

Анализ мощности

Математические методы в зоологии с использованием R

Марина Варфоломеева

Экономим силы с помощью анализа мощности

- Тестирование гипотез (двухвыборочный t-критерий)
- Статистические ошибки при проверке гипотез
- Мощность статистического теста
- *A priori* анализ мощности, оценка величины эффекта
- Как влиять на мощность тестов

Вы сможете

- сравнивать средние значения при помощи t-критерия, интерпретировать и описывать результаты
- дать определение ошибок I и II рода, и графически изобразить их отношение к мощности теста
- оценивать величину эффекта и необходимый объем выборки по данным пилотного исследования
- загружать данные из .xlsx в R
- строить графики средних значений со стандартными отклонениями с помощью ggplot2

Тестирование гипотез

Тест Стьюдента (t-критерий)

Гипотезы: $H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0$, $H_A : \mu_1 - \mu_2 \neq 0$

Двухвыборочный тест Стьюдента (Student, 1908) используется для проверки значимости различий между средними значениями двух величин.

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{SE_{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}}$$



William Sealy Gosset. Photo: Wikipedia

Условия применимости:

- Наблюдения случайны и независимы друг от друга
- Выборки случайны и независимы друг от друга
- Величины нормально распределены или большая выборка (> 30 наблюдений в группе)
- **Дисперсии в группах одинаковы**

$$SE = \sqrt{\frac{s_1^2(n_1-1) + s_2^2(n_2-1)}{n_1 + n_2 - 2} \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}$$

$$df = (n_1 - 1) + (n_2 - 1) = n_1 + n_2 - 2$$

t-тест Уэлча (Welch, 1938, 1947) — это модификация теста Стьюдента для случая разных дисперсий

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{SE_{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}}$$

Условия применимости:

- Наблюдения случайны и независимы друг от друга
- Выборки случайны и независимы друг от друга
- Величины нормально распределены или большая выборка (> 30 наблюдений в группе)

$$SE = \sqrt{s_1^2/n_1 + s_2^2/n_2}$$

Приблизительное число степеней свободы рассчитывается по уравнению Уэлча-Саттертуэйта

$$df_{Welch-Satterthwaite} \approx \frac{(s_1^2/n_1 + s_2^2/n_2)^2}{\frac{1}{n_1-1} \left(\frac{s_1^2}{n_1} \right)^2 + \frac{1}{n_2-1} \left(\frac{s_2^2}{n_2} \right)^2}$$



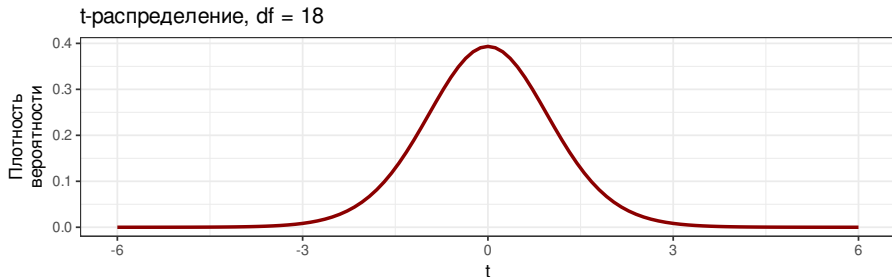
Bernard Lewis Welch. Photo scanned by GeneralBurgoyne on Reddit

t-распределение — распределение разницы средних для выборок из одной совокупности

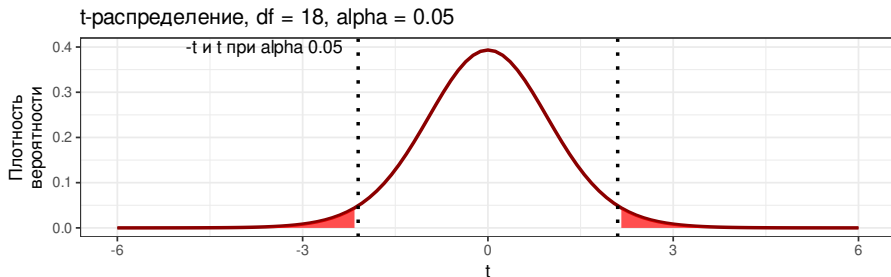
t-статистика подчиняется t-распределению.

