Hladina cholesterolu dle prostředí

- Naimportujeme knihovny.

In [1]:
```
import pandas as pd
import matplotlib
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
from scipy.stats import expon, norm, uniform
from scipy.stats import t, f
```

- Výpočet čísla datasetu.

In [2]:
```
K = 18
L = 11
M = (((K+L)*47) % 11)+1.
print('M = ', M)
```

```
M =  11.0
```

- Pro 11 bude dataset `ex0222` - hladina cholesterolu dle prostředí.

Úloha 1

> Načtěte datový soubor a rozdělte sledovanou proměnnou na příslušné dvě pozorované skupiny. Stručně popište data a zkoumaný problém. Pro každou skupinu zvlášť odhadněte střední hodnotu, rozptyl a medián příslušného rozdělení.

- Dataset `ex0222` reprezentuje výsledky průzkumu ve kterém zkoumali hladinu cholesterolu u guatemalských indiánů bydlících na venkově a ve městě.
- Sloupec `Cholesterol` reprezentuje hladinu cholesterolu v mg/l.
- Sloupec `Group` může být nebo **Urban** nebo **Rural**.

- Načteme data pomoci funkce `read_csv()` a podíváme se na data pomoci `display()`.

In [3]:
```
df = pd.read_csv('my_data.csv', sep=';')
display(df)
```

	Cholesterol	Group
0	133	Urban
1	134	Urban
2	155	Urban
3	170	Urban
4	175	Urban
...	...	...
89	204	Rural
90	220	Rural
91	223	Rural
92	226	Rural
93	231	Rural

94 rows × 2 columns

- Budeme mít dvě pozorované skupiny **Rural** a **Urban**. Celkem máme 94 záznamu. Podíváme se na počet záznamu v obou skupinách.

In [4]:
```
df['Group'].value_counts()
```

Out[4]:
```
Rural    49
Urban    45
Name: Group, dtype: int64
```

- Počet pozorování pro skupinu Rural je 49 a pro skupinu Urban je 45
- Rozdělíme původní dataset podle příznaku Group na dvě skupiny Rural a Urban.
- Pomocí funkce `info()` ověříme, že sloupec **Cholesterol** má číselnou reprezentaci(není typu `object`).

In [5]:
```
df_Rural = df[ df['Group']=='Rural']
df_Urban = df[ df['Group']=='Urban']

df_Rural.info()
df_Urban.info()
```

```
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
Int64Index: 49 entries, 45 to 93
Data columns (total 2 columns):
 #   Column       Non-Null Count  Dtype 
---  ------       --------------  ----- 
 0   Cholesterol  49 non-null     int64 
 1   Group        49 non-null     object
dtypes: int64(1), object(1)
memory usage: 1.1+ KB
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
Int64Index: 45 entries, 0 to 44
Data columns (total 2 columns):
 #   Column       Non-Null Count  Dtype 
---  ------       --------------  ----- 
 0   Cholesterol  45 non-null     int64 
 1   Group        45 non-null     object
dtypes: int64(1), object(1)
memory usage: 1.1+ KB
```

Vytvoříme pomocné funkce pro výpočet odhadu střední hodnoty, rozptylu a mediánu

$$\bar{X}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i.$$

- Střední hodnotu odhadneme pomocí výběrového průměru.

In [6]:
```
def SampleMean(data):
    return data['Cholesterol'].mean()
```

$$s_n^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(X_i - \bar{X}_n)^2$$

- Rozptyl odhadneme pomocí výberového rozptylu

In [7]:
```
def SampleVariance(data):
    return data['Cholesterol'].var()
```

- Pomocí metody pandas `median()` odhadneme median

In [8]:
```
def SampleMedian(data):
    return data['Cholesterol'].median()
```

- Využijeme naše funkce na odhad střední hodnoty, rozptylu a mediánu pro skupinu **Rural**

In [9]:
```
print("Odhad střední hodnoty 'Cholesterolu' v Rural: ", SampleMean(df_Rural))
print("Odhad rozptylu 'Cholesterolu' v Rural: ", round(SampleVariance(df_Rural), 2))
print("Odhad mediany 'Cholesterolu' v Rural: ", SampleMedian(df_Rural))
```

```
Odhad střední hodnoty 'Cholesterolu' v Rural:  157.0
Odhad rozptylu 'Cholesterolu' v Rural:  1008.46
Odhad mediany 'Cholesterolu' v Rural:  152.0
```

- Využijeme naše funkce na odhad střední hodnoty, rozptylu a mediánu pro skupinu **Urban**

In [10]:
```
print("Odhad střední hodnoty 'Cholesterolu' v Urban: ", round(SampleMean(df_Urban),2))
print("Odhad rozptylu 'Cholesterolu' v Urban: ", round(SampleVariance(df_Urban),2))
print("Odhad mediany 'Cholesterolu' v Urban: ", SampleMedian(df_Urban))
```

```
Odhad střední hodnoty 'Cholesterolu' v Urban:  216.87
Odhad rozptylu 'Cholesterolu' v Urban:  1593.62
Odhad mediany 'Cholesterolu' v Urban:  206.0
```

