

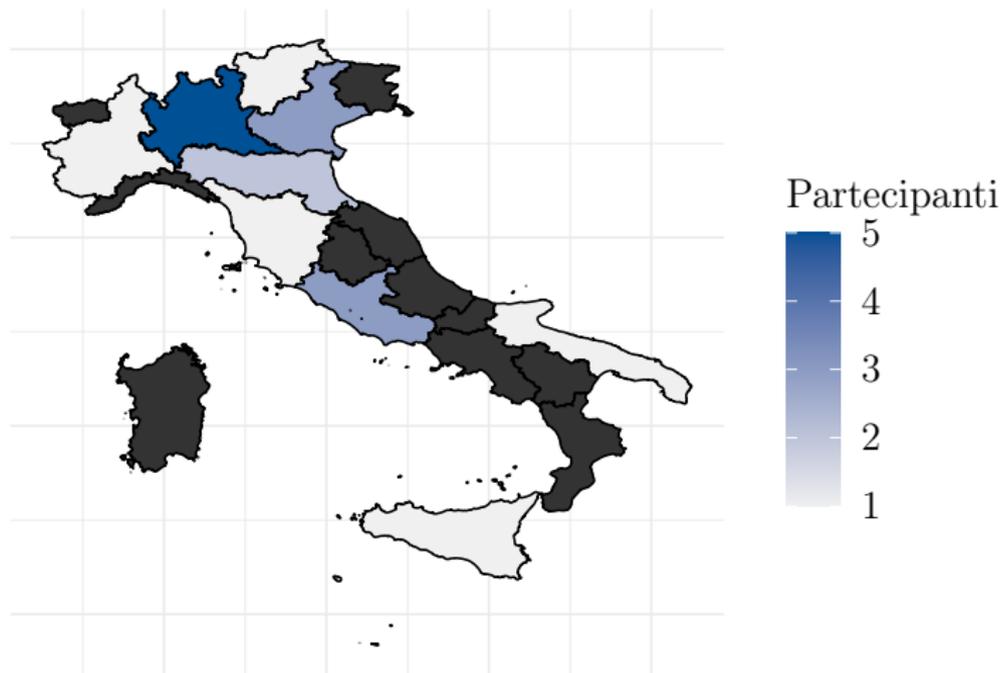
1. Inferenza statistica

Tutto quello che sappiamo, non sappiamo,
crediamo di sapere...

Massimiliano Pastore
Università di Padova

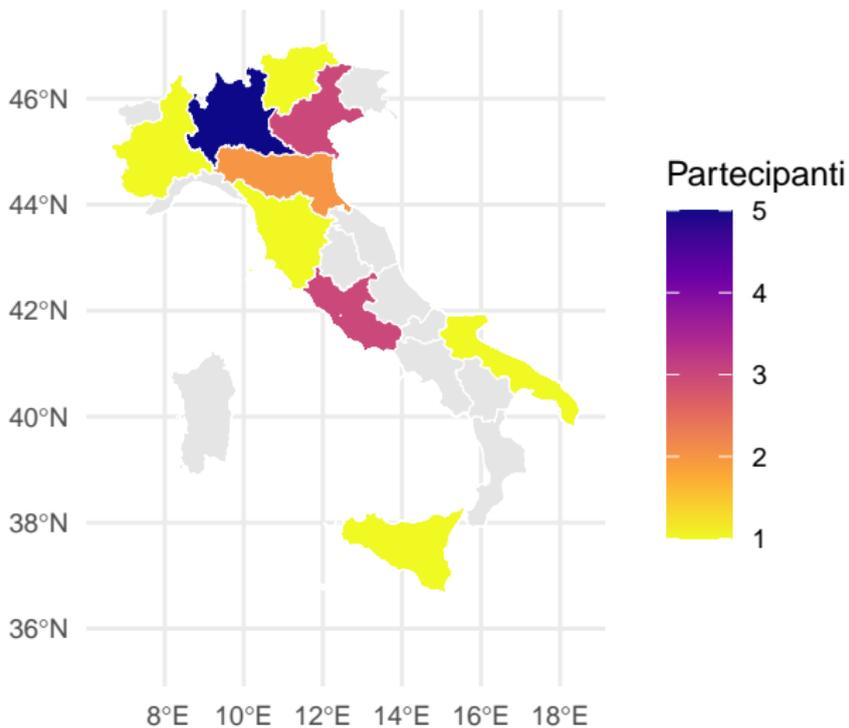
Da dove veniamo

$N = 20$

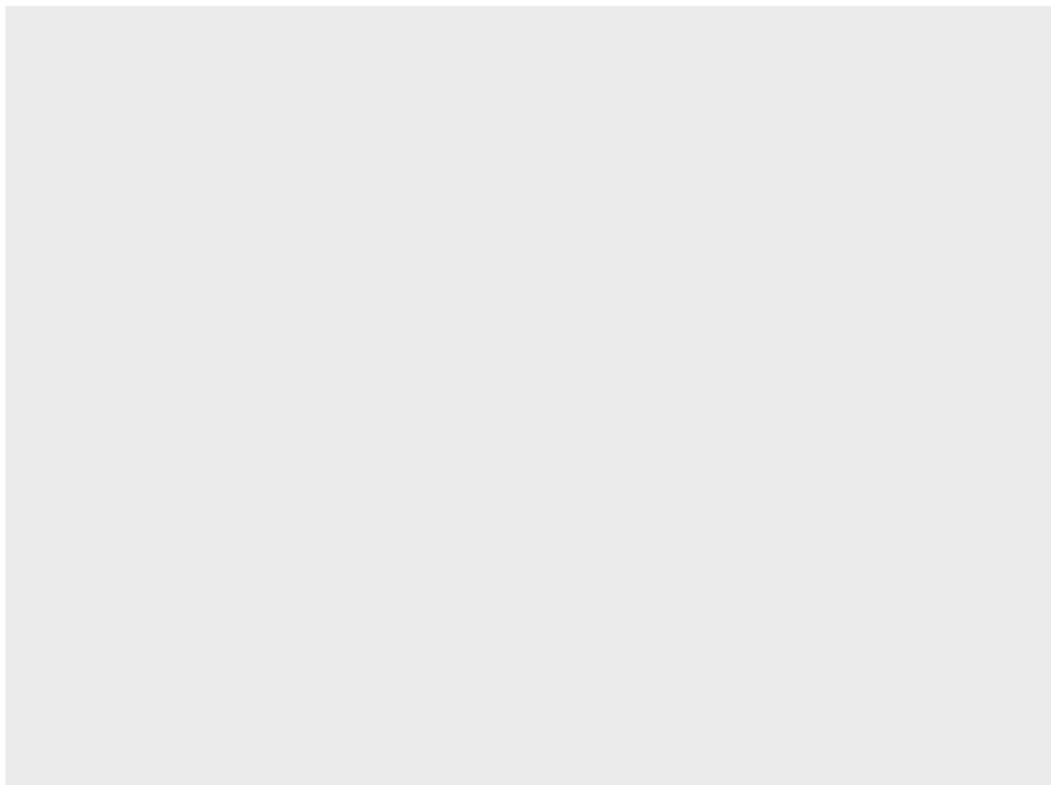


Da dove veniamo

N = 20



Dove andiamo?



Inferenza in senso frequentista

- L'approccio NHST
- Il teorema di Bayes
- I limiti dell'approccio NHST

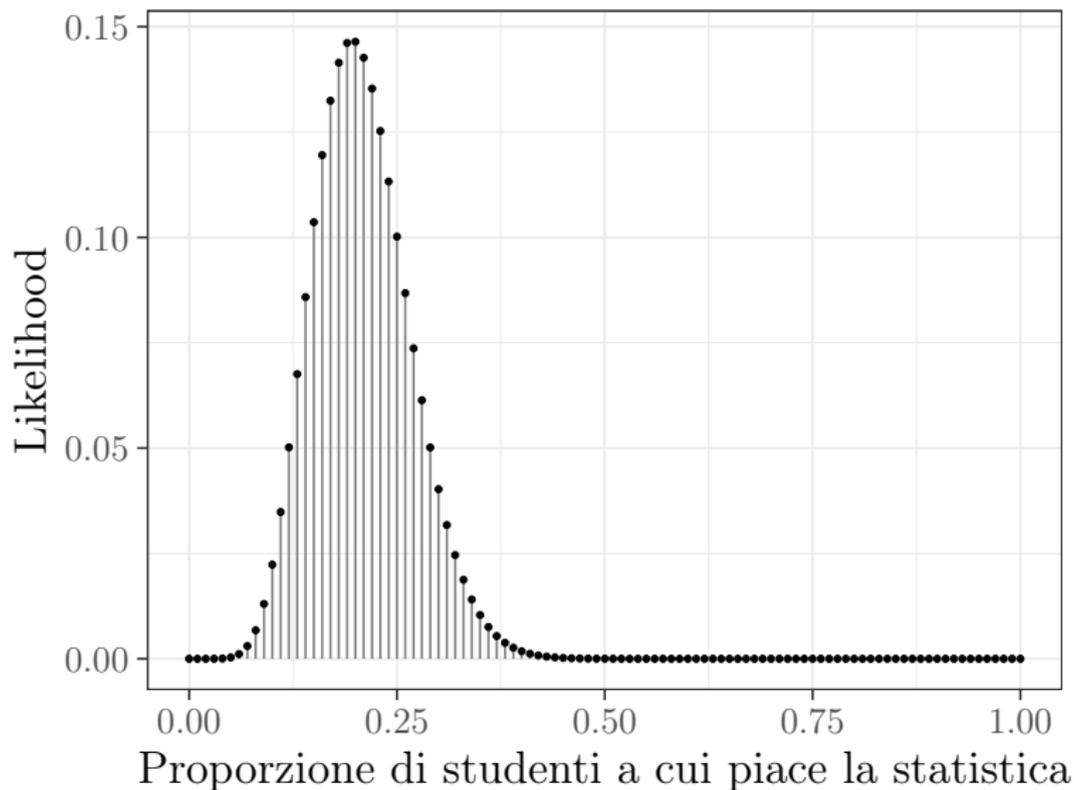

```
> p_piace <- 0:100 / 100
```

```
> L <- dbinom( 9, 46, prob = p_piace )
```