Иными словами, если много раз взять выборки **из одной** совокупности (т.е. **при условии, что H_0 верна**) и посчитать между ними разницу, то она будет подчиняться t-распределению.

Форма t-распределения зависит только от одного параметра — числа степеней свободы df



В хвостах этого распределения находятся редкие значения (для случая, когда H_0 верна)

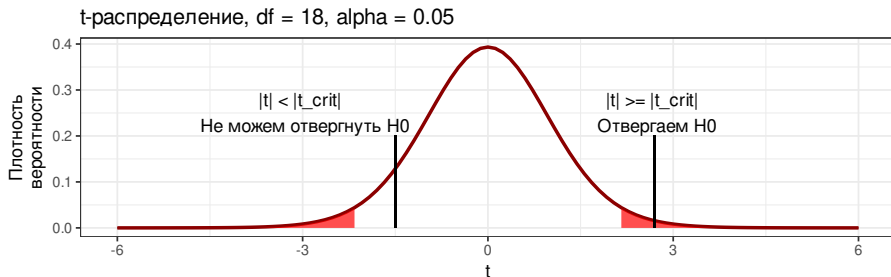


Обычно используется уровень значимости α 0.05 или 0.01.

Уровень значимости α — это вероятность ошибочно отвергнуть справедливую нулевую гипотезу. Т.е. это вероятность найти различия там, где их нет (**вероятность ошибки I рода**).

Для t-теста α — это вероятность ошибочно сделать вывод о том, что средние выборки различаются **при условии, что эти выборки получены из одной генеральной совокупности.**

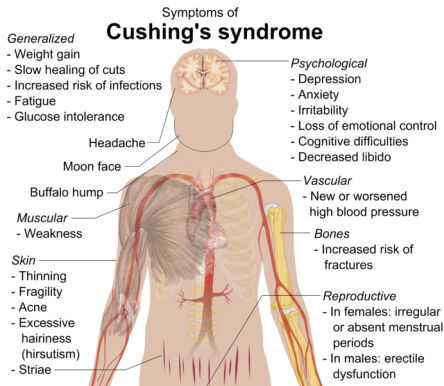
Тестирование гипотезы о равенстве двух средних при помощи t-теста



- 1 Для конкретных данных считаем значение t-критерия
- 2 Сравниваем его с теоретическим распределением t (распределением при условии, что H_0 верна)
- 3 Принимаем решение, отвергнуть ли H_0

Пример: Гормоны и артериальная гипертензия

Синдром Кушинга — это нарушения уровня артериального давления и целый комплекс других симптомов, вызванных гиперсекрецией кортизола надпочечниками.



Cushing's syndrome. Photo: Wikipedia

Пример: Гормоны и артериальная гипертензия

В датасете *Cushings* (пакет *MASS*) записаны данные о секреции двух метаболитов при разных типах синдрома (данные из кн. Aitchison, Dunsmore, 1975).

- Tetrahydrocortisone — секреция тетрагидрокортизона с мочой (мг/сут.)
- Pregnanetriol — секреция прегнантриола с мочой (мг/сут.)
- Type — тип синдрома:
 - a — аденома
 - b — двусторонняя гиперплазия
 - c — карцинома
 - u — не известно

Различается ли секреция тетрагидрокортизона при аденоме и двусторонней гиперплазии надпочечников?

```
library(MASS)
data("Cushings")
```

Двухвыборочный t-критерий в R рассчитывает функция `t.test()`

О параметрах функции `t.test()` можно прочесть в справке `?t.test`

Двухвыборочный t-критерий в R рассчитывает функция `t.test()`

О параметрах функции `t.test()` можно прочесть в справке `?t.test`

Если в данных **ровно две группы** используется т.наз. “формула”.

```
t.test(formula = зависимая_переменная ~ группирующая_переменная,  
       data = датафрейм_с_данными, ...)
```