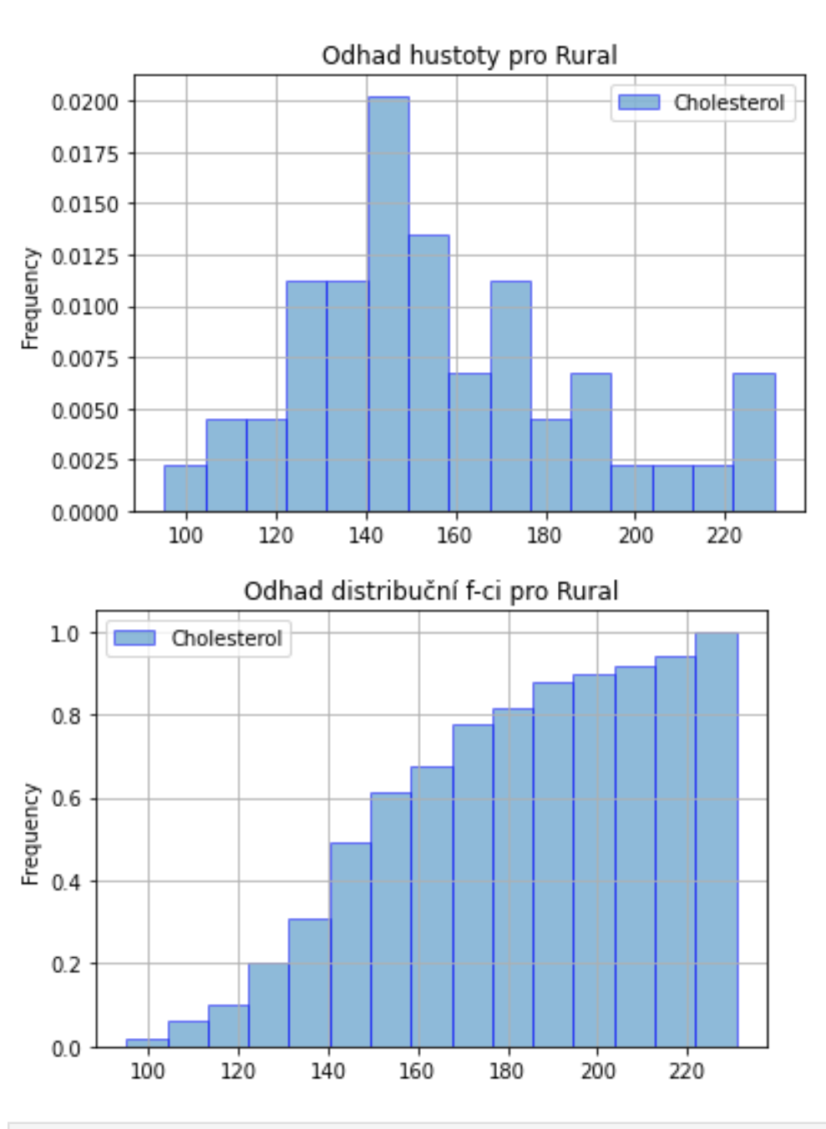
Úloha 2

> Pro každou skupinu zvlášť odhadněte hustotu a distribuční funkci pomocí histogramu a empirické distribuční funkce.

- Odhad hustoty udělame pomocí histogramu. Použijeme na to metodu pandas `plot.hist()` a nastavimé parametr `density=True` aby platila normalizační podminka (škalujeme na interval <0,1>).
- Odhad distribuční funkci udělame pomocí empirické distribuční funkce. Použijeme na to taky metodu pandas `plot.hist()` a navic nastavimé parametr `cumulative=True`.

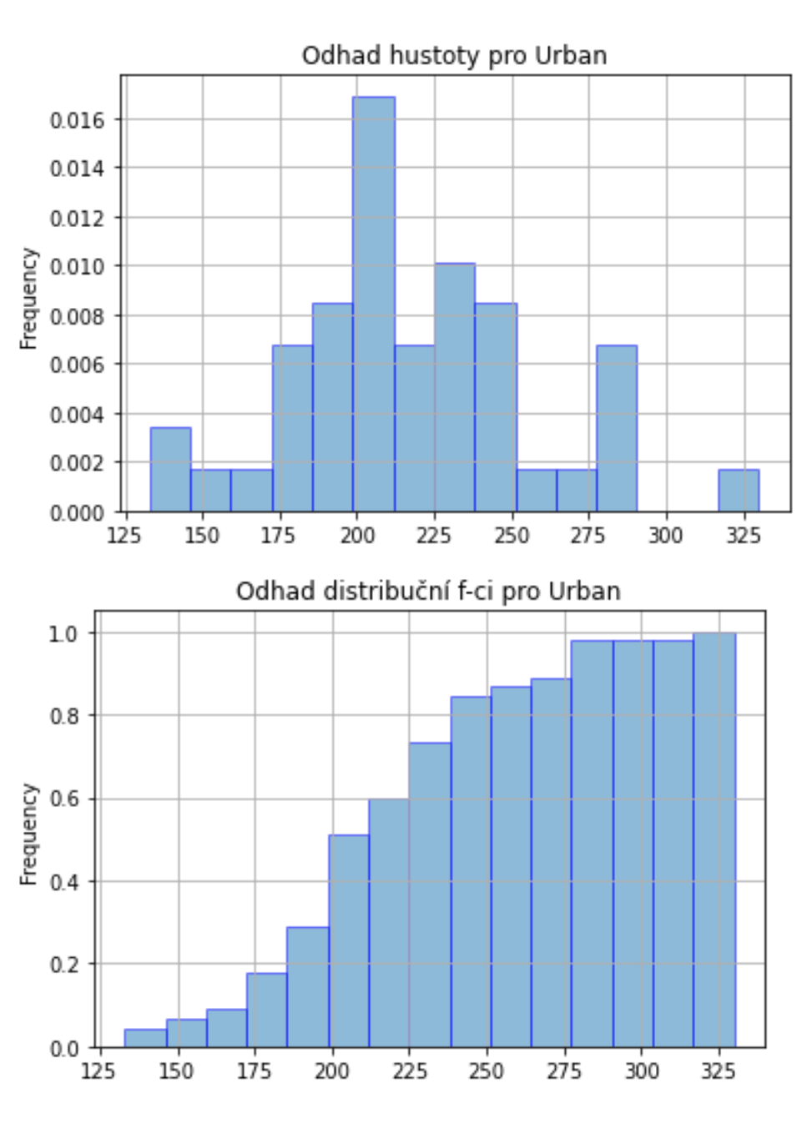
In [11]:
```
df_Rural.plot.hist(bins=15, grid=True, title="Odhad hustoty pro Rural", density=True, edgecolor='b', alpha=0.5)
df_Rural.plot.hist(bins=15, grid=True, title="Odhad distribuční f-ci pro Rural", density=True, cumulative=True,
```

Out[11]:
```
<AxesSubplot:title={'center':'Odhad distribuční f-ci pro Rural'}, ylabel='Frequency'>
```



In [12]:
```
df_Urban.plot.hist(bins=15, legend=False, grid=True, title="Odhad hustoty pro Urban", density=True, edgecolor='
df_Urban.plot.hist(bins=15, legend=False, grid=True, title="Odhad distribuční f-ci pro Urban", density=True, cu
```

Out[12]:
```
<AxesSubplot:title={'center':'Odhad distribuční f-ci pro Urban'}, ylabel='Frequency'>
```



Úloha 3

> Pro každou skupinu zvlášť najděte nejbližší rozdělení: Odhadněte parametry normálního, exponenciálního a rovnoměrného rozdělení. Zaneste příslušné hustoty s odhadnutými parametry do grafů histogramu. Diskutujte, které z rozdělení odpovídá pozorovaným datům nejlépe.

