu vidíme, že rozdíly pravé a levé strany vykazují plošší trend než očekávaná křivka hustoty normálního rozdělení. Taktéž zde pozorujeme mírné vyšikmení hodnot směrem doleva s odlehklými pozorováními na pravé straně. Lillieforsův test tyto nedostatky vyhodnotil vzhledem k poměrně vysokému rozsahu náhodného výběru jako fatální pro normální charakter náhodného výběru. Náhodný výběr rozdílů délek klíčních kostí z levé a pravé strany tedy nepochází z normálního rozdělení.

Předpoklad normality pro použití parametrického testu není splněn, proto není možné tvrzení ze zadání ověřit pomocí parametrického párového testu. Otázku ze zadání tedy ověříme pomocí neparametrického asymptotického

znaménkového párového testu. Naším úkolem je tetsovat hypotézu, že střední hodnota délky klíční kosti u žen z pravé strany je větší než střední hodnota délky klíční kosti u žen z levé strany. Toto tvrzení je zněním nulové hypotézy, protože pojmem *hypotéza* zmíněným v zadání je vždy myšlena nulová hypotéza. Dále je potřeba si uvědomit, že možnost testovat hypotézu o středních hodnotách jsme ztratili při rozhodnutí použít k testování neparametrický test. Pojem *střední hodnoty* nahradíme ve slovní formulaci hypotéz pojmem *medián*.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián rozdílů délky klíční kosti z pravé a z levé strany u žen je větší nebo roven nule.

H_1 : Medián rozdílů délky klíční kosti z pravé a z levé strany u žen je menší než nula.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{z} \geq \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$

H_1 : $\tilde{z} < \tilde{z}_0$, kde $\tilde{z}_0 = 0$ (levostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti podle zadání zvolíme jako $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

V úvodu příkladu jsme vytvořili vektor `length.RLF` (Z_i) jako vektor rozdílů mezi naměřenými hodnotami na pravé a levé straně. Nyní je potřeba stanovit rozdíly $Z_i - \tilde{z}_0$ a určit počet kladných rozdílů $Z_i - \tilde{z}_0$ a počet nenulových rozdílů m .

```
329 z0 <- 0
330 I <- (length.RLF > z0)
331 SE <- sum(I) # 19
332 n <- length(length.RLF) # 50
333 m <- sum(length.RLF - z0 != 0) # 43
```

Z celkového počtu 50 rozdílů je sedm rozdílů rovných nule, tj. počet nenulových rozdílů $m = 43$ a 19 rozdílů je kladných, tj. $S_E = 19$.

$$S_E = \sum_{i=1}^n I(Z_i - \tilde{z}_0 > 0) = \sum_{i=1}^{50} I(Z_i - 0 > 0) = 19.$$

Nyní vypočítáme testovací statistiku asymptotické varianty znaménkového testu podle vzorce 9.2.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m}{2}}{\sqrt{\frac{m}{4}}} = \frac{19 - \frac{43}{2}}{\sqrt{\frac{43}{4}}} = \frac{0}{19 - 21.5} \sqrt{10.75} = \frac{-2.5}{3.278719} = -0.7624929 \doteq -0.7625$$

```
334 SA <- (SE - m / 2) / sqrt(m / 4) # -0.7624929
```

- **Kritický obor**

$$\begin{aligned} W &= (-\infty; u_\alpha) \\ &= (-\infty; u_{0.05}) \\ &= (-\infty; -1.644854) \end{aligned}$$

```
335 alpha <- 0.05
336 qnorm(alpha) # -1.644854
```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_A = -0.16013$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_A \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Pomocí příkazu `sort()` nejprve vzestupně seřadíme naměřené hodnoty Z_i , $i = 1, \dots, 50$. Hranice 95% pravostranného intervalu spolehlivosti budou potom mínus nekonečno a $(n + 1 - C_{1-\alpha})$ -tá hodnota v seřazeném vektoru naměřených hodnot, kde

$$\begin{aligned} C_{1-\alpha} &= \frac{n}{2} - u_{1-\alpha} \sqrt{\frac{n}{4}} \\ &= \frac{50}{2} - u_{1-0.05} \sqrt{\frac{50}{4}} \\ &= 25 - u_{0.95} \sqrt{12.5} \\ &= 25 - 1.644854 \times 3.535534 \\ &= 19.18456 \doteq 19 \end{aligned}$$

Interval spolehlivosti má potom následující tvar

$$\begin{aligned} (d, h) &= \left(-\infty; X^{(n+1-C_{1-\alpha/2})} \right) \\ &= \left(-\infty; X^{(50+1-19)} \right) \\ &= \left(-\infty; X^{(32)} \right) \\ &= (-\infty; 1) \end{aligned}$$

```
337 length.RLFs <- sort(length.RLF)
338 C1 <- round(n / 2 - qnorm(1 - alpha) * sqrt(n / 4)) # 19
339 C2 <- round(n + 1 - C1) # 32
340 length.RLFs[C2] # 1
```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{z}_0 = 0$ náleží do 95% empirického pravostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{z}_0 = 0 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

5. Testování p -hodnotou

- **p -hodnota**

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \leq s_A) = \Pr(S_A \leq -0.7624929) = 0.222883 \doteq 0.2229$$

```
341 p.val <- pnorm(SA) # 0.2229
```

- **Závěr testování**

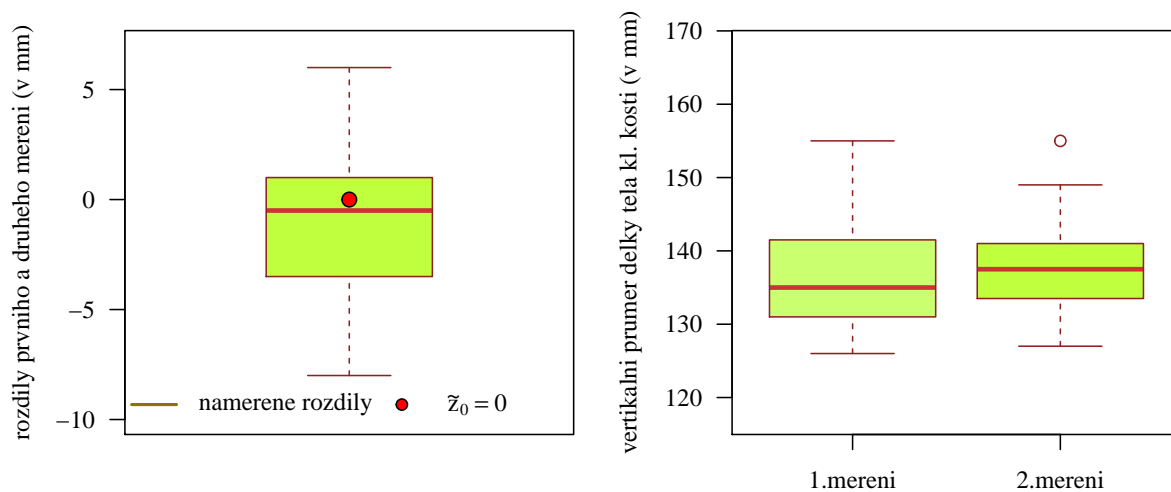
Protože p -hodnota = 0.2229 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. **Interpretace výsledků**

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Délka klíční kosti z pravé strany není u žen statisticky významně menší než délka klíční kosti z levé strany.

7. **Grafická vizualizace výsledku testování**

Porovnání naměřených hodnot na pravé a levé straně vizualizujeme pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 22).



Obrázek 22: Krabicový diagram rozdílů délky těla klíčních kostí na levé a pravé straně žen



9.4 Wilcoxonův jednovýběrový exaktní test

Nechť X_1, \dots, X_{1n} , $n \geq 2$ je náhodný výběr ze spojitého rozdělení s hustotou $f(x)$, která je symetrická okolo mediánu \tilde{x} a nechť \tilde{x}_0 je konstanta. Na hladině významnosti α testujeme jednu z následujících tří hypotéz oproti příslušné alternativní hypotéze.


$$\begin{array}{lll} H_{01} : \tilde{x} = \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 \quad (\text{oboustranná alt.}) \\ H_{02} : \tilde{x} \leq \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 \quad (\text{pravostranná alt.}) \\ H_{03} : \tilde{x} \geq \tilde{x}_0 & \text{oproti} & H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 \quad (\text{levostranná alt.}) \end{array}$$

Test nazýváme Wilcoxonův jednovýběrový exaktní test o mediánu \tilde{x} . Testovací statistika má tvar

$$S_E = \sum_{i=1}^m R_i I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) \quad (9.3)$$

kde m je počet nenulových rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, R_i je pořadí absolutní hodnoty rozdílu i -té náhodné veličiny X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. R_i je pořadí seřazených rozdílů $|X_i - \tilde{x}_0|$, $i = 1, \dots, m$, $I(X_i - \tilde{x}_0 > 0)$ je indikační funkce, která nabývá hodnoty 1, pokud $X_i - \tilde{x}_0 > 0$, a hodnoty 0 jinak. Statistika S_E je potom součet pořadí absolutních hodnot rozdílů $|X_i - \tilde{x}_0|$, pro něž je rozdíl $X_i - \tilde{x}_0$ kladný. Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & W = (-\infty; s_m(\alpha/2) - 1) \cup \langle s_m(1 - \alpha/2); \infty \rangle \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & W = \langle s_m(1 - \alpha); \infty \rangle \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & W = (-\infty; s_m(\alpha) - 1) \end{array}$$

kde $s_m(\alpha/2)$, $s_m(1 - \alpha/2)$, $s_m(\alpha)$ a $s_m(1 - \alpha)$ jsou tabelované kvantily pro jednovýběrový Wilcoxonův test, jejichž hodnoty získáme pomocí softwaru  a implementované funkce `qsignrank()`.


