

Wahrscheinlichkeitsrechnung und Statistik für Biologen

6. Chi-Quadrat-Test und Fishers exakter Test

Dirk Metzler & Martin Hutzenthaler

http://evol.bio.lmu.de/_statgen

25. Mai 2010

- 1 χ^2 -Anpassungstest für eine vorgegebene Verteilung
- 2 χ^2 -Test auf Homogenität bzw. Unabhängigkeit
- 3 Fisher's exakter Test
- 4 χ^2 -Test für Modelle mit angepassten Parametern

Inhalt

- 1 χ^2 -Anpassungstest für eine vorgegebene Verteilung
- 2 χ^2 -Test auf Homogenität bzw. Unabhängigkeit
- 3 Fisher's exakter Test
- 4 χ^2 -Test für Modelle mit angepassten Parametern

Mendels Erbsenexperiment

grün (rezessiv) vs. gelb (dominant)

rund (dominant) vs. runzlig (rezessiv)

Mendels Erbsenexperiment

grün (rezessiv) vs. gelb (dominant)

rund (dominant) vs. runzlig (rezessiv)

Erwartete Häufigkeiten beim Kreuzen von Doppelhybriden:

	grün	gelb
runzlig	$\frac{1}{16}$	$\frac{3}{16}$
rund	$\frac{3}{16}$	$\frac{9}{16}$

Mendels Erbsenexperiment

grün (rezessiv) vs. gelb (dominant)

rund (dominant) vs. runzlig (rezessiv)

Erwartete Häufigkeiten beim Kreuzen von Doppelhybriden:

	grün	gelb
runzlig	$\frac{1}{16}$	$\frac{3}{16}$
rund	$\frac{3}{16}$	$\frac{9}{16}$

Im Experiment beobachtet ($n = 556$):

	grün	gelb
runzlig	32	101
rund	108	315

Passen die Beobachtungen zu den Erwartungen?

Relative Häufigkeiten:

	grün/runz.	gelb./runz.	grün/rund	gelb./rund
erwartet	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625
beobachtet	0.0576	0.1942	0.1816	0.5665

Passen die Beobachtungen zu den Erwartungen?

Relative Häufigkeiten:

	grün/runz.	gelb./runz.	grün/rund	gelb./rund
erwartet	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625
beobachtet	0.0576	0.1942	0.1816	0.5665

Können diese Abweichungen plausibel mit
Zufallsschwankungen erklärt werden?

Wir messen die Abweichungen durch die χ^2 -Statistic:

$$\chi^2 = \sum_i \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

wobei E_i = erwartet Anzahl in Klasse i und O_i = beobachtete (engl. *observed*) Anzahl in Klasse i .

Wieso teilen wir dabei $(O_i - E_i)^2$ durch $E_i = \mathbb{E}O_i$?

Wieso teilen wir dabei $(O_i - E_i)^2$ durch $E_i = \mathbb{E}O_i$?

Sei n die Gesamtzahl und p_i die Wahrscheinlichkeit (unter der Nullhypothese) jeder Beobachtung, zu O_i beizutragen.

Wieso teilen wir dabei $(O_i - E_i)^2$ durch $E_i = \mathbb{E}O_i$?

Sei n die Gesamtzahl und p_i die Wahrscheinlichkeit (unter der Nullhypothese) jeder Beobachtung, zu O_i beizutragen.

Unter der Nullhypothese ist O_i binomialverteilt:

$$\Pr(O_i = k) = \binom{n}{k} p_i^k \cdot (1 - p_i)^{n-k}.$$

Also

$$\mathbb{E}(O_i - E_i)^2 = \text{Var}(O_i) = n \cdot p \cdot (1 - p).$$

Wenn p klein ist, gilt $n \cdot p \cdot (1 - p) \approx n \cdot p$ und

$$\mathbb{E} \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} = \frac{\text{Var}(O_i)}{\mathbb{E}O_i} = 1 - p \approx 1.$$

Anders ausgedrückt:

die Binomialverteilung mit kleinem p und großem n kann durch die Poissonverteilung mit Parameter $\lambda = n \cdot p$ approximiert werden:

$$\binom{n}{k} \cdot p^k \cdot (1-p)^{n-k} \approx \frac{\lambda^k}{k!} \cdot e^{-\lambda} \quad \text{mit} \quad \lambda = n \cdot p.$$

Eine Zufallsvariable Y , die Werte in $0, 1, 2, \dots$ annehmen kann, ist *poissonverteilt* mit Parameter λ , wenn

$$\Pr(Y = k) = \frac{\lambda^k}{k!} \cdot e^{-\lambda}.$$

Es gilt dann $\mathbb{E}Y = \text{Var}(Y) = \lambda$.