Použijeme metodu **Maximální věrohodnosti** pro odhad parametrů **normalního**, **exponencíalního** a **rovnoměrého** rozdělení.

- Pro normální rozdělení odhadneme **střední hodnotu** pomocí vyběrového průměru a **rozptyl** pomicí vzorečku z přednášky:

$$\hat{\sigma}_n^2 = \hat{\tau}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(X_i - \bar{X}_n)^2.$$

- Máme na to pomocnou funkci `EstimateMean_Std()`

In [13]:
```
# Normální rozdělení
def EstimateMean_Std(data):
    my_sum = 0
    mean = SampleMean(data)
    for i in data['Cholesterol']:
        my_sum += (i-mean)**2
    my_var = my_sum/data['Cholesterol'].count()
    my_std = np.sqrt(my_var)
    return mean, my_std
```

- Funkce `ExploreDeviations()` zobrazí odhadnuté parametry všech rozdělení a nakreslí odpovídající graf.
- Pro nakreclení grafu použiváme metody z scipy.stats `norm.pdf()`, `expon.pdf()` a `uniform.pdf()` z příslušnými parametry. Vysledkem metody `pdf` je množina funkčnich hodnot pro jednotlivé rozdělení.
- Generujeme x-ové souřednicí využitím metody numpy `linespace()` pro jednotlivé rozdělení.

- Parametry normálního rozdělení máme vyřešené nahoře.

$$\mathrm{E}\,X = \frac{1}{\lambda},$$

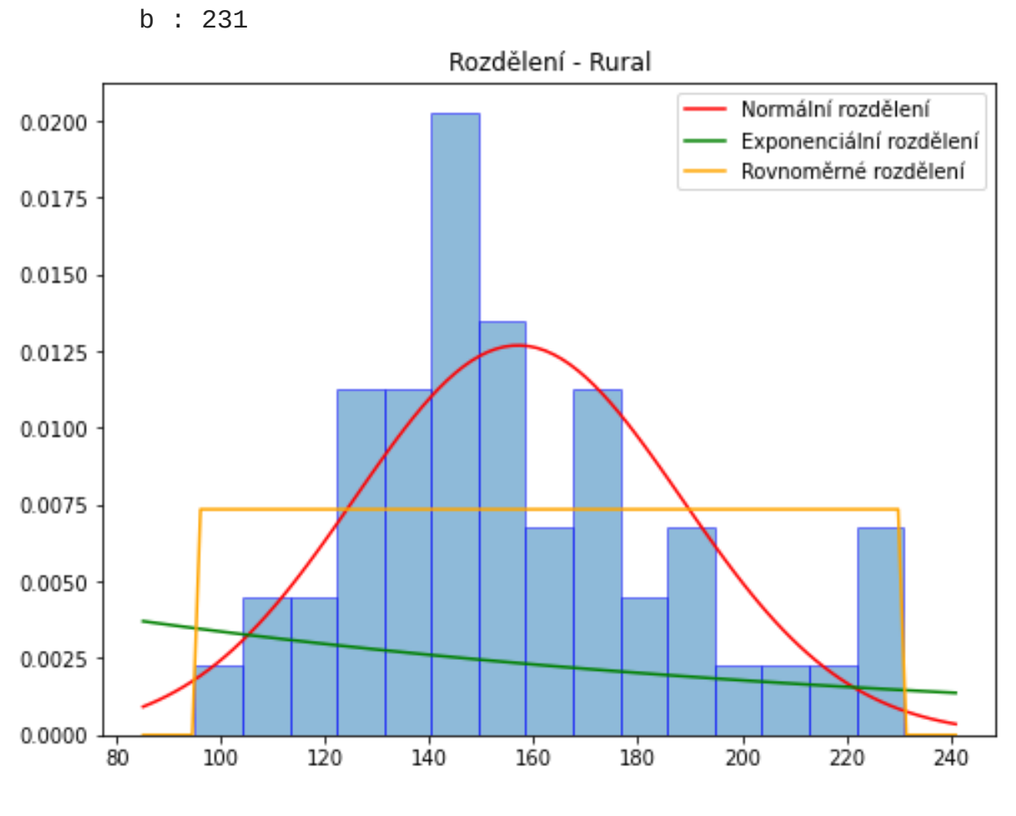
- **Lambdu**, jako parametr exponenciálního rozdělení, najdeme **1/střední hodnota**, což plyné ze vzorcu:
- Parametry **a** a **b** pro Rovnoměrné rozdělení najdeme jako krajní body intervalu pozorovaných dat