Двухвыборочный t-критерий в R рассчитывает функция `t.test()`

О параметрах функции `t.test()` можно прочесть в справке `?t.test`

Если в данных **ровно две группы** используется т.наз. “формула”.

```
t.test(formula = зависимая_переменная ~ группирующая_переменная,  
       data = датафрейм_с_данными, ...)
```

Если **больше двух групп**

- можно непосредственно передать их данные в виде векторов,

```
t.test(x = вектор_1_группа, y = вектор_2_группа, ...)
```

Двухвыборочный t-критерий в R рассчитывает функция `t.test()`

О параметрах функции `t.test()` можно прочесть в справке `?t.test`

Если в данных **ровно две группы** используется т.наз. “формула”.

```
t.test(formula = зависимая_переменная ~ группирующая_переменная,  
       data = датафрейм_с_данными, ...)
```

Если **больше двух групп**

- можно непосредственно передать их данные в виде векторов,

```
t.test(x = вектор_1_группа, y = вектор_2_группа, ...)
```

- либо можно отобрать ровно две группы при помощи аргумента `subset`.

```
t.test(formula = зависимая_переменная ~ группирующая_переменная,  
       data = датафрейм_с_данными,  
       subset = логический_вектор_отбирающий_2_группы,  
       ...)
```

Различается ли секреция тетрагидрокортизона при аденоме и двусторонней гиперплазии надпочечников?

```
tt <- t.test(formula = Tetrahydrocortisone ~ Type, data = Cushings,
             subset = Cushings$Type %in% c('a', 'b'))
tt
```

```
#
# Welch Two Sample t-test
#
# data: Tetrahydrocortisone by Type
# t = -4.1499, df = 10.685, p-value = 0.001719
# alternative hypothesis: true difference in means between group a and group b is not equal to 0
# 95 percent confidence interval:
# -7.988307 -2.438360
# sample estimates:
# mean in group a mean in group b
# 2.966667 8.180000
```

Различается ли секреция тетрагидрокортизона при аденоме и двусторонней гиперплазии надпочечников?

```
tt <- t.test(formula = Tetrahydrocortisone ~ Type, data = Cushings,
             subset = Cushings$Type %in% c('a', 'b'))
tt
```

```
#
# Welch Two Sample t-test
#
# data: Tetrahydrocortisone by Type
# t = -4.1499, df = 10.685, p-value = 0.001719
# alternative hypothesis: true difference in means between group a and group b is not equal to 0
# 95 percent confidence interval:
# -7.988307 -2.438360
# sample estimates:
# mean in group a mean in group b
# 2.966667 8.180000
```

Результаты можно описать, например, так:

- Секреция тетрагидрокортизона значительно различается у пациентов с аденомой и двусторонней гиперплазией надпочечников ($t_{10.69} = -4.15$, $p = < 0.05$)

Задания 1-3

Задание 1

Перепишите вызов функции `t.test()` с использованием другого шаблона вызова (с параметрами `x` и `y`)

Задание 2

Как называются отдельные элементы результатов можно узнать посмотрев их структуру при помощи функции `str()`

Задание 3

Получите отдельные элементы результатов из объекта `tt` при помощи оператора `$`

- значение t-критерия
- число степеней свободы
- уровень значимости

Другой шаблон вызова функции `t.test()`

```
tt <- t.test(x = Cushings$Tetrahydrocortisone[Cushings$Type == 'a'],  
            y = Cushings$Tetrahydrocortisone[Cushings$Type == 'b'])  
tt
```

```
#  
# Welch Two Sample t-test  
#  
# data: Cushings$Tetrahydrocortisone[Cushings$Type == "a"] and Cushings$Tetrahydrocortisone[Cushings$Type == "b"]  
# t = -4.1499, df = 10.685, p-value = 0.001719  
# alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
# 95 percent confidence interval:  
# -7.988307 -2.438360  
# sample estimates:  
# mean of x mean of y  
# 2.966667 8.180000
```

Что спрятано в результатах?