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556
beob. (O)	32	101	108	315	556

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556
beob. (O)	32	101	108	315	556
$O - E$	-2.75	-3.25	3.75	2.25	

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556
beob. (O)	32	101	108	315	556
$O - E$	-2.75	-3.25	3.75	2.25	
$(O - E)^2$	7.56	10.56	14.06	5.06	

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556
beob. (O)	32	101	108	315	556
$O - E$	-2.75	-3.25	3.75	2.25	
$(O - E)^2$	7.56	10.56	14.06	5.06	
$\frac{(O-E)^2}{E}$	0.22	0.10	0.13	0.02	0.47

$$\chi^2 = 0.47$$

	gr/runz	ge/runz	gr/rund	ge/rund	sum
theorie	0.0625	0.1875	0.1875	0.5625	
erw. (E)	34.75	104.25	104.25	312.75	556
beob. (O)	32	101	108	315	556
$O - E$	-2.75	-3.25	3.75	2.25	
$(O - E)^2$	7.56	10.56	14.06	5.06	
$\frac{(O-E)^2}{E}$	0.22	0.10	0.13	0.02	0.47

$$\chi^2 = 0.47$$

Ist ein Wert von $\chi^2 = 0.47$ ungewöhnlich?

Die Verteilung von X^2 hängt ab von der Anzahl der Freiheitsgrade **df** (eng. *degrees of freedom*), d.h. die Anzahl der Dimensionen in denen man von der Erwartung abweichen kann.

Die Verteilung von X^2 hängt ab von der Anzahl der Freiheitsgrade **df** (eng. *degrees of freedom*), d.h. die Anzahl der Dimensionen in denen man von der Erwartung abweichen kann. In diesem Fall: Die Summe der Beobachtungen muss die Gesamtzahl $n = 556$ ergeben.

Die Verteilung von X^2 hängt ab von der Anzahl der Freiheitsgrade **df** (eng. *degrees of freedom*), d.h. die Anzahl der Dimensionen in denen man von der Erwartung abweichen kann. In diesem Fall: Die Summe der Beobachtungen muss die Gesamtzahl $n = 556$ ergeben.

↪ wenn die ersten Zahlen 32, 101, 108 gegeben sind, ist die letzte bestimmt durch

$$315 = 556 - 32 - 101 - 108.$$

Die Verteilung von X^2 hängt ab von der Anzahl der Freiheitsgrade **df** (eng. *degrees of freedom*), d.h. die Anzahl der Dimensionen in denen man von der Erwartung abweichen kann. In diesem Fall: Die Summe der Beobachtungen muss die Gesamtzahl $n = 556$ ergeben.

↪ wenn die ersten Zahlen 32, 101, 108 gegeben sind, ist die letzte bestimmt durch

$$315 = 556 - 32 - 101 - 108.$$

$$\Rightarrow \text{df} = 3$$

Die Verteilung von X^2 hängt ab von der Anzahl der Freiheitsgrade **df** (eng. *degrees of freedom*), d.h. die Anzahl der Dimensionen in denen man von der Erwartung abweichen kann. In diesem Fall: Die Summe der Beobachtungen muss die Gesamtzahl $n = 556$ ergeben.

↪ wenn die ersten Zahlen 32, 101, 108 gegeben sind, ist die letzte bestimmt durch