In [14]:
```
def ExploreDeviations(data, name):
    f, ax  = plt.subplots(figsize = (8, 6))
    ax.hist(data["Cholesterol"], bins=15, density=True, alpha = 0.5, edgecolor='b')
    ax.set_title("Rozdělení - " + name)

    x = np.linspace(data['Cholesterol'].min()-10, data['Cholesterol'].max()+10, 100)

    #Normální rozdělení
    mean, std = EstimateMean_Std(data)
    print("Normální rozdělení: ")
    print("\tMaximálne věrohodný odhad střední hodnoty -> ", round(mean,2))
    print("\tMaximálne věrohodný odhad rozptylu -> ", std.round(2), "\n")
    y_norm = norm.pdf(x, mean, std)
    ax.plot(x, y_norm, color = 'r', label = "Normální rozdělení")

    #Exp. rozdělení
    my_lambda = 1/mean
    print("Exponenciální rozdělení: ")
    print("\tlambda :", round(my_lambda, 4), "\n")
    y_exp = expon.pdf(x, scale = mean)
    ax.plot(x, y_exp, color = 'g', label = "Exponenciální rozdělení")

    #Rovnoměrné rozdělení
    a = data['Cholesterol'].min()
    b = data['Cholesterol'].max()
    print("Rovnoměrné rozdělení: ")
    print("\ta :", a)
    print("\tb :", b)
    y_unif = uniform.pdf(x, a, b - a)
    ax.plot(x, y_unif, color = 'orange', label = "Rovnoměrné rozdělení")

    ax.legend()
```

- Zavoláme funkci `ExploreDeviations()` pro skupinu **Rural**

In [15]:
```
ExploreDeviations(df_Rural, 'Rural')
```

```
Normální rozdělení:
	Maximálne věrohodný odhad střední hodnoty ->  157.0
	Maximálne věrohodný odhad rozptylu ->  31.43

Exponenciální rozdělení:
	lambda : 0.0064

Rovnoměrné rozdělení:
	a : 95
	b : 231
```

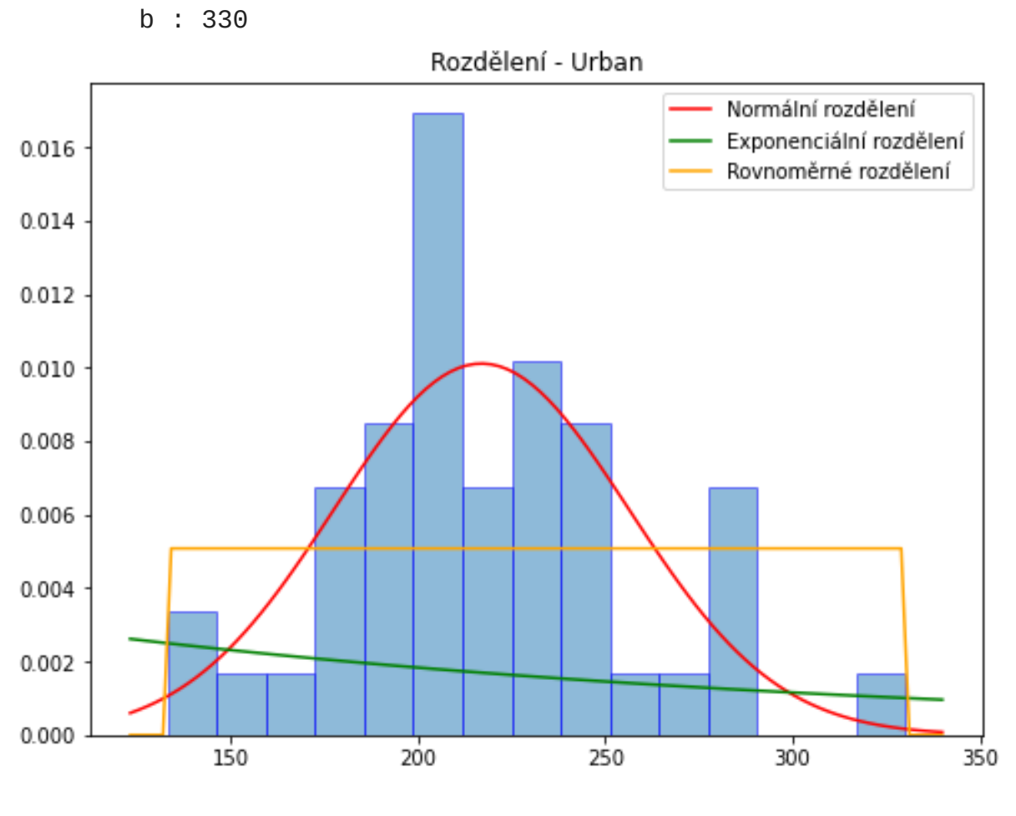


- Z grafu si můžeme všimnout, že **normální rozdělení** co nejlépe popisuje skupinu dat **Rural**.

- Teď zavoláme funkci `ExploreDeviations()` pro skupinu **Urban**

In [16]:
```
ExploreDeviations(df_Urban, 'Urban')
```

```
Normální rozdělení:
	Maximálne věrohodný odhad střední hodnoty ->  216.87
	Maximálne věrohodný odhad rozptylu ->  39.47

Exponenciální rozdělení:
	lambda : 0.0046

Rovnoměrné rozdělení:
	a : 133
	b : 330
```



- Stejným způsobem si můžeme všimnout, že **normální rozdělení** takt co nejlépe popisuje skupinu dat **Urban**.