Как называются отдельные элементы результатов можно узнать посмотрев их структуру при помощи функции `str()`

```
str(tt)
```

```
# List of 10
# $ statistic : Named num -4.15
# ..- attr(*, "names")= chr "t"
# $ parameter : Named num 10.7
# ..- attr(*, "names")= chr "df"
# $ p.value : num 0.00172
# $ conf.int : num [1:2] -7.99 -2.44
# ..- attr(*, "conf.level")= num 0.95
# $ estimate : Named num [1:2] 2.97 8.18
# ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "mean of x" "mean of y"
# $ null.value : Named num 0
# ..- attr(*, "names")= chr "difference in means"
# $ stderr : num 1.26
# $ alternative: chr "two.sided"
# $ method : chr "Welch Two Sample t-test"
# $ data.name : chr "Cushings$Tetrahydrocortisone[Cushings$Type == \"a\"] and C
# - attr(*, "class")= chr "htest"
```

Можно получить элементы результатов в виде отдельных цифр

```
tt$parameter # степени свободы
```

```
#          df  
# 10.68512
```

```
tt$p.value # уровень значимости
```

```
# [1] 0.00171934
```

```
tt$statistic # значение t-критерия
```

```
#          t  
# -4.149899
```

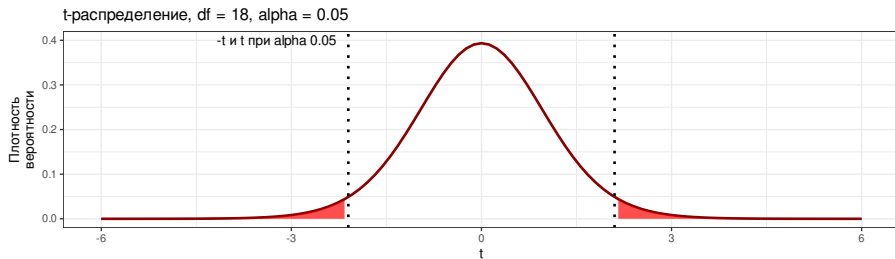
Статистические ошибки при проверке гипотез

Типы ошибок при проверке гипотез

	$H_0 == TRUE$	$H_0 == FALSE$
Отклонить H_0	Ошибка I рода	Верно
Сохранить H_0	Верно	Ошибка II рода

Ошибка I рода

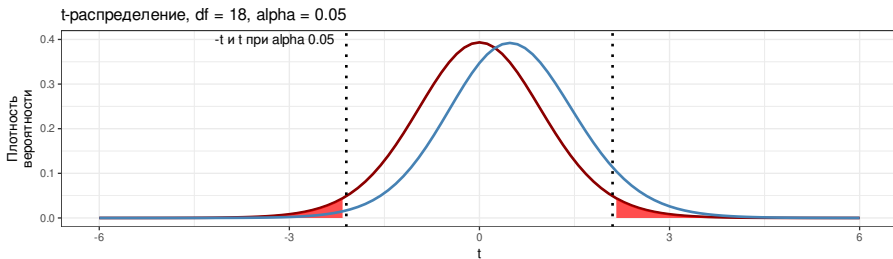
	$H_0 == TRUE$	$H_0 == FALSE$
Отклонить H_0	Ошибка I рода	Верно
Сохранить H_0	Верно	Ошибка II рода



Ошибка I рода — вероятность отвергнуть H_0 , когда верна H_0

Мы этого не знаем, но может быть верна $H_A...$

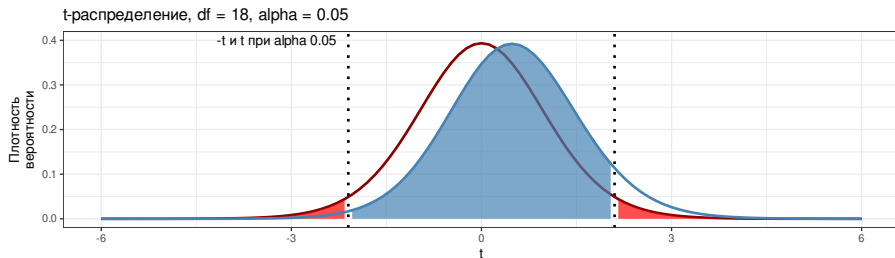
	$H_0 == TRUE$	$H_0 == FALSE$
Отклонить H_0	Ошибка I рода	Верно
Сохранить H_0	Верно	Ошибка II рода