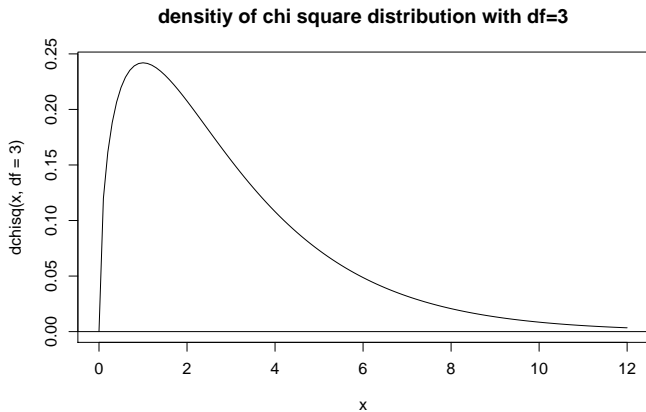
$$315 = 556 - 32 - 101 - 108.$$

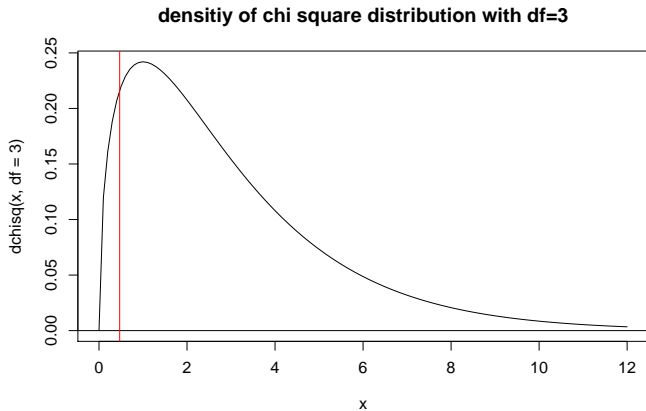
$$\Rightarrow \text{df} = 3$$

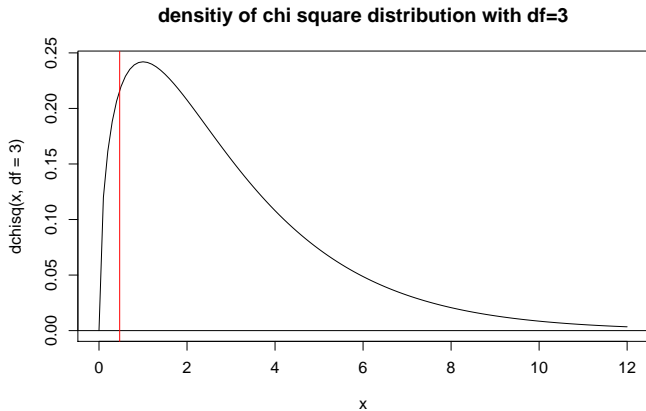
Merkregel

Allgemein gilt beim Chi-Quadrat-Anpassungstest mit k Klassen

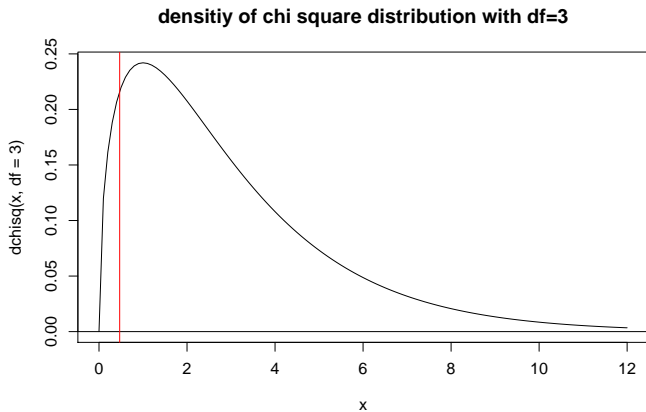
$$\text{df} = k - 1.$$







```
> pchisq(0.47,df=3)  
[1] 0.07456892
```

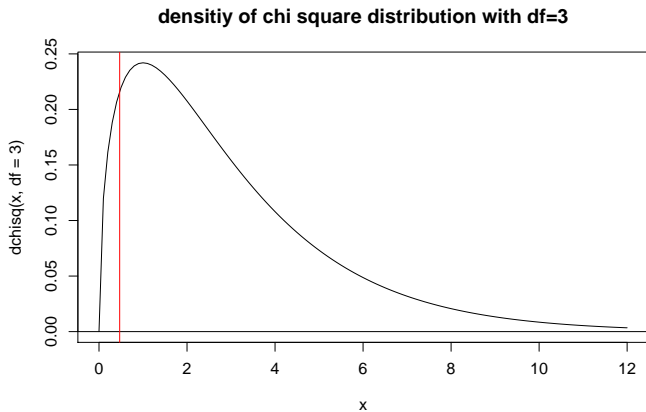


```
> pchisq(0.47,df=3)
```

```
[1] 0.07456892
```

```
> pchisq(0.47,df=3,lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.925431
```



```
> pchisq(0.47,df=3)
```

```
[1] 0.07456892
```

```
> pchisq(0.47,df=3,lower.tail=FALSE)
```

```
[1] 0.925431 ← p-Wert!!!
```

```
> prob <- c(0.0625,0.1875,0.1875,0.5625)
> obs <- c(32,101,108,315)
> (n <- sum(obs))
[1] 556
> (erw <- prob*n)
[1] 34.75 104.25 104.25 312.75
> erw-obs
[1] 2.75 3.25 -3.75 -2.25
> (erw-obs)^2
[1] 7.5625 10.5625 14.0625 5.0625
> (erw-obs)^2/erw
[1] 0.21762590 0.10131894 0.13489209 0.01618705
> sum((erw-obs)^2/erw)
[1] 0.470024
> pchisq(0.470024,df=3,lower.tail=FALSE)
[1] 0.9254259
```

```
> obs <- c(32,101,108,315)
> prob <- c(0.0625,0.1875,0.1875,0.5625)
> chisq.test(obs,p=prob)
```

