

Método de *Diferencia Honestamente Significativa* de Tukey (Tukey)

22 de marzo de 2022

1. Recorrido

Sean una muestra X_1, \dots, X_n obtenida de la población X . Se define su recorrido (o rango) como

$$R = \max_i X_i - \min_i X_i = X_{(n)} - X_{(1)}$$

2. Distribución del recorrido estandarizado

Si $X_i \sim \mathcal{N}(0, 1)$ y $Y \sim \chi^2_r$ independiente de X_i , entonces

$$\frac{X_{(n)} - X_{(1)}}{\sqrt{Y/r}} \sim Q_{n,r}$$

En R se usa `ptukey` para la función de distribución y `qtukey` para la función cuantil de $Q_{n,r}$.

3. Varias muestras

Sean las q poblaciones homoscedásticas independientes X_1, \dots, X_q con $X_i \sim \mathcal{N}(\mu_i, \sigma^2)$. De cada población X_i se extrae una muestra $\vec{X}_i = (X_{i1}, \dots, X_{in_i})$.

Sea el estimador de la varianza intrapoblacional

$$\hat{S}^2 = \frac{\sum_i (n_i - 1) \hat{S}_i^2}{n - q} = \frac{\sum_i (n_i - 1) \frac{\sum_j (X_{ij} - \bar{X}_i)^2}{n_i - 1}}{n - q}$$

con $n = \sum_i n_i$, del que se sabe

$$\frac{(n - q) \hat{S}^2}{\sigma^2} \sim \chi^2_{n-q}$$

Sea (1) el índice de la muestra con media muestral más baja y (q) el de la más alta. Como cada \bar{X}_i es independiente de cada \hat{S}_i^2 y aquéllos lo son entre sí, entonces \hat{S}^2 es independiente de todos aquéllos y

$$\frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu_{(q)}}{\sigma/\sqrt{n_{(q)}}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu_{(1)}}{\sigma/\sqrt{n_{(1)}}}}{\sqrt{\frac{\hat{S}^2}{\sigma^2}}} = \frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu_{(q)}}{1/\sqrt{n_{(q)}}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu_{(1)}}{1/\sqrt{n_{(1)}}}}{\hat{S}} \xrightarrow{Q_{n,r}}$$

Bajo H_0 del ANOVA, $\forall i \mu_i = \mu$ y

$$\frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu_{(q)}}{1/\sqrt{n_{(q)}}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu_{(1)}}{1/\sqrt{n_{(1)}}}}{\hat{S}} = \frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu}{1/\sqrt{n_{(q)}}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu}{1/\sqrt{n_{(1)}}}}{\hat{S}} \xrightarrow{Q_{n,r}}$$

4. Varias muestras equilibradas

Si el modelo es equilibrado, $n_i = m = n/q \forall i$ y

$$\frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu}{1/\sqrt{n_{(q)}}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu}{1/\sqrt{n_{(1)}}}}{\hat{S}} = \frac{\frac{\bar{X}_{(q)} - \mu}{1/\sqrt{m}} - \frac{\bar{X}_{(1)} - \mu}{1/\sqrt{m}}}{\hat{S}} = \frac{\bar{X}_{(q)} - \bar{X}_{(1)}}{\hat{S}/\sqrt{m}} \xrightarrow{Q_{n,r}} \quad (1)$$

La diferencia entre las medias más alejadas acota superiormente el valor absoluto de la diferencia entre cualquier par de medias:

$$\Pr \left[\frac{|\bar{X}_i - \bar{X}_j|}{\hat{S}/\sqrt{m}} > k \right] \leq \Pr \left[\frac{\bar{X}_{(q)} - \bar{X}_{(1)}}{\hat{S}/\sqrt{m}} > k \right] \quad (2)$$

por lo que haciendo k el cuantil de orden $1 - \alpha$ de $Q_{q,n-q}$ se definen regiones críticas a nivel α para los múltiples contrastes $H_0^{ij}: \mu_i = \mu_j$, $H_1^{ij}: \mu_i \neq \mu_j$.

5. Varias muestras desequilibradas

La última fracción de (1) puede escribirse así:

$$\frac{\bar{X}_{(q)} - \bar{X}_{(1)}}{\hat{S}/\sqrt{m}} = \frac{\bar{X}_{(q)} - \bar{X}_{(1)}}{\sqrt{\frac{\hat{S}^2}{2} \left(\frac{1}{m} + \frac{1}{m} \right)}}$$

lo que recuerda a la expresión derivada de la diferencia de medias:

$$\frac{\bar{X}_i - \bar{X}_j}{\sqrt{S^2 \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}} \xrightarrow{H_0} t_{n-q}$$

En caso de muestras desequilibradas, con $n_i \neq n_j \exists i, j$, se emplea una expresión aproximada de (2) :

$$\Pr \left[\frac{|\bar{X}_i - \bar{X}_j|}{\sqrt{\frac{\hat{S}^2}{2} \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}} > k \right] \lesssim 1 - \alpha$$

