Bootstrap többszörös összehasonlítás

Lang Zsolt

2018

Bevezetés

- **Többszörös összehasonlítás**: több hipotézist tesztelünk egyszerre. Az első fajta hibának megfelel a szimultán szignifikanciaszint, angolul family-wise error rate, FWER.
- Általánosítás: **nem engedünk meg >=k téves elutasítást**.
- Általánosítás: **FDP** (false discovery proportion): téves elutasítások/összes elutasítás. **P(FDP>γ) ≤ a**
- **Bootstrap**: a populációs eloszlás becsléséhez a mintából visszatevéssel újabb mintákat generálunk. Legtöbbször konfidenciaintervallum konstruálására használják.
- **Bootstrap többszörös összehasonlításhoz** szimultán bootstrap CI-ket szerkesztünk. Alkalmazzuk a hipotézisvizsgálatok és a konfidenciaintervallumok közötti szokásos megfeleltetést (teszt invertálás).

Romano JP, Wolf M (2007) Control of generalized error rates in multiple testing. Annals of Statistics 35:1378-1408

A módszer vázlata, definíciók, jelölések

Több nullhipotézist tesztelünk egyszerre:

$$H_i\colon \theta_i \le 0,\ i=1,2,\ldots,s.$$

(Az egyoldali hipotézisek rendszerét kétoldalivá bővíthetjük a $-\theta_i$ paraméterek hozzátételével.)

Mintát gyűjtünk, a nagysága n. Megbecsüljük a paramétert: $\theta_{n,i}$

Szükség van egy τ_n „mintanagysággal együtt növő mennyiség”-re. Tipikusan $\tau_n = n^{0.5}$. Feltesszük, hogy

$\tau_n \to \infty$, ha az n mintanagyság tart a végtelenbe,
$\tau_n \cdot (\theta_{n,i} - \theta_i)$-nek van **nem elfajuló határeloszlása**.

Teszt-statisztika: $T_{n,i} = \tau_n \cdot \theta_{n,i}$

Szimultán null-eloszlás: a $\text{k-max}(\tau_n \cdot (\theta_{n,i} - \theta_i))$ eloszlása.

Probléma: θ_i nem ismert. Ezen segíthet a bootstrap:

θ_i: a mintából becsült $\theta_{n,i}$-vel helyettesítjük

$\theta^*_{n,i}$: bootstrap visszatevéses mintákból becsüljük

Stepdown módszer

Nagyság szerint csökkenő sorrendbe állítjuk a teszt-statisztikákat:

$$\mathbf{T_{n,r1}} \geq \mathbf{T_{n,r2}} \geq \ldots \geq \mathbf{T_{n,rs}}$$

Először $\mathbf{T_{n,r1}}$ alapján döntünk. Ha értéke „kicsi", akkor az összes nullhipotézist megtartjuk. Ha „nagy", akkor az r_1-edik nullhipotézist elutasítjuk. Eltávolítjuk a hipotézisek közül és **újraszámoljuk a nulleloszlást**.

Romano és Wolf olyan bootstrap eljárást dolgozott ki, mellyel az **újraszámoláshoz nem kell újabb bootstrap** mintákat venni.

A módszer összefüggő adatokra is alkalmazható, feltéve, hogy az együttes eloszlást jól tükröző bootstrap resampling eljárást választunk.

Block bootstrap, sieve bootstrap, Markov bootstrap.

Lahiri (2003): Resampling methods for dependent data. Springer.

Pockok kullancsfertőzése – aggregáltság összehasonlítása

pocok	kszamt	kszamf	kszamo	kszame
p1	0	1	1	0
p2	0	0	1	0
p3	0	2	0	0
p4	1	0	0	0

Az aggregáltság nemlineáris kifejezés (kvadratikus vagy logaritmusos-exponenciális). Részletes definíciója itt megtalálható:

Lang Zs, Rózsa L, Reiczigel J (2017) Comparison of measures of crowding, group size, and diversity. Ecosphere 8(7). (open access)

Testtájékok közötti többszörös össszehasonlításukra nincs kidolgozott statisztikai próba, de bootstrap módszerrel ez lehetséges.

Figyeljük meg, hogy most **egy megfigyelési egységen (pockon) több változóból becsülünk egy-egy paramétert**. Ezeket hasonlítjuk össze szimultán módszerrel.

R kód, eredmények … **Véletlen számokból álló, számítógéppel generált mesterséges adatokra, bemutatási céllal.**

Pockok kullancsfertőzése – aggregáltság összehasonlítása

pocok	kszam	rnemkor
p1	1	fa
p2	2	fj
p3	4	fj
p4	2	fa

Most a pockokat rétegezzük nem és korcsoport szerint. A bootstrap minták is rétegezett mintavétellel készültek. Az aggregáltságot a **rétegek között hasonlítjuk össze** szimultán módszerrel.

R kód, eredmények … **Véletlen számokból álló, számítógéppel generált mesterséges adatokra, bemutatási céllal.**