Úloha 4

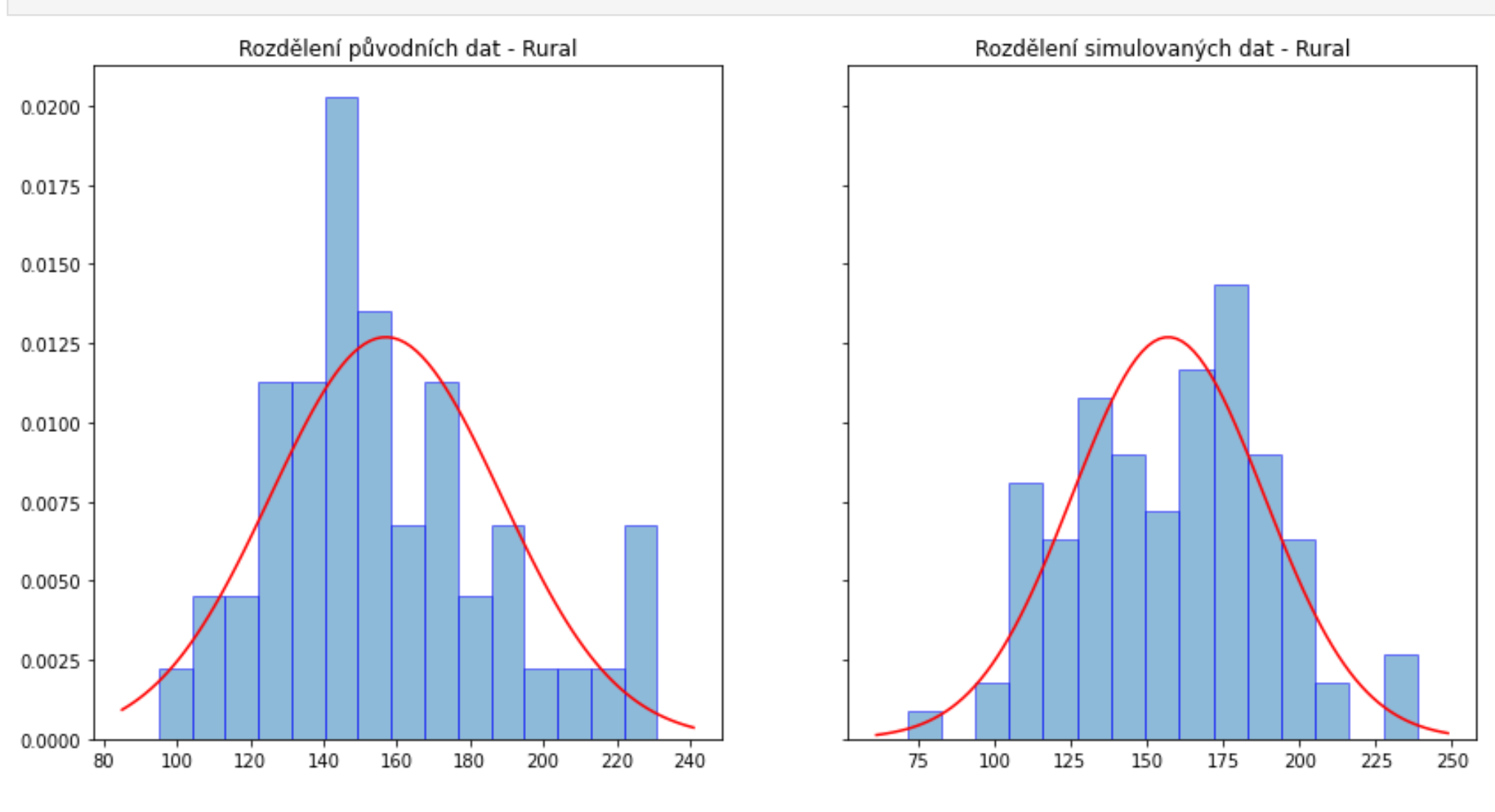
> Pro každou skupinu zvlášť vygenerujte náhodný výběr o 100 hodnotách z rozdělení, které jste zvolili jako nejbližší, s parametry odhadnutými v předchozím bodě. Porovnejte histogram simulovaných hodnot s pozorovanými daty.

- Ve funkci `Simulation()` generujeme náhodný výběr o 100 hodnotách z **normálního rozdělení**, jehož parametry používáme z predchozího bodu.
- Pro zobrazení simulovanáných dat postupujeme stejně jako pro původní data v předchozím bodě.
- Dále kreslíme původní histogram pro **normální rozdělení** a histogram pro **simulovaná data**.

In [17]:
```
def Simulation(data, name):
    fig, (ax1, ax2) = plt.subplots(1, 2, figsize = (14,7), sharey = True)
    mean, std = EstimateMean_Std(data)
    sim_data = np.random.normal(mean, std, 100)

    ax1.hist(data["Cholesterol"], bins=15, density=True, alpha = 0.5, edgecolor='b')
    ax1.set_title("Rozdělení původních dat - " + name)

    x = np.linspace(data['Cholesterol'].min()-10, data['Cholesterol'].max()+10, 100)
    x_sim = np.linspace(sim_data.min()-10, sim_data.max()+10, 100)

    y_norm = norm.pdf(x, mean, std)
    y_norm_sim = norm.pdf(x_sim, mean, std)
    ax1.plot(x, y_norm, color = 'r')

    ax2.set_title("Rozdělení simulovaných dat - " + name)
    ax2.hist(sim_data, bins=15, density=True, alpha = 0.5, edgecolor='b')
    ax2.plot(x_sim, y_norm_sim, color = 'r')
```

- Zavoláme funkci `Simulation()` pro skupinu **Rural**

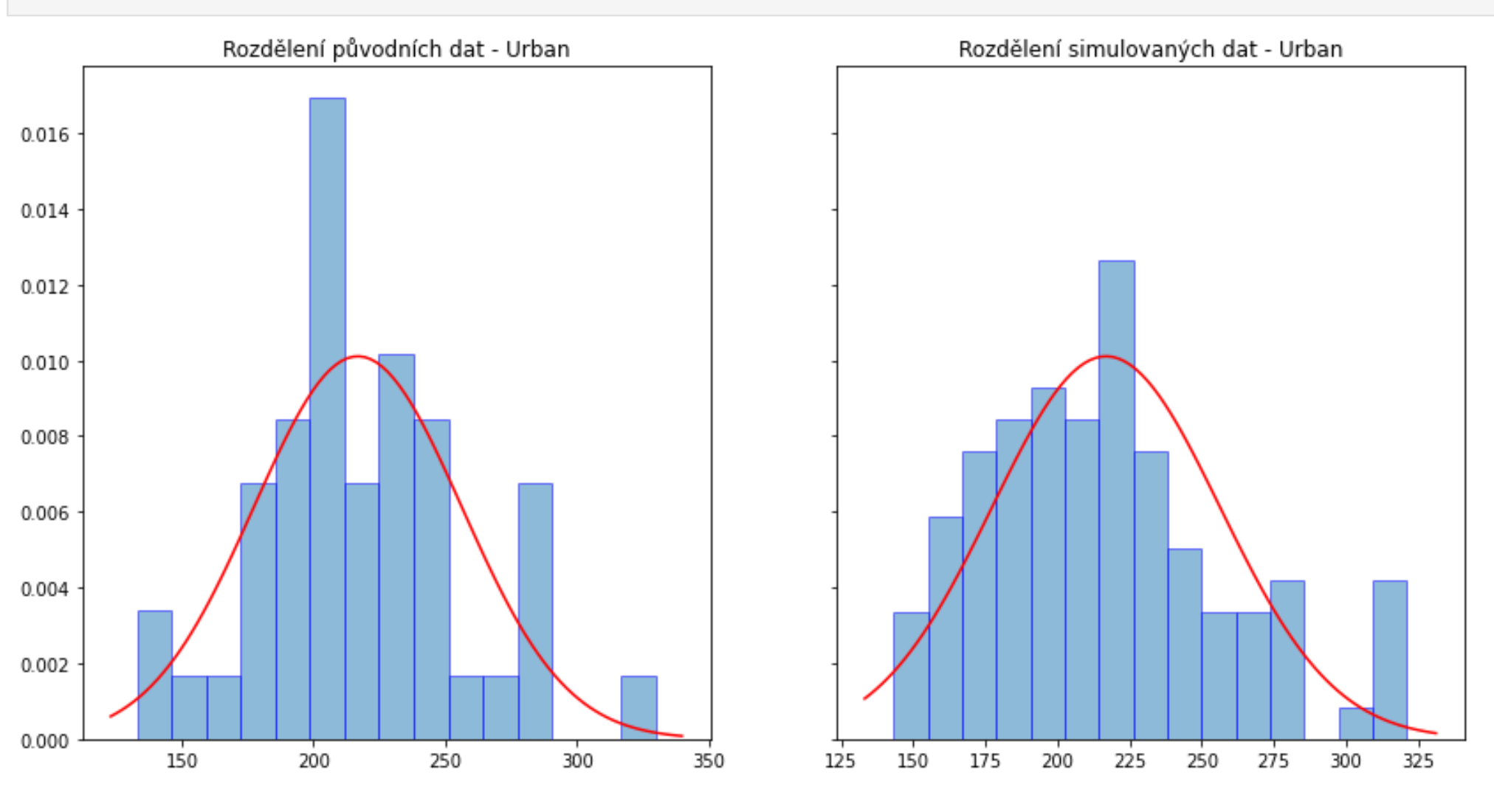
In [18]:
```
Simulation(df_Rural, 'Rural')
```



- Z porovnání histogramu můžeme jistě řict, že data skupiny **Rural** odpovidají normálnímu rozdělení.

- Teď zavoláme funkci `Simulation()` pro skupinu **Urban**

In [19]:
```
Simulation(df_Urban, 'Urban')
```



- Z porovnání histogramu můžeme jistě řict, že data skupiny **Urban** taky odpovidají normálnímu rozdělení.

Úloha 5

> Pro každou skupinu zvlášť spočítejte oboustranný 95% konfidenční interval pro střední hodnotu.

- Vytvoříme pomocnou funkci pro výpočet **výběrové směrodatné odchylky**, využitim metody pandas `std()`, která fnguje podle vzorečku

$$s_n = \sqrt{s_n^2}.$$

In [20]:
```
def SampleStd(data):
    return data['Cholesterol'].std()
```

$$\left(\bar{X}_n - t_{\alpha/2,n-1}\frac{s_n}{\sqrt{n}}\ ,\ \bar{X}_n + t_{\alpha/2,n-1}\frac{s_n}{\sqrt{n}}\right),$$

- Z důvodu, že neznáme rozptzyl budeme používat **Studentovo t-rozdělení**.
- **Alpha** v našem případě **je 0.05** <= `1 - alpha = 0.95`
- Metoda z scipu.stats `t.isf()` vratí nam kritickou hodnotu podle tabulky.
- Použitím vzorečku shora, funkce `ConfInterval()` vratí oboustranný 95% konfidenční interval pro střední hodnotu.

In [21]:
```
def ConfInterval(data, alpha):
    mean = SampleMean(data)
    std = SampleStd(data)
    n = data['Cholesterol'].count()
    critical_val = t.isf(alpha / 2, df = n - 1)
    return (mean - (critical_val * std)/np.sqrt(n) , mean + (critical_val * std)/np.sqrt(n))
```

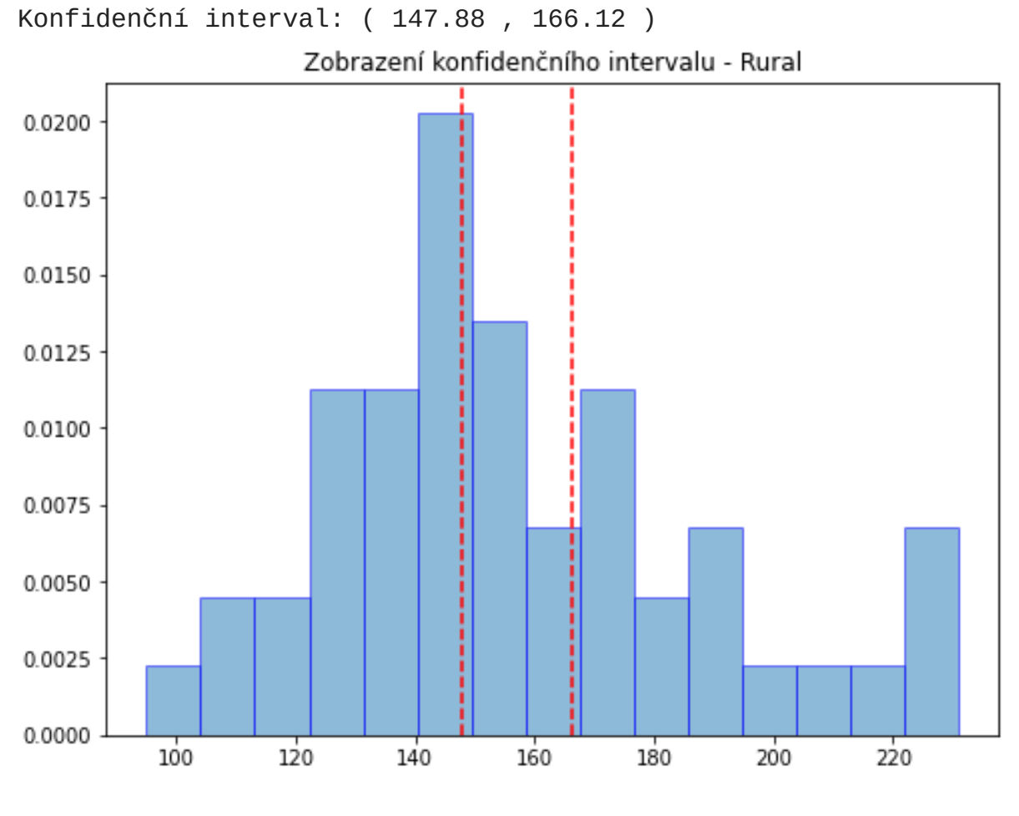
- Tohle je funkce, která vykreslí konfidenční interval pro střední hodnotu.

