

CHƯƠNG 9: SO SÁNH HAI TỔNG THỂ

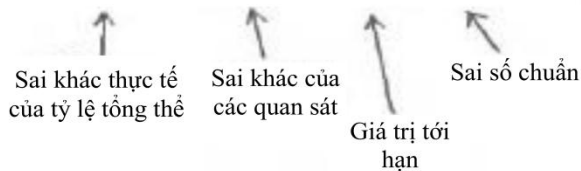
(Tiếp theo)

Khoảng tin cậy của

$p_1 - p_2$

Thông thường, khoảng tin cậy của các ước lượng là:

$$p_1 - p_2 = \hat{p}_1 - \hat{p}_2 \pm z_{\alpha/2} SE(\hat{p}_1 - \hat{p}_2)$$



Biết phương sai của \hat{P}_1 và \hat{P}_2 ta có sai số chuẩn là:

$$SE(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) = \sqrt{\frac{\hat{p}_1(1-\hat{p}_1)}{n_1} + \frac{\hat{p}_2(1-\hat{p}_2)}{n_2}}$$

Ở nghiên cứu về thuốc aspirin, sai số chuẩn là:

$$\sqrt{\frac{(0.0217) \cdot (0.9783)}{11.034} + \frac{(0.0126) \cdot (0.9874)}{11.037}} = \mathbf{0.00175}$$



Để có khoảng tin cậy 95% khi nghiên cứu về thuốc aspirin, chúng ta chỉ cần lắp ghép các giá trị đã quan sát như sau:

$$p_1 - p_2 = 0.0091 \pm (1.96)(0.00175) = \mathbf{0.0091 \pm 0.0034}$$



Định nghĩa:

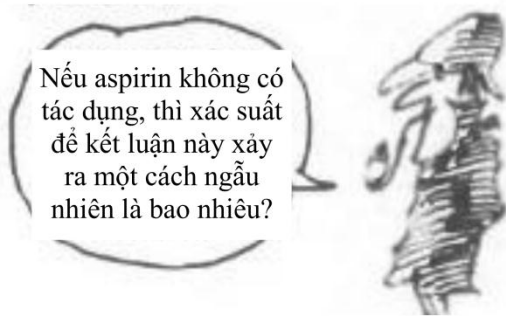
Với độ tin cậy ít nhất là 95% chúng ta tin rằng sự khác biệt giữa các tỷ lệ bị đau tim nằm trong khoảng 0.0057 và 0.0125, rõ ràng là một con số tích cực! giờ thì ta có ít nhất 95% tin rằng thuốc aspirin thực sự giúp giảm tỷ lệ đau tim.

Um... Làm ơn ông chủ có thể cho thêm một vài viên aspirin vào bộ nghiên cứu của tôi được không?



Kiểm định giả thuyết

Thông thường câu hỏi giả thuyết kiểm định là:



H_0 , giả thuyết không, là aspirin không có tác dụng: $p_1 = p_2$

H_a , giả thuyết bác bỏ, là aspirin có thể làm giảm nguy cơ bị đau tim: $p_1 > p_2$

Giờ thì chúng ta cần một kiểm định thống kê với một phân bố chuẩn khi H_0 đúng...



Chú ý rằng theo sau H_0 , hai tỷ lệ giống nhau, $p_1 = p_2 = p...$ vì vậy, chúng ta hãy gộp toàn bộ dữ liệu để tính ra tỷ lệ đau tim đồng thời trong cả hai mẫu:

$$\hat{p} = \frac{x_1 + x_2}{n_1 + n_2}$$

Khi giả thuyết không đúng, sai số chuẩn chỉ phụ thuộc vào ước lượng gộp:

$$SE_o(\hat{P}_1 - \hat{P}_2) = \sqrt{\hat{p}(1 - \hat{p}) \left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}$$

Và chúng ta có thể viết được tiêu chuẩn kiểm định như sau:

$$z = \frac{\hat{P}_1 - \hat{P}_2}{SE_o(\hat{P}_1 - \hat{P}_2)}$$

(về mặt số học nguyên văn là $\hat{p}_1 - \hat{p}_2 - (p_1 - p_2)$). Nhưng giả thuyết $H_0: p_1 - p_2 = 0$)



Với nghiên cứu về thuốc aspirin, chúng ta tìm được:

$$\hat{p} = \frac{378}{22071}$$

$$SE(\hat{p}_1 - \hat{p}_2) = 0.00175$$

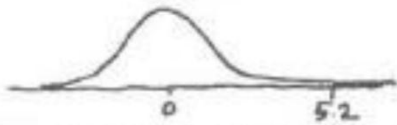
Bởi vậy

$$z_{qs} = \frac{0.0091}{0.00175} = 5.20$$

z_{qs} lớn hơn 5 lần độ lệch chuẩn tính từ 0, một ảnh hưởng rất tích cực, sử dụng bảng tra hoặc máy tính, chúng ta tìm được giá trị P-value:

$$P\text{-value} = \Pr(z \geq z_{qs}) = \Pr(z \geq 5.2) = .00000001$$

Bằng việc sử dụng bảng tra, máy tính tay, hoặc một máy tính để bàn...



Nếu giả thuyết không là đúng, thì xác suất của việc quan sát này là một phần mười triệu - bằng chứng rất thuyết phục chống lại H_0 !!!