Interval spolehlivosti má podle zvolené alternativní hypotézy jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & (d, h) = (V^{(s_m(\alpha/2))}; V^{(s_m(1-\alpha/2)+1)}) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & (d, \infty) = (V^{(s_m(\alpha))}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & (-\infty, h) = (-\infty; V^{(s_m(1-\alpha)+1)}) \end{array}$$

kde $V^{(1)} < V^{(2)} < \dots < V^{(\frac{m(m+1)}{2})}$ značí posloupnost vzestupně seřazených $\frac{m(m+1)}{2}$ Walshových průměrů $\frac{(X_i + X_j)}{2}$, $i = 1, \dots, m$, $j = 1, \dots, m$, $j \leq i$ a $V^{(k)}$ značí k -tý seřazený Walshův průměr. Posloupnost Walshových průměrů získáme příkazem `owa` z knihovny `NSM3`.

p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \leq s_E) \end{array}$$

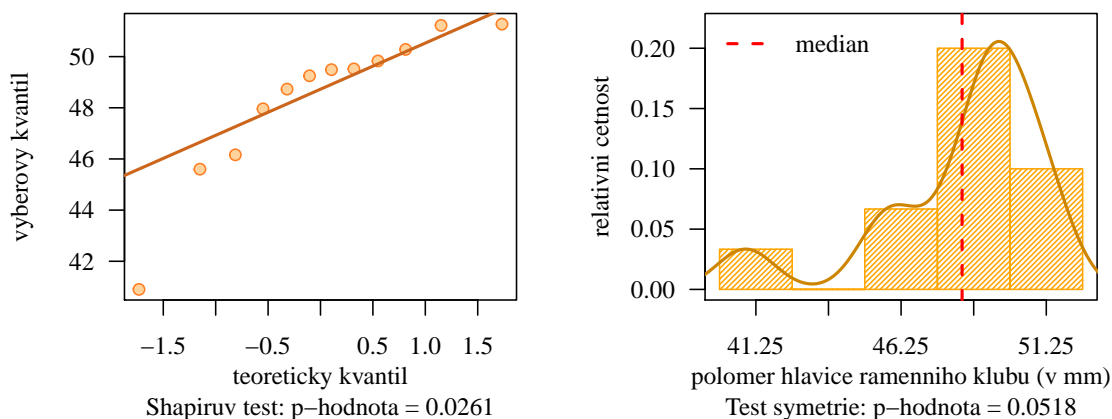
kde S_E je náhodná veličina, s_E je realizace testovací statistiky S_E (viz vzorec 9.3), tedy konkrétní číslo, a $\Pr(S_E \leq s_E)$ je distribuční funkce tabelovaného rozdělení pro jednovýběrový Wilcoxonův test, jejíž hodnotu získáme pomocí  a implementované funkce `psignrank()`.

Příklad 9.12. Wilcoxonův jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv a proměnnou humer.DR popisující největší délku hlavice ramenní kosti z pravé strany v mm u skeletů z období raného středověku z oblasti *Staubing* (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje ze studie (Mall et al.) z roku 1999, v rámci které byla měřena největší délka hlavice ramenní kosti u mužů současné německé populace ($m_m = 50.0$ mm, $n_m = 64$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.05$ zjistíte, zda existuje rozdíl mezi největší délkou hlavice ramenní kosti z pravé strany u mužů z raně středověké německé populace a u mužů současné německé populace.

Řešení příkladu 9.12

Zadání příkladu je shodné se zadáním příkladu 9.1. Datový soubor obsahující údaje o největší délce hlavice ramenní kosti z pravé strany u 12 mužů nepochází z normálního rozdělení (viz kvantilový diagram, obrázek 23 vlevo), proto na prozkoumání otázky ze zadání použijeme neparametrický jednovýběrový test. Tentokrát bychom však chtěli nulovou hypotézu otestovat pomocí Wilcoxonova jednovýběrového testu. K použití tohoto testu však musí být splněn předpoklad symetrického rozdělení naměřených hodnot okolo mediánu. Ten ověříme pomocí testu symetrie (příkaz `symmetry.test()` z knihovny `lawstat`) uvedeného v sekci ?? (hladinu významnosti zvolíme $\alpha = 0.05$). Graficky vizualizujeme míru symetrie naměřených hodnot okolo mediánu pomocí histogramu superponovaného jádrovým odhadem křivky hustoty (viz kapitola ??) se zvýrazněnou hodnotou mediánu pomocí vertikální přímky (viz obrázek 23 vpravo).



Obrázek 23: Kvantilový diagram (vlevo) a histogram naměřených hodnot poloměru hlavice ramenního kloubu na pravé straně u skeletů mužů ze starověké populace z oblasti *Staubing* superponovaný křivkou jádrového odhadu hustoty (vpravo)

Protože p -hodnota = 0.0518 je větší než 0.05, nezamítáme hypotézu o symetrii okolo mediánu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z histogramu na obrázku 23 vidíme, že data nejsou ukázkově symetrická okolo mediánu, jsou vyšikmená doprava s prodlouženým levým koncem. S ohledem na nízký rozsah náhodného výběru jsou však tyto prohřešky vzhledem k symetrii ještě přijatelné. Naměřené hodnoty největší délky hlavice ramenní kosti z pravé strany tedy považujeme za symetricky rozdělené okolo mediánu.

Protože hypotéza o symetrii data okolo mediánu nebyla zamítnuta, můžeme k otestování otázky ze zadání použít Wilcoxonův jednovýběrový parametrický test. Analogicky jako v příkladu 9.1 provedeme testování v posloupnosti sedmi kroků.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián největší délky hlavice ramenní kosti raně středověké německé populace je shodný s mediánem největší délky hlavice ramenní kosti na pravé straně mužů současné německé populace.

H_1 : Medián největší délky hlavice ramenní kosti raně středověké německé populace není shodný s mediánem největší délky hlavice ramenní kosti na pravé straně mužů současné německé populace.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

$H_0 : \tilde{x} = \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 50.00$

$H_1 : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 50.00$ (oboustranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.05$.

3. Testování kritickým oborem

- **Testovací statistika**

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, stanovíme, které rozdíly jsou kladné, a zjistíme, kolik rozdílů je nenulových (m). Dále vypočítáme absolutní hodnoty nenulových rozdílů, tj. $|X_i - \tilde{x}_0|$, $i = 1, \dots, m$ a stanovíme pořadí těchto rozdílů v absolutních hodnotách (viz tabulka 11).

Tabulka 11: Naměřené hodnoty X_i , rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$, znaménka těchto rozdílů, absolutní hodnoty nenulových rozdílů $|X_i - \tilde{x}_0|$ a pořadí nenulových rozdílů v absolutních hodnotách R_i

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
X_i	49.83	47.96	49.49	48.73	49.25	40.9	51.22	51.27	46.16	49.52	50.28	45.6
$X_i - \tilde{x}_0$	-0.17	-2.04	-0.51	-1.27	-0.75	-9.1	1.22	1.27	-3.84	-0.48	0.28	-4.4
I	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-
$ X_i - \tilde{x}_0 $	0.17	2.04	0.51	1.27	0.75	9.1	1.22	1.27	3.84	0.48	0.28	4.4
R_i	1.00	9.00	4.00	7.50	5.00	12.0	6.00	7.50	10.00	3.00	2.00	11.0

Z tabulky 1 vidíme, že všechny rozdíly jsou neulové, tedy $m = 12$. Dále vidíme, že celkem tři rozdíly $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 12$ jsou kladné, přičemž pořadí těchto rozdílů v absolutních hodnotách jsou 2, 6 a 7.5. Hodnota testovací statistiky S_E , která je definovaná jako součet pořadí absolutních hodnot kladných rozdílů, bude tedy rovná 15.5.

$$S_E = \sum_{i=1}^{12} R_i I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = 2 + 6 + 7.5 = 15.5$$

```

342 x0 <- 50
343 I <- (humer.DRM - x0 > 0)
344 Ri <- rank(abs(humer.DRM-x0))
345 tab <- rbind("Xi" = humer.DRM, "Xi-x0" = humer.DRM - x0,
346             "I" = I, "|Xi-x0|" = abs(humer.DRM - x0),
347             "Ri" = Ri)
348 tab <- data.frame(tab)
349 names(tab) <- 1 : 12
350 #
351 # Xi          49.83 47.96 49.49 48.73 49.25 40.9 51.22 51.27 46.16 49.52 50.28 45.6
352 # Xi-x0      -0.17 -2.04 -0.51 -1.27 -0.75 -9.1  1.22  1.27 -3.84 -0.48  0.28 -4.4
353 # I          0.00  0.00  0.00  0.00  0.00  0.0  1.00  1.00  0.00  0.00  1.00  0.0
354 # |Xi-x0|    0.17  2.04  0.51  1.27  0.75  9.1  1.22  1.27  3.84  0.48  0.28  4.4
355 # Ri         1.00  9.00  4.00  7.50  5.00 12.0  6.00  7.50 10.00  3.00  2.00 11.0
356 SE <- sum(Ri * I) # 15.5

```

- **Kritický obor**

$$\begin{aligned}
W &= (-\infty; s_m(\alpha/2) - 1) \cup (s_m(1 - \alpha/2); \infty) \\
&= (-\infty; s_{12}(0.05/2) - 1) \cup (s_{12}(1 - 0.05/2); \infty) \\
&= (-\infty; s_{12}(0.025) - 1) \cup (s_{12}(0.975); \infty) \\
&= (-\infty; 14 - 1) \cup (64; \infty) \\
&= (-\infty; 13) \cup (64; \infty)
\end{aligned}$$

```

357 m <- sum(humer.DRM - x0 != 0)
358 alpha <- 0.05
359 qsignrank(alpha / 2, m) - 1 # 13
360 qsignrank(1 - alpha / 2, m) # 64

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 15.5$ nenáleží do kritického oboru, tj. $s_E \notin W$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 95% intervalu spolehlivosti, musíme nejprve vypočítat $\frac{m(m+1)}{2}$ Walshových průměrů $\frac{X_i + X_j}{2}$, $i = 1, \dots, m$ a ty následně vzestupně seřadit. Walshovy průměry získáme pomocí funkce `owa` z knihovny `NSM3`. Prvním argumentem této funkce bude vektor nul o délce $m = 12$, druhým argumentem bude vektor naměřených délek ramenních kostí z pravé strany `humer.DRM`. Získané Walshovy průměry seřadíme příkazem `sort()`.