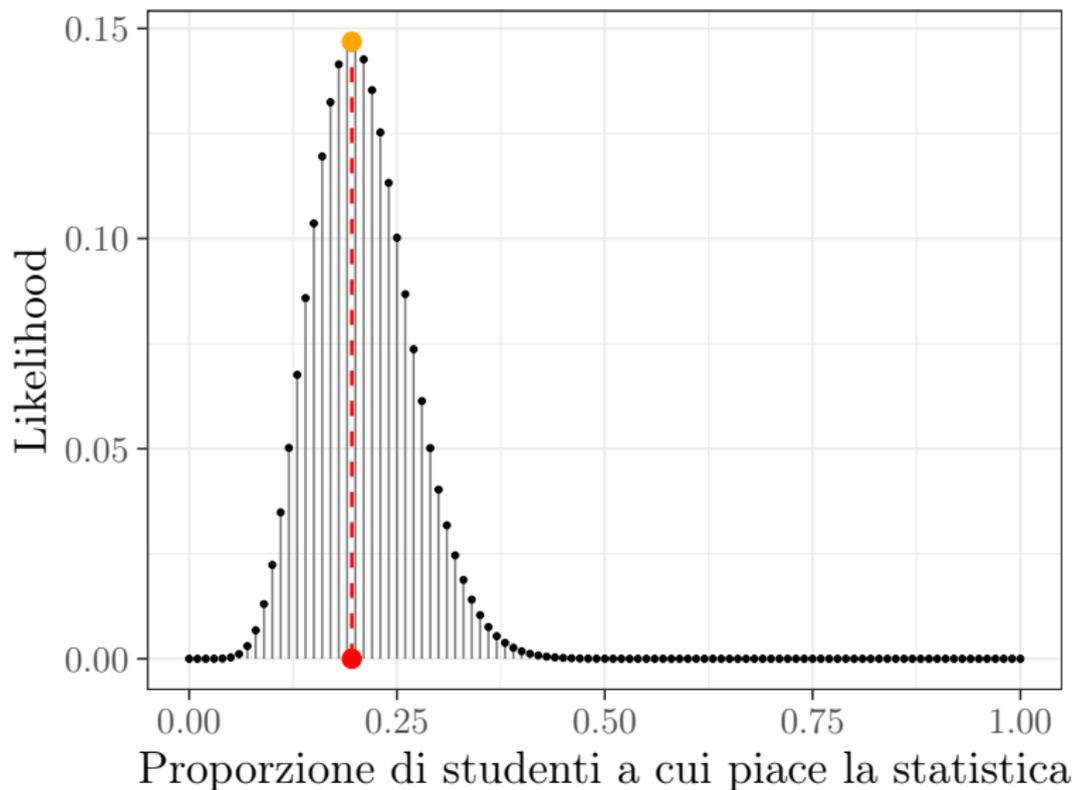
```
> plot( p_piace, L, type = 'h' )
```

```
> points( p_piace, L, pch = 19 )
```

Verosimiglianza



Verosimiglianza



Test di ipotesi

Ipotesi H_0

La proporzione di studenti a cui piace la statistica è uguale a quella degli studenti a cui non piace.

Formalmente

$$H_0 : \pi_{\text{piace}} = 0.5$$

Ipotesi H_1

Test di ipotesi

Ipotesi H_0

La proporzione di studenti a cui piace la statistica è uguale a quella degli studenti a cui non piace.

Formalmente

$$H_0 : \pi_{\text{piace}} = 0.5$$

Ipotesi H_1

La proporzione di studenti a cui piace la statistica è diversa da quella degli studenti a cui non piace.

Test di ipotesi

Ipotesi H_0

La proporzione di studenti a cui piace la statistica è uguale a quella degli studenti a cui non piace.

Formalmente

$$H_0 : \pi_{\text{piace}} = 0.5$$

Ipotesi H_1

La proporzione di studenti a cui piace la statistica è diversa da quella degli studenti a cui non piace.

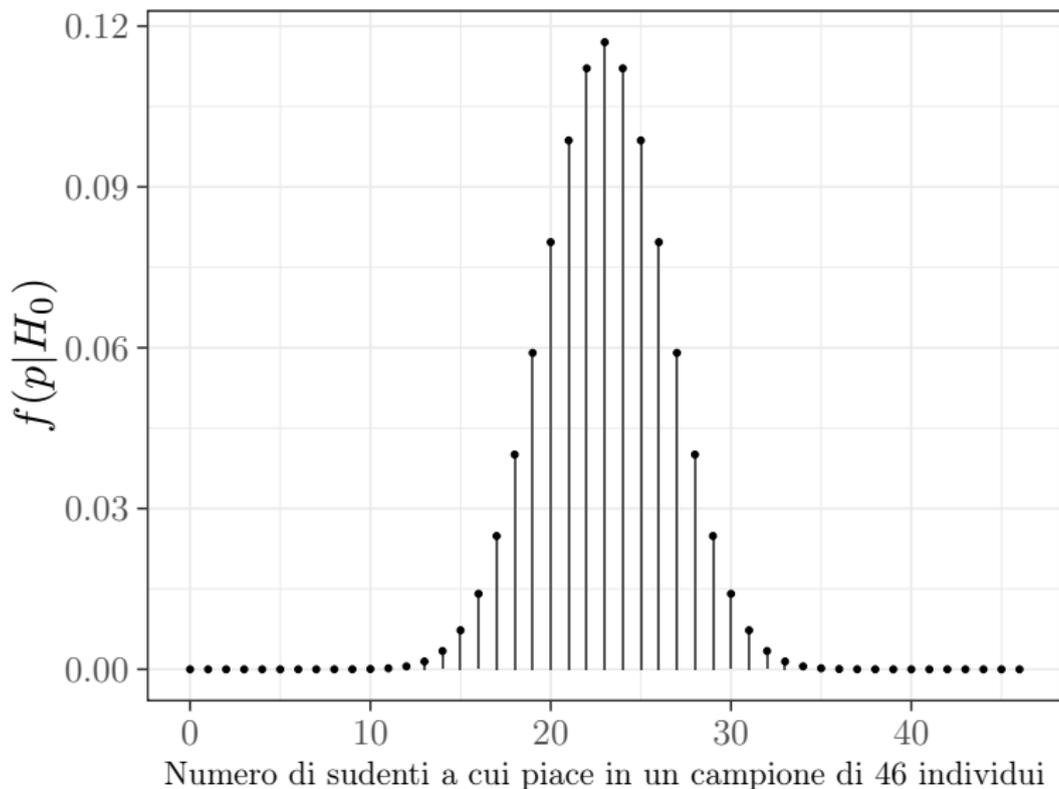
Può essere bidirezionale

$$H_1 : \pi_{\text{piace}} \neq 0.5$$

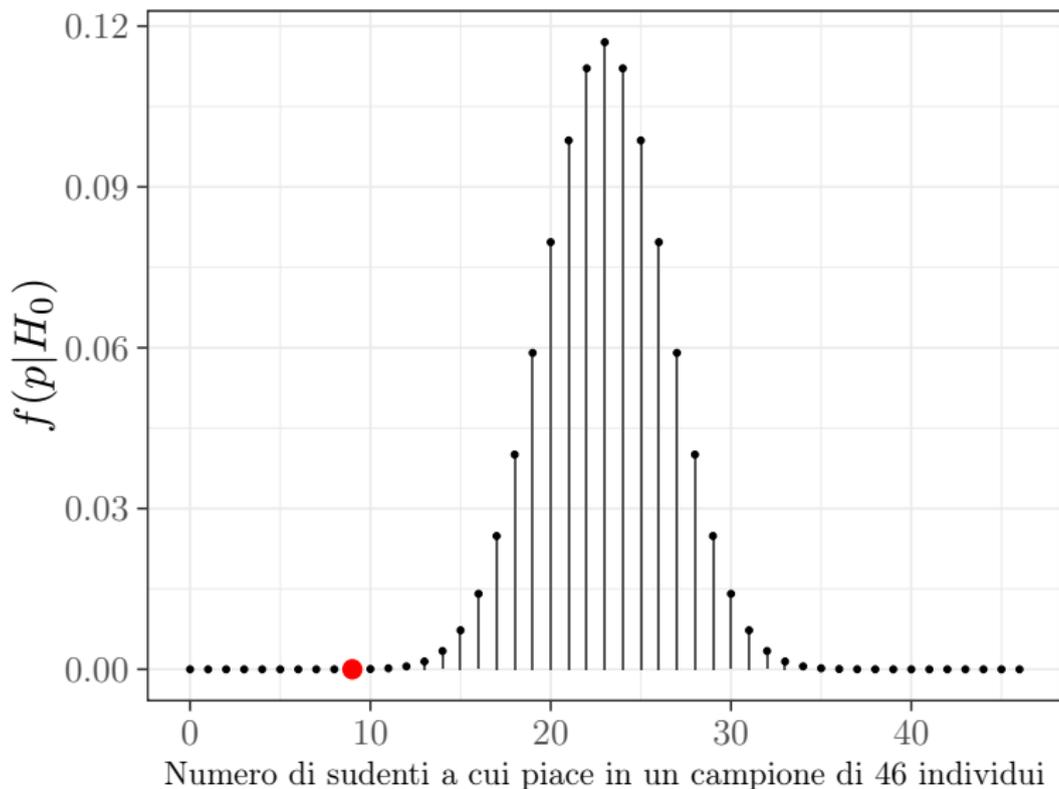
o monodirezionale

$$H_1 : \pi_{\text{piace}} < 0.5 \quad H_1 : \pi_{\text{piace}} > 0.5$$

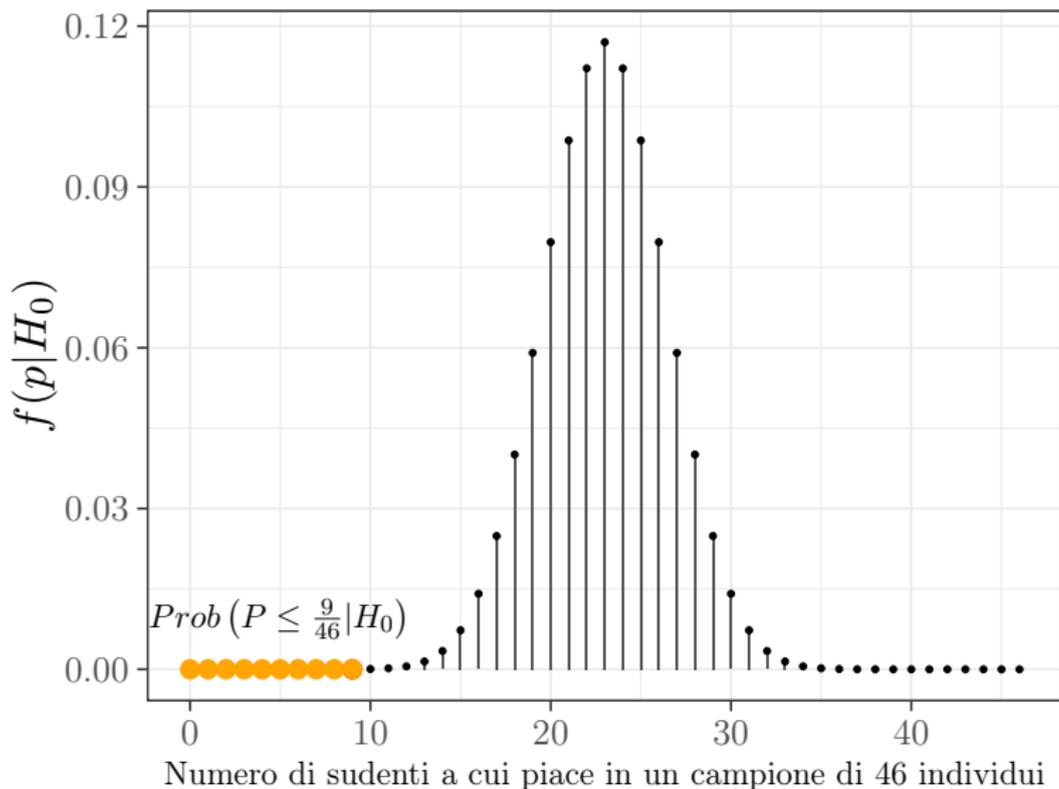
Distribuzione campionaria sotto H_0



Distribuzione campionaria sotto H_0



Distribuzione campionaria sotto H_0



$$Prob \left(P \leq \frac{9}{46} | H_0 \right) =$$

```
> pbinom( 9, 46, prob = .5 )
```

```
[1] 2.028018e-05
```


Test Binomiale

```
> binom.test( 9, 46, alternative = 'less' )
```

Exact binomial test

```
data: 9 and 46
```

```
number of successes = 9, number of trials = 46,
```

```
p-value = 2.028e-05
```

```
alternative hypothesis:
```

```
true probability of success is less than 0.5
```

```
95 percent confidence interval:
```

```
0.0000000 0.3165904
```

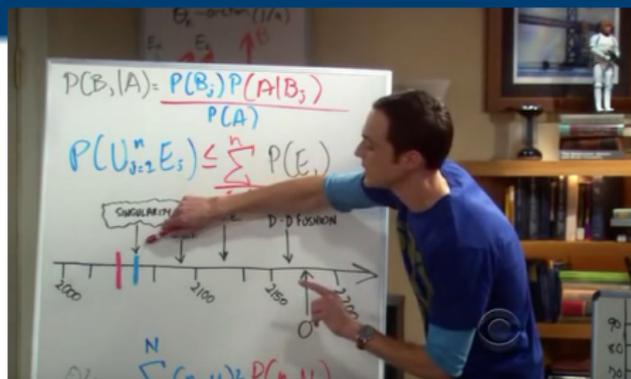
```
sample estimates:
```

```
probability of success
```

```
0.1956522
```


Teorema di Bayes

Il legame tra le due probabilità è definito dal **Teorema di Bayes**.



$$P(H_0|R) = \frac{P(H_0)P(R|H_0)}{P(H_0)P(R|H_0) + P(H_1)P(R|H_1)}$$

in cui:

- $P(H_0)$ è la probabilità a priori di H_0
- $P(R|H_0)$ è la probabilità del risultato R condizionato ad H_0
- $P(H_0|R)$ è la probabilità a posteriori

Esempio (Cohen, 1994)

L'incidenza della schizofrenia negli adulti è circa del 2%.
Supponiamo di avere un test per la diagnosi di tale patologia con il 95% di accuratezza nell'individuazione dei soggetti realmente schizofrenici, e circa il 97% nell'individuazione dei soggetti sani.

Possiamo allora indicare con:

- H_0 : il soggetto è normale
- H_1 : il soggetto è schizofrenico
- R = risultato del test positivo per la schizofrenia

Pertanto avremo le seguenti probabilità:

$$\left| P(H_0) = 0.98 \right| \text{-----}$$

Esempio (Cohen, 1994)

L'incidenza della schizofrenia negli adulti è circa del 2%.
Supponiamo di avere un test per la diagnosi di tale patologia con il 95% di accuratezza nell'individuazione dei soggetti realmente schizofrenici, e circa il 97% nell'individuazione dei soggetti sani.

Possiamo allora indicare con:

- H_0 : il soggetto è normale
- H_1 : il soggetto è schizofrenico
- R = risultato del test positivo per la schizofrenia

Pertanto avremo le seguenti probabilità:

| | |
|-----------------|-----------------|
| $P(H_0) = 0.98$ | $P(H_1) = 0.02$ |
|-----------------|-----------------|

Esempio (Cohen, 1994)

L'incidenza della schizofrenia negli adulti è circa del 2%.
Supponiamo di avere un test per la diagnosi di tale patologia con il 95% di accuratezza nell'individuazione dei soggetti realmente schizofrenici, e circa il 97% nell'individuazione dei soggetti sani.

Possiamo allora indicare con:

- H_0 : il soggetto è normale
- H_1 : il soggetto è schizofrenico
- R = risultato del test positivo per la schizofrenia

Pertanto avremo le seguenti probabilità:

| | |
|-------------------|-----------------|
| $P(H_0) = 0.98$ | $P(H_1) = 0.02$ |
| $P(R H_0) = 0.03$ | |

Esempio (Cohen, 1994)

L'incidenza della schizofrenia negli adulti è circa del 2%.
Supponiamo di avere un test per la diagnosi di tale patologia con il 95% di accuratezza nell'individuazione dei soggetti realmente schizofrenici, e circa il 97% nell'individuazione dei soggetti sani.

Possiamo allora indicare con:

- H_0 : il soggetto è normale
- H_1 : il soggetto è schizofrenico
- R = risultato del test positivo per la schizofrenia

Pertanto avremo le seguenti probabilità:

| | |
|-------------------|-------------------|
| $P(H_0) = 0.98$ | $P(H_1) = 0.02$ |
| $P(R H_0) = 0.03$ | $P(R H_1) = 0.95$ |

Si noti che $P(R|H_0)$ è minore del 5%.

Esempio (Cohen, 1994)

Calcoliamo la probabilità a posteriori utilizzando il teorema di Bayes:

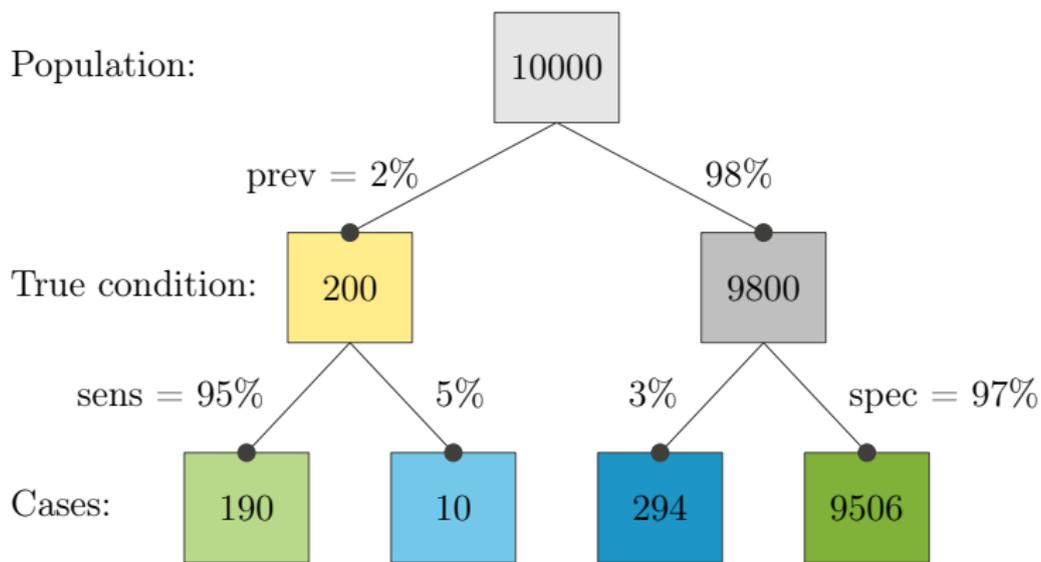
$$P(H_0|R) = \frac{0.98 \times 0.03}{0.98 \times 0.03 + 0.02 \times 0.95} \simeq 0.61$$

Esempio (Cohen, 1994)

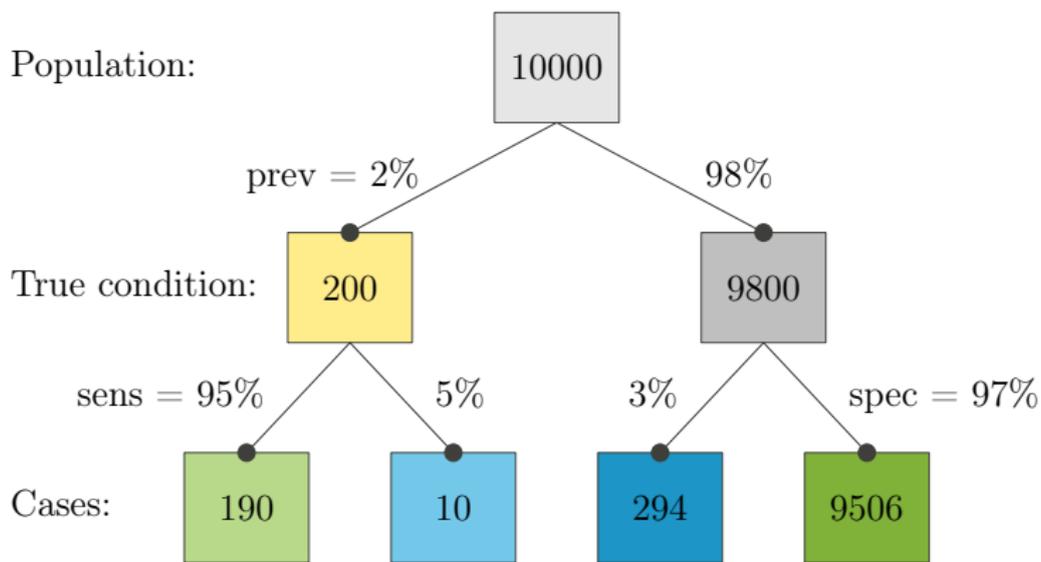
Calcoliamo la probabilità a posteriori utilizzando il teorema di Bayes:

$$P(H_0|R) = \frac{0.98 \times 0.03}{0.98 \times 0.03 + 0.02 \times 0.95} \simeq 0.61$$

Nonostante la verosimiglianza $P(R|H_0) = 0.03$ sia minore di 0.05 abbiamo una probabilità a posteriori molto più alta, $P(H_0|R) = 0.61$.



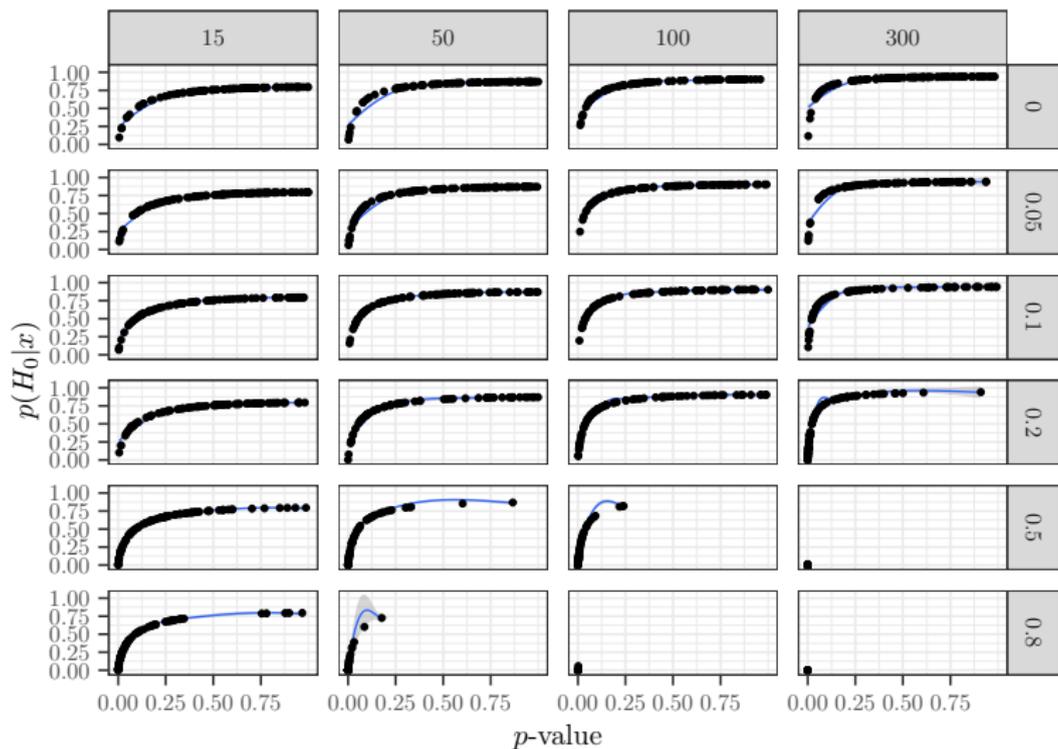
Se consideriamo tutta la popolazione, qual è la proporzione di individui positivi al test che non sono realmente malati?



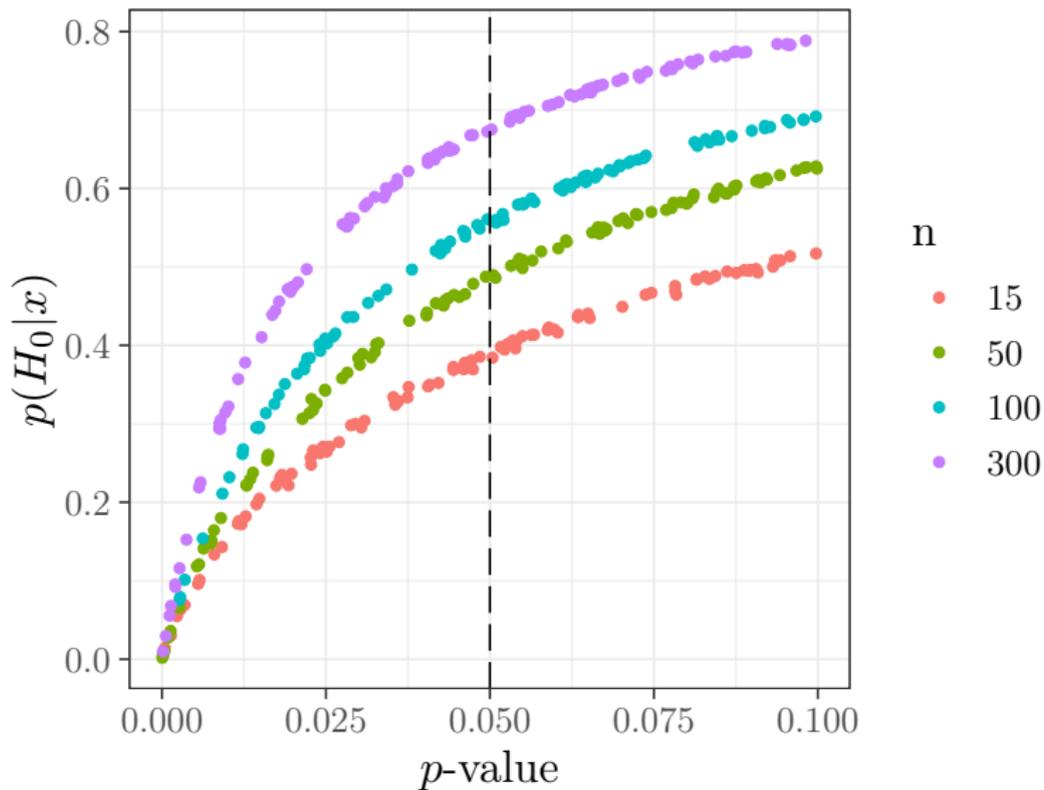
Se consideriamo tutta la popolazione, qual è la proporzione di individui positivi al test che non sono realmente malati?

$$\frac{294}{(190 + 294)} = \frac{294}{484} \approx 0.61 = P(H_0|R)$$

Relazione tra p -value e $p(H_0|x)$ (Pastore & Altoé, 2013)¹



¹Pastore, M., Altoé, G. (2013). Bayes Factor e p -value: così vicini, così lontani. *Giornale italiano di psicologia*, 40, 175-193.

Relazione tra p -value e $p(H_0|x)$ con H_0 vera!!

The null ritual (Gigerenzer Krauss & Vitouch, 2004)

The null ritual (Gigerenzer Krauss & Vitouch, 2004)

- The null ritual is an invention of statistical textbook writers in the social sciences.
- The null ritual does not exist in statistic proper. What does exist are conflicting theories of inference, most relevantly those of Fisher and Neyman-Pearson.
- One rarely finds a hint at this controversy in statistics textbooks written by social scientists. As a result, the null ritual is confused with Fisher's theory of null hypothesis testing.

Gigerenzer, G., Krauss, S., & Vitouch, O. (2004). The null ritual. In D. Kaplan (Ed.), *The Sage book of quantitative methodology for the social sciences* (pp. 391–408). Thousand Oaks, CA: Sage.

Neyman & Pearson scheme

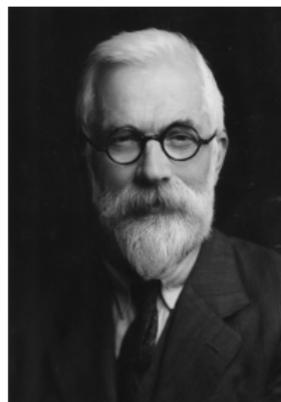
- 1 Set up two statistical hypotheses, H_1 and H_2 , and decide on α (Type 1 error rate), β (Type 2 error rate), and the sample size before the experiment, based on subjective cost-benefit considerations.
- 2 If the data fall into the rejection region of H_1 , accept H_2 ; otherwise accept H_1 .
- 3 The usefulness of this procedure is limited among others to situations where there is a disjunction of hypotheses (e.g., either μ_1 or μ_2 is true), where there is repeated sampling, and where you can make meaningful cost-benefit trade-offs for choosing α and β .



Fisher null hypothesis testing

No scientific worker has a fixed level of significance at which from year to year, and in all circumstances, he rejects hypotheses; he rather gives his mind to each particular case in the light of his evidence and his ideas.
(Fisher, 1956)

- 1 Set up a statistical null hypothesis.
The null need not be a nil hypothesis (e.g., zero difference).
- 2 Report the exact level of significance (e.g., $p = .055$ or $.045$). Do not use a conventional 5% level all the time.
- 3 Use this procedure only if you know little about the problem at hand.



Fisher, R. A. (1956). *Statistical methods and scientific inference*. Edinburgh, UK: Oliver & Boyd.

Limiti dell'approccio NHST

Statistical significance is not a scientific test. It is a philosophical, qualitative test. It does not ask how much. It asks whether. Existence, the question of whether, is interesting. But it is not scientific. (Ziliak & McCloskey, 2008)

Nell'utilizzo dell'approccio NHST bisogna assolutamente tenere conto dei seguenti aspetti:

Limiti dell'approccio NHST

Statistical significance is not a scientific test. It is a philosophical, qualitative test. It does not ask how much. It asks whether. Existence, the question of whether, is interesting. But it is not scientific. (Ziliak & McCloskey, 2008)

Nell'utilizzo dell'approccio NHST bisogna assolutamente tenere conto dei seguenti aspetti:

- NHST tende a indurre confusione tra la probabilità dell'ipotesi condizionata ai dati (probabilità a posteriori) e probabilità dei dati condizionati all'ipotesi (verosimiglianza).

Limiti dell'approccio NHST

Statistical significance is not a scientific test. It is a philosophical, qualitative test. It does not ask how much. It asks whether. Existence, the question of whether, is interesting. But it is not scientific. (Ziliak & McCloskey, 2008)

Nell'utilizzo dell'approccio NHST bisogna assolutamente tenere conto dei seguenti aspetti:

- NHST tende a indurre confusione tra la probabilità dell'ipotesi condizionata ai dati (probabilità a posteriori) e probabilità dei dati condizionati all'ipotesi (verosimiglianza).
- NHST viene erroneamente considerato un metodo per la verifica delle ipotesi. In realtà esso tiene conto solo di H_0 e permette solo la falsificazione di tale ipotesi senza che questo abbia relazione con la veridicità di H_1 .

Limiti dell'approccio NHST

- Il criterio $\alpha = 0.05$ è puramente arbitrario ed è stato più volte messo in discussione (es. Johnson, 2013; Benjamin & al., 2017; Lakens, 2018)

Limiti dell'approccio NHST

- Il criterio $\alpha = 0.05$ è puramente arbitrario ed è stato più volte messo in discussione (es. Johnson, 2013; Benjamin & al., 2017; Lakens, 2018)
- I test tradizionali tendono a sovrastimare l'evidenza contro H_0 : infatti H_0 nei contesti reali non è mai esattamente vera e pertanto aumentando a dovere il numero di osservazioni è quasi sempre possibile rigettarla (Wagenmakers, 2007).

Benjamin, D. J., Berger, J. O., Johannesson, M., Nosek, B. A., Wagenmakers, E. J., Berk, R., ... & Cesarini, D. (2018). Redefine statistical significance. *Nature Human Behaviour*, 2(1), 6–10.

Johnson, V. E. (2013). Revised standards for statistical evidence. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences Of The United States Of America*, 110, 19313–19317.

Lakens, D. (2018). Justify Your Alpha by Decreasing Alpha Levels as a Function of the Sample Size, disponibile on-line:

<http://daniellakens.blogspot.com/2018/12/testing-whether-observed-data-should.html>

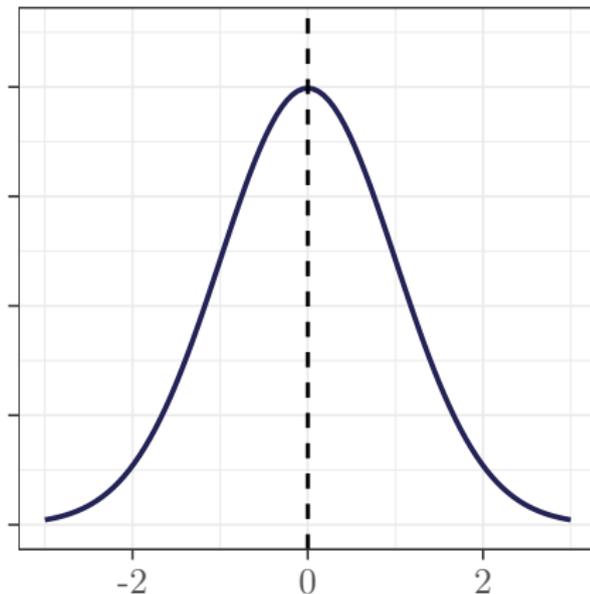
Wagenmakers, E. J. (2007). A practical solution to the pervasive problems of p values. *Psychonomic Bulletin & Review*, 14, 779–804.

Limiti dell'approccio NHST

- L'ipotesi nulla legata ad un unico valore puntuale può portare a conclusioni improprie (Berger & Sellke, 1987; Sellke, Bayarri & Berger, 2001).

Ad esempio, se:

$$H_0 : \mu = 0$$



Berger, J. O., & Sellke, T. (1987). Testing a Point Null Hypothesis: The Irreconcilability of P Values and Evidence. *Journal of the American Statistical Association*, 82(397), pp. 112-122.

Sellke, T., Bayarri, M., & Berger, J. O. (2001). Calibration of p values for testing precise null hypotheses. *The American Statistician*, 55(1), 62-71.

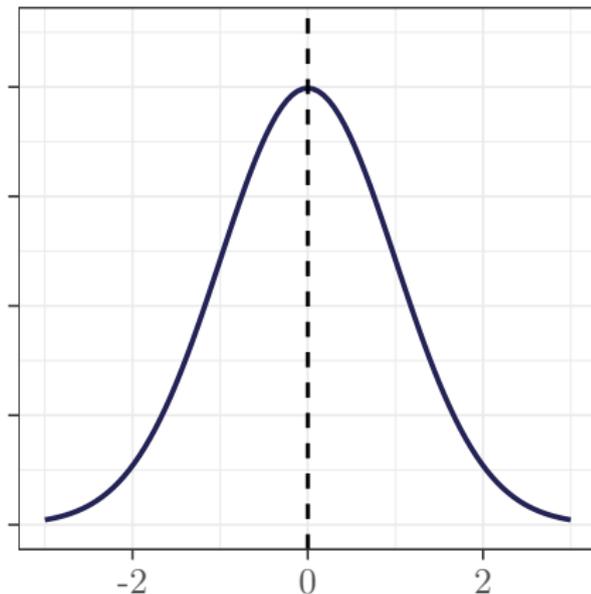
Limiti dell'approccio NHST

- L'ipotesi nulla legata ad un unico valore puntuale può portare a conclusioni improprie (Berger & Sellke, 1987; Sellke, Bayarri & Berger, 2001).

Ad esempio, se:

$$H_0 : \mu = 0$$

$$P(\mu = 0) =$$



Berger, J. O., & Sellke, T. (1987). Testing a Point Null Hypothesis: The Irreconcilability of P Values and Evidence. *Journal of the American Statistical Association*, 82(397), pp. 112-122.

Sellke, T., Bayarri, M., & Berger, J. O. (2001). Calibration of p values for testing precise null hypotheses. *The American Statistician*, 55(1), 62-71.

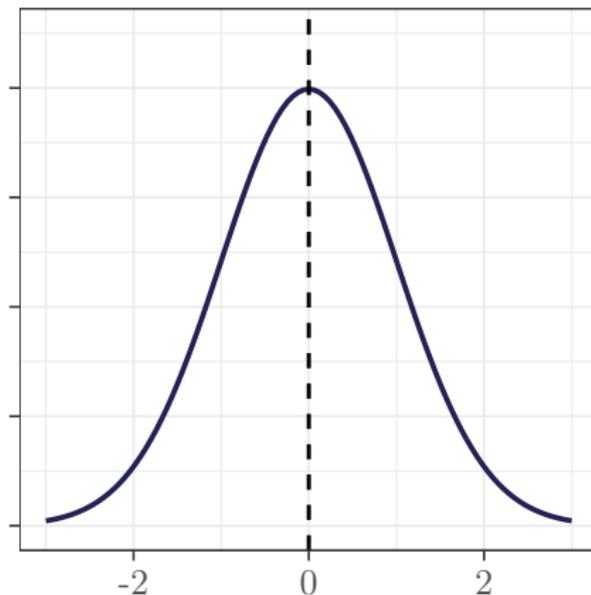
Limiti dell'approccio NHST

- L'ipotesi nulla legata ad un unico valore puntuale può portare a conclusioni improprie (Berger & Sellke, 1987; Sellke, Bayarri & Berger, 2001).

Ad esempio, se:

$$H_0 : \mu = 0$$

$$P(\mu = 0) = 0$$



Berger, J. O., & Sellke, T. (1987). Testing a Point Null Hypothesis: The Irreconcilability of P Values and Evidence. *Journal of the American Statistical Association*, 82(397), pp. 112–122.

Sellke, T., Bayarri, M., & Berger, J. O. (2001). Calibration of p values for testing precise null hypotheses. *The American Statistician*, 55(1), 62–71.

Il paradosso del t -test (Rouder & al, 2009)

- Consideriamo un esperimento in cui 100 soggetti rispondono a 100 stimoli in due condizioni diverse. Per ciascun soggetto avremo pertanto 200 tempi di reazione (TR).
- Assumiamo che per ciascun soggetto la media dei TR sia compresa tra 500 e 1000 ms, con una deviazione standard di 300.
- Siano x_{1i} e x_{2i} , $i = \{1, \dots, n\}$ le medie dei TR nelle due condizioni per ciascun soggetto.
- Vogliamo confrontare questi valori per stabilire se esista una differenza significativa tra le medie nelle due condizioni.

Rouder, J. N., Speckman, P. L., Sun, D., Morey, R. D., & Iverson, G. (2009). Bayesian t tests for accepting and rejecting the null hypothesis. *Psychonomic Bulletin & Review*, 16, 225–237.

Il paradosso del t -test (Rouder & al, 2009)

Confrontando le medie nelle due condizioni otteniamo il seguente risultato:

```
Paired t-test
```

```
data: x2 and x1
```

```
t = 2.2419, df = 99, p-value = 0.0272
```

```
alternative hypothesis: true mean difference is not equal to 0
```

```
95 percent confidence interval:
```

```
1.320234 21.653010
```

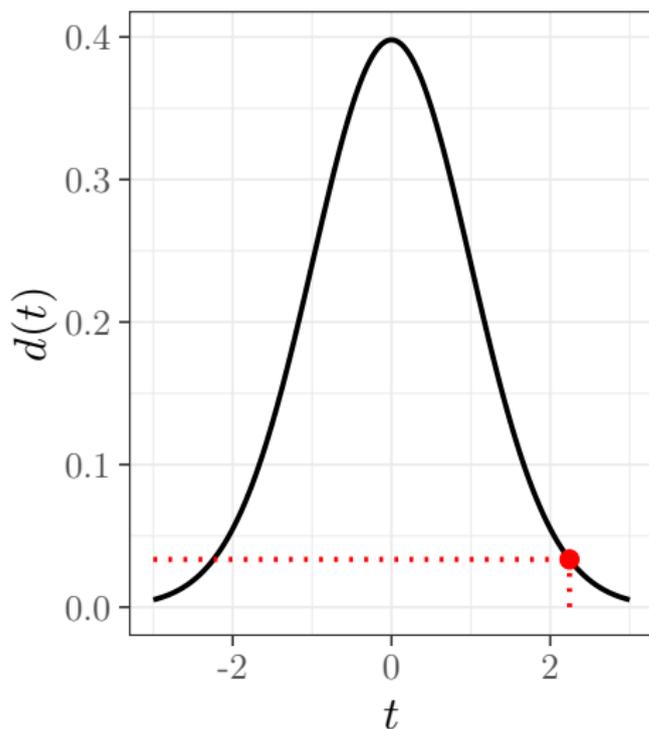
```
sample estimates:
```

```
mean difference
```

```
11.48662
```

con una differenza tra le medie pari a circa 11ms.

Verosimiglianza



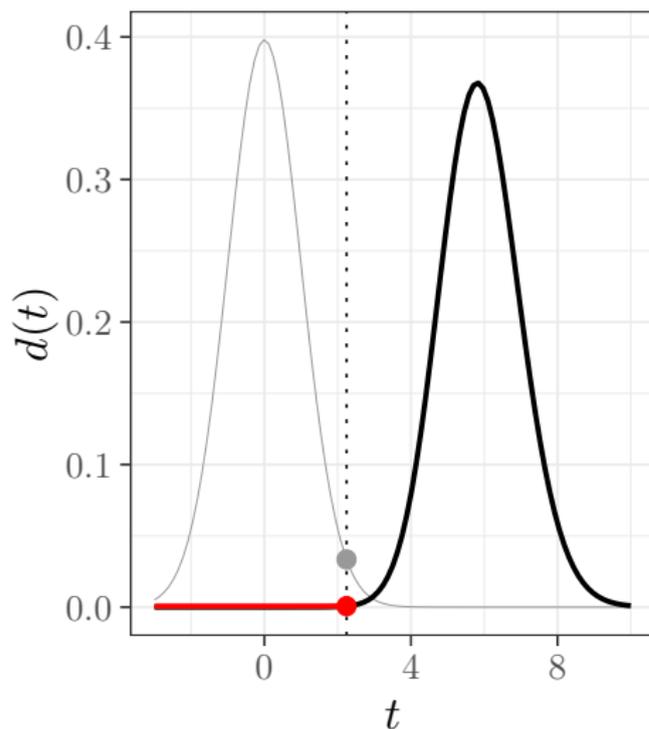
Il valore di verosimiglianza di $t = 2.242$ sotto l'ipotesi H_0 è dato dalla densità della distribuzione t con 99 gradi di libertà, cioè circa 0.033.

Se H_0 è vera vuol dire che non esiste differenza tra i TR nelle due condizioni.

Formalmente

$$H_0 : \mu_2 - \mu_1 = 0.$$

Rapporto di verosimiglianza

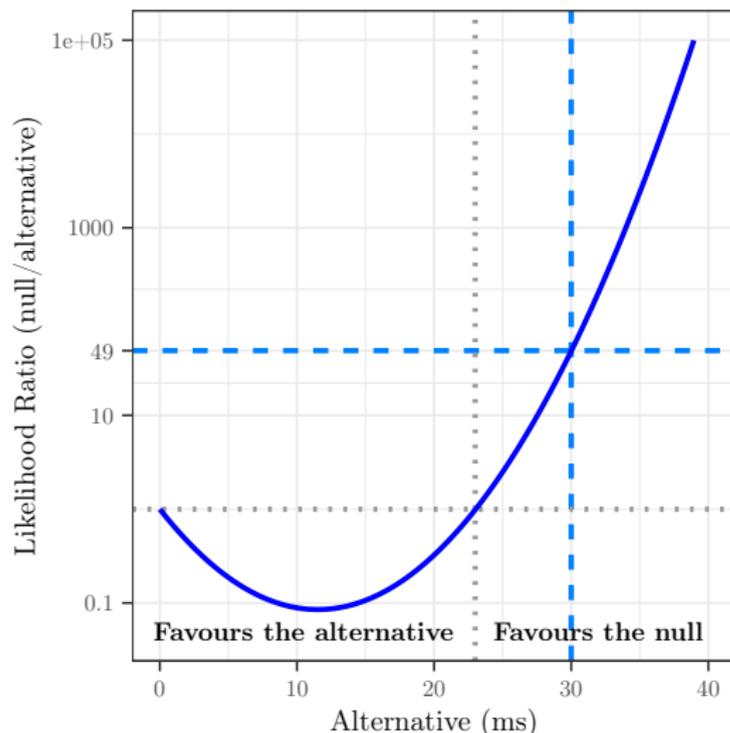


Supponiamo che la reale differenza tra i TR sia invece pari a 30ms e calcoliamo il relativo valore di verosimiglianza per $t = 2.2419$ sotto l'ipotesi $H_1 : \mu_2 - \mu_1 = 30$.

Tale valore è dato dalla densità della distribuzione t con 99 gradi di libertà e parametro di noncentralità $\sqrt{N} \frac{\Delta\mu}{\sigma_{\Delta\mu}}$ (circa 5.86) ed è inferiore a 0.001.

Il rapporto di verosimiglianza tra $L(H_0)$ e $L(H_1)$ risulta di 48 a 1 in favore di H_0 , nonostante il test sia risultato statisticamente significativo (!!!!).

Likelihood Ratio



Rappresentiamo graficamente il rapporto di verosimiglianza tra H_0 e diversi valori di ipotesi alternativa, fino a 40ms.

Si osserva il seguente paradosso:

l'ipotesi H_0 risulta essere più verosimile rispetto all'ipotesi alternativa per differenze superiori a 23ms.

Interpretazione del *p-value*: 7 marzo 2016



Accreditation | Community | Members Only |

[ABOUT ASA](#)[MEMBERSHIP](#)[AWARDS
& RECOGNITION](#)[CAREER CENTER](#)[EDUCATION](#)[PUBLICATION](#)

ASA Headlines

ASA Releases 'Statement on Statistical Significance and *P-Values*'

The ASA "**Statement on Statistical Significance and *P-Values***" includes six principles underlying the proper use and interpretation of the *p-value* and is intended to improve the conduct and interpretation of quantitative science and inform the growing emphasis on reproducibility of science research. "The *p-value* was never intended to be a substitute for scientific reasoning," said Ron Wasserstein, the ASA's executive director, in a **press release**. "Well-reasoned statistical arguments contain much more than the value of a single number and whether that number exceeds an arbitrary threshold. The ASA statement is intended to steer research into a 'post $p < 0.05$ era.'" The statement is published in ***The American Statistician*** along with more than a dozen discussion papers to provide further perspective on this broad and complex topic.

Abandon Statistical Significance

Blakeley B. McShane^a, David Gal^b, Andrew Gelman^c, Christian Robert^d, and Jennifer L. Tackett^e

^aDepartment of Marketing, Kellogg School of Management, Northwestern University, Evanston, IL; ^bDepartment of Managerial Studies, College of Business Administration, University of Illinois at Chicago, Chicago, IL; ^cDepartment of Statistics and Department of Political Science, Columbia University, New York, NY; ^dCentre de Recherche en Mathématiques de la Décision (CEREMADE), Université Paris-Dauphine, Paris, France; ^eDepartment of Psychology, Northwestern University, Evanston, IL

ABSTRACT

We discuss problems the null hypothesis significance testing (NHST) paradigm poses for replication and more broadly in the biomedical and social sciences as well as how these problems remain unresolved by proposals involving modified p -value thresholds, confidence intervals, and Bayes factors. We then discuss our own proposal, which is to abandon statistical significance. We recommend dropping the NHST paradigm—and the p -value thresholds intrinsic to it—as the default statistical paradigm for research, publication, and discovery in the biomedical and social sciences. Specifically, we propose that the p -value be demoted from its threshold screening role and instead, treated continuously, be considered along with currently subordinate factors (e.g., related prior evidence, plausibility of mechanism, study design and data quality, real world costs and benefits, novelty of finding, and other factors that vary by research domain) as just one among many pieces of evidence. We have no desire to “ban” p -values or other purely statistical measures. Rather, we believe that such measures should not be thresholded and that, thresholded or not, they should not take priority over the currently subordinate factors. We also argue that it seldom makes sense to calibrate evidence as a function of p -values or other purely statistical measures. We offer recommendations for how our proposal can be implemented in the scientific publication process as well as in statistical decision making more broadly.

ARTICLE HISTORY

Received October 2017
Revised September 2018

KEYWORDS

Null hypothesis significance testing; p -Value; Replication; Sociology of science; Statistical significance

Inferenza in senso bayesiano

Inferenza Bayesiana

- Negli ultimi anni è cresciuta una *corrente Bayesiana*, anche nell'ambito della psicologia (es. Dienes and Mclatchie, 2018; Etz and Vandekerckhove, 2018; Kruschke and Liddell, 2018).
- Vi sono almeno tre ragioni che possono spiegare questo fatto:
 - ❶ L'approccio Bayesiano permette una valutazione delle ipotesi in termini di evidenza.
 - ❷ Può essere utilizzato anche in casi di elevata complessità.
 - ❸ Molti software statistici hanno ormai implementato la possibilità di fare analisi in senso Bayesiano.

Dienes, Z., & Mclatchie, N. (2018). Four reasons to prefer Bayesian analyses over significance testing. *Psychonomic Bulletin & Review*, 25(1), 207–218.

Etz, A., & Vandekerckhove, J. (2018). Introduction to Bayesian inference for psychology. *Psychonomic Bulletin & Review*, 25(1), 5–34.

Kruschke, J. K., & Liddell, T. M. (2018b). The Bayesian New Statistics: Hypothesis testing, estimation, meta-analysis, and power analysis from a Bayesian perspective. *Psychonomic Bulletin & Review*, 25(1), 178–206.

Statistical Modeling, Causal Inference, and Social Science

<https://statmodeling.stat.columbia.edu/>

Statistical Modeling, Causal Inference, and Social Science

<https://statmodeling.stat.columbia.edu/>

Bayesians are frequentists.