Chi-squared test for given probabilities

```
data:  obs
X-squared = 0.47, df = 3, p-value = 0.9254
```


Inhalt

- 1 χ^2 -Anpassungstest für eine vorgegebene Verteilung
- 2 χ^2 -Test auf Homogenität bzw. Unabhängigkeit**
- 3 Fisher's exakter Test
- 4 χ^2 -Test für Modelle mit angepassten Parametern

Der Kuhstärling ist ein Brutparasit des Oropendola.



photo (c) by J. Oldenettel



N.G. Smith (1968) The advantage of being parasitized.
Nature, **219(5155)**:690-4

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.
- Normalerweise entfernen Oropendolas alles aus ihrem Nest, was nicht genau nach ihren Eiern aussieht.

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.
- Normalerweise entfernen Oropendolas alles aus ihrem Nest, was nicht genau nach ihren Eiern aussieht.
- In einigen Gegenden sind Kuhstärling-Eier gut von Oropendola-Eiern zu unterscheiden und werden trotzdem nicht aus den Nestern entfernt.

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.
- Normalerweise entfernen Oropendolas alles aus ihrem Nest, was nicht genau nach ihren Eiern aussieht.
- In einigen Gegenden sind Kuhstärling-Eier gut von Oropendola-Eiern zu unterscheiden und werden trotzdem nicht aus den Nestern entfernt.
- Wieso?

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.
- Normalerweise entfernen Oropendolas alles aus ihrem Nest, was nicht genau nach ihren Eiern aussieht.
- In einigen Gegenden sind Kuhstärling-Eier gut von Oropendola-Eiern zu unterscheiden und werden trotzdem nicht aus den Nestern entfernt.
- Wieso?
- Mögliche Erklärung: Dasselfliegenlarven töten häufig junge Oropendolas.

- Kuhstärling-Eier sehen Oropendola-Eiern sehr ähnlich.
- Normalerweise entfernen Oropendolas alles aus ihrem Nest, was nicht genau nach ihren Eiern aussieht.
- In einigen Gegenden sind Kuhstärling-Eier gut von Oropendola-Eiern zu unterscheiden und werden trotzdem nicht aus den Nestern entfernt.
- Wieso?
- Mögliche Erklärung: Dasselfliegenlarven töten häufig junge Oropendolas.
- Nester mit Kuhstärling-Eier sind möglicherweise besser vor Dasselfliegenlarven geschützt.

Anzahlen von Nestern, die von Dasseliegenlarven befallen sind

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2
befallen	16	2	1
nicht befallen	2	11	16

Anzahlen von Nestern, die von Dasselfliegenlarven befallen sind

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2
befallen	16	2	1
nicht befallen	2	11	16

In Prozent:	Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2
	befallen	89%	15%	6%
	nicht befallen	11%	85%	94%

- Anscheinend ist der Befall mit Dasselselfliegenlarven reduziert, wenn die Nester Kuhstärlingeier enthalten.

- Anscheinend ist der Befall mit Dasseliegenlarven reduziert, wenn die Nester Kuhstärlingeier enthalten.
- statistisch signifikant?

- Anscheinend ist der Befall mit Dassel­fliegenlarven reduziert, wenn die Nester Kuhstär­lingeier enthalten.
- statistisch signifikant?
- Nullhypothese: Die Wahrscheinlichkeit eines Nests, mit Dassel­fliegenlarven befallen zu sein hängt nicht davon ab, ob oder wieviele Kuhstär­lingeier in dem Nest liegen.

Anzahlen der von Dasselfliegenlarven befallenen Nester

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

Welche Anzahlen würden wir unter der Nullhypothese erwarten?

Anzahlen der von Dasselfliegenlarven befallenen Nester

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

Welche Anzahlen würden wir unter der Nullhypothese erwarten?

Das selbe Verhältnis $19/48$ in jeder Gruppe.

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen				19
nicht befallen				29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} =$$

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3			19
nicht befallen				29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3$$

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3			19
nicht befallen				29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} =$$

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2		19
nicht befallen				29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3$$

$$13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2		19
nicht befallen				29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Alle anderen Werte sind nun festgelegt durch die **Summen**.

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2		19
nicht befallen	10.7			29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Alle anderen Werte sind nun festgelegt durch die **Summen**.

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2		19
nicht befallen	10.7	7.8		29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Alle anderen Werte sind nun festgelegt durch die **Summen**.