6. Ejemplo en R

```
> cw <- chickwts
> levels(cw$feed) <- abbreviate(levels(cw$feed),2)
> a <- aov (weight ~ feed, cw)
> t <- TukeyHSD (a)
```

Tabla de Tukey:

```
> t
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = weight ~ feed, data = cw)
```

\$feed	diff	lwr	upr	p adj
hr-cs	-163.383333	-232.346876	-94.41979	0.0000000
ln-cs	-104.833333	-170.587491	-39.07918	0.0002100
mt-cs	-46.674242	-113.906207	20.55772	0.3324584
sy-cs	-77.154762	-140.517054	-13.79247	0.0083653
sn-cs	5.333333	-60.420825	71.08749	0.9998902
ln-hr	58.550000	-10.413543	127.51354	0.1413329
mt-hr	116.709091	46.335105	187.08308	0.0001062
sy-hr	86.228571	19.541684	152.91546	0.0042167
sn-hr	168.716667	99.753124	237.68021	0.0000000
mt-ln	58.159091	-9.072873	125.39106	0.1276965
sy-ln	27.678571	-35.683721	91.04086	0.7932853
sn-ln	110.166667	44.412509	175.92082	0.0000884
sy-mt	-30.480519	-95.375109	34.41407	0.7391356
sn-mt	52.007576	-15.224388	119.23954	0.2206962
sn-sy	82.488095	19.125803	145.85039	0.0038845

Sus elementos se calculan así:

```
> i <- "ln" # segunda fila de la tabla, por ejemplo
> j <- "cs"
> n <- table (cw$feed) ; q <- length(n) ; N <- sum(n)
> CME <- summary(a)[[1]]["Residuals", "Mean Sq"]
> Xi <- mean (cw$weight [cw$feed == i])
> Xj <- mean (cw$weight [cw$feed == j])
> alfa <- 0.05
> dif <- Xi-Xj
> den <- as.numeric (sqrt (CME/2 * (1/n[i] + 1/n[j])))
> ## as.numeric para quitar etiqueta
> int <- setNames (dif + c(-1,1) * den * qtukey (1-alfa, q, N-q),
```

```

+           c ("lwr", "upr"))
> c (diff = round (dif, 6),
+     int,
+     "p adj" = round (1 - ptukey (abs(dif)/den, q, N-q), 7))
diff      lwr      upr      p adj
-104.83333 -170.58749 -39.07918   0.00021

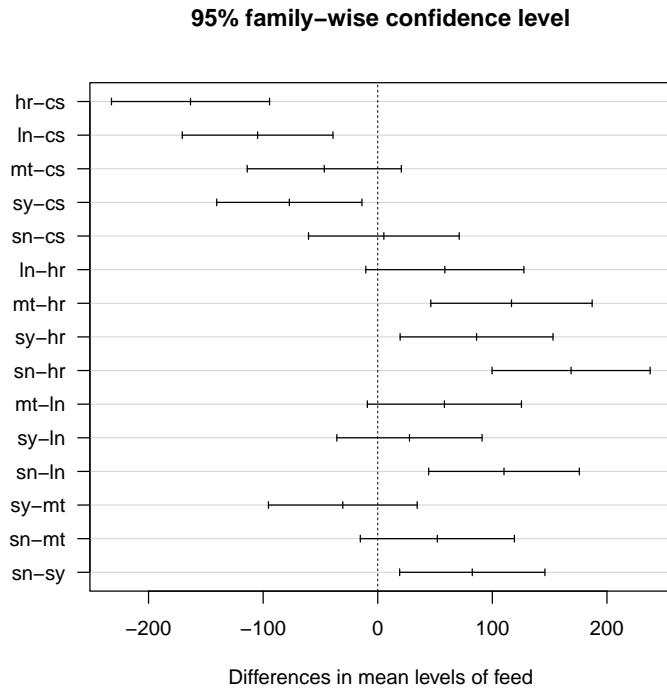
```

Representación gráfica de los intervalos (¿está el cero incluido en el intervalo?):

```

> par (las = 1) # etiquetas horizontales en el eje Y
> plot (t)

```



7. Simulación

Comparación de la tasa de rechazos usando ANOVA y Tukey:

```

> mu <- c (0, 0, 0.2) ; q <- length(mu)
> m <- 100 ; g <- factor (rep (1:q, each=m))
> table (data.frame (t (replicate (10000, {
+     x <- unlist (lapply (mu,

```

```

+
+           function (mui) rnorm (m, mui)))
+
+   a <- aov (x ~ g)
+   H1anova <- summary(a) [[1]] ["g", "Pr(>F)"] < alfa
+   H1tukey <- any (TukeyHSD(a)$g[, "p adj"] < alfa)
+   c (H1anova=H1anova, H1tukey=H1tukey)
+ })))

```

H1tukey

	H1anova	FALSE	TRUE
FALSE	6974	129	
TRUE	180	2717	