

Analiza Przeżycia

Raport 1

Wiktor Niedźwiedzki (258882) Filip Michewicz (282239)

6 listopada 2025 Anno Domini

Spis treści

1	Lista 1	3
1.1	Zadanie 1	3
1.1.1	Funkcja gęstości	3
1.1.2	Dystrybuanta	3
1.1.3	Funkcja kwantylowa (dystrybuanta odwrotna)	4
1.1.4	Funkcja hazardu	4
1.2	Zadanie 2	5
1.3	Zadanie 3	6
1.4	Zadanie 4	7
1.5	Zadanie 5	8
1.6	Zadanie dodatkowe 1	9
1.6.1	Metoda parabol	10
1.6.2	Metoda Monte Carlo	11
1.6.3	Wyniki	11
1.7	Zadanie dodatkowe 2	12
2	Lista 2	13
2.1	Zadanie 1	13
2.1.1	Cenzurowanie I typu	13
2.1.2	Cenzurowanie II typu	14
2.1.3	Cenzurowanie losowe	15
2.2	Zadanie 2	16
2.3	Zadanie 3	17
3	Lista 3	19
3.1	Zadanie 1	19
3.1.1	Estymacja punktowa	19

3.1.2	Estymacja przedziałowa	20
3.2	Zadanie 2	23
3.2.1	Estymacja punktowa	23
3.2.2	Estymacja przedziałowa	24
3.3	Zadanie 3	26
3.4	Zadanie dodatkowe 1	28
3.5	Zadanie dodatkowe 2	28
3.5.1	Estymacja punktowa	28
3.5.2	Estymacja przedziałowa	29
3.6	Zadanie dodatkowe 3	29
4	Lista 4	30
4.1	Zadanie 1	30
4.2	Zadanie 2	32
4.3	Zadanie 3	33
4.4	Zadanie dodatkowe	34

Spis wykresów

1	Funckja hazardu - rozkład rozszerzony Weibulla - przykładowe parametry	6
2	Histogram i gęstość teoretyczna dla próby z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha = 1, \beta = 2, \gamma = 1)$	
	- liczność prób n = 50 oraz n = 100	7
3	Histogram i gęstość teoretyczna dla próby z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha = \frac{1}{2}, \beta = 1, \gamma = 4)$	
	- liczność prób n = 50 oraz n = 100	8

Spis tabel

1	Podstawowe statystyki opisowe prób z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$	9
2	Wartości oczekiwane rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla wybranych parametrów	11
3	Wariancje rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla wybranych parametrów	12
4	Podstawowe statystyki opisowe danych cenzurowanych wygenerowanych z rozkładu $\mathcal{GE}(1, 1.5)$	17
5	Podstawowe statystyki opisowe danych czasu remisji choroby po stosowaniu leku A lub leku B - dane cenzurowane I typu	18
6	Przedziały ufności dla danych cenzurowanych I typu - różne poziomy ufności .	22
7	Przedziały ufności dla danych cenzurowanych II typu - różne poziomy ufności	25
8	Porównanie estymatorów $\hat{\vartheta}$ oraz $\tilde{\vartheta}$	28
9	Wyniki symulacji mocy testu dwustronnego	33
10	Testowanie hipotezy dwustronnej na danych rzeczywistych	34

1 Lista 1

Lista pierwsza obejmuje analizę wykładniczego rozkładu Weibulla $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$; definicje jego funkcji, generowanie danych, wizualizację oraz porównanie statystyk empirycznych i teoretycznych.

1.1 Zadanie 1

Zadanie polega na deklaracji:

- funkcji gęstości,
- dystrybuanty,
- funkcji kwantylowej,
- funkcji hazardu,

wykładniczego rozkładu Weibulla $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$.

