

**stima per
intervallo**

**intervalli di
fiducia**

confidence interval

una affermazione come questa:

CI(95%): $\liminf < \mu < \limsup$

“ $p = 0.95$ che la media della popolazione sia compresa nell’intervallo fra \liminf e \limsup ”

cosa significa

supponiamo di estrarre 100 campioni di grandezza n dalla stessa popolazione ignota e di calcolare 100 CI(95%); mi devo aspettare che 95 di questi “coprano” la media e 5 no

```
> s <- rnorm(30, 100, 15)  
  
> t.test(s)
```

One Sample t-test

data: s
t = 37.6022, df = 29, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0

95 percent confidence interval:

94.19973 105.03643

sample estimates:

mean of x

99.61808

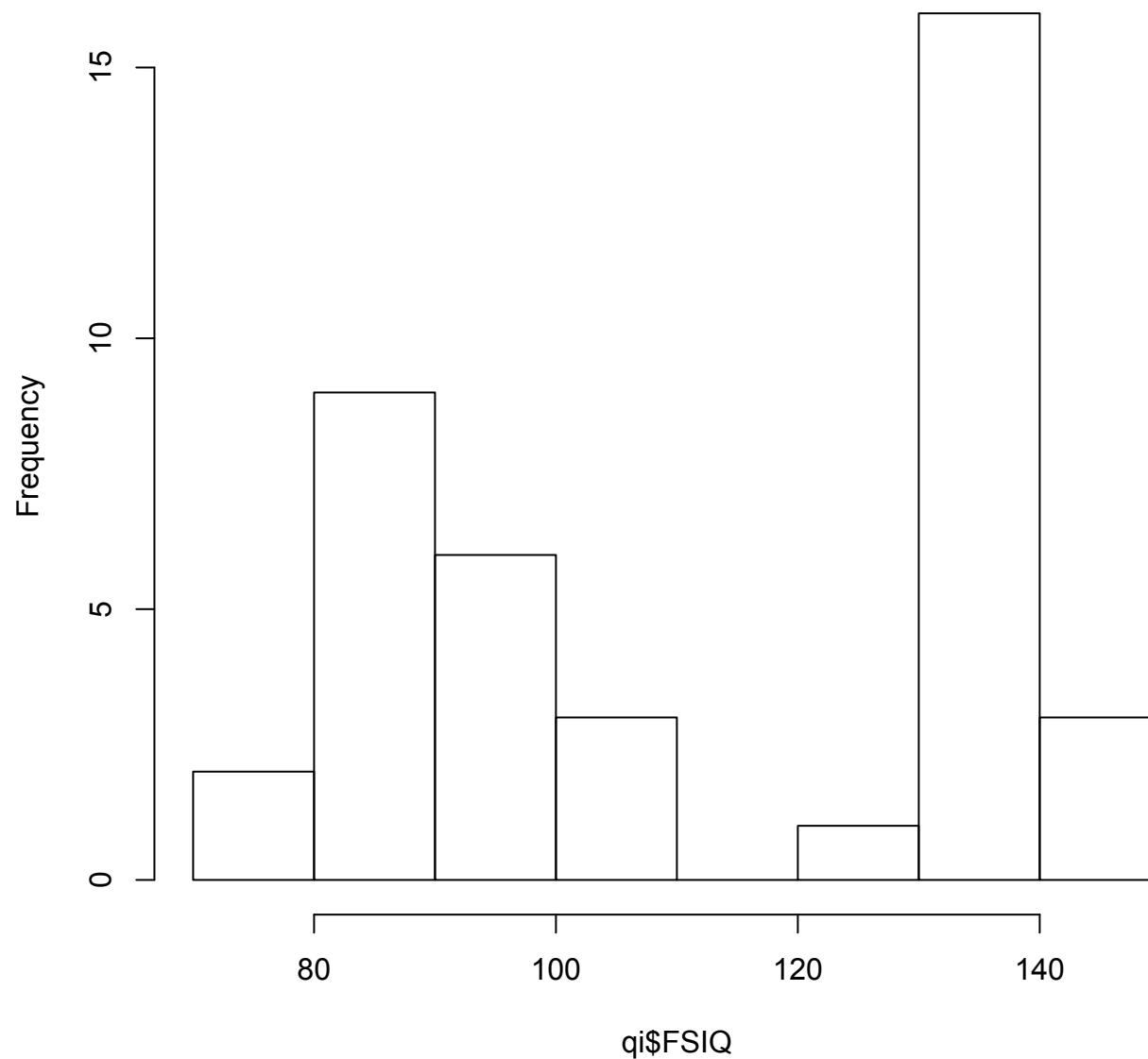
**caso semplice:
popolazione nota**

```
> qi <- read.table("~/Desktop/R/  
dispense/esempi_corso/IQ.txt",  
header = TRUE)  
> head(qi, 5)
```

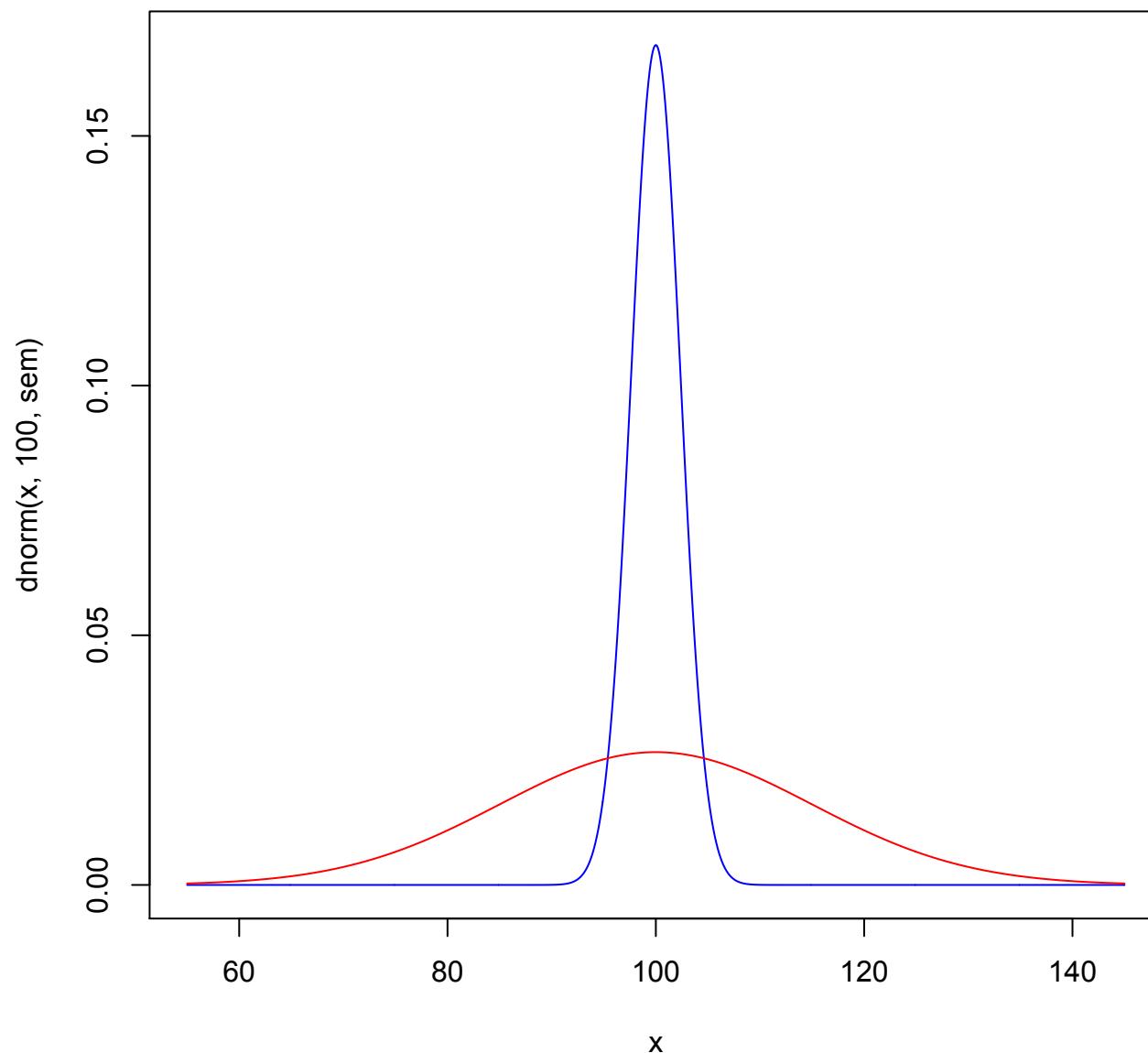
	Gender	FSIQ	VIQ	PIQ	Weight	Height	MRI_Count
1	Female	133	132	124	118	64.5	816932
2	Male	140	150	124	151	72.5	1001121
3	Male	139	123	150	143	73.3	1038437
4	Male	133	129	128	172	68.8	965353
5	Female	137	132	134	147	65.0	951545

```
> hist(qi$FSIQ)
```

Histogram of qi\$FSIQ



```
> m <- mean(qi$FSIQ)
> m
[1] 113.45
> n <- length(qi$FSIQ)
> n
[1] 40
> sem = 15/sqrt(n)
> x <- seq(55, 145, by = 0.1)
> plot(x, dnorm(x, 100, sem), type = "l", col =
  "blue")
> lines(x, dnorm(x, 100, 15), col = "red")
```



```
> qnorm(0.975)
```

```
[1] 1.959964
```

```
> liminf <- m - qnorm(0.975) * sem
```

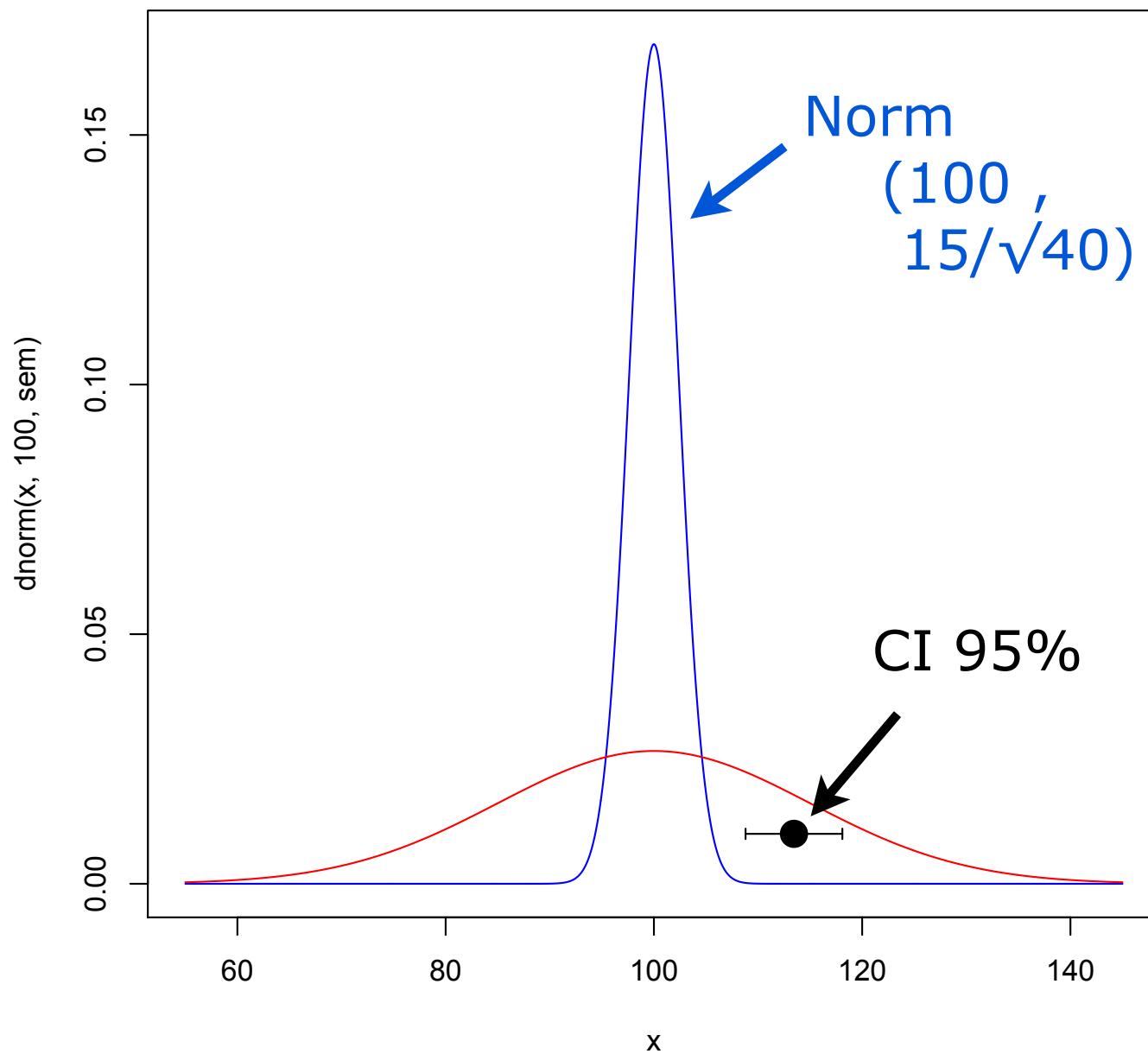
```
> limsup <- m + qnorm(0.975) * sem
```

```
> c(liminf, limsup)
```

```
[1] 108.8015 118.0985
```

```
> plot(x, dnorm(x, 100, sem), col =
  "blue", type = "l")
> lines(x, dnorm(x, 100 ,15), col =
  "red")

> points(m, 0.01, cex = 2, pch = 19)
> arrows(m, 0.01, limsup, 0.01, length =
  0.01, angle = 90)
> arrows(m, 0.01, liminf, 0.01, length =
  0.01, angle = 90)
```



```
> c(liminf, limsup)
[1] 108.8015 118.0985
```

```
> t.test(qi$FSIQ)
```

One Sample t-test

data: qi\$FSIQ

t = 29.7948, df = 39, p-value < 2.2e-16

alternative hypothesis: true mean is not equal to 0

95 percent confidence interval:

105.7482 121.1518

sample estimates:

mean of x

113.45

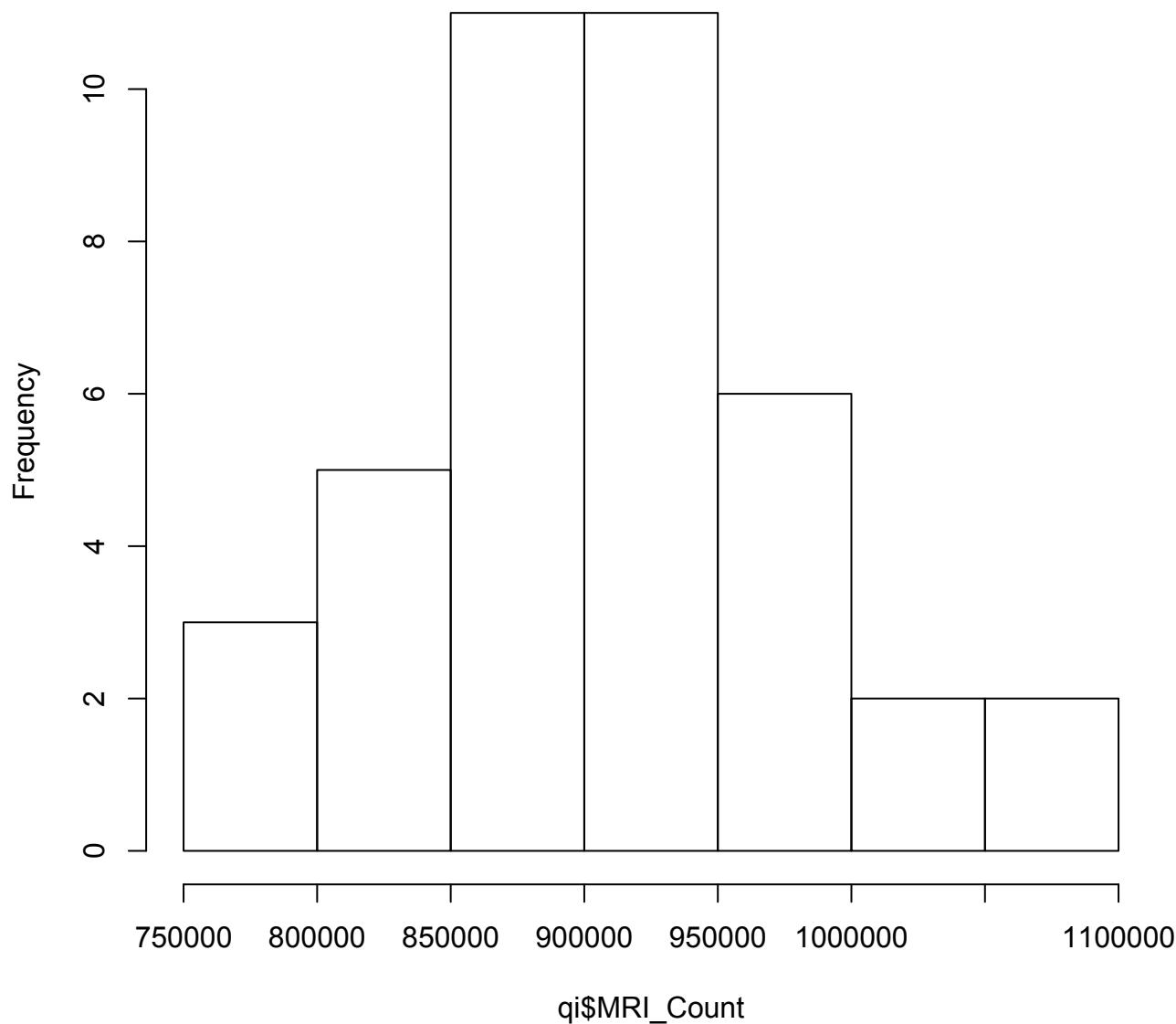
**caso meno
semplice:
popolazione
ignota**

```
> qi <- read.table("~/Desktop/R/  
dispense/esempi_corso/IQ.txt",  
header = TRUE)  
> head(qi, 5)
```

	Gender	FSIQ	VIQ	PIQ	Weight	Height	MRI_Count
1	Female	133	132	124	118	64.5	816932
2	Male	140	150	124	151	72.5	1001121
3	Male	139	123	150	143	73.3	1038437
4	Male	133	129	128	172	68.8	965353
5	Female	137	132	134	147	65.0	951545

```
> hist(qi$MRI_Count)
```

Histogram of qi\$MRI_Count



```
> m <- mean(qi$MRI_Count)
> s <- sd(qi$MRI_Count)
> n <- length(qi$MRI_Count)
> c(m, s, n)
[1] 908755.00 72282.05    40.00
```

```
> sem <- s/sqrt(n)
> liminf <- m - qt(0.975, n - 1) * sem
> limsup <- m + qt(0.975, n - 1) * sem
> c(liminf, limsup)
[1] 885638.1 931871.9
```

```
> c(liminf, limsup)
[1] 885638.1 931871.9
> t.test(qi$MRI_Count)
```

One Sample t-test

```
data: qi$MRI_Count
t = 79.5145, df = 39, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true mean is not equal to 0
95 percent confidence interval:
885638.1 931871.9
sample estimates:
mean of x
908755
```

```
> c(liminf, limsup)
[1] 885638.1 931871.9
```

```
> nliminf <- m - qnorm(0.975) * sem
> nlimsup <- m + qnorm(0.975) * sem
```

```
> c(nliminf, nlimsup)
[1] 886355 931155
```

demo

```
# simulazione del classico mystery box demo
nc <- 1000 # campioni
ns <- 30 # numerosità
a <- qt(0.975, ns - 1) # quante DS nella distr camp?
sqns <- sqrt(ns) # per calcolo sem
sm <- matrix(nrow = nc, ncol = ns) # una matrice vuota
for (i in 1:nc) { sm[i, ] <- runif(ns)}
mns <- apply(sm, 1, mean) # medie dei campioni
sds <- apply(sm, 1, sd) # stime ds pop dai
campioni
liminf <- mns - a * sds/sqns
limsup <- mns + a * sds/sqns
# in quanti campioni il CI copre la media ( $\mu = 0.5$ )?
hits <- length(mns[liminf < 0.5 & limsup > 0.5])
print(hits/nc)
```

proviamo....

```
> source('mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.957
```

```
> source('mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.955
```

```
> source('mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.949
```

```
> source('mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.958
```

```
> source('mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.945
```

```
.....
```

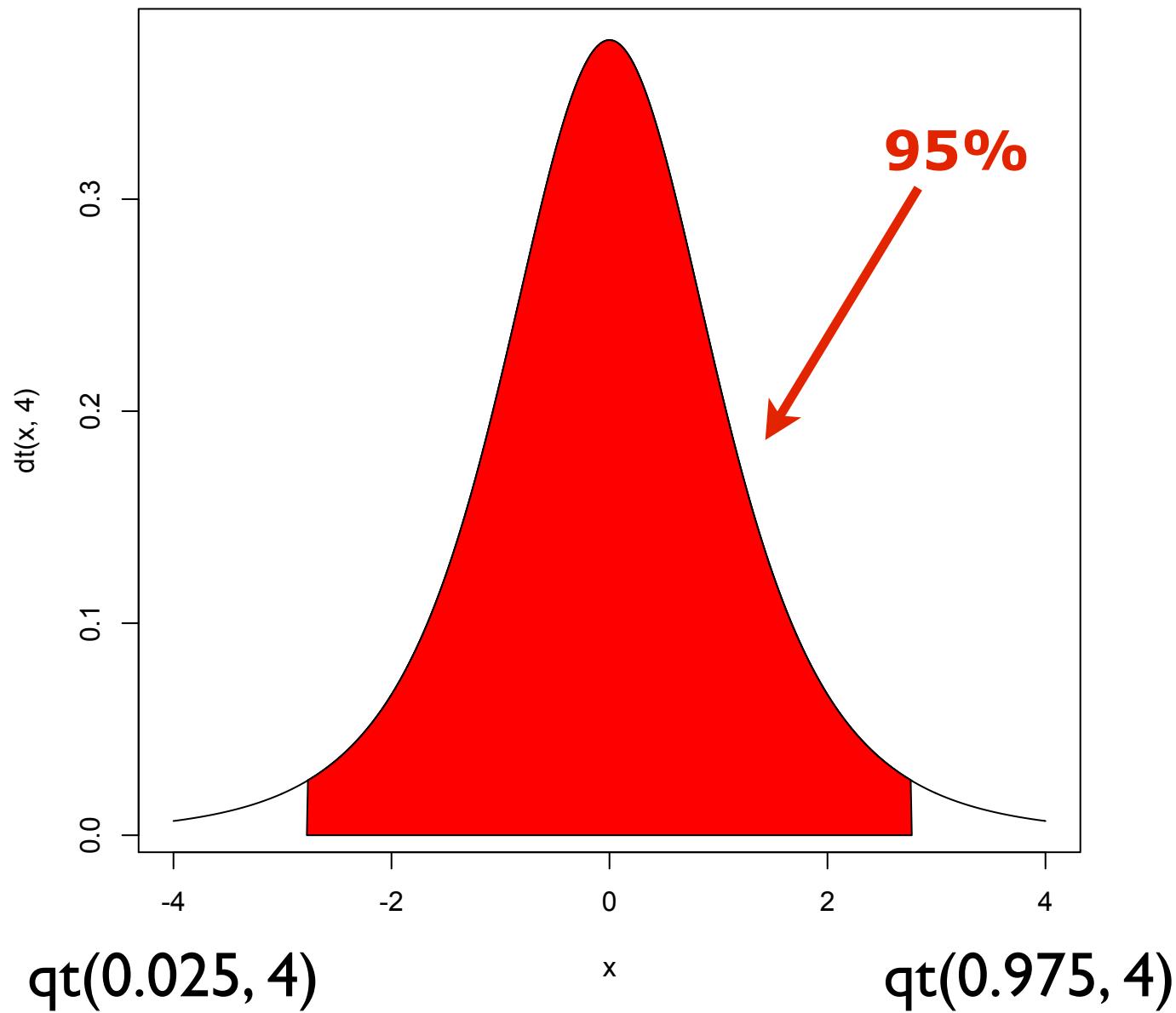
CI90%, CI99%...

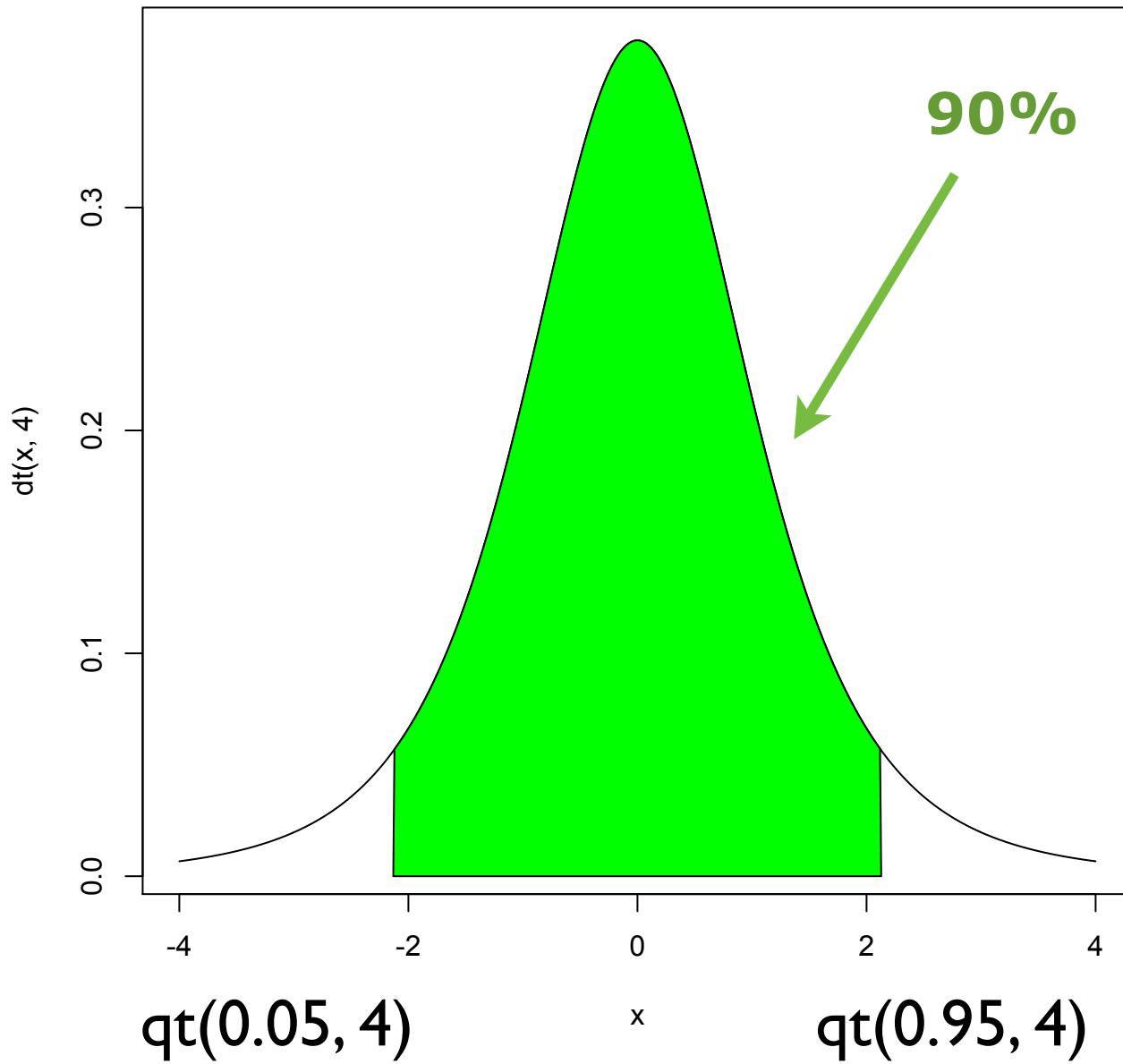
confidence interval

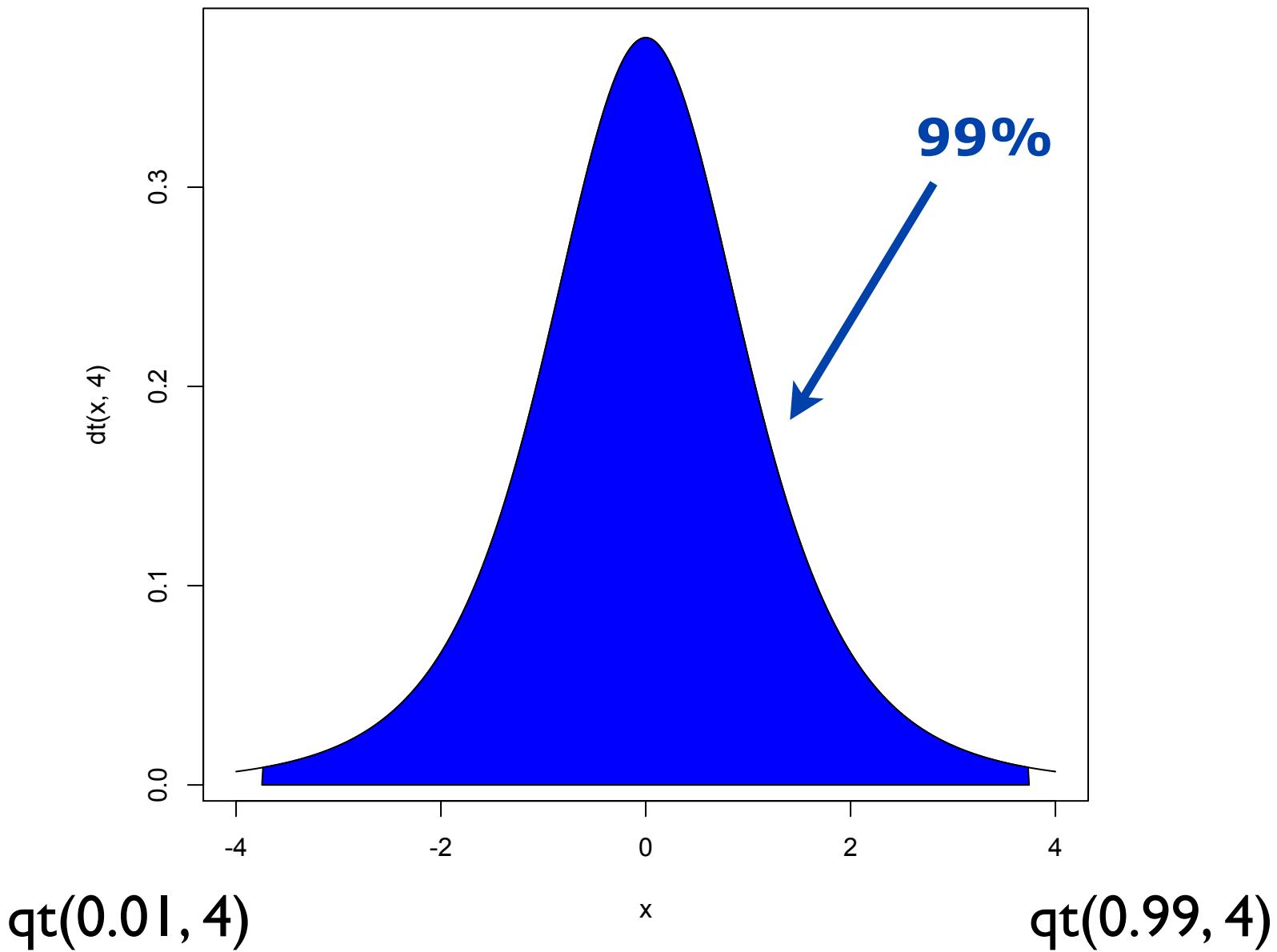
una affermazione come questa:

CI(p): $\liminf < \mu < \limsup$

“la probabilità è p che la media della popolazione sia compresa nell’intervallo fra \liminf e \limsup ”







demo 2

```

# simulazione del classico mystery box demo
nc <- 1000 # campioni
ns <- 30 # numerosità
a <- qt(0.95, ns - 1) # quante DS nella distr camp?
sqns <- sqrt(ns) # per calcolo sem
sm <- matrix(nrow = nc, ncol = ns) # una matrice vuota
for (i in 1:nc) { sm[i, ] <- runif(ns)}
mns <- apply(sm, 1, mean) # medie dei campioni
sds <- apply(sm, 1, sd) # stime ds pop dai
campioni
liminf <- mns - a * sds/sqns
limsup <- mns + a * sds/sqns
# in quanti campioni il CI copre la media ( $\mu = 0.5$ )?
hits <- length(mns[liminf < 0.5 & limsup > 0.5])
print(hits/nc)

```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/
mysterybox.R', chdir = TRUE)
[1] 0.908
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/
mysterybox.R', chdir = TRUE)
[1] 0.896
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/
mysterybox.R', chdir = TRUE)
[1] 0.888
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/
mysterybox.R', chdir = TRUE)
[1] 0.903
....
```

```
# simulazione del classico mystery box demo
nc <- 1000 # campioni
ns <- 30 # numerosità
a <- qt(0.995, ns - 1) # quante DS nella distr
camp?
sqns <- sqrt(ns) # per calcolo sem
sm <- matrix(nrow = nc, ncol = ns) # una matrice vuota
for (i in 1:nc) { sm[i, ] <- runif(ns)}
mns <- apply(sm, 1, mean) # medie dei campioni
sds <- apply(sm, 1, sd) # stime ds pop dai
campioni
liminf <- mns - a * sds/sqns
limsup <- mns + a * sds/sqns
# in quanti campioni il CI copre la media ( $\mu = 0.5$ )?
hits <- length(mns[liminf < 0.5 & limsup > 0.5])
print(hits/nc)
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.991
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.99
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.99
```

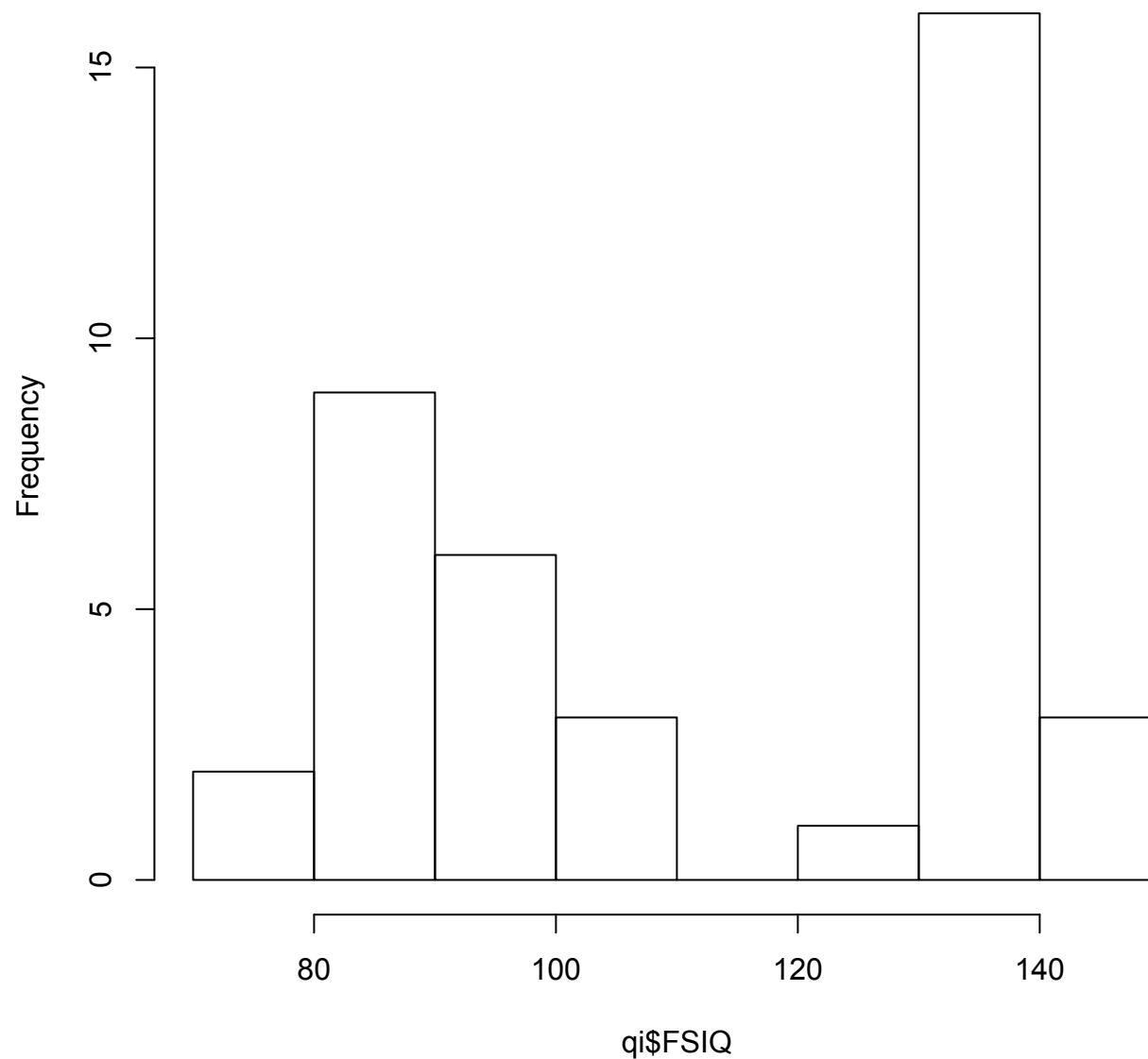
```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mysterybox.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.983
```

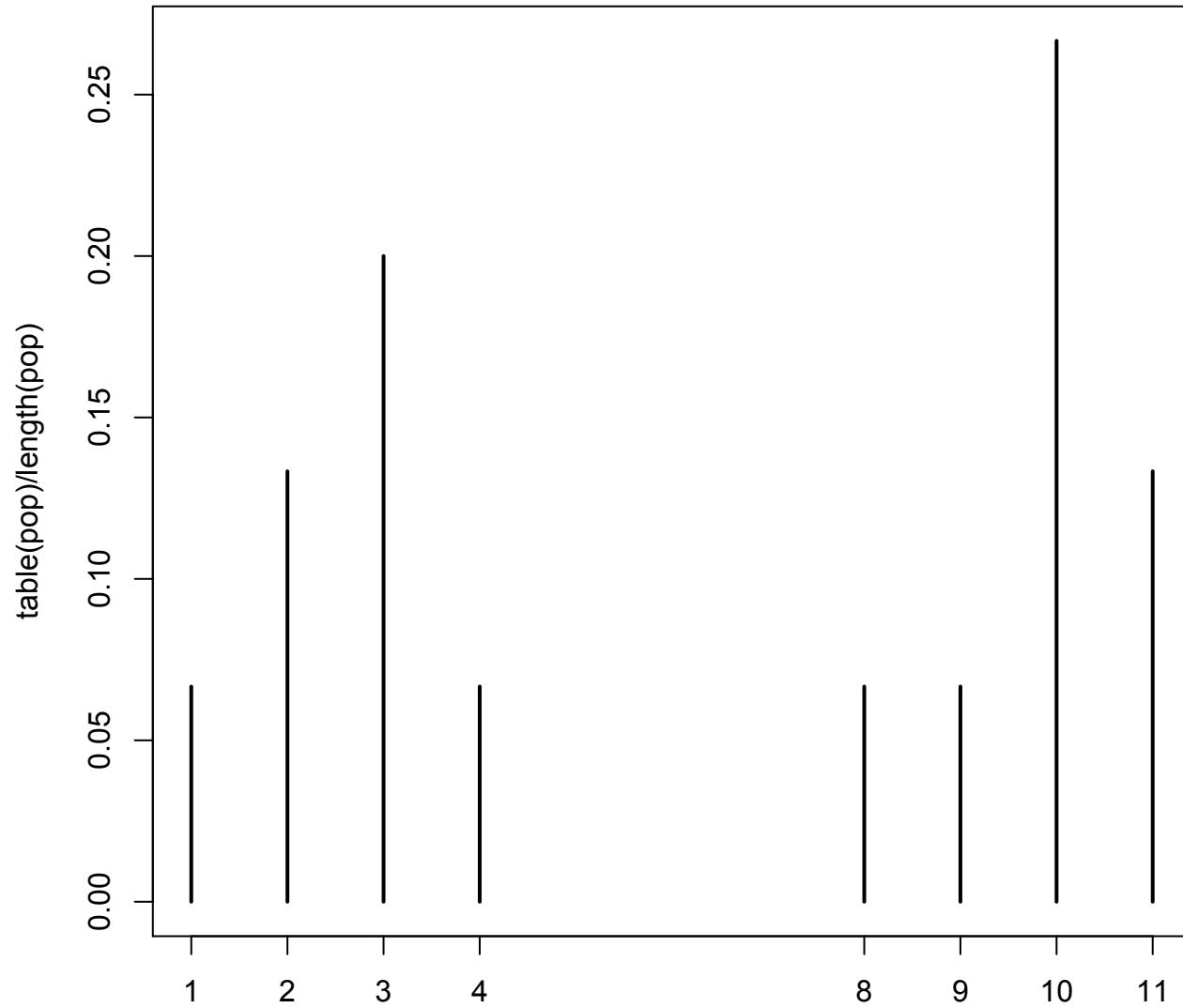
```
....
```

**quanto è robusto
il metodo?**

Histogram of qi\$FSIQ



```
> pop <- c(1, 2, 2, 3, 3, 3, 4, 8, 9, 10, 10, 10, 10, 11, 11)  
> plot(table(pop)/length(pop), type = "h")
```