Posted on [January 8, 2024 9:50 AM](#) by [Andrew](#)

Statistical Modeling, Causal Inference, and Social Science

<https://statmodeling.stat.columbia.edu/>

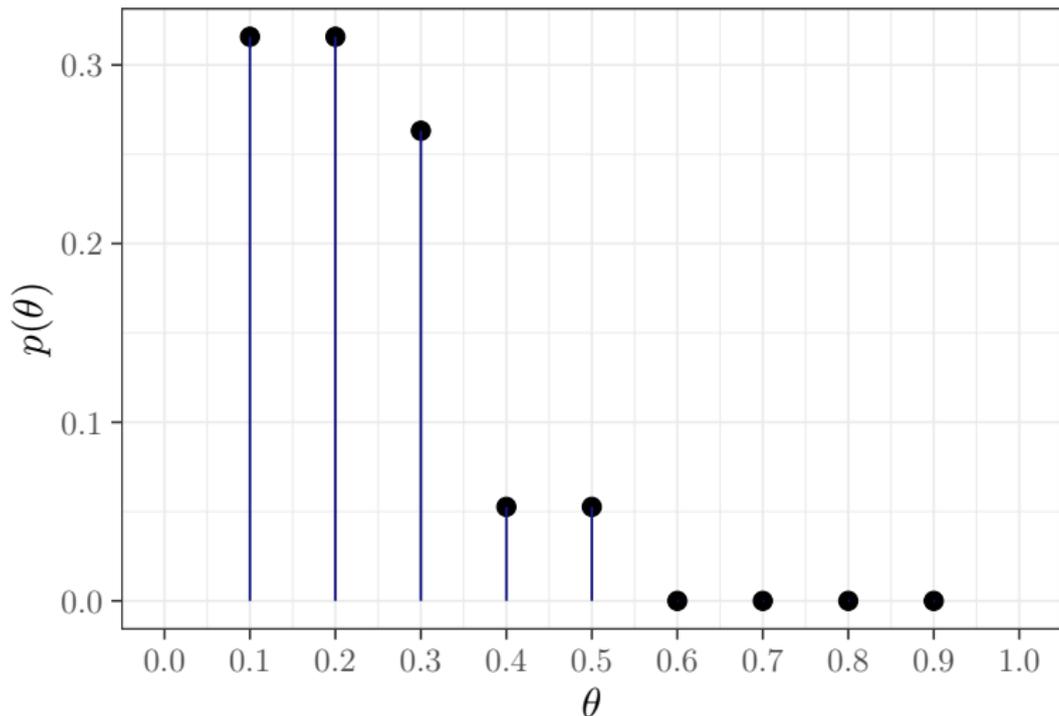
Bayesians are frequentists.

Posted on [January 8, 2024 9:50 AM](#) by [Andrew](#)

Anything you can do with Bayesian inference you can do in other ways. Bayesian inference is a bit like calculus: ...

Posted on [June 5, 2025 9:01 AM](#)

Prior



- Abbiamo scelto 9 valori plausibili per θ nella popolazione, a ciascuno dei quali è stata assegnata una probabilità $p(\theta)$.

Approcci a confronto

Approccio bayesiano vs NHST

- Una differenza fondamentale tra NHST ed i metodi bayesiani è il modo di trattare i parametri (incogniti). Nel primo caso infatti essi vengono considerati come quantità fisse mentre nel secondo sono trattati come variabili casuali con una distribuzione di probabilità associata.

Approccio bayesiano vs NHST

- Una differenza fondamentale tra NHST ed i metodi bayesiani è il modo di trattare i parametri (incogniti). Nel primo caso infatti essi vengono considerati come quantità fisse mentre nel secondo sono trattati come variabili casuali con una distribuzione di probabilità associata.

Problema 3

Consideriamo un campione di 16 soggetti, di cui 8 maschi, di età intorno ai 17 anni intervistati rispetto alla loro propensione al gioco d'azzardo – calcolata con la frequenza di partecipazione a diversi tipi di gioco (es. scommesse sportive o slot machines) in cui punteggi più alti indicano una maggiore tendenza al gioco d'azzardo. Ci chiediamo se ci sia una differenza di genere su tale propensione.

Dati campionari

I punteggi osservati sono i seguenti:

```
> Ym <- c( 8.8, 19.3, 15.7, 14.6, 8.2, 7.6, 8.7, 8.4 )
```

per i maschi e

```
> Yf <- c( 4.8, 10.6, 11.7, 10.1, 4.8, 8.2, 8.5, 6.8 )
```

per le femmine.

Statistiche del campione

- Soggetti: $n = 16$
- Medie campionarie:

Statistiche del campione

- Soggetti: $n = 16$
- Medie campionarie:

```
> c( mean(Ym), mean(Yf) )  
[1] 11.41  8.19
```

- Deviazioni standard:

```
> c( sd(Ym), sd(Yf) )  
[1] 4.45 2.59
```

Problema 3

Sulla base dei dati osservati, possiamo considerare questi soggetti come provenienti da due popolazioni con la stessa media $\mu_m = \mu_f = \mu$?

Problema 3

Sulla base dei dati osservati, possiamo considerare questi soggetti come provenienti da due popolazioni con la stessa media $\mu_m = \mu_f = \mu$?

- In ottica NHST quello che possiamo fare è definire il seguente sistema di ipotesi:

$$H_0 :$$

Problema 3

Sulla base dei dati osservati, possiamo considerare questi soggetti come provenienti da due popolazioni con la stessa media $\mu_m = \mu_f = \mu$?

- In ottica NHST quello che possiamo fare è definire il seguente sistema di ipotesi:

$$H_0 : \mu_m = \mu_f$$

$$H_1 :$$

Problema 3

Sulla base dei dati osservati, possiamo considerare questi soggetti come provenienti da due popolazioni con la stessa media $\mu_m = \mu_f = \mu$?

- In ottica NHST quello che possiamo fare è definire il seguente sistema di ipotesi:

$$H_0 : \mu_m = \mu_f$$

$$H_1 : \mu_m > \mu_f$$

- Sappiamo che la distribuzione campionaria della differenza tra le medie standardizzate sotto H_0

$$\frac{\bar{x}_m - \bar{x}_f}{\sigma_{\bar{x}_m - \bar{x}_f}} \sim$$

- Sappiamo che la distribuzione campionaria della differenza tra le medie standardizzate sotto H_0

$$\frac{\bar{x}_m - \bar{x}_f}{\sigma_{\bar{x}_m - \bar{x}_f}} \sim \text{Student } t_{(n-2)}$$

- Sappiamo che la distribuzione campionaria della differenza tra le medie standardizzate sotto H_0

$$\frac{\bar{x}_m - \bar{x}_f}{\sigma_{\bar{x}_m - \bar{x}_f}} \sim \text{Student } t_{(n-2)}$$

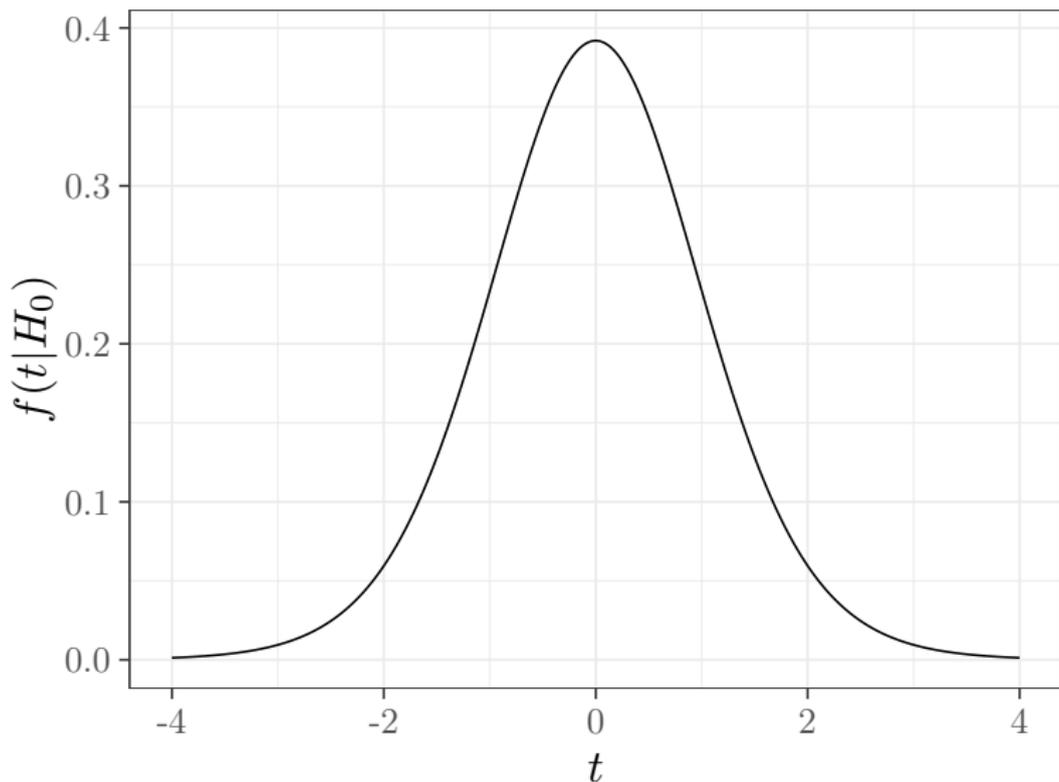
- Nel caso in esame:

$$\frac{11.41 - 8.19}{1.82} = 1.77$$

L'errore standard della differenza tra le medie si calcola con $\sqrt{\frac{\sigma_m^2}{n_m} + \frac{\sigma_f^2}{n_f}}$.