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8		29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Alle anderen Werte sind nun festgelegt durch die **Summen**.

Erwartete Anzahlen von Dasselfliegenlarven befallener Nester, bedingt auf die Zeilen- und Spaltensummen:

Anzahl Kuhstärling-Eier	0	1	2	Σ
befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

$$18 \cdot \frac{19}{48} = 7.3 \quad 13 \cdot \frac{19}{48} = 5.2$$

Alle anderen Werte sind nun festgelegt durch die **Summen**.

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen				
nicht befallen				
Σ				

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7			
nicht befallen				
Σ				

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7	-3.2		
nicht befallen				
Σ				

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7	-3.2		0
nicht befallen				0
Σ	0	0	0	0

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7	-3.2		0
nicht befallen	-8.7			0
Σ	0	0	0	0

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7	-3.2		0
nicht befallen	-8.7	3.2		0
Σ	0	0	0	0

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

befallen	8.7	-3.2	-5.5	0
nicht befallen	-8.7	3.2		0
Σ	0	0	0	0

beobachtet (O, observed):

befallen	16	2	1	19
nicht befallen	2	11	16	29
Σ	18	13	17	48

erwartet: (E):

befallen	7.3	5.2	6.5	19
nicht befallen	10.7	7.8	10.5	29
Σ	18	13	17	48

O-E:

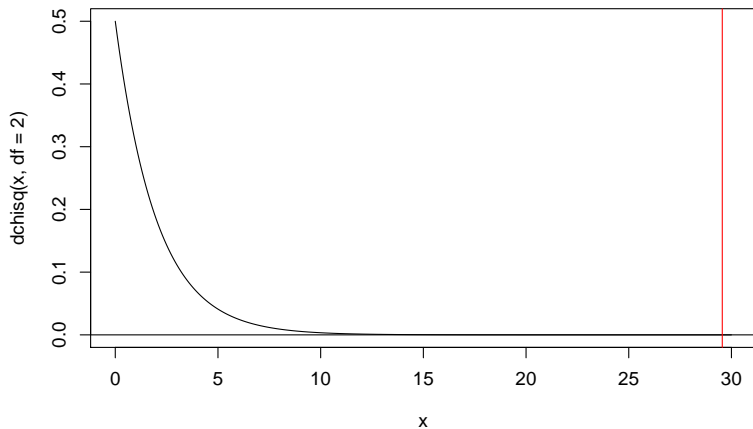
befallen	8.7	-3.2	-5.5	0
nicht befallen	-8.7	3.2	5.5	0
Σ	0	0	0	0

$$\chi^2 = \sum_i \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} = 29.5544$$

- Wenn die Zeilen- und Spaltensummen gegeben sind, bestimmen bereits 2 Werte in der Tabelle alle anderen Werte
- $\Rightarrow df=2$ für Kontingenztafeln mit zwei Zeilen und drei Spalten.
- Allgemein gilt für n Zeilen und m Spalten:

$$df = (n - 1) \cdot (m - 1)$$

density of chi square distribution with df=2



```
> M <- matrix(c(16,2,2,11,1,16),nrow=2)
> M
      [,1] [,2] [,3]
[1,]   16    2    1
[2,]    2   11   16
> chisq.test(M)
```

Pearson's Chi-squared test

data: M

X-squared = 29.5544, df = 2, p-value = 3.823e-07

Der p -Wert basiert wieder auf einer Approximation durch die χ^2 -Verteilung.

Faustregel: Die χ^2 -Approximation ist akzeptabel, wenn alle Erwartungswerte $E_i \geq 5$ erfüllen.

Alternative: approximiere p -Werte durch Simulation:

```
> chisq.test(M, simulate.p.value=TRUE, B=50000)
```

```
Pearson's Chi-squared test with simulated p-value  
(based on 50000 replicates)
```

```
data: M
```

```
X-squared = 29.5544, df = NA, p-value = 2e-05
```

Inhalt

- 1 χ^2 -Anpassungstest für eine vorgegebene Verteilung
- 2 χ^2 -Test auf Homogenität bzw. Unabhängigkeit
- 3 Fisher's exakter Test**
- 4 χ^2 -Test für Modelle mit angepassten Parametern



J.H. McDonald, M. Kreitman (1991) Adaptive protein evolution at the Adh locus in Drosophila.
Nature **351**:652-654.