```
# simulazione mystery box con pop molto diversa da Norm
pop <- c(1, 2, 2, 3, 3, 3, 4, 8, 9, 10, 10, 10, 10, 11, 11)
nc <- 1000 # campioni
ns <- 30 # numerosità
a <- qt(0.975, ns - 1) # quante DS nella distr camp?
sqns <- sqrt(ns) # per calcolo sem
sm <- matrix(nrow = nc, ncol = ns) # una matrice vuota
for (i in 1:nc) { sm[i, ] <- sample(pop, ns,
replace = TRUE)}
mns <- apply(sm, 1, mean) # medie dei campioni
sds <- apply(sm, 1, sd) # stime ds pop dai campioni
liminf <- mns - a * sds/sqns
limsup <- mns + a * sds/sqns
# in quanti campioni il CI copre la media (mu = 0.5)?
hits <- length(mns[liminf < 6.466667 & limsup > 6.466667])
print(hits/nc)
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.946
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.951
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.944
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.946
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.934
```

```

# simulazione mystery box con pop molto diversa da Norm
pop <- c(1, 2, 2, 3, 3, 3, 4, 8, 9, 10, 10, 10, 10, 11, 11)
nc <- 1000 # campioni
ns <- 5 # numerosità
a <- qt(0.975, ns - 1) # quante DS nella distr camp?
sqns <- sqrt(ns) # per calcolo sem
sm <- matrix(nrow = nc, ncol = ns) # una matrice vuota
for (i in 1:nc) { sm[i, ] <- sample(pop, ns,
replace = TRUE)}
mns <- apply(sm, 1, mean) # medie dei campioni
sds <- apply(sm, 1, sd) # stime ds pop dai campioni
liminf <- mns - a * sds/sqns
limsup <- mns + a * sds/sqns
# in quanti campioni il CI copre la media ( $\mu = 0.5$ )?
hits <- length(mns[liminf < 6.466667 & limsup > 6.466667])
print(hits/nc)

```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.939
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.937
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.941
```

```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.932
```

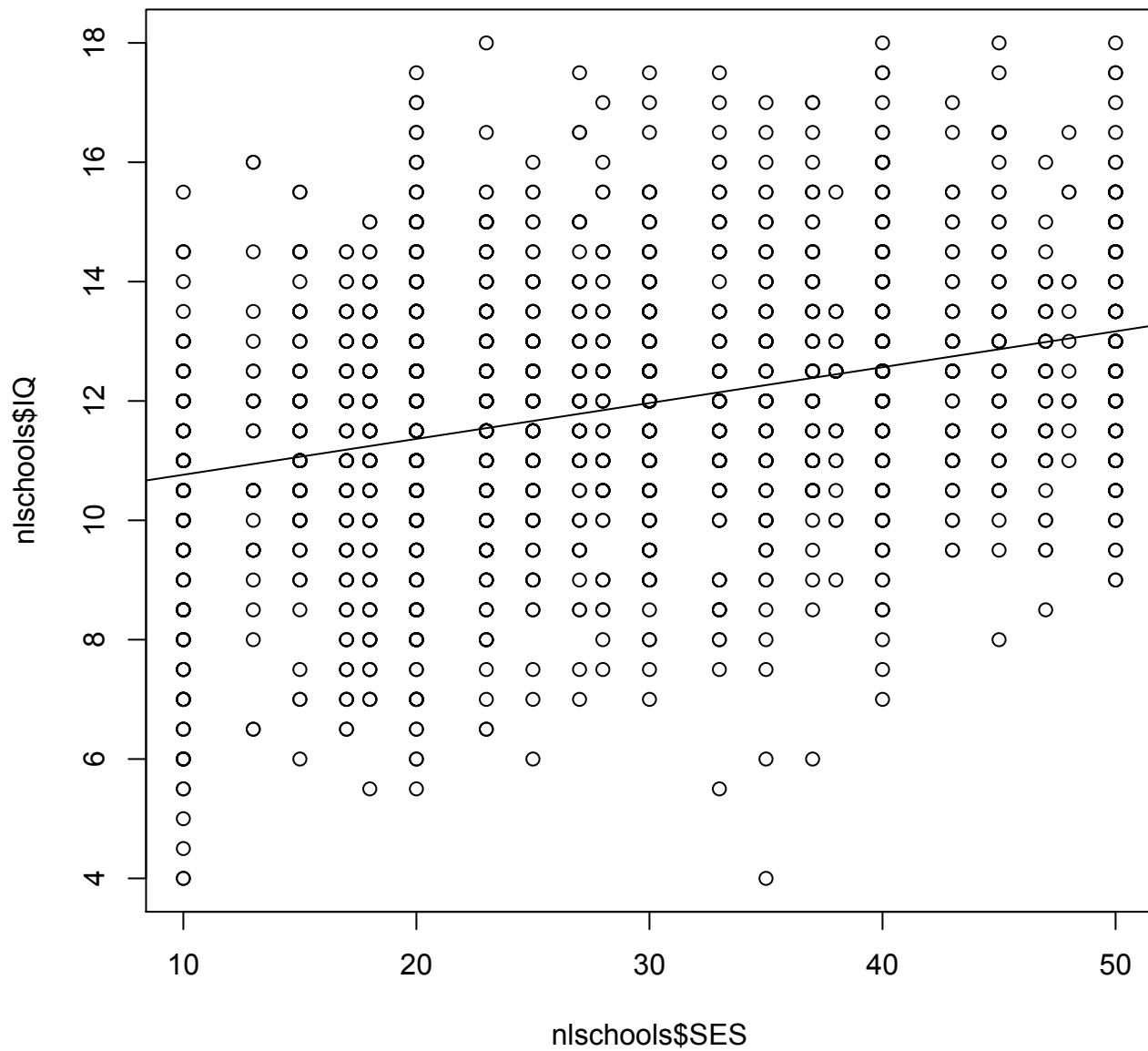
```
> source('~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
mbExtreme.R', chdir = TRUE)
```

```
[1] 0.929
```

**CI sulla pendenza
della retta di
regressione**

```
> library(MASS)
> data(nlschools)
> str(nlschools)
'data.frame': 2287 obs. of 6 variables:
 $ lang : int 46 45 33 46 20 30 30 57 36 36 ...
 $ IQ   : num 15 14.5 9.5 11 8 9.5 9.5 13 9.5 11 ...
 $ class: Factor w/ 133 levels "180","280","1082",...: 1 1 1 1 1
 1 1 1 1 1 ...
 $ GS   : int 29 29 29 29 29 29 29 29 29 29 ...
 $ SES  : int 23 10 15 23 10 10 23 10 13 15 ...
 $ COMB : Factor w/ 2 levels "0","1": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 .....
```

```
> plot(nlschools$IQ ~ nlschools$SES)
> olm <- lm(nlschools$IQ ~ nlschools$SES)
> abline(olm)
```



```
> summary(olm)
```

Call:

```
lm(formula = nlschools$IQ ~ nlschools$SES)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-8.2659	-1.1651	0.0345	1.2147	6.4551

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	10.163000	0.112430	90.39	<2e-16 ***
nlschools\$SES	0.060084	0.003764	15.96	<2e-16 ***

Signif. codes: 0 '****' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.963 on 2285 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.1004, Adjusted R-squared: 0.09996

F-statistic: 254.9 on 1 and 2285 DF, p-value: < 2.2e-16

```
> confint(olm)
```

	2.5 %	97.5 %
(Intercept)	9.94252395	10.38347568
nlschools\$SES	0.05270398	0.06746454