```

361 walsh <- NSM3::owa(rep(0, 12), humer.DRM)$owa
362 V <- sort(walsh)
363 # [ 1] 40.900 43.250 43.530 44.430 44.815 45.075 45.195 45.210 45.365 45.590 45.600
364 # [12] 45.880 46.060 46.085 46.160 46.780 47.060 47.165 47.425 47.445 47.545 47.560
365 # [23] 47.705 47.715 47.825 47.840 47.940 47.960 47.995 48.220 48.345 48.410 48.435
366 # [34] 48.605 48.690 48.715 48.725 48.730 48.740 48.895 48.990 49.110 49.120 49.125
367 # [45] 49.250 49.280 49.370 49.385 49.490 49.505 49.505 49.520 49.540 49.590 49.615
368 # [56] 49.660 49.675 49.765 49.830 49.885 49.900 49.975 50.000 50.055 50.235 50.260
369 # [67] 50.280 50.355 50.370 50.380 50.395 50.525 50.550 50.750 50.775 51.220 51.245
370 # [78] 51.270

```

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří ty hodnoty, které se v seřazeném vektoru Walshových průměrů V_s nachází na $(s_m(\alpha/2))$ -té pozici a na $(s_m(1 - \alpha/2) + 1)$ -té pozici. Hodnoty $s_m(\alpha/2)$ a $s_m(1 - \alpha/2) + 1$ nalezneme opět pomocí funkce `qsignrank()`.

$$\begin{aligned}
(d, h) &= \left(V^{(s_m(\alpha/2))}; V^{(s_m(1-\alpha/2)+1)} \right) \\
&= \left(V^{(s_{12}(0.05/2))}; V^{(s_{12}(1-0.05/2)+1)} \right) \\
&= \left(V^{(14)}; V^{(64)} \right) \\
&= (46.085; 50.235)
\end{aligned}$$

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 50.00$ náleží do 95% empirického oboustranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 50.00 \in IS$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.


```

371 qsignrank(alpha / 2, n) # 14
372 qsignrank(1 - alpha / 2, n) + 1 # 64
373 V[14] # 46.085
374 V[65] # 50.235

```

5. Testování p -hodnotou

Příslušnou p -hodnotu vypočítáme pomocí vzorce $2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\}$. Zde si uvědomme, že realizace testovací statistiky $s_E = 15.5$. Zároveň S_E je diskrétní náhodná veličina. Z vlastností pravděpodobnostní funkce diskrétních náhodných veličin víme, že $\Pr(S_E \leq 15.5) = \Pr(S_E \leq 15)$ a $\Pr(S_E \geq 15.5) = \Pr(S_E \geq 16) = 1 - \Pr(S_E < 16) = \Pr(S_E \leq 15)$. Viz kapitola ??.

- p -hodnota

$$\begin{aligned}
p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\
&= 2 \min\{\Pr(S_E \leq 15), 1 - \Pr(S_E \leq 15)\} \\
&= 2 \min\{0.03198242, 0.9680176\} \\
&= 2 \times 0.03198242 = 0.06396484 \doteq 0.06396
\end{aligned}$$

```

375 2 * min (psignrank(15, m), 1 - psignrank(15, m)) # 0.06396484

```

- Závěr testování

Protože p -hodnota = 0.06396 je větší než $\alpha = 0.05$, H_0 nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování nezamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Mezi největší délkou hlavice ramenní kosti na pravé straně u mužů raně středověké a současné populace neexistuje statisticky významný rozdíl. Ke stejnému závěru jsme dospěli také v příkladu 9.1.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Grafické porovnání náhodného výběru s konstantou $\tilde{x}_0 = 50.00$ bychom provedli analogicky jako v příkladu 9.1 pomocí krabicového diagramu (viz obrázek 2).

Poznámka: Wilcoxonův jednovýběrový exaktní test můžeme provést pomocí funkce `wilcox.test()`. Vstupními parametry budou vektor reprezentující náhodný výběr (`humer.DRM`), hodnota parametru \tilde{x}_0 z nulové hypotézy zadaná argumentem `mu = 50.00`, požadavek na výpočet hranic intervalu spolehlivosti zadaný nastavením argumentu `conf.int = T`, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ nastavením hodnoty argumentu `conf.level = 0.95`, typ zvolené alternativní hypotézy (oboustranná) zadaný pomocí argumentu `alternative = 'two.sided'` a argument `correct = F`, který zakazuje aplikování spojité korekce na výsledné intervaly spolehlivosti a p -hodnotu.

```

376 wilcox.test(humer.DRM, mu = 50.0, conf.int = T, conf.level = 0.95,
377             alternative = 'two.sided', correct = F) # interpolovany IS i p-hodnota

```

Součástí výstupu je hodnota mediánu náhodného výběru `median of x = 48.79584`, hodnota testovací statistiky `V = 15.5`, interpolované hranice 95% Waldova empirického oboustranného intervalu spolehlivosti `46.085` a `50.235` a interpolovaná p -hodnota `p-value = 0.07108` adaptovaná na situaci, kdy jsou některé rozdíly $|X_i - \tilde{x}_0|$ shodné (viz tabulka 11, kde $|X_4 - \tilde{x}_0| = |X_7 - \tilde{x}_0| = 1.27$). Jediné, co musíme stanovit zvlášť, jsou dolní a horní hranice kritického oboru.