In [22]:
```
def DisplayInterval(interval, data, name):
    print("Konfidenční interval: (", round(interval[0], 2), ",", round(interval[1], 2), ")")

    f, ax  = plt.subplots(figsize = (8, 6))
    ax.hist(data["Cholesterol"], bins=15, density=True, alpha = 0.5, edgecolor='b')
    ax.set_title("Zobrazení konfidenčního intervalu - " + name)
    ax.axvline(x = interval[0], color = 'r', linestyle = '--')
    ax.axvline(x = interval[1], color = 'r', linestyle = '--')
```

- Spočteme a nakreslíme oboustranný 95% konfidenční interval pro střední hodnotu pro skupinu **Rural**

In [23]:
```
interval = ConfInterval(df_Rural, 0.05)
DisplayInterval(interval, df_Rural, 'Rural')
```

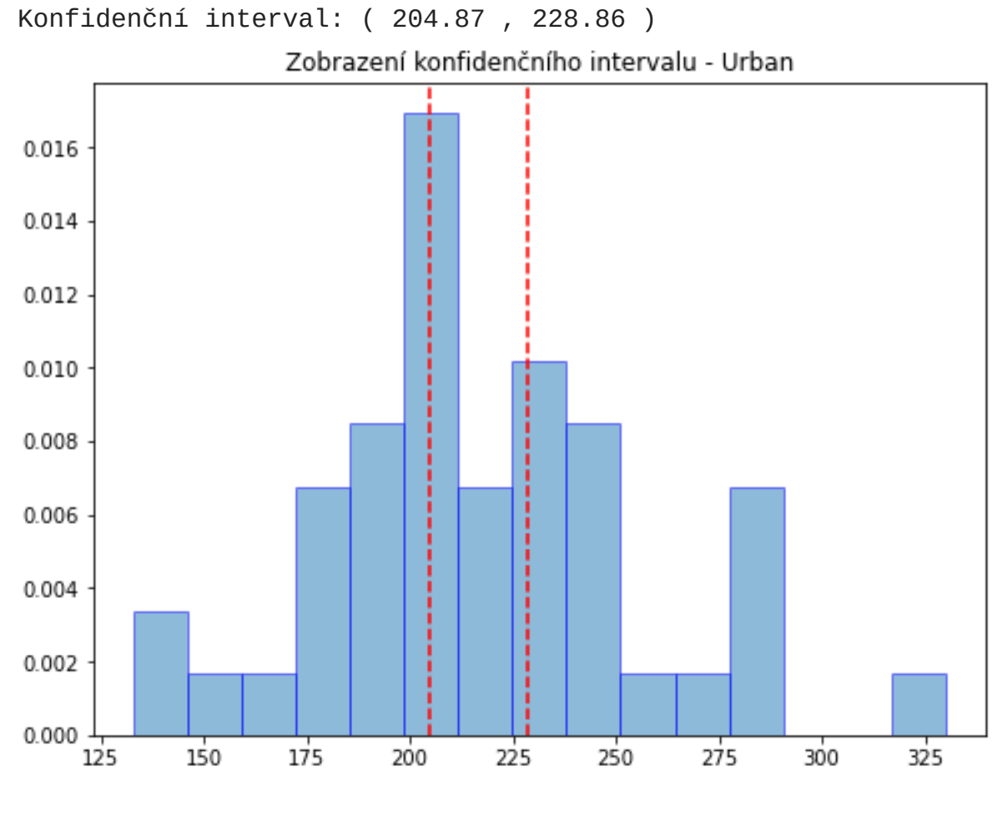
```
Konfidenční interval: ( 147.88 , 166.12 )
```



- Stejným spůsobem spočteme a nakreslíme oboustranný 95% konfidenční interval pro střední hodnotu pro skupinu **Urban**

In [24]:
```
interval = ConfInterval(df_Urban, 0.05)
DisplayInterval(interval, df_Urban, 'Urban')
```

```
Konfidenční interval: ( 204.87 , 228.86 )
```



Úloha 6

> Pro každou skupinu zvlášť otestujte na hladině významnosti 5 % hypotézu, zda je střední hodnota rovná hodnotě K (parametr úlohy), proti oboustranné alternativě. Můžete použít buď výsledek z předešlého bodu, nebo výstup z příslušné vestavěné funkce vašeho softwaru.

- **Pro testování** na hladině významnosti 5 % hypotézy (zda je střední hodnota rovná hodnotě K), **použiváme interval z předchozího bodu**.
- Leží-li hodnota K v konfidenčním intervalu, pak platí nůlová hypotéza (střední hodnota rovná hodnotě K). V opačném případě zamítnemé nůlovou hypotézu ve prospěch alternativy.