```
> liminf <- 0.060084 - qt(0.975, n - 2) * 0.003764
> liminf
[1] 0.05270279
```

**ancora sulla
interpretazione di
un CI**

**è solo uno di una serie
potenzialmente infinita**

**in questa serie, il 95% copre il parametro,
il 5% no**

**ogni membro della serie ha un'ampiezza
leggicamente diversa**

I'ampiezza dipende da SD

**I'ampiezza di ogni CI è una stima
dell'ampiezza se σ fosse nota**

definisce la plausibilità di diversi valori per μ

possiamo essere 95% sicuri che il CI copre μ

ma questo non va pensato in modo dicotomico (ad esempio: "i valori all'interno del CI sono plausibili, quelli all'esterno non lo sono")

la plausibilità varia in modo continuo lungo l'intervallo e anche al di fuori dell'intervallo

i valori più plausibili sono quelli vicini a M , più mi allontano meno sono plausibili

identifica il MOE

MOE ("mowee") = *margin of error*

il MOE misura la precisione della stima

l'errore nella stima è la differenza fra la statistica e il parametro (ad esempio, $M - \mu$)

possiamo essere 95% sicuri che il valore assoluto di questa differenza non è maggiore del MOE

un MOE grande indica una stima poco precisa, un MOE piccolo indica una stima precisa

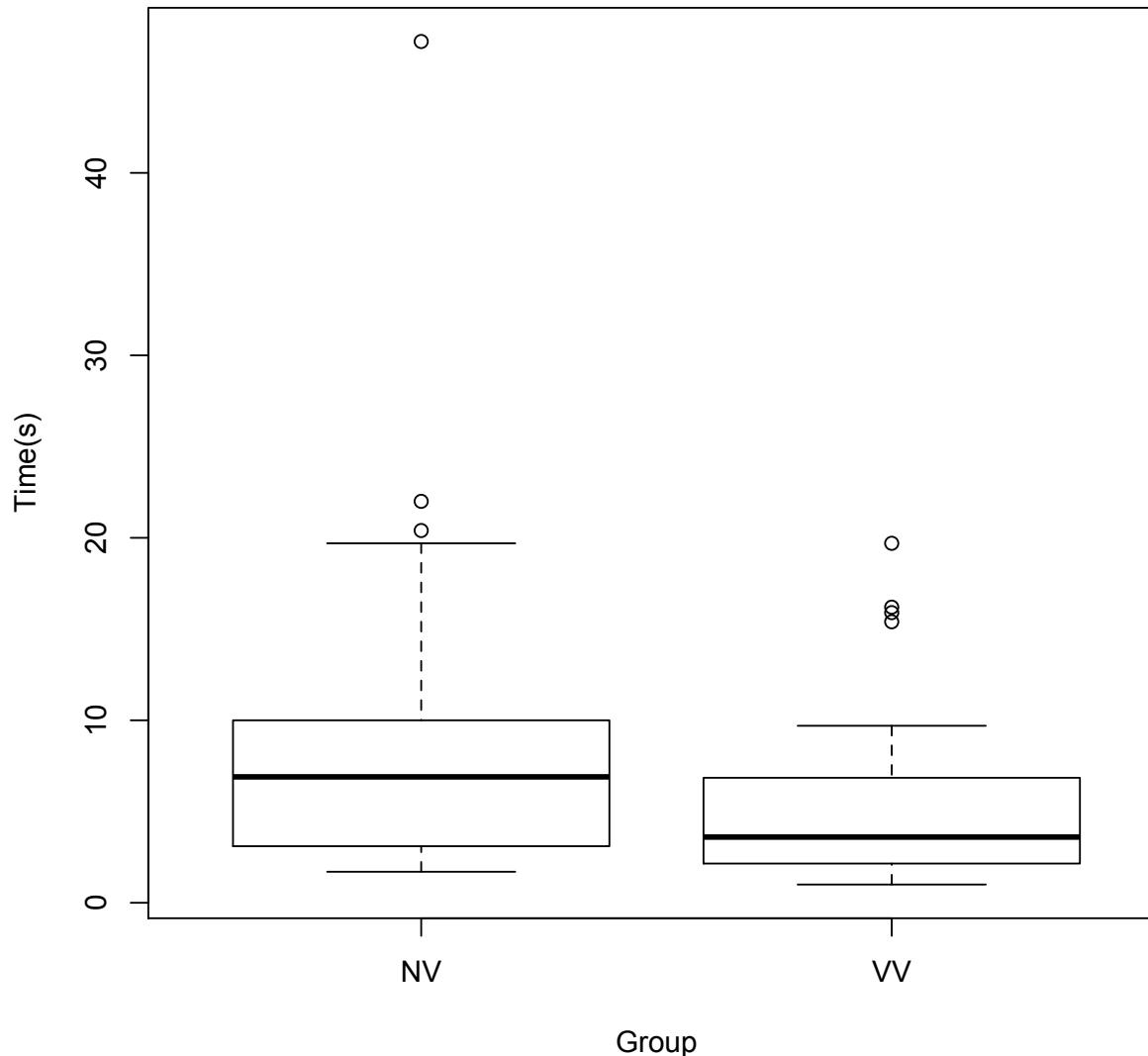
potrebbe essere sbagliato

**95% sicuro che il parametro è compreso fra il
limite inferiore e il limite superiore**

**quindi sono 5% sicuro che il parametro non è
compreso fra quei limiti**

**CI dopo
trasformazione
log**

```
> RDS <- read.table("~/Desktop/R/dispense/esempi_corso/  
RDS.txt", header = TRUE)  
> boxplot(RDS$Ts ~ RDS$group, xlab = "Group", ylab = "Time(s")
```



```
> t1 <- RDS$Ts[RDS$group == "NV"]  
> t2 <- RDS$Ts[RDS$group == "VV"]  
> lt1 <- log10(t1)  
> lt2 <- log10(t2)  
> t.test(lt1)
```

One Sample t-test

data: lt1

t = 14.6666, df = 42, p-value < 2.2e-16

alternative hypothesis: true mean is not equal to 0

95 percent confidence interval:

0.6816614 0.8991801

sample estimates:

mean of x

0.7904207

```
> t1 <- RDS$Ts[RDS$group == "NV"]  
> t2 <- RDS$Ts[RDS$group == "VV"]  
> lt1 <- log10(t1)  
> lt2 <- log10(t2)  
> t.test(lt1)
```

....

95 percent confidence interval:

0.6816614 0.8991801

```
> t.test(lt2)
```

....

95 percent confidence interval:

0.4814279 0.7254368

```
> gm1 <- 10^mean(lt1)
> gm2 <- 10^mean(lt2)
> c(gm1, gm2)
[1] 6.171926 4.012660
```

```
> li1 <- 10^0.6816614
> ls1 <- 10^0.8991801
> li2 <- 10^0.4814279
> ls2 <- 10^ 0.7254368
> c(li1, ls1)
[1] 4.804646 7.928300
> c(li2, ls2)
[1] 3.029897 5.314187
```

```
> t.test(lt1, lt2)
```

Welch Two Sample t-test

data: lt1 and lt2

t = 2.3178, df = 72.673, p-value = 0.02328

alternative hypothesis: true difference in means
is not equal to 0

95 percent confidence interval:

0.02619039 0.34778635

sample estimates:

mean of x mean of y

0.7904207 0.6034323