	synonym	verändernd
polymorph	43	2
fixiert	17	7

```
> McK <- matrix(c(43,17,2,7),2,
                 dimnames=list(c("polymorph","fixed"),
                               c("synon","replace")))
```

```
> McK
```

	synon	replace
polymorph	43	2
fixed	17	7

```
> chisq.test(McK)
```

Pearson's Chi-squared test
with Yates' continuity correction

```
data:  McK
```

```
X-squared = 6.3955, df = 1, p-value = 0.01144
```

```
Warning message: In chisq.test(McK) :
```

```
Chi-Square-Approximation may be incorrect
```

Yates' Stetigkeitskorrektur: Wegen der kleinen erwarteten Werte wird $\sum_i \frac{(O_i - E_i - 0.5)^2}{E_i}$ verwendet.


```
> chisq.test(McK,simulate.p.value=TRUE,B=100000)
```

```
  Pearson's Chi-squared test with simulated p-value  
(based on 1e+05 replicates)
```

```
data:  McK
```

```
X-squared = 8.4344, df = NA, p-value = 0.00649
```

Fishers exakter Test

A	B
C	D

- Nullhypothese: $\frac{\mathbb{E}A/\mathbb{E}C}{\mathbb{E}B/\mathbb{E}D} = 1$
- Für 2×2 -Tabellen können die p -Werte exakt berechnet werden. (keine Approximation, keine Simulation).

```
> fisher.test(McK)
```

Fisher's Exact Test for Count Data

```
data:  McK
p-value = 0.006653
alternative hypothesis: true odds ratio
                        is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 1.437432 92.388001
sample estimates:
odds ratio
 8.540913
```

		Σ	
43	2	45	
17	7	24	
Σ	60	69	

		Σ	
	a	b	K
	c	d	M
Σ	U	V	N

Unter der Annahme, dass die Zeilen und Spalten unabhängig sind, ist die Wahrscheinlichkeit, dass links oben in der Tabelle der Wert a bzw. oben rechts ein $b = K - a$ steht:

$$\Pr(a \text{ oben links}) = \frac{\binom{K}{a} \binom{M}{c}}{\binom{N}{U}}$$

		Σ	
43	2	45	
17	7	24	
Σ	60	9	69

		Σ	
	a	b	K
	c	d	M
Σ	U	V	N

Unter der Annahme, dass die Zeilen und Spalten unabhängig sind, ist die Wahrscheinlichkeit, dass links oben in der Tabelle der Wert a bzw. oben rechts ein $b = K - a$ steht:

$$\Pr(a \text{ oben links}) = \frac{\binom{K}{a} \binom{M}{c}}{\binom{N}{U}} = \Pr(b \text{ oben rechts}) = \frac{\binom{K}{b} \binom{M}{d}}{\binom{N}{V}}$$

“hypergeometrische Verteilung”

	a	b	Σ
			45
	c	d	24
Σ	60	9	69

b	$\Pr(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

	a	b	Σ
			45
	c	d	24
Σ	60	9	69

b	$\text{Pr}(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) = 0.00665313$$

	a	b	Σ
	c	d	45
			24
Σ	60	9	69

b	$\Pr(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) + \Pr(3) = 0.04035434$$

	a	b	Σ
			45
	c	d	24
Σ	60	9	69

b	$\Pr(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

	a	b	Σ
			45
	c	d	24
Σ	60	9	69

b	Pr(b)
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) + \Pr(3) = 0.04035434$$

Zweiseitiger Fisher-Test:

Addiere alle Wahrscheinlichkeiten, die kleiner oder gleich $\Pr(b)$ sind.

	a	b	Σ
			45
	c	d	24
Σ	60	9	69

b	Pr(b)
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \Pr(0) + \Pr(1) + \Pr(2) + \Pr(3) = 0.04035434$$

Zweiseitiger Fisher-Test:

Addiere alle Wahrscheinlichkeiten, die kleiner oder gleich $\Pr(b)$ sind.

für $b = 2$:

	a	b	Σ
	c	d	45
Σ	60	9	69

b	$\text{Pr}(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) + \text{Pr}(3) = 0.04035434$$

Zweiseitiger Fisher-Test:

Addiere alle Wahrscheinlichkeiten, die kleiner oder gleich $\text{Pr}(b)$ sind.

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

	a	b	Σ
	c	d	45
Σ	60	9	69

b	$\text{Pr}(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) + \text{Pr}(3) = 0.04035434$$

Zweiseitiger Fisher-Test:

Addiere alle Wahrscheinlichkeiten, die kleiner oder gleich $\text{Pr}(b)$ sind.