Можно построить еще одно распределение статистики — распределение, при условии того, что верна H_A

Ошибка II рода

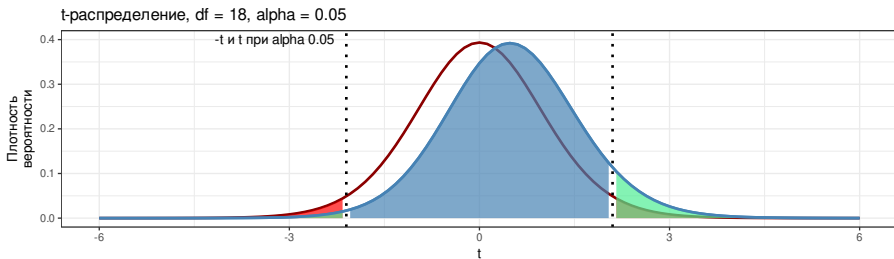
	$H_0 == TRUE$	$H_0 == FALSE$
Отклонить H_0	Ошибка I рода	Верно
Сохранить H_0	Верно	Ошибка II рода



Ошибка II рода — вероятность принять H_0 , когда верна H_A

Мощность теста — способность выявлять различия

	$H_0 == TRUE$	$H_0 == FALSE$
Отклонить H_0	Ошибка I рода	Верно
Сохранить H_0	Верно	Ошибка II рода



Мощность теста - вероятность отвергнуть H_0 , когда верна H_A :

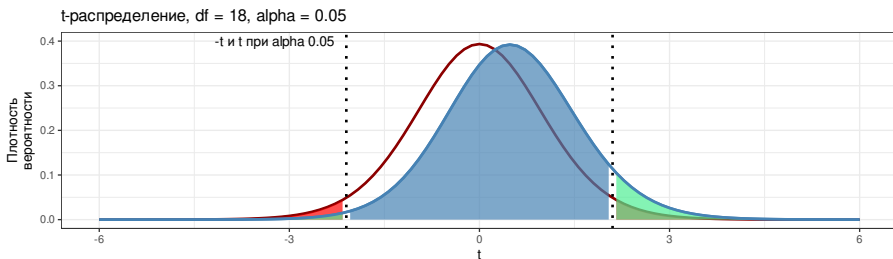
$$Power = 1 - \beta$$

Мощность теста

$$Power = 1 - \beta$$

Обычно считается, что хорошо, когда мощность не меньше 0.8

Т.е. что в 80% случаев мы можем найти различия заданной величины, если они есть.



Анализ мощности

A priori

- какой нужен объем выборки, чтобы найти различия с разумной долей уверенности?
- различия какой величины мы можем найти, если известен объем выборки?

Post hoc

- смогли бы мы найти различия при помощи нашего эксперимента (α , n), если бы величина эффекта была X ?

A priori анализ мощности

A priori анализ мощности

Что нужно

- тест
- уровень значимости
- желаемая мощность теста
- ожидаемая величина эффекта

A priori анализ мощности

Что нужно

- тест
- уровень значимости
- желаемая мощность теста
- ожидаемая величина эффекта

Что есть

- t -критерий
- $\alpha = 0.05$
- $Power = 0.8$
- ?