Công thức tổng quát



Để kiểm định giả thuyết H_0

$$H_0 : p_1 = p_2$$

Ta dùng tiêu chuẩn kiểm định sau:

$$z_{qs} = \frac{\hat{p}_1 - \hat{p}_2}{SE_0(\hat{P})}$$

(Trong đó SE_0 được tính bằng cách sử dụng xác suất gộp bởi việc kết hợp cả hai nhóm).



P-value thích hợp phụ thuộc vào giả thuyết bác bỏ:

A) Hai phía: $H_a : p_1 \neq p_2$



$$P\text{-value} = \Pr(|z| > |z_{qs}|)$$

B) Phải: $H_a : p_1 > p_2$



$$P\text{-value} = \Pr(z > z_{qs})$$

C) Trái: $H_a : p_1 < p_2$



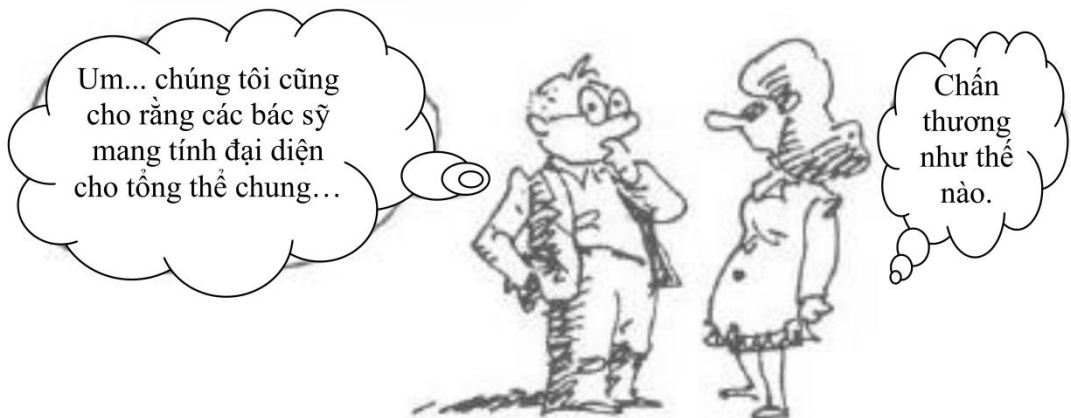
$$P\text{-value} = \Pr(z < z_{qs})$$

➤➤➤ HỌC THỐNG KÊ QUA TRUYỆN TRANH

Việc phân tích nghiên cứu về thuốc aspirin phụ thuộc vào các đặc điểm cố định của thiết kế thử nghiệm nhằm đảm bảo tính ngẫu nhiên và loại trừ sự chệch:



Mục 1 và mục 2 là các phần cơ bản của hầu hết các thiết kế thử nghiệm lâm sàng, nhưng mục 3 thì không phải. Các kiểm định mẫu nhỏ tốt đã có sẵn trong các phần mềm máy tính. Thao tác phi tham số tuy đơn giản, nhưng khá dài, việc tính xác suất tương tự như việc tính toán may rủi mà chúng ta đã gặp trong Chương 4...



So sánh GIÁ TRỊ TRUNG BÌNH của hai tổng thể

Giả sử chúng ta muốn so sánh mức lương trung bình của các nhân viên nam và các nhân viên nữ làm cùng một công việc ở một số công ty.



Tổng thể thứ nhất là nữ giới và tổng thể thứ hai là nam giới:



Tổng thể thứ nhất có tiền lương trung bình μ_1 và độ lệch chuẩn σ_1



Tổng thể thứ hai có tiền lương trung bình μ_2 và độ lệch chuẩn σ_2

Với một mẫu ngẫu nhiên, nhóm 1 có kích thước n_1 và nhóm 2 có kích thước n_2 , cho ta trung bình mẫu lần lượt là \bar{x}_1 và \bar{x}_2 và độ lệch chuẩn tương ứng là s_1 và s_2 . Ước lượng của $\mu_1 - \mu_2$ là:

$$\bar{X}_1 - \bar{X}_2$$

Ước lượng $\bar{X}_1 - \bar{X}_2$ thế nào là tốt?

Với các mẫu kích thước lớn, ước lượng xấp xỉ chuẩn (theo Định lý giới hạn trung tâm), độ lệch chuẩn là:

$$SE(\bar{X}_1 - \bar{X}_2) = \sqrt{\frac{S_1^2}{n_1} + \frac{S_2^2}{n_2}}$$

(bổ sung thêm các phương sai, vì các mẫu là độc lập). Giờ thì chúng ta có thể trực tiếp suy ra:

Các khoảng tin cậy

Với các mẫu lớn, khoảng tin cậy $(1-\alpha).100\%$ cho ta sự khác nhau giữa các giá trị trung bình là:

$$\mu_1 - \mu_2 = \bar{X}_1 - \bar{X}_2 \pm z_{\alpha/2} SE(\bar{X}_1 - \bar{X}_2)$$



Kiểm định giả thuyết

Chúng ta viết giả thuyết không: trung bình hai tổng thể bằng nhau

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$

Tiêu chuẩn kiểm định là:

$$z_{qs} = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{SE_o(\bar{X}_1 - \bar{X}_2)}$$

Và dùng P-value như bình thường



(Còn nữa)

Biên dịch: Minh Ánh và các nghiên cứu viên, Viện Khoa học Thống kê