In [25]:
```
def IsInInterval(data, K):
    print("\tNůlová hypotéza: K (", K, ") se rovná střední hodnotě (", round(SampleMean(data), 2), ") na hladin
    print("\tAlternativní hypotéza: K se nerovná střední hodnotě na hladině významnosti 5%\n")
    interval = ConfInterval(data, 0.05)
    if (K >= interval[0]) and (K <= interval [1]):
        print("\tNezamítamé nůlovou hypotézu.")
    else:
        print("\tZamítamé nůlovou hypotézu ve prospěch alternativy.")
```

In [26]:
```
print("Pro skupinu 'Rural': ")
IsInInterval(df_Rural, K)
```

```
Pro skupinu 'Rural':
	Nůlová hypotéza: K ( 18 ) se rovná střední hodnotě ( 157.0 ) na hladině významnosti 5%
	Alternativní hypotéza: K se nerovná střední hodnotě na hladině významnosti 5%

	Zamítamé nůlovou hypotézu ve prospěch alternativy.
```

In [27]:
```
print("Pro skupinu 'Urban': ")
IsInInterval(df_Urban, K)
```

```
Pro skupinu 'Urban':
	Nůlová hypotéza: K ( 18 ) se rovná střední hodnotě ( 216.87 ) na hladině významnosti 5%
	Alternativní hypotéza: K se nerovná střední hodnotě na hladině významnosti 5%

	Zamítamé nůlovou hypotézu ve prospěch alternativy.
```

Úloha 7

> Na hladině významnosti 5 % otestujte, jestli mají pozorované skupiny stejnou střední hodnotu. Typ testu a alternativy stanovte tak, aby vaše volba nejlépe korespondovala s povahou zkoumaného problému.

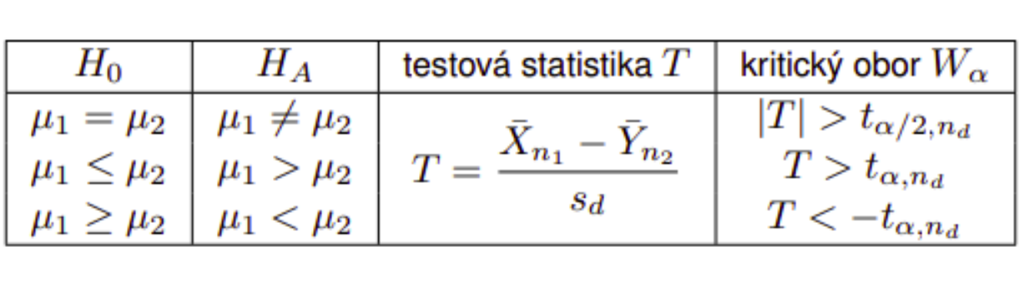
- Pro řešení této úlohy použijeme **dvouvýběrový t-test**.

- Ale nejprvé si musíme prozkoumat rovnost rzptylů dvou skupin.
- Naštěsti naše data pocházi z normálního rozdělení, proto můžeme využit **F-test** pro ověření shodnosti rozptylů.
- Pomocí funkce z knihovny scipy `f.cdf()` provedeme F-test. Na zakladě výsledného p-value rozhodneme o shodnosti rozptylů. Pokud **p-value bude větší než alpha(0.05) zamítneme nůlovou hypotézu** o shodnosti rozptylů.

In [28]:
```
var_Rural = SampleVariance(df_Rural)
var_Urban = SampleVariance(df_Urban)
alpha = 0.05

F = var_Rural/var_Urban
df1 = df_Rural['Cholesterol'].count() - 1
df2 = df_Urban['Cholesterol'].count() - 1

p_value = f.cdf(F, df1, df2)
print("p-value F testu: ", p_value.round(3))
if p_value > alpha:
    print("Zamítamé nůlovou hypotézu o shodosti rozptylů")
else:
    print("Nezamítamé nůlovou hypotézu o shodosti rozptylů")
```

```
p-value F testu:  0.061
Zamítamé nůlovou hypotézu o shodosti rozptylů
```

- V případě neshodnosti rozptylů, poůživáme dvouvýběrovy t-test pro případ nerovnosti rozptylů.



H_0	H_A	testová statistika T	kritický obor W_α
$\mu_1 = \mu_2$	$\mu_1 \neq \mu_2$	$T = \dfrac{\bar{X}_{n_1} - \bar{Y}_{n_2}}{s_d}$	$\lvert T\rvert > t_{\alpha/2,n_d}$
$\mu_1 \leq \mu_2$	$\mu_1 > \mu_2$		$T > t_{\alpha,n_d}$
$\mu_1 \geq \mu_2$	$\mu_1 < \mu_2$		$T < -t_{\alpha,n_d}$

- Kde $s_d = \sqrt{\dfrac{s_X^2}{n_1} + \dfrac{s_Y^2}{n_2}},$
- $n_d = \dfrac{s_d^4}{\frac{1}{n_1-1}\left(\frac{s_X^2}{n_1}\right)^2 + \frac{1}{n_2-1}\left(\frac{s_Y^2}{n_2}\right)^2}$

In [29]:
```
print("Nůlová hypotéza: ", SampleMean(df_Rural), " = ", round(SampleMean(df_Urban), 2))
```

```
Nůlová hypotéza:  157.0  =  216.87
```

In [30]:
```
n1 = df_Rural['Cholesterol'].count()
n2 = df_Urban['Cholesterol'].count()
var_Urban/n2

s_d = np.sqrt(var_Rural/n1 + var_Urban/n2)
n_d = (s_d**4)/( (1/(n1-1)) * (var_Rural/n1)**2  + (1/(n2-1)) * (var_Urban/n2)**2 )

t_critical_val = t.isf(alpha/2, df = n_d)
print("Critical value t = ", round(t_critical_val, 5))

T = (SampleMean(df_Rural) - SampleMean(df_Urban))/s_d
print("|T| = ", round(abs(T), 5), "\n")

if (abs(T) > t_critical_val):
    print(round(abs(T), 5), " > ", round(t_critical_val, 5))
    print("Zamítame nůlovou hypotézu o shodnosti průměrů dvou testovacích skupin.")
else:
    print(round(abs(T), 5), " < ", round(t_critical_val, 5))
    print("Nezamítame nůlovou hypotézu o shodnosti průměrů dvou testovacích skupin.")
```

```
Critical value t =  1.98861
|T| =  8.00041

8.00041  >  1.98861
Zamítame nůlovou hypotézu o shodnosti průměrů dvou testovacích skupin.
```