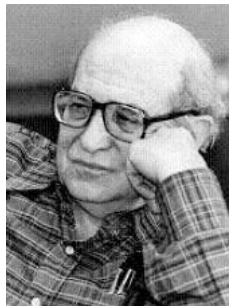
Величина эффекта

d Коэна (Cohen's d)

$$d = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{SD_{pooled}}$$

где SD_{pooled} — обобщенное стандартное отклонение

$$SD_{pooled} = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2}}$$



Jacob Cohen

Величина эффекта

Яков Коэн предложил делить эффекты на сильные, умеренные и слабые (Cohen, 1982)

```
library(pwr)  
cohen.ES(test = 't', size = 'large')
```

```
#  
#   Conventional effect size from Cohen (1982)  
#  
#       test = t  
#       size = large  
#   effect.size = 0.8
```

Расчет объема выборки для обнаружения эффекта известной величины

Функции для анализа мощности t-критерия:

- при одинаковых объемах групп `pwr.t.test()`
- при разных объемах групп `pwr.t2n.test()`

Какая нужна выборка, чтобы обнаружить *сильный эффект* с вероятностью 0.8 при уровне значимости 0.05?

```
pwr.t.test(n = NULL, d = 0.8, power = 0.8, sig.level = 0.01,
           type = 'two.sample', alternative = 'two.sided')
```

```
#
#       Two-sample t test power calculation
#
#               n = 38.18831
#               d = 0.8
#       sig.level = 0.01
#               power = 0.8
#       alternative = two.sided
#
# NOTE: n is number in *each* group
```

Задание 4

Какая нужна выборка, чтобы обнаружить *слабый эффект* с вероятностью 0.8 при уровне значимости 0.05?

Вам понадобятся функции `cohen.ES()` и `pwr.t.test()`

Решение

```
cohen.ES(test = 't', size = 'small') # величина слабого эффекта по Коэну
```

```
#
#   Conventional effect size from Cohen (1982)
#
#       test = t
#       size = small
#   effect.size = 0.2
```

Какой нужен объем выборки?

```
pwr.t.test(n = NULL, d = 0.2, power = 0.8, sig.level = 0.05,
           type = 'two.sample', alternative = 'two.sided')
```

```
#
#   Two-sample t test power calculation
#
#       n = 393.4057
#       d = 0.2
#   sig.level = 0.05
#       power = 0.8
#   alternative = two.sided
#
# NOTE: n is number in *each* group
```

Для того, чтобы при помощи t-теста обнаружить слабый эффект ($d = 0.2$) с вероятностью 0.8 и при уровне значимости 0.05, нужно собрать выборку не меньше 394 наблюдений **в каждой** группе.

A priori анализ мощности по данным пилотного исследования

Пример: Морфометрия жуков-листоедов

Измерения 43 самцов жуков-листоедов двух видов жуков из подсемейства козявок (Galerucinae) в семействе листоедов (Chrysomelidae): *Chaetocnema concinna* (на фото), *Ch. heptapotamica*.



Chaetocnema concinna. Photo: Udo Shmidt on Flickr

Переменные

- *fjft* — ширина первого членика первой лапки в микронах (сумма измерений для обеих лапок)
- *species* — вид жуков (1=*Ch. concinna*, 2= *Ch. heptapotamica*)

Есть ли морфологические различия между видами?

```
library(readxl)
flea <- read_excel(path = 'data/fleabeetles-subset.xlsx', sheet = 'dat')
```

Фрагмент данных из работы Lubischew, A.A., 1962. On the use of discriminant functions in taxonomy. Biometrics, pp.455-477.

Все ли правильно открылось?

```
str(flea)  # Структура данных
```

```
# tibble [43 x 2] (S3: tbl_df/tbl/data.frame)
# $ fjft    : num [1:43] 191 185 200 173 171 160 188 186 174 163 ...
# $ species: num [1:43] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

```
head(flea) # Первые несколько строк файла
```

```
# # A tibble: 6 x 2
#   fjft species
#   <dbl>   <dbl>
# 1   191       1
# 2   185       1
# 3   200       1
# 4   173       1
# 5   171       1
# 6   160       1
```

Делаем фактором переменную, где записан вид

```
flea$species <- factor(flea$species,  
                        levels = c(1, 2),  
                        labels = c('cocin', 'hept'))
```


Знакомимся с данными

Есть ли пропущенные значения?