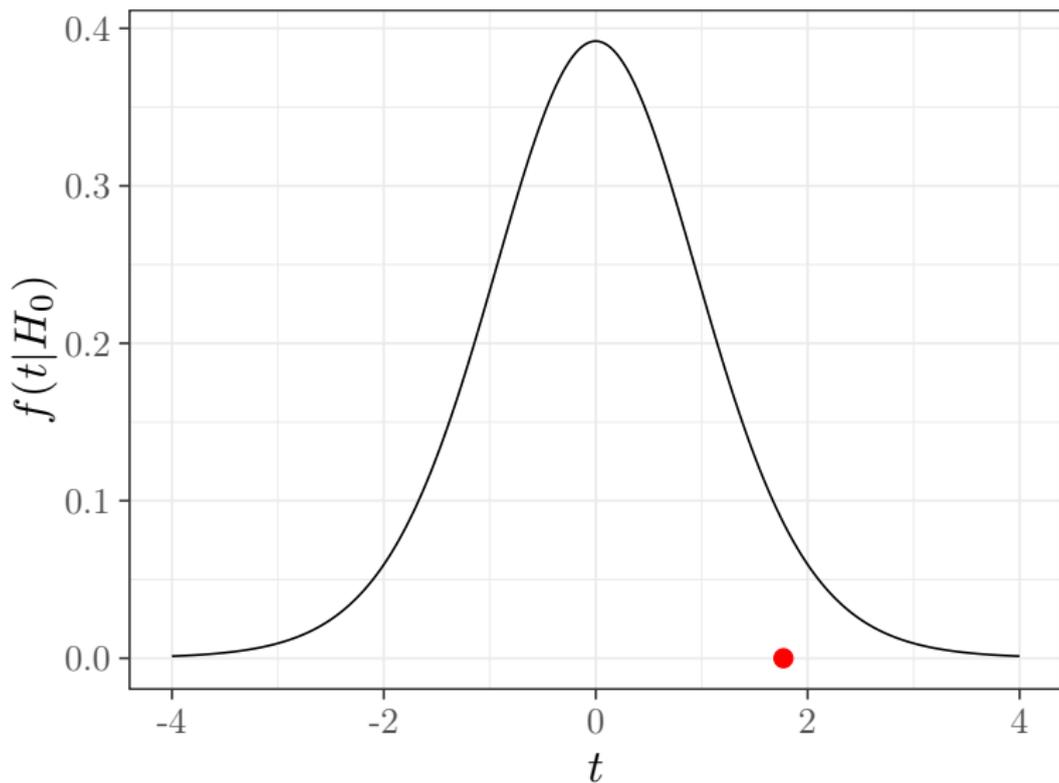
```
> curve( dt( x, 14 ), -4, 4 )
```

```
> curve( dt( x, 14 ), -4, 4 )
```



```
> points( 1.77, 0, pch = 19, col = 'red' )
```

```
> points( 1.77, 0, pch = 19, col = 'red' )
```

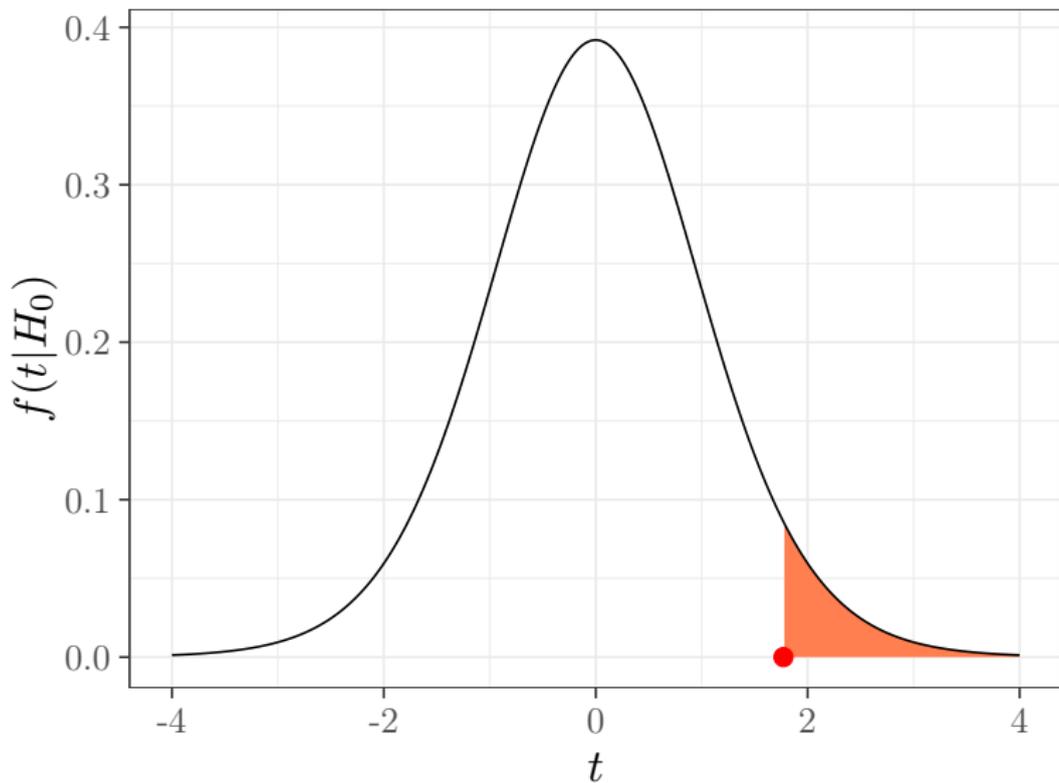



```
> pt( 1.77, 14, lower.tail = FALSE )
```

```
[1] 0.0491428
```

```
> pt( 1.77, 14, lower.tail = FALSE )
```

```
[1] 0.0491428
```



Questo test statistico è noto come test t di Student.

```
> t.test( Ym, Yf, alternative = "greater",  
+         var.equal = TRUE )
```

Questo test statistico è noto come test t di Student.

```
> t.test( Ym, Yf, alternative = "greater",  
+         var.equal = TRUE )
```

Two Sample t-test

data: Ym and Yf

$t = 1.7712$, $df = 14$, $p\text{-value} = 0.04914$

alternative hypothesis:

true difference in means is greater than 0

95 percent confidence interval:

0.01800657 Inf

sample estimates:

mean of x mean of y

11.4125 8.1875

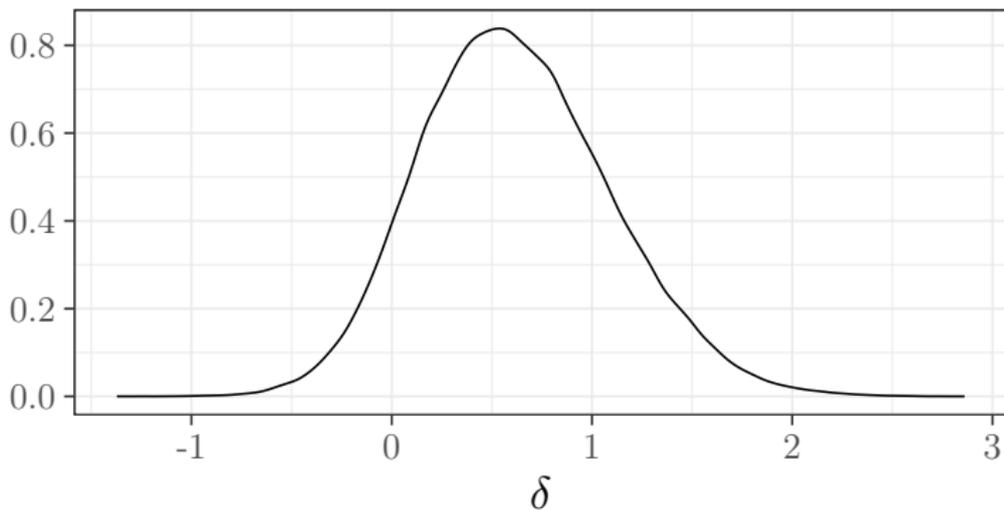
- In ottica bayesiana la differenza $\mu_m - \mu_f = \delta$ è considerata come variabile casuale con una sua distribuzione e, di conseguenza, è possibile stimare una probabilità sia per H_0 , che per H_1 e stabilire quale delle due ipotesi risulti più verosimile.
- In altre parole, con un metodo bayesiano possiamo calcolare $Pr(\delta > 0)$, mentre con NHST tale probabilità può essere solo 0 (H_1 è falsa) oppure 1 (H_1 è vera).
- In particolare, utilizzando la distribuzione a posteriori di δ possiamo calcolare la probabilità associata a qualunque ipotesi ci interessi.

Posterior distribution

```
> library( BayesFactor )  
> samples <- ttestBF( Ym, Yf, posterior = TRUE,  
+                   iterations = 1e5 )  
> plot( density( samples[, "delta"] ) )
```

Posterior distribution

```
> library( BayesFactor )  
> samples <- ttestBF( Ym, Yf, posterior = TRUE,  
+                   iterations = 1e5 )  
> plot( density( samples[, "delta"] ) )
```



Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

```
[1] 0.91477
```

Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

```
[1] 0.91477
```

- $Pr(\delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 2 ) / 100000
```

Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

```
[1] 0.91477
```

- $Pr(\delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 2 ) / 100000
```

```
[1] 0.00416
```

Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

```
[1] 0.91477
```

- $Pr(\delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 2 ) / 100000
```

```
[1] 0.00416
```

- $Pr(1 > \delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 1 &  
+ samples[, 'delta'] < 2 ) / 100000
```

Sfruttando la distribuzione a posteriori possiamo calcolare le probabilità associate a qualunque ipotesi: ad esempio

- $Pr(\delta > 0)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 0 ) / 100000
```

```
[1] 0.91477
```

- $Pr(\delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 2 ) / 100000
```

```
[1] 0.00416
```

- $Pr(1 > \delta > 2)$

```
> sum( samples[, 'delta'] > 1 &  
+ samples[, 'delta'] < 2 ) / 100000
```

```
[1] 0.20523
```

Used R packages

- **BayesFactor**. Morey R, Rouder J (2024).
- **coda**. Plummer M, Best N, Cowles K, Vines K (2006).
- **geodata**. Hijmans RJ, Barbosa M, Ghosh A, Mandel A (2024).
- **ggplot2**. Wickham H (2016).
- **knitr**. Xie Y (2025).
- **mapIT**. Sommacal NS, Massidda D (2015).
- **Matrix**. Bates D, Maechler M, Jagan M (2025).
- **R**. R Core Team (2025).
- **report**. Makowski D, Lüdecke D, Patil I, Thériault R, Ben-Shachar M, Wiernik B (2023).
- **riskyR**. Neth H, Gaisbauer F, Gradwohl N, Gaissmaier W (2022).
- **sf**. Pebesma E, Bivand R (2023).
- **terra**. Hijmans R (2025).



massimiliano.pastore@unipd.it
<https://psicostat.dpss.psy.unipd.it/>



L^AT_EX