```
Wilcoxon signed rank test
data: humer.DRM
V = 15.5, p-value = 0.06515
alternative hypothesis: true location is not equal to 50
95 percent confidence interval:
 46.15993 50.05504
sample estimates:
(pseudo)median
 48.79584
```

378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388

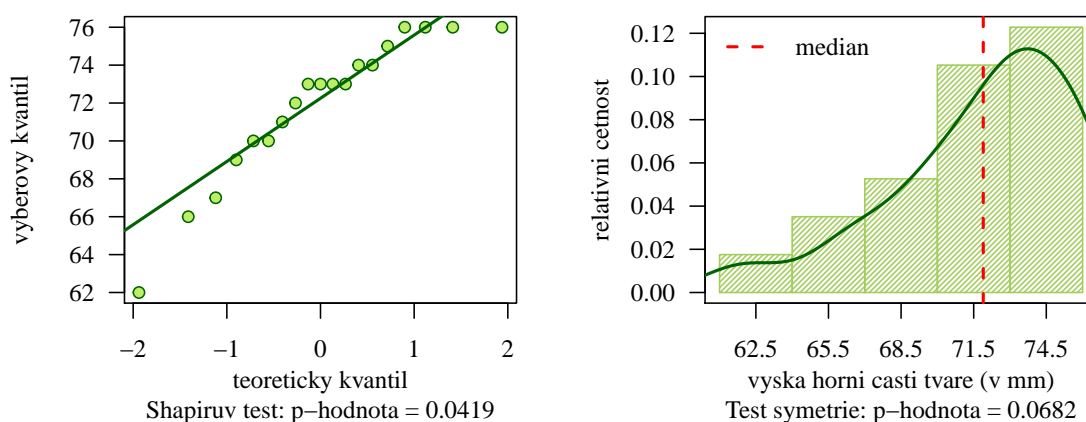
Poznámka: Výstup funkce `wilcox.test()` v tomto případě provází varovná hláška `Warning messages: In wilcox.test.default (humer.DRM, mu = 50, conf.int = T, conf.level = 0.95, : cannot compute exact p-value with ties.` Tato hláška nás upozorňuje právě na výskyt duplicitních rozdílů $|X_4 - \tilde{x}_0| = |X_7 - \tilde{x}_0| = 1.27$ a na použití modifikovaného postupu na výpočet p -hodnoty. ★

Příklad 9.13. Wilcoxonův jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 15-anova-means-skull.txt a proměnnou upface.H popisující výšku horní části tváře mužů německé populace (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje o výšce horní části tváře mužů Černjachovské kultury na území dnešní Ukrajiny ($m_{ck} = 70.00$ mm, $n_{ck} = 99$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.10$ testujte hypotézu, že výška horní části tváře německé mužské populace je menší nebo rovna výšce horní části tváře mužské populace Černjachovské kultury.

Řešení příkladu 9.13

Zadání příkladu je shodné se zadáním příkladu 9.2. Datový soubor obsahující údaje o výšce horní části tváře 19 mužů německé populace nepochází z normálního rozdělení (p -hodnota = 0.0419, viz obrázek 9.13), proto na prozkoumání otázky ze zadání použijeme neparametrický jednovýběrový test. Opět bychom chtěli nulovou hypotézu otestovat pomocí Wilcoxonova jednovýběrového testu, k čemuž je potřeba ověřit předpoklad symetrického rozdělení naměřených hodnot okolo mediánu. Ten ověříme pomocí testu symetrie ($\alpha = 0.05$). Graficky vizualizujeme míru symetrie naměřených hodnot okolo mediánu pomocí histogramu superponovaného jádrovým odhadem křivky hustoty (viz kapitola ??) se zvýrazněnou hodnotou mediánu pomocí vertikální přímky (viz obrázek 24).



Obrázek 24: Kvantilový diagram (vlevo) a histogram naměřených hodnot výšky horní části tváře u mužů německé populace superponovaný křivkou jádrového odhadu hustoty (vpravo)

Protože p -hodnota = 0.0682 je větší než 0.05, hypotézu o symetrickém rozdělení náhodného výběru výšek horní části tváře mužů okolo mediánu nezamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z grafu 24 není symetrie okolo mediánu příliš zjevná, hodnoty jsou vyšikmené směrem doprava. U náhodného výběru většího rozsahu by to byl problém, vzhledem k nízkému rozsahu náhodného výběru je však test symetrie schovávavější a hypotéza o symetrii nebyla ještě zamítnuta. Náhodný výběr výšek horní části tváře u mužů považujeme tedy za symetricky rozdělený okolo mediánu.

Protože hypotéza o symetrii data okolo mediánu nebyla zamítnuta, můžeme k otestování otázky ze zadání použít Wilcoxonův jednovýběrový parametrický test. Analogicky jako v příkladu 9.2 testujeme (nulovou) hypotézu v posloupnosti sedmi kroků.

1. Stanovení hypotéz

- **slovní formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : Medián výšky horní části tváře německé mužské populace je menší nebo roven mediánu výšky horní části tváře mužské populace z Černjachovské kultury.

H_1 : Medián výšky horní části tváře německé mužské populace je větší než medián výšky horní části tváře mužské populace z Černjachovské kultury.

- **matematická formulace** nulové a alternativní hypotézy

H_0 : $\tilde{x} \leq \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 70.00$

H_1 : $\tilde{x} > \tilde{x}_0$, kde $\tilde{x}_0 = 70.00$ (pravostranná alternativa)

2. Volba hladiny významnosti

- Hladinu významnosti volíme v souladu se zadáním jako $\alpha = 0.10$.

3. Testování kritickým oborem

• Testovací statistika

Nejprve vypočítáme vektor rozdílů naměřených hodnot X_i a konstanty \tilde{x}_0 , tj. $X_i - \tilde{x}_0$, a stanovíme, které rozdílů jsou kladné. Dále vypočítáme absolutní hodnoty těchto rozdílů, tj. $|X_i - \tilde{x}_0|$ a stanovíme pořadí rozdílů v absolutních hodnotách (viz tabulka 12).

Tabulka 12: Naměřené hodnoty X_i , rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, znaménka těchto rozdílů, absolutní hodnoty rozdílů $|X_i - \tilde{x}_0|$ a pořadí rozdílů v absolutních hodnotách R_i

měření	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
X_i	73	73	67	75	70.0	62	76.0	73	71.0	66	76.0	73	74	74	70.0	76.0	72	69.0	76.0
$X_i - \tilde{x}_0$	3	3	-3	5	0.0	-8	6.0	3	1.0	-4	6.0	3	4	4	0.0	6.0	2	-1.0	6.0
I	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
$ X_i - \tilde{x}_0 $	3	3	3	5	-	8	6.0	3	1.0	4	6.0	3	4	4	-	6.0	2	1.0	6.0
R_i	6	6	6	12	-	17	14.5	6	1.5	10	14.5	6	10	10	14.5	-	3	1.5	14.5

Z tabulky 12 vidíme, že z celkového počtu $n = 19$ rozdílů jsou dva rozdílů nulové, a tedy počet nenulových rozdílů $m = 17$. Dále vidíme, že celkem 13 rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$, $i = 1, \dots, 17$ je kladných, přičemž pořadí těchto rozdílů v absolutních hodnotách jsou 6, 6, 12, 14.5, 6, 1.5, 14.5, 6, 10, 10, 14.5, 3, 14.5. Hodnota testovací statistiky S_E bude tedy rovná součtu těchto pořadí.

$$S_E = \sum_{i=1}^{17} R_i I(X_i - \tilde{x}_0 > 0) = 6 + 6 + 12 + 14.5 + 6 + 1.5 + 14.5 + 6 + 10 + 10 + 14.5 + 3 + 14.5 = 118.5$$

```

389 # upface.HN1 <- upface.HN
390 x0 <- 70.00
391 upface.HN <- upface.HN[-which(upface.HN == x0)]
392 m <- length(upface.HN)
393
394 I <- (upface.HN - x0 > 0)
395 Ri <- rank(abs(upface.HN-x0))
396 tab <- rbind("Xi" = upface.HN, "Xi-x0" = upface.HN - x0,
397             "I" = I, "|Xi-x0|" = abs(upface.HN - x0),
398             "Ri" = Ri)
399 tab <- data.frame(tab)
400 names(tab) <- 1 : 17
401 #
402 # Xi      1  2  3  4  5  6  7  8  9  10 11 12 13  14 15  16  17
403 # Xi-x0   73 73 67 75 62 76.0 73 71.0 66 76.0 73 74 74 76.0 72 69.0 76.0
404 # I       3  3 -3  5 -8  6.0  3  1.0 -4  6.0  3  4  4  6.0  2 -1.0  6.0
405 # |Xi-x0| 1  1  0  1  0  1.0  1  1.0  0  1.0  1  1  1  1.0  1  0.0  1.0
406 # Ri      3  3  3  5  8  6.0  3  1.0  4  6.0  3  4  4  6.0  2  1.0  6.0
407 # Ri      6  6  6 12 17 14.5  6  1.5 10 14.5  6 10 10 14.5  3  1.5 14.5
407 SE <- sum(Ri * I) # 118.5

```

• Kritický obor

$$\begin{aligned}
W &= (-\infty; s_m(\alpha/2) - 1) \cup \langle s_m(1 - \alpha/2); \infty \rangle \\
&= (-\infty; s_{17}(0.10/2) - 1) \cup \langle s_{17}(1 - 0.10/2); \infty \rangle \\
&= (-\infty; s_{17}(0.05) - 1) \cup \langle s_{17}(0.95); \infty \rangle \\
&= (-\infty; 42 - 1) \cup \langle 111; \infty \rangle \\
&= (-\infty; 41) \cup \langle 111; \infty \rangle
\end{aligned}$$

```

408 m <- sum(upface.HN - x0 != 0)
409 alpha <- 0.10
410 qsignrank(alpha / 2, m) - 1 # 41
411 qsignrank(1 - alpha / 2, m) # 111

```

- **Závěr testování**

Protože realizace testovací statistiky $s_E = 118.5$ náleží do kritického oboru, tj. $s_E \in W$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

4. Testování intervalem spolehlivosti

- **Interval spolehlivosti**

Abychom mohli stanovit hranice 90% levostranného intervalu spolehlivosti, musíme nejprve vypočítat $\frac{m(m+1)}{2}$ Walshových průměrů $\frac{X_i + X_j}{2}$, $i = 1, \dots, m$. Walshovy průměry získáme pomocí funkce `owa` z knihovny `NSM3`. Prvním argumentem této funkce bude vektor nul o délce $m = 17$, druhým argumentem bude vektor naměřených výšek horní části tváře `upface.HN`. Získané Walshovy průměry seřadíme příkazem `sort()`.

```

412 walsh <- NSM3::owa(rep(0, m), upface.HN)$owa
413 V <- sort(walsh)

```

Hranice intervalu spolehlivosti potom tvoří hodnota, která se v seřazeném vektoru Walshových průměrů `V` nachází na $(s_m(\alpha))$ -té pozici a nekonečno. Hodnotu $s_m(\alpha)$ nalezneme pomocí funkce `qsignrank()`.

$$\begin{aligned}
(d, h) &= \left(V^{(s_m(\alpha))}; \infty \right) \\
&= \left(V^{(s_{17}(0.10))}; \infty \right) \\
&= \left(V^{(49)}; \infty \right) \\
&= (71; \infty)
\end{aligned}$$

```

414 alpha <- 0.10
415 qsignrank(alpha, m) # 49
416 V[49]

```

- **Závěr testování**

Protože $\tilde{x}_0 = 70.00$ nenáleží do 90% empirického levostranného intervalu spolehlivosti, tj. $\tilde{x}_0 = 70.00 \notin IS$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

5. Testování p -hodnotou

Průslušnou p -hodnotu vypočítáme pomocí vzorce $\Pr(S_E \geq s_E)$. Zde si uvědomme, že realizace testovací statistiky $s_E = 118.5$. Zároveň S_E je diskrétní náhodná veličina. Z vlastností pravděpodobnostní funkce diskrétních náhodných veličin víme, že $\Pr(S_E \geq 118.5) = \Pr(S_E \geq 119) = 1 - \Pr(S_E < 119) = 1 - \Pr(S_E \leq 118)$. Viz kapitola ??.

- p -hodnota

$$p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) = \Pr(S_E \geq 118.5) = 1 - \Pr(S_E \leq 118) = 1 - 0.9776154 = 0.02238464 \doteq 0.02238$$

```
417 1 - psignrank(118, m) # 0.02238464
```

- Závěr testování

Protože p -hodnota = 0.02238 je menší než $\alpha = 0.10$, H_0 zamítáme na hladině významnosti $\alpha = 0.10$.

6. Interpretace výsledků

Za základě všech tří typů testování zamítáme nulovou hypotézu na hladině významnosti $\alpha = 0.10$. Výška horní části tváře mužů německé populace je statisticky významně větší než výška horní části tváře mužů Černjachovské populace z oblasti dnešní Ukrajiny. Ke stejnému závěru jsme dospěli také v příkladu 9.2.

7. Grafická vizualizace výsledku testování

Významný rozdíl horní části tváře mužů mezi oběma populacemi vizualizujeme analogicky jako v příkladu 9.2 krabicovým diagramem (viz obrázek 4).

Poznámka: K provedení Wilcoxonova jednovýběrového exaktního testu použijeme funkci `wilcox.test()`. Vstupními parametry budou původní vektor délky $n = 19$ reprezentující náhodný výběr (`upface.HN`), hodnota parametru \tilde{x}_0 z nulové hypotézy (`mu = 70.00`), argument `conf.int = T` zadávající požadavek na výpočet intervalu spolehlivosti, hodnota hladiny významnosti α zadaná prostřednictvím koeficientu spolehlivosti $1 - \alpha$ (`conf.level = 0.90`), typ zvolené alternativní hypotézy (pravostranná, `alternative = 'greater'`) a argument `correct = F`, který zakazuje aplikování spojité korekce na výsledné intervaly spolehlivosti a p -hodnotu.

```
418 data <- read.delim('00-Data//15-anova-means-skull.txt')
419 upface.HN <- data[data$pop == 'nem', 'upface.H']
420 upface.HN <- na.omit(upface.HN)
421 wilcox.test(upface.HN, mu = 70.00, conf.int = T, conf.level = 0.90, alt = 'g',
422             correct = F) # IS i p-hodnota interpolovane
```

```
Wilcoxon signed rank test
data: upface.HN
V = 118.5, p-value = 0.02286
alternative hypothesis: true location is greater than 70
90 percent confidence interval:
 71.00003      Inf
sample estimates:
(pseudo)median
 72.99994
```

423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433

Součástí výstupu je hodnota mediánu náhodného výběru `median of x = 72.99994`, hodnota testovací statistiky `s = 118.5`, interpolované hranice 90% empirického jednostranného intervalu spolehlivosti `71.00003` a `Inf` a interpolovaná p -hodnota `p-value = 0.02286`. Jediné, co musíme stanovit zvlášť, je dolní hranice kritického oboru.

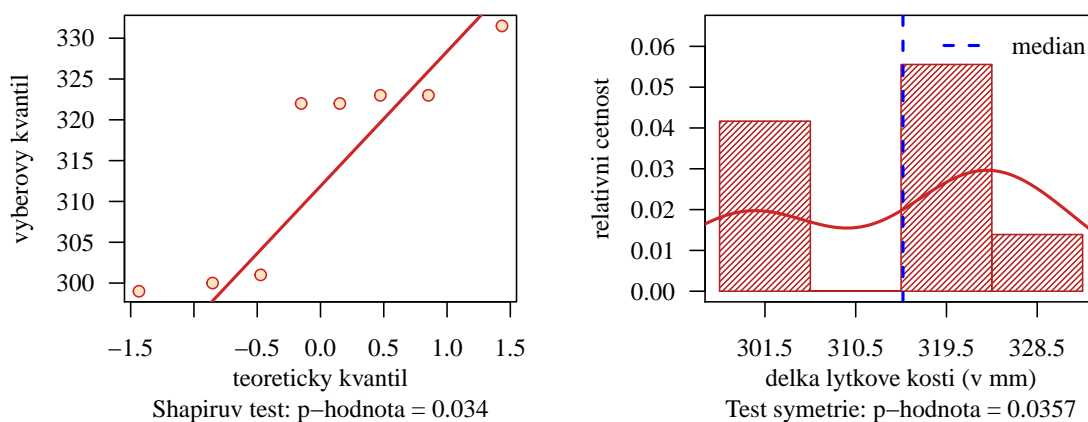


Příklad 9.14. Wilxonův jednovýběrový exaktní test

Mějme datový soubor 21-goldman-measures.csv a proměnnou tibia.LR popisující největší délku lýtkové kosti z pravé strany v mm u skeletů z období neolitu z oblasti *Yoshigo* (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje ze studie (Hasegawa et al.) z roku 2009, v rámci které byla měřena největší délka lýtkové kosti z pravé strany u žen současné japonské populace ($m_f = 329.40$ mm, $s_f = 17.3$ mm, $n_f = 342$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.01$ zjistěte, zda je největší délka lýtkové kosti z pravé strany u žen z neolitické japonské populace významně menší než u žen současné japonské populace.

Řešení příkladu 9.14

Zadání příkladu je shodné se zadáním příkladu 9.3. Datový soubor obsahující údaje o největší délce lýtkové kosti z pravé strany nepochází z normálního rozdělení (p -hodnota = 0.034, viz obrázek 9.3), proto na prozkoumání otázky ze zadání použijeme neparametrický jednovýběrový test. Opět bychom chtěli nulovou hypotézu otestovat pomocí Wilxonova jednovýběrového testu, k čemuž je potřeba ověřit předpoklad symetrického rozdělení naměřených hodnot okolo mediánu. Ten ověříme pomocí testu symetrie ($\alpha = 0.05$) a histogramem superponovaným jádrovým odhadem křivky hustoty se zvýrazněnou hodnotou mediánu pomocí vertikální přímky (viz obrázek 25).



Obrázek 25: Kvantilový diagram (vlevo) a histogram naměřených hodnot délky lýtkové kosti na pravé straně u skeletů žen populace z oblasti Youshigo Shell Mound superponovaný křivkou jadrového odhadu hustoty (vpravo)

Protože p -hodnota = 0.0357 je menší než 0.05, zamítáme hypotézu o symetrii naměřených hodnot okolo mediánu na hladině významnosti $\alpha = 0.05$. Z grafu 25 vidíme, že data jsou nesymetrická okolo mediánu, a to natolik že i přes nízký rozsah náhodného výběru dochází k zamítnutí hypotézy o symetrii. Naměřené hodnoty největší délky lýtkové kosti z pravé strany u žen nejsou symetricky rozdělené okolo mediánu. Předpoklad pro použití Wilxonova testu není splněn a proto tento test nemůžeme v tomto případě použít. Musíme se tedy spokojit s výsledkem znaménkového testu použitého v rámci příkladu 9.3. ★

9.5 Wilcoxonův jednovýběrový asymptotický test

Pro náhodné výběry o rozsazích $n \geq 30$ máme možnost použít k otestování nulové hypotézy asymptotickou variantu testu. Tuto variantu nazýváme Wilcoxonův jednovýběrový asymptotický test o mediánu \tilde{x} . Testovací statistika asymptotického testu má tvar

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m(m+1)}{4}}{\sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}} \quad (9.4)$$

kde S_E je statistika definovaná vztahem 9.3 a m je počet nenulových rozdílů $X_i - \tilde{x}_0$. Za platnosti nulové hypotézy pochází statistika S_A ze standardizovaného normálního rozdělení, tj.

$$S_A = \frac{S_E - \frac{m(m+1)}{4}}{\sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}} \stackrel{H_0}{\sim} N(0, 1).$$

Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{aligned} H_{11} : \tilde{x} &\neq \tilde{x}_0 & W &= (-\infty; u_{\alpha/2}) \cup (u_{1-\alpha/2}; \infty) \\ H_{12} : \tilde{x} &> \tilde{x}_0 & W &= (u_{1-\alpha}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} &< \tilde{x}_0 & W &= (-\infty; u_{\alpha}) \end{aligned}$$

kde $u_{\alpha/2}$, $u_{1-\alpha/2}$, u_{α} , $u_{1-\alpha}$ jsou kvantily standardizovaného normálního rozdělení, jejichž hodnoty získáme pomocí \mathcal{R} a implementované funkce `qnorm()`.

Interval spolehlivosti má podle zvolené alternativní hypotézy jeden z následujících tvarů

$$\begin{aligned} H_{11} : \tilde{x} &\neq \tilde{x}_0 & (d, h) &= (V^{(C_{1-\alpha/2})}; V^{(C_{\alpha/2})}) \\ H_{12} : \tilde{x} &> \tilde{x}_0 & (d, \infty) &= (V^{(C_{1-\alpha})}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} &< \tilde{x}_0 & (-\infty, h) &= (-\infty; V^{(C_{\alpha})}) \end{aligned}$$

kde $C_{1-\alpha/2} = \frac{m(m+1)}{4} - u_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}$, $C_{\alpha/2} = \frac{m(m+1)}{4} - u_{\alpha/2} \sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}$, $C_{1-\alpha} = \frac{m(m+1)}{4} - u_{1-\alpha} \sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}$, $C_{\alpha} = \frac{m(m+1)}{4} - u_{\alpha} \sqrt{\frac{m(m+1)(2m+1)}{24}}$, $V^{(1)} \leq \dots \leq V^{(\frac{m(m+1)}{2})}$ značí posloupnost vzestupně seřazených $\frac{m(m+1)}{2}$ Walshových průměrů $\frac{(X_i + X_j)}{2}$, $i = 1, \dots, m$, $j = 1, \dots, m$, $j \leq i$ a $V^{(k)}$ značí k -tý seřazený Walshův průměr. Posloupnost Walshových průměrů získáme příkazem `owa` z knihovny `NSM3`.

p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{aligned} H_{11} : \tilde{x} &\neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} &= 2 \min\{\Pr(S_A \leq s_A), \Pr(S_A \geq s_A)\} \\ H_{12} : \tilde{x} &> \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} &= \Pr(S_A \geq s_A) \\ H_{13} : \tilde{x} &< \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} &= \Pr(S_A \leq s_A) \end{aligned}$$

kde S_A je náhodná veličina, s_A je realizace testovací statistiky S_A (viz vzorec 9.4), tedy konkrétní číslo, a $\Pr(S_A \leq s_A)$ je distribuční funkce standardizovaného normálního rozdělení, jejíž hodnotu získáme pomocí \mathcal{R} a implementované funkce `pnorm()`.

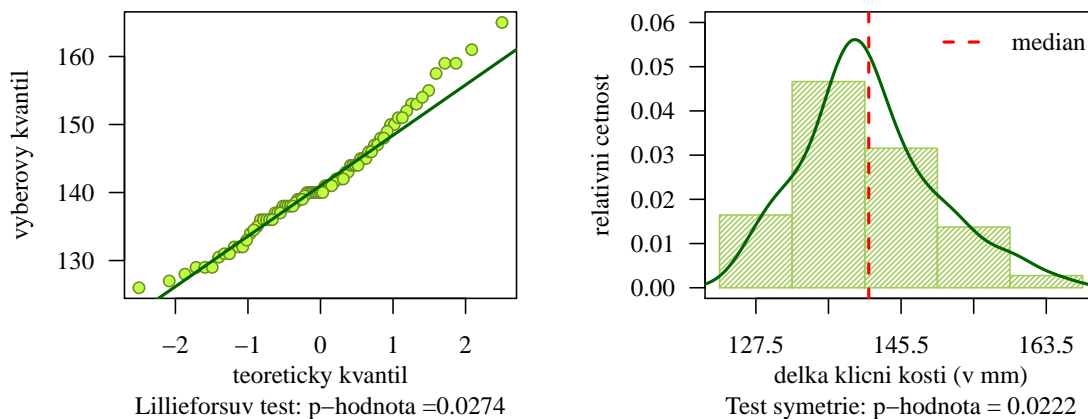
Příklad 9.15. Wilcoxonův jednovýběrový asymptotický test

Mějme datový soubor `18-more-samples-variances-clavicle.txt` a proměnnou `cla.L` popisující největší délku klíční kosti z pravé strany v mm (viz sekce ??). Dále máme k dispozici údaje o největší délce klíční kosti z pravé strany mužů z populace severní Indie ($m_I = 148.0$ mm, $s_I = 8.60$ mm, $n_I = 260$). Na hladině významnosti $\alpha = 0.01$ testujte hypotézu o shodě délky klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi a u mužů ze severní Indie.

Řešení příkladu 9.15

Zadání příkladu je shodné se zadáním příkladu ??. Datový soubor obsahující údaje o největší délce klíční kosti z pravé strany mužů indické populace z Varanasi nepochází z normálního rozdělení (p -hodnota = 0.0274, viz obrázek ??), proto na prozkoumání otázky ze zadání použijeme neparametrický jednovýběrový test. Nulovou hypotézu bychom chtěli otestovat pomocí Wilcoxonova jednovýběrového testu, k čemuž je potřeba ověřit předpoklad symetrického rozdělení naměřených hodnot okolo mediánu. Ten ověříme pomocí testu symetrie ($\alpha = 0.05$). Graficky vizualizujeme míru symetrie naměřených hodnot okolo mediánu pomocí histogramu superponovaného jádrovým odhadem křivky hustoty (viz kapitola ??) se zvýrazněnou hodnotou mediánu pomocí vertikální přímky (viz obrázek ??).