```
colSums(is.na(flea))
```

```
#    fjft species
```

```
#      0      0
```

Каковы объемы выборок? Поскольку нет пропущенных значений, можно посчитать так

```
table(flea$species)
```

```
#
```

```
# cocin  hept
```

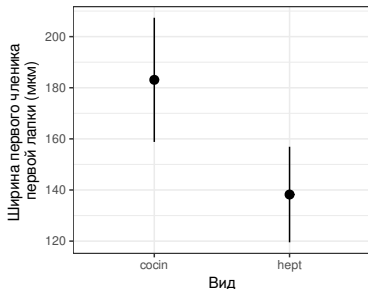
```
#    21    22
```

Представим, что это данные пилотного исследования.

Мы хотим выяснить, сколько нужно жуков, чтобы показать, что ширина первого членика первой лапки различается у этих двух видов

График средних и стандартных отклонений

```
library(ggplot2)
theme_set(theme_bw())
ggplot(data = flea, aes(x = species, y = fjft)) +
  stat_summary(geom = 'pointrange', fun.data = mean_sdl) +
  labs(y = 'Ширина первого членика \nпервой лапки (мкм)', x = 'Вид')
```



Величина эффекта по исходным данным

```
library(effsize)
eff_flea <- cohen.d(d = flea$fjft, f = flea$species)
eff_flea
```

```
#
# Cohen's d
#
# d estimate: 4.153819 (large)
# 95 percent confidence interval:
#   lower      upper
# 3.059340 5.248298
```

Вычислим модуль, поскольку для `pwr.t.test()` эффект должен быть положительным

```
effect_size_flea <- abs(eff_flea$estimate)
```

Задание 5

Рассчитайте объем выборки, чтобы показать различия размеров с вероятностью 0.8 на уровне значимости 0.05

Используйте функцию `pwr.t.test()`

Решение

```
pwr_flea <- pwr.t.test(n = NULL, d = effect_size_flea,  
                      power = 0.8, sig.level = 0.05,  
                      type = 'two.sample',  
                      alternative = 'two.sided')
```

```
pwr_flea
```

```
#  
#       Two-sample t test power calculation  
#  
#               n = 2.354027  
#               d = 4.153819  
#       sig.level = 0.05  
#               power = 0.8  
#       alternative = two.sided  
#  
# NOTE: n is number in *each* group
```

Решение

```
pwr_flea <- pwr.t.test(n = NULL, d = effect_size_flea,  
                      power = 0.8, sig.level = 0.05,  
                      type = 'two.sample',  
                      alternative = 'two.sided')
```

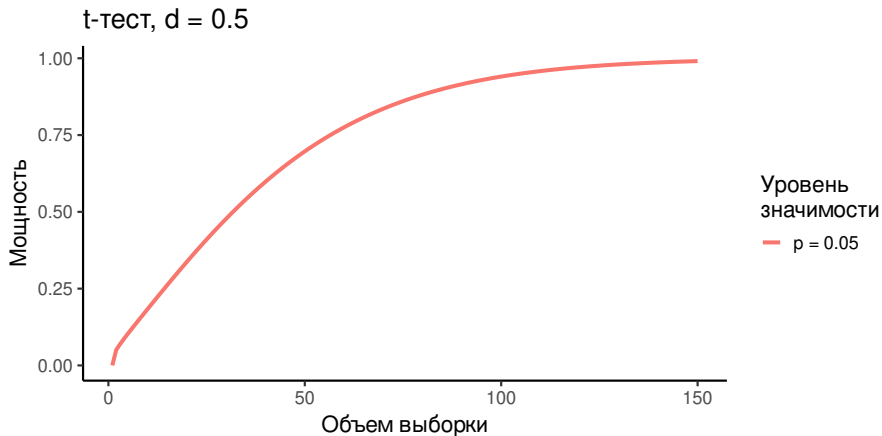
```
pwr_flea
```