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

	a	b	Σ
	c	d	45
Σ	60	9	69

b	$\text{Pr}(b)$
0	0.000023
1	0.00058
2	0.00604
3	0.0337
4	0.1117
5	0.2291
6	0.2909
7	0.2210
8	0.0913
9	0.0156

Einseitiger Fisher-Test:

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) + \text{Pr}(3) = 0.04035434$$

Zweiseitiger Fisher-Test:

Addiere alle Wahrscheinlichkeiten, die kleiner oder gleich $\text{Pr}(b)$ sind.

für $b = 2$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) = 0.00665313$$

für $b = 3$:

$$p\text{-Wert} = \text{Pr}(0) + \text{Pr}(1) + \text{Pr}(2) + \text{Pr}(3) + \text{Pr}(9) = 0.05599102$$

Inhalt

- 1 χ^2 -Anpassungstest für eine vorgegebene Verteilung
- 2 χ^2 -Test auf Homogenität bzw. Unabhängigkeit
- 3 Fisher's exakter Test
- 4 χ^2 -Test für Modelle mit angepassten Parametern**

Gegeben sei eine Population im *Hardy-Weinberg-Gleichgewicht* und ein Gen-Locus mit zwei möglichen Allelen A und B mit Häufigkeiten p und $1 - p$.

↪ Genotyp-Häufigkeiten

$$\begin{array}{c|c|c} \text{AA} & \text{AB} & \text{BB} \\ \hline p^2 & 2 \cdot p \cdot (1 - p) & (1 - p)^2 \end{array}$$

Beispiel: M/N Blutgruppen; Stichprobe: 6129 Amerikaner
europäischer Abstammung

beobachtet:	MM	MN	NN
	1787	3037	1305

Beispiel: M/N Blutgruppen; Stichprobe: 6129 Amerikaner
europäischer Abstammung

beobachtet:

MM	MN	NN
1787	3037	1305

Geschätzte Allelhäufigkeit p von M:

$$\frac{2 \cdot 1787 + 3037}{2 \cdot 6129} = 0.5393$$

↪ Erwartungswerte:

MM	MN	NN
p^2	$2 \cdot p \cdot (1 - p)$	$(1 - p)^2$

Beispiel: M/N Blutgruppen; Stichprobe: 6129 Amerikaner
europäischer Abstammung

beobachtet:

MM	MN	NN
1787	3037	1305

Geschätzte Allelhäufigkeit p von M:

$$\frac{2 \cdot 1787 + 3037}{2 \cdot 6129} = 0.5393$$

↪ Erwartungswerte:

MM	MN	NN
p^2	$2 \cdot p \cdot (1 - p)$	$(1 - p)^2$
0.291	0.497	0.212

Beispiel: M/N Blutgruppen; Stichprobe: 6129 Amerikaner
europäischer Abstammung

beobachtet:

MM	MN	NN
1787	3037	1305

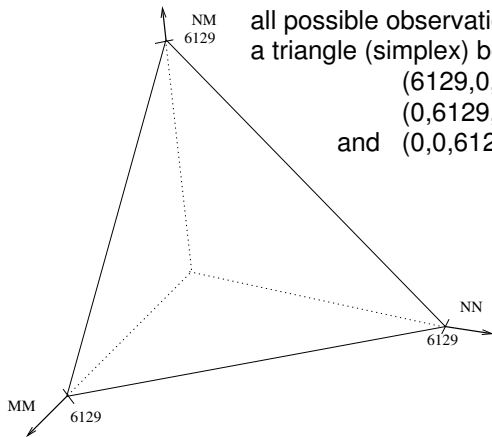
Geschätzte Allelhäufigkeit p von M:

$$\frac{2 \cdot 1787 + 3037}{2 \cdot 6129} = 0.5393$$

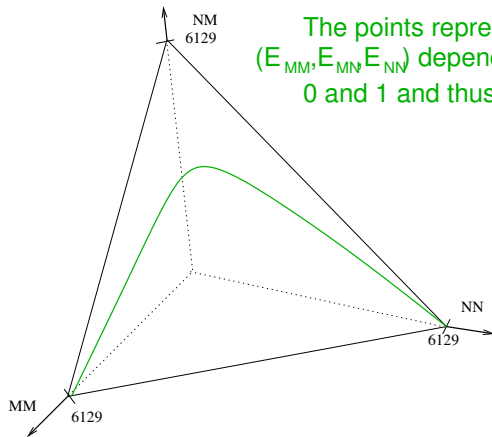
↪ Erwartungswerte:

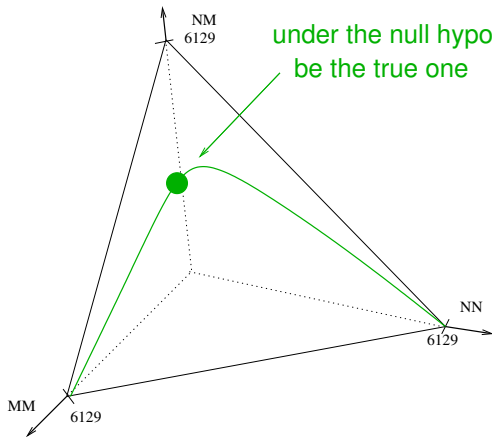
MM	MN	NN
p^2	$2 \cdot p \cdot (1 - p)$	$(1 - p)^2$
0.291	0.497	0.212
1782.7	3045.5	1300.7

all possible observations $(O_{MM} O_{MN} O_{NN})$ are located on a triangle (simplex) between
 $(6129, 0, 0)$
 $(0, 6129, 0)$
and $(0, 0, 6129)$

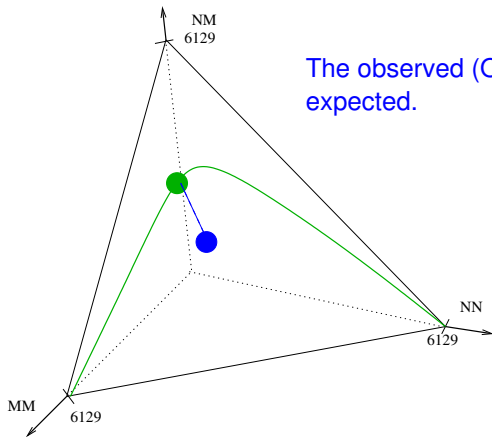


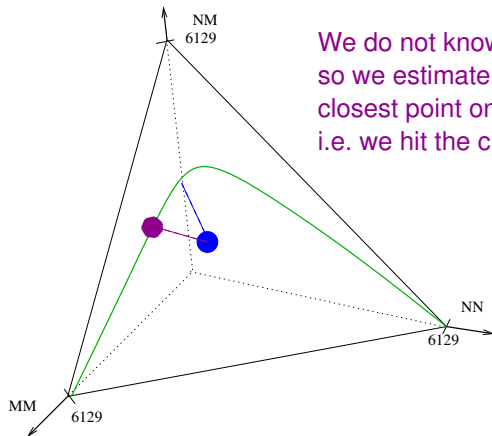
The points representing the Expected Values (E_{MM}, E_{MN}, E_{NN}) depend on one parameter p between 0 and 1 and thus form a curve in the simplex.



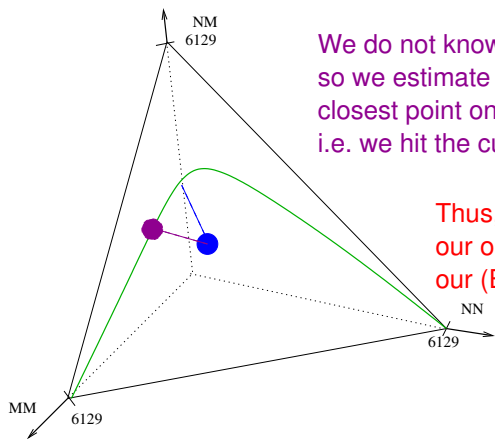


The observed (O_{MM}, O_{NM}, O_{NN}) will deviate from the expected.





We do not know the true expectation values so we estimate $(E_{MM} E_{MN} E_{NN})$ by taking the closest point on the curve of possible values, i.e. we hit the curve in a right angle.



We do not know the true expectation values so we estimate (E_{MM}, E_{NM}, E_{NN}) by taking the closest point on the curve of possible values, i.e. we hit the curve in a right angle.

Thus, deviations between our observations (O_{MM}, O_{NM}, O_{NN}) and our (E_{MM}, E_{NM}, E_{NN}) can only be in one dimension: perpendicular to the curve.

$$df = k - 1 - m$$

k = Anzahl Gruppen ($k=3$ Genotypen)

m = Anzahl Modellparameter ($m=1$ Parameter p)

$$df = k - 1 - m$$

k = Anzahl Gruppen ($k=3$ Genotypen)

m = Anzahl Modellparameter ($m=1$ Parameter p) im Blutgruppenbeispiel:

$$df = 3 - 1 - 1 = 1$$

```
> obs <- c(1787,3037,1305)
> n <- sum(obs)
> p <- (2* 1787+3037)/(2* 6129)
> probs <- c(p^2,2*p*(1-p),(1-p)^2)
> erw <- probs*n
> (X2 <- sum((obs-erw)^2/erw))
[1] 0.04827274
> (p.value <- pchisq(X2,df=1,lower.tail=FALSE))
[1] 0.8260966
```