```
434 data <- read.delim('00-Data//18-more-samples-variances-clavicle.txt')
435 cla.LV <- data[data$pop == 'ind2', 'cla.L']
436 cla.LV <- na.omit(cla.LV)
437 n <- length(cla.LV)
```



Obrázek 26: Míra symetrie naměřených hodnot délky klíční kosti z pravé strany u mužů indické populace z Varanasi okolo mediánu

```
438 wilcox.test(cla.LV, mu = 148, alt = 't', conf.level = 0.95, conf.int = T, correct = T)
```



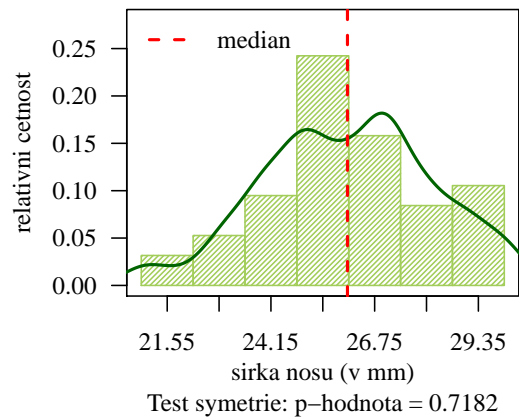
```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: cla.LV
V = 428, p-value = 1.805e-08
alternative hypothesis: true location is not equal to 148
95 percent confidence interval:
 139.0000 142.5001
sample estimates:
(pseudo)median
      140.75
```

439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449

Příklad 9.16. Wilcoxonův jednovýběrový asymptotický test

Řešení příkladu 9.16

```
450 data <- read.delim('00-Data//19-more-samples-correlations-skull.txt')
451 nose.BM <- data[data$pop == 'mal', 'nose.B']
452 nose.BM <- na.omit(nose.BM)
453 n <- length(nose.BM)
```



Obrázek 27: Míra symetrie naměřených hodnot šířky nosu mužů malajské populace okolo mediánu

```
454 wilcox.test(nose.BM, mu = 148, alt = 'less', exact = F)
```



```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: nose.BM
V = 0, p-value = 5.003e-14
alternative hypothesis: true location is less than 148
```

455
456
457
458
459
460

9.6 Wilcoxonův párový test

Nechť $(X_1, Y_1)^T \dots (X_n, Y_n)^T$ je náhodný výběr z libovolného (ne nutně normálního) dvourozměrného rozdělení. Nechť dále Z_1, \dots, Z_n , $n \geq 2$ je náhodný výběr rozdílů $X - Y$, tj. $Z = (Z_1, \dots, Z_n)^T$, kde $Z_i = X_i - Y_i$, $i = 1, \dots, n$, a necht' tento náhodný výběr pochází ze spojitého rozdělení s hustotou $f(x)$, která je symetrická okolo mediánu \tilde{z} . Konečně, necht' \tilde{z}_0 je konstanta. Na hladině významnosti α testujeme jednu z následujících tří hypotéz oproti příslušné alternativní hypotéze.

$H_{01} : \tilde{z} = \tilde{z}_0$	oproti	$H_{11} : \tilde{z} \neq \tilde{z}_0$	(oboustranná alt.)
$H_{02} : \tilde{z} \leq \tilde{z}_0$	oproti	$H_{12} : \tilde{z} > \tilde{z}_0$	(pravostranná alt.)
$H_{03} : \tilde{z} \geq \tilde{z}_0$	oproti	$H_{13} : \tilde{z} < \tilde{z}_0$	(levostranná alt.)

kde \tilde{z} je medián rozdílů Z_1, \dots, Z_n a \tilde{z}_0 je konstanta, jejíž hodnotu nejčastěji volíme jako $\tilde{z}_0 = 0$. Tato volba odpovídá hypotéze, že rozdíl mezi mediány náhodných veličin X a Y neexistuje (resp. hypotéze, že medián náhodné veličiny X je menší, resp. větší, než medián náhodné veličiny Y). Vzhledem k tomu, že jde finálně o situaci, kdy medián \tilde{z} porovnáváme s konstantou \tilde{z}_0 , testujeme hypotézy o rozdílu mediánů $X - Y$ pomocí exaktní nebo asymptotické varianty Wilcoxonova jednovýběrového testu, analogicky jako je uvedeno v sekcích 9.4 a 9.5.

Výše popsaný test, v rámci kterého převádíme problém porovnávání mediánů dvou náhodných veličin X a Y na problém srovnávání mediánu jejich rozdílů Z s konstantou $\tilde{z}_0 = 0$ a následně jej řešíme pomocí exaktní resp. asymptotické varianty Wilcoxonova jednovýběrového testu, nazýváme párový Wilcoxonův test.

Příklad 9.17. Wilcoxonův párový exaktní test

Řešení příkladu 9.17

```
461 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
462 # head(data)
463 data.HLF <- data[data$pop == 'Poundbury (English Roman)' & data$sex == 'f', c('LHML', '
  RHML')]
```

```
Error in '[.data.frame'(data, data$pop == "Poundbury_(English_Roman)" & : undefined columns
selected
```

464

```
465 data.HLF <- na.omit(data.HLF)
```



```

Error in na.omit(data.HLF): object 'data.HLF' not found 466

467 length.HRLF <- data.HLF$RHML - data.HLF$LHML

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'data.HLF' not found 468

469 n <- length(length.HRLF) # 26

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'length.HRLF' not found 470

Error in hist(length.HRLF, prob = T, breaks = seq(-10, 20, by = 5), main = "", : object 'length.
HRLF' not found 471

Error in box(bty = "o"): plot.new has not been called yet 472

Error in axis(1, seq(-7.5, 17.5, by = 5)): plot.new has not been called yet 473

Error in axis(2, las = 1): plot.new has not been called yet 474

Error in density(length.HRLF): object 'length.HRLF' not found 475

Error in mean(length.HRLF): object 'length.HRLF' not found 476

Error in mtext("rozdil delky na prave a leve strane (v mm)", side = 1, : plot.new has not been
called yet 477

Error in na.omit(x): object 'length.HRLF' not found 478

Error in mtext(bquote(paste("Test symetrie: p-hodnota = ", .(round(as.p, : plot.new has not been
called yet 479

Error in strwidth(legend, units = "user", cex = cex, font = text.font): plot.new has not been
called yet 480

481 wilcox.test(length.HRLF, mu = 0, alt = 'two.sided', exact = F)

Error in wilcox.test(length.HRLF, mu = 0, alt = "two.sided", exact = F): object 'length.HRLF' not
found 482

```

Příklad 9.18. Wilcoxonův párový exaktní test

Řešení příkladu 9.18

```
483 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
484 # head(data)
485 data.ARLM <- data[data$pop == 'Dynastic Egyptian, El Hesa' & data$sex == 'm', c('LAcH',
  'RAcH')]
```

```
Error in '[.data.frame'(data, data$pop == "Dynastic Egyptian, El Hesa" & : undefined columns
selected
```

486

```
487 data.ARLM <- na.omit(data.ARLM)
```




```

Error in na.omit(data.ARLM): object 'data.ARLM' not found 488

489 length.ARLM <- data.ARLM$RACH - data.ARLM$LACH

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'data.ARLM' not found 490

491 n <- length(length.ARLM) # 18

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'length.ARLM' not found 492

Error in hist(length.ARLM, prob = T, breaks = seq(-1, 5.75, by = 1.15), : object 'length.ARLM' not
found 493

Error in box(bty = "o"): plot.new has not been called yet 494

Error in axis(1, seq(-0.425, 5.175, by = 1.15)): plot.new has not been called yet 495

Error in axis(2, las = 1): plot.new has not been called yet 496

Error in density(length.ARLM): object 'length.ARLM' not found 497

Error in mean(length.ARLM): object 'length.ARLM' not found 498

Error in mtext("rozdil_a_v_vysky_na_prave_leve_strane(vmm)", side = 1, : plot.new has not been
called yet 499

Error in na.omit(x): object 'length.ARLM' not found 500

Error in mtext(bquote(paste("Test_symetrie:p-hodnota=", .(round(as.p, : plot.new has not been
called yet 501

Error in strwidth(legend, units = "user", cex = cex, font = text.font): plot.new has not been
called yet 502

503 wilcox.test(length.ARLM, mu = 0, alt = 'greater', exact = F)

Error in wilcox.test(length.ARLM, mu = 0, alt = "greater", exact = F): object 'length.ARLM' not
found 504

```

Příklad 9.19. Wilcoxonův párový exaktní test

Řešení příkladu 9.19

```
505 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
506 # head(data)
507 data.TRLM <- data[data$pop == 'Cliff Dweller' & data$sex == 'm', c('LTML', 'RTML')]
```

```
Error in [.data.frame](data, data$pop == "Cliff_Dweller" & data$sex == : undefined columns
selected
```

508

```
509 data.TRLM <- na.omit(data.TRLM)
```



```

Error in na.omit(data.TRLM): object 'data.TRLM' not found 510

511 length.TRLM <- data.TRLM$RTML - data.TRLM$LTML

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'data.TRLM' not found 512

513 n <- length(length.TRLM) # 20

Error in eval(expr, envir, enclos): object 'length.TRLM' not found 514

Error in hist(length.TRLM, prob = T, breaks = seq(-8.5, 30, by = 7.7), : object 'length.TRLM' not
found 515

Error in box(bty = "o"): plot.new has not been called yet 516

Error in axis(1, seq(-4.65, 26.15, by = 7.7)): plot.new has not been called yet 517

Error in axis(2, las = 1): plot.new has not been called yet 518

Error in density(length.TRLM): object 'length.TRLM' not found 519

Error in mean(length.TRLM): object 'length.TRLM' not found 520

Error in mtext("rozdil_delky_na_prave_a_levestrane_vmm", side = 1, : plot.new has not been
called yet 521

Error in na.omit(x): object 'length.TRLM' not found 522

Error in mtext(bquote(paste("Test_symetrie:p-hodnota=", .(round(as.p, : plot.new has not been
called yet 523

Error in strwidth(legend, units = "user", cex = cex, font = text.font): plot.new has not been
called yet 524

525 wilcox.test(length.TRLM, mu = 0, alt = 'less', exact = F)

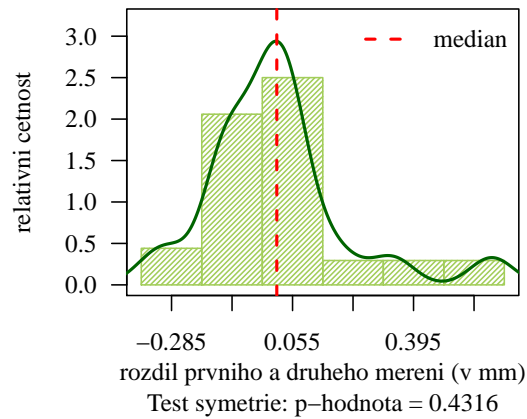
Error in wilcox.test(length.TRLM, mu = 0, alt = "less", exact = F): object 'length.TRLM' not found 526

```

Příklad 9.20. Wilcoxonův párový asymptotický test

Řešení příkladu 9.20

```
527 data <- read.delim('00-Data//02-paired-means-clavicle.txt')
528 # head(data)
529 data.12R <- data[data$side == 'R', c('simd.1', 'simd.2')]
530 data.12R <- na.omit(data.12R)
531 simd.12R <- data.12R$simd.1 - data.12R$simd.2
532 n <- length(simd.12R) # 40
```



Obrázek 28: Míra symetrie rozdílů prvního a druhého měření vertikálního průměru ve středu délky těla klíční kosti na pravé straně získaných jedním výzkumníkem

```
533 wilcox.test(simd.12R, mu = 0, alt = 'two.sided', exact = F)
```



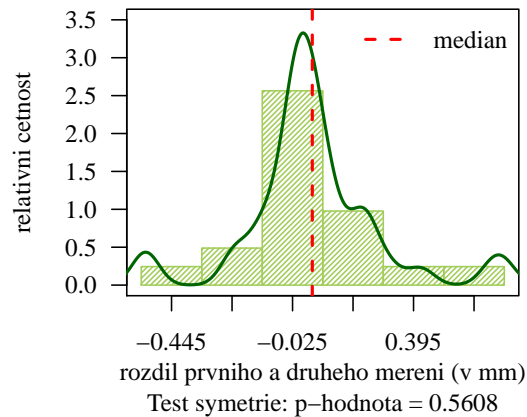
```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: simd.12R
V = 366.5, p-value = 0.7482
alternative hypothesis: true location is not equal to 0
```

534
535
536
537
538
539

Příklad 9.21. Wilcoxonův párový asymptotický test

Řešení příkladu 9.21

```
540 data <- read.delim('00-Data//02-paired-means-clavicle.txt')
541 # head(data)
542 data.12L <- data[data$side == 'L', c('simd.1', 'simd.2')]
543 data.12L <- na.omit(data.12L)
544 simd.12L <- data.12L$simd.1 - data.12L$simd.2
545 simd.12L <- simd.12L[-36]
546 n <- length(simd.12L) # 39
```



Obrázek 29: Míra symetrie rozdílu prvního a druhého měření vertikálního průměru ve středu délky těla klíční kosti na levé straně získaných jedním výzkumníkem po odstranění odlehlé hodnoty

```
547 wilcox.test(simd.12L, mu = 0, alt = 'greater', exact = F)
```



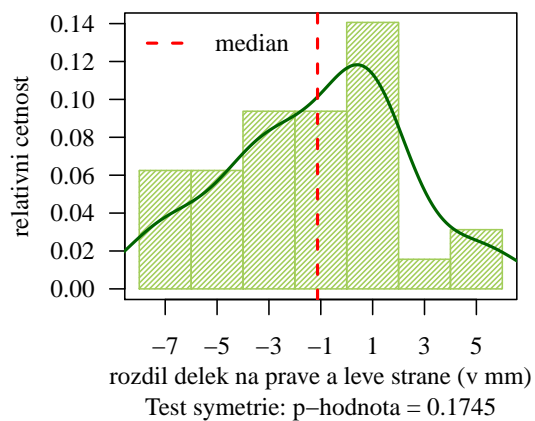
```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: simd.12L
V = 442, p-value = 0.08722
alternative hypothesis: true location is greater than 0
```

548
549
550
551
552
553

Příklad 9.22. Wilcoxonův párový asymptotický test

Řešení příkladu 9.22

```
554 data <- read.delim('00-Data//03-paired-means-clavicle2.txt')
555 # head(data)
556 data.RL <- data[data$sex == 'f', c('length.R', 'length.L')]
557 data.RL <- na.omit(data.RL)
558 length.RL <- data.RL$length.R - data.RL$length.L
559 n <- length(length.RL) # 50
```



Obrázek 30: Míra symetrie rozdílu délky těla klíčních kostí na levé a pravé straně žen

```
560 wilcox.test(length.RL, mu = 0, alt = 'less', exact = F)
```




```
Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: length.RL
V = 125.5, p-value = 0.039
alternative hypothesis: true location is less than 0
```

561
562
563
564
565
566

9.7 Pořadový exaktní test o nezávislosti

Nechť $(X_1, Y_1)^T \dots (X_n, Y_n)^T$ je náhodný výběr z dvourozměrného rozdělení. Na hladině významnosti α testujeme jednu z následujících tří hypotéz oproti příslušné alternativní hypotéze.

$$\begin{array}{lll} H_{01} : \rho = 0 & \text{oproti} & H_{11} : \rho \neq 0 \quad (\text{oboustranná alt.}) \\ H_{02} : \rho \leq 0 & \text{oproti} & H_{12} : \rho > 0 \quad (\text{pravostranná alt.}) \\ H_{03} : \rho \geq 0 & \text{oproti} & H_{13} : \rho < 0 \quad (\text{levostranná alt.}) \end{array}$$


Test nazýváme pořadovým testem o nezávislosti. Testovací statistika má tvar

$$S_E = R_S = 1 - \frac{6}{n(n^2 - 1)} \sum_{i=1}^n (R_i - Q_i)^2, \quad (9.5)$$


kde n je rozsah náhodného výběru, R_i je pořadí náhodné veličiny X_i a Q_i je pořadí náhodné veličiny Y_i . Všimněme si, že statistika S_E je současně Spearmanovým korelačním koeficientem R_S , resp. Spearmanův korelační koeficient je používán jako testovací statistika pořadového testu o nezávislosti.

Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \rho \neq 0 & W = \langle -1; r_n(\alpha/2) \rangle \cup \langle r_n(1 - \alpha/2); 1 \rangle \\ H_{12} : \rho > 0 & W = \langle -1; r_n(\alpha) \rangle \\ H_{13} : \rho < 0 & W = \langle r_n(1 - \alpha); 1 \rangle \end{array}$$

kde $r_n(\alpha/2)$, $r_n(1 - \alpha/2)$, $r_n(1 - \alpha)$ a $r_n(1 - \alpha/2)$ jsou kvantily pro pořadový test o nezávislosti, jejichž hodnoty získáme pomocí softwaru  a funkce `qSpearman()` z knihovny `SuppDists`. Tvary intervalů spolehlivosti si pro pořadový test o nezávislosti neuvádíme. p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = 2 \min\{\Pr(S_E \leq s_E), \Pr(S_E \geq s_E)\} \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \geq s_E) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_E \leq s_E) \end{array}$$

kde S_E je náhodná veličina, s_E je realizace testovací statistiky S_E (viz vzorec 9.5), tedy konkrétní číslo, $\Pr(S_E \geq s_E) = 1 - \Pr(S_E < s_E) = 1 - \Pr(S_E \leq s_E - 1)$, což vyplývá z faktu, že náhodná veličina S_E se řídí tabelovaným (diskrétním) rozdělením pro pořadový test o nezávislosti, a $\Pr(S_E \leq s_E)$ je distribuční funkce tabelovaného rozdělení pro pořadový test o nezávislosti, jejíž hodnotu získáme pomocí  a implementované funkce `pSpearman()` z knihovny `SuppDists`.

Příklad 9.23. Pořadový exaktní test o nezávislosti

Řešení příkladu 9.23



```
567 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
568 head(data)
569 data <- data[data$sex == 'm' & data$pop == 'Hawikuh', c('RACH', 'RIBL')]
```

```
Error in '[.data.frame'(data, data$sex == "m" & data$pop == "Hawikuh", : undefined columns
selected
```

570

```
571 data <- na.omit(data)
572
573 MVN::mvn(data, mvnTest = 'mardia')$multi
```

```
Error in colMeans(x, na.rm = TRUE): 'x' must be numeric
```

574

```
575 # sikmost: 0.041166 # spicatost: 0.9761901  
576 MVN::mvn(data, mvnTest = 'hz')$multi # 0.0436649
```

```
Error in cov(data): is.numeric(x) || is.logical(x) is not TRUE
```

577

```
578 MVN::mvn(data, mvnTest = 'royston')$multi # 0.2507807
```

```
Warning in mean.default(x): argument is not numeric or logical: returning NA
```

579

```
Error in x - mean(x): non-numeric argument to binary operator
```

580

```
581 acetab.HRM <- data$RACH  
582 iblade.LRM <- data$RIBL  
583 n <- length(iblade.LRM) # 14  
584 alpha <- 0.05  
585 rS <- cor(acetab.HRM, iblade.LRM, method = 'spearman') # 0.4856559
```

```
Error in cor(acetab.HRM, iblade.LRM, method = "spearman"): supply both 'x' and 'y' or a matrix-  
like 'x'
```

586

```
587 library(SuppDists)  
588 qSpearman(alpha / 2, n) # -0.5252747  
589 qSpearman(1 - alpha / 2, n) # 0.5384615  
590  
591 2 * min(pSpearman(rS, n), 1 - pSpearman(rS, n)) # 0.08218591
```

```
Error in pSpearman(rS, n): object 'rS' not found
```

592

Příklad 9.24. Pořadový exaktní test o nezávislosti

Řešení příkladu 9.24



```
593 data <- read.delim('00-Data//21-goldman-measures.csv', sep = ';')
594 head(data)
595 data <- data[data$sex == 'm' & data$pop == 'Cliff Dweller', c('LTML', 'LRML')]
```

```
Error in [.data.frame](data, data$sex == "m" & data$pop == "Cliff Dweller", : undefined columns
selected
```

596

```
597 data <- na.omit(data)
598 MVN::mvn(data, mvnTest = 'mardia')$multi
```

```
Error in colMeans(x, na.rm = TRUE): 'x' must be numeric
```

599

```
600 # sikmost: 0.000229396 # spicatost: 0.0056161  
601 MVN::mvn(data, mvnTest = 'hz')$multi # 0.009711723
```

```
Error in cov(data): is.numeric(x) || is.logical(x) is not TRUE
```

602

```
603 MVN::mvn(data, mvnTest = 'royston')$multi # 0.07266684
```

```
Warning in mean.default(x): argument is not numeric or logical: returning NA
```

604

```
Error in x - mean(x): non-numeric argument to binary operator
```

605

```
606 radius.LLM <- data$LRML  
607 tibia.LLM <- data$LTML  
608 n <- length(tibia.LLM) # 17  
609 alpha <- 0.05  
610 rS <- cor(radius.LLM, tibia.LLM, method = 'spearman') # 0.8725396  
611  
612 library(SuppDists)  
613 qSpearman(1 - alpha, n) # 0.4166667  
614 1 - pSpearman(rS, n) # 2.981788e-06
```

9.8 Pořadový asymptotický test o nezávislosti

Pro náhodný výběr o rozsahu $n > 30$ máme možnost použít k otestování nulové hypotézy asymptotickou variantu testu. Tuto variantu nazýváme pořadový asymptotický test o nezávislosti. Stejně jako u exaktního testu si pro asymptotický test uvedeme pouze postup testování pomocí kritického oboru a p -hodnoty. Testovací statistika asymptotického testu má tvar

$$S_A = r_S \sqrt{n-1} \quad (9.6)$$

kde r_S je testovací statistika definovaná vztahem 9.5 a n je rozsah náhodného výběru. Za platnosti nulové hypotézy pochází statistika S_A ze standardizovaného normálního rozdělení, tj.

$$S_A = r_S \sqrt{n-1} \stackrel{H_0}{\sim} N(0, 1).$$

Kritický obor podle zvolené alternativní hypotézy má tvar

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & W = (-\infty; u_{\alpha/2}) \cup (u_{1-\alpha/2}; \infty) \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & W = (u_{1-\alpha}; \infty) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & W = (-\infty; u_{\alpha}) \end{array}$$

kde $u_{\alpha/2}$, $u_{1-\alpha/2}$, u_{α} , $u_{1-\alpha}$ jsou kvantily standardizovaného normálního rozdělení, jejichž hodnoty získáme pomocí \mathbb{R} a implementované funkce `qnorm()`.

p -hodnota má v závislosti na zvolené alternativní hypotéze jeden z následujících tvarů

$$\begin{array}{ll} H_{11} : \tilde{x} \neq \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = 2 \min\{\Pr(S_A \leq s_A), \Pr(S_A \geq s_A)\} \\ H_{12} : \tilde{x} > \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \geq s_A) \\ H_{13} : \tilde{x} < \tilde{x}_0 & p\text{-hodnota} = \Pr(S_A \leq s_A) \end{array}$$

kde S_A je náhodná veličina, s_A je realizace testovací statistiky S_A (viz vzorec 9.6), tedy konkrétní číslo, $\Pr(S_A \geq s_A) = 1 - \Pr(S_A \leq s_A)$, což vyplývá z faktu, že náhodná veličina S_A pochází z normálního (spojitého) rozdělení (viz kapitola ??), a $\Pr(S_A \leq s_A)$ je distribuční funkce standardizovaného normálního rozdělení, jejíž hodnotu získáme pomocí \mathbb{R} a implementované funkce `pnorm()`.

Příklad 9.25. Pořadový asymptotický test o nezávislosti

Řešení příkladu 9.25



```
615 data <- read.delim('00-Data//16-anova-head.txt')
616 head(data)
617 data <- data[data$sex == 'f', c('head.L', 'bizyg.W')]
618 data <- na.omit(data)
619 MVN::mvn(data, mvnTest = 'mardia')$multi
620 # sikmost: 0.0427523 # spicatost: 0.5455480
621 MVN::mvn(data, mvnTest = 'hz')$multi # 0.09943109
622 MVN::mvn(data, mvnTest = 'royston')$multi # 0.04040737
623
624 head.LF <- data$head.L
625 bizyg.WF <- data$bizyg.W
626 n <- length(head.LF) # 100
627 alpha <- 0.05
628
629 rS <- cor(head.LF, bizyg.WF, method = 'spearman') # 0.1712287
630 sA <- rS * sqrt(n - 1) # 1.703704
631 qnorm(alpha / 2) # -1.959964
632 qnorm(1 - alpha / 2) # 1.959964
633 2 * min(pnorm(sA), 1 - pnorm(sA)) # 0.08843632
```


Příklad 9.26. Pořadový asymptotický test o nezávislosti

Řešení příkladu 9.26

```
634 data <- read.delim('00-Data//16-anova-head.txt')
635 head(data)
636 data <- data[data$sex == 'm', c('bigo.W', 'bizyg.W')]
637 data <- na.omit(data)
638 MVN::mvn(data, mvnTest = 'mardia')$multi
639 # skimost: 0.002218132 # spicatost: 0.05247948
640 MVN::mvn(data, mvnTest = 'hz')$multi # 0.006343478
641 MVN::mvn(data, mvnTest = 'royston')$multi # 0.00644503
642
643 bigo.WM <- data$bigo.W
644 bizyg.WM <- data$bizyg.W
645 n <- length(bigo.WM) # 75
646 alpha <- 0.05
647 rS <- cor(bigo.WM, bizyg.WM, method = 'spearman') # 0.4648327
648 sA <- rS * sqrt(n - 1) # 3.998642
649
650 qnorm(1 - alpha) # 1.644854
651 1 - pnorm(sA) # 3.185348e-05
```