```
#  
#       Two-sample t test power calculation  
#  
#               n = 2.354027  
#               d = 4.153819  
#       sig.level = 0.05  
#           power = 0.8  
#       alternative = two.sided  
#  
# NOTE: n is number in *each* group
```

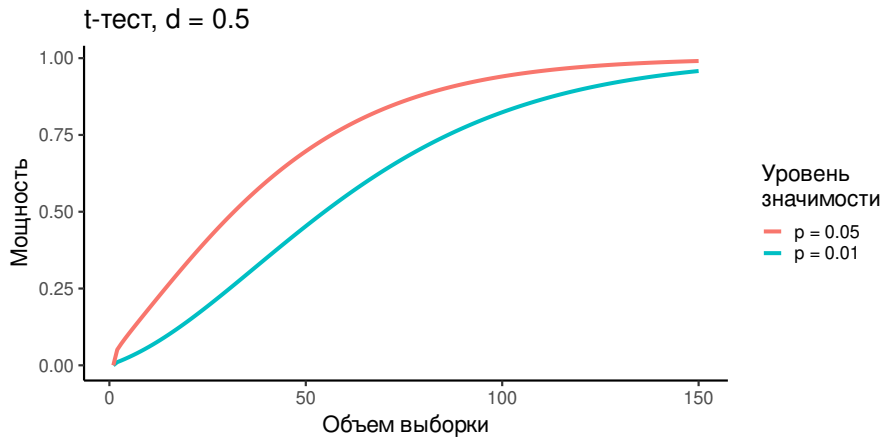
- Нужна выборка из **3 жуков каждого вида**, чтобы с вероятностью 0.8 обнаружить различия размеров между видами.

Как влиять на мощность теста?

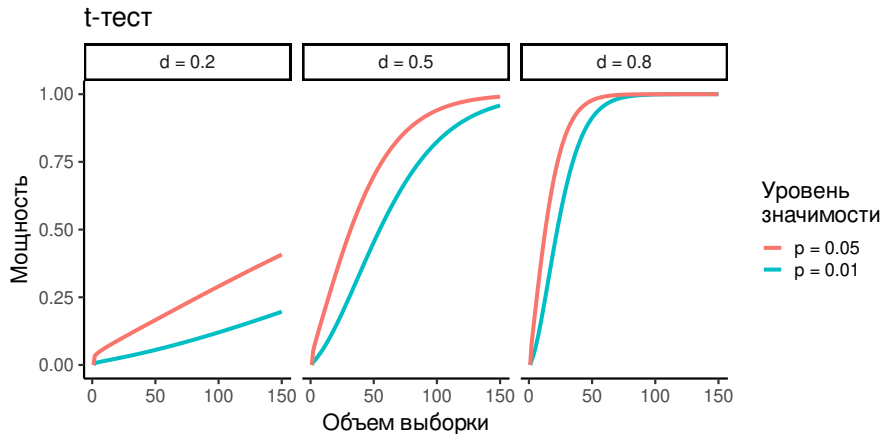
Чем больше объем выборки — тем больше мощность



Чем больше уровень значимости — тем больше мощность



Чем больше величина различий — тем больше мощность



Каким образом можно повлиять на мощность теста?

- Мощность теста можно регулировать, если
 - изменить число повторностей
 - выбрать другой уровень значимости (α)
 - определиться, какие эффекты действительно важны (ES)

Take-home messages

- Чтобы не находить несуществующих эффектов, фиксируем уровень значимости
- Чтобы не пропустить значимое, рассчитываем величину эффекта, объем выборки и мощность теста
- Способность выявлять различия зависит
 - от объема выборки,
 - от уровня значимости
 - от величины эффекта

Дополнительные ресурсы

- Quinn, Keough, 2002, pp. 164-170
- OpenIntro: Statistics
- Sokal, Rohlf, 1995, pp. 167-169.
- Zar, 1999, p. 83.
- R Data Analysis Examples - Power Analysis for Two-group Independent sample t-test. UCLA: Statistical Consulting Group.
- R Data Analysis Examples - Power Analysis for One-sample t-test. UCLA: Statistical Consulting Group.
- FAQ - How is effect size used in power analysis? UCLA: Statistical Consulting Group.