1.1.1 Funkcja gęstości

Na wykładzie została podana funkcja gęstości rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$, wyrażana wzorem:

$$f(x) = \frac{\alpha\gamma}{\beta} \left(\frac{x}{\beta} \right)^{\alpha-1} \left(1 - \exp \left(- \left(\frac{x}{\beta} \right)^\alpha \right) \right)^{\gamma-1} \exp \left(- \left(\frac{x}{\beta} \right)^\alpha \right) \mathbf{1}_{(0; \infty)}(x)$$

Odpowiadający tej funkcji gęstości kod w języku Python ma postać:

```
def EW_density(x, alpha, beta, gamm):
    return(alpha * gamm / beta * (x / beta)**(alpha - 1) *
          (1 - np.exp(-(x / beta)**alpha))**(gamm - 1) *
          np.exp(-(x / beta)**alpha))
```

1.1.2 Dystrybuanta

Na wykładzie została podana dystrybuanta rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$, która wyrażona jest wzorem:

$$F(t) = \left(1 - \exp \left(- \left(\frac{x}{\beta} \right)^\alpha \right) \right)^\gamma \mathbf{1}_{(0; \infty)}(t)$$

Odpowiadający tej dystrybuancie kod w języku Python przedstawiono poniżej.

```
def EW_distribution(t, alpha, beta, gamm):
    return (1 - np.exp(-(t / beta)**alpha))**gamm
```

1.1.3 Funkcja kwantylowa (dystrybuanta odwrotna)

Funkcja kwantylowa została wyznaczona z dystrybuanty jako funkcja do niej odwrotna. Oznacza to, że dla danej wartości prawdopodobieństwa $p \in (0, 1)$ szukamy takiej wartości t , dla której $F(t) = p$.

Punktem wyjścia jest dana dystrybuanta: $F(t) = \left(1 - \exp\left(-\left(\frac{t}{\beta}\right)^\alpha\right)\right)^\gamma$

Podstawiamy $F(t) = p$ i rozwiązujemy równanie względem t :

$$\begin{aligned} p &= \left(1 - \exp\left(-\left(\frac{t}{\beta}\right)^\alpha\right)\right)^\gamma \\ p^{1/\gamma} &= 1 - \exp\left(-\left(\frac{t}{\beta}\right)^\alpha\right) \\ \exp\left(-\left(\frac{t}{\beta}\right)^\alpha\right) &= 1 - p^{1/\gamma} \\ \left(\frac{t}{\beta}\right)^\alpha &= -\ln(1 - p^{1/\gamma}) \\ t^\alpha &= \beta^\alpha (-\ln(1 - p^{1/\gamma})) \\ t &= \beta [-\ln(1 - p^{1/\gamma})]^{1/\alpha} \\ Q(p) &= \beta [-\ln(1 - p^{1/\gamma})]^{1/\alpha} \end{aligned}$$

Otrzymana funkcja jest funkcją kwantylową (odwrotnością dystrybuanty) rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ i pozwala dla zadanego prawdopodobieństwa p wyznaczyć wartość dystrybuanty t .

Odpowiadający tej funkcji kantylowej kod w języku Python ma postać:

```
def EW_quantile(p, alpha, beta, gamm):
    return beta * (-np.log(1.0 - p**(1.0 / gamm)))**(1.0 / alpha)
```

1.1.4 Funkcja hazardu

Funkcja hazardu rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ wyrażona jest wzorem:

$$h(x) = \frac{f(x)}{1 - F(x)} = \frac{\alpha\gamma\left(\frac{x}{\beta}\right)^{\alpha-1} \left(1 - \exp\left(-\left(\frac{x}{\beta}\right)^\alpha\right)\right)^{\gamma-1} \exp\left(-\left(\frac{x}{\beta}\right)^\alpha\right)}{\beta \left(1 - \left(1 - \exp\left(-\left(\frac{x}{\beta}\right)^\alpha\right)\right)^\gamma\right)} \mathbf{1}_{(0;\infty)}(x)$$

Odpowiadający tej funkcji gęstości kod w języku Python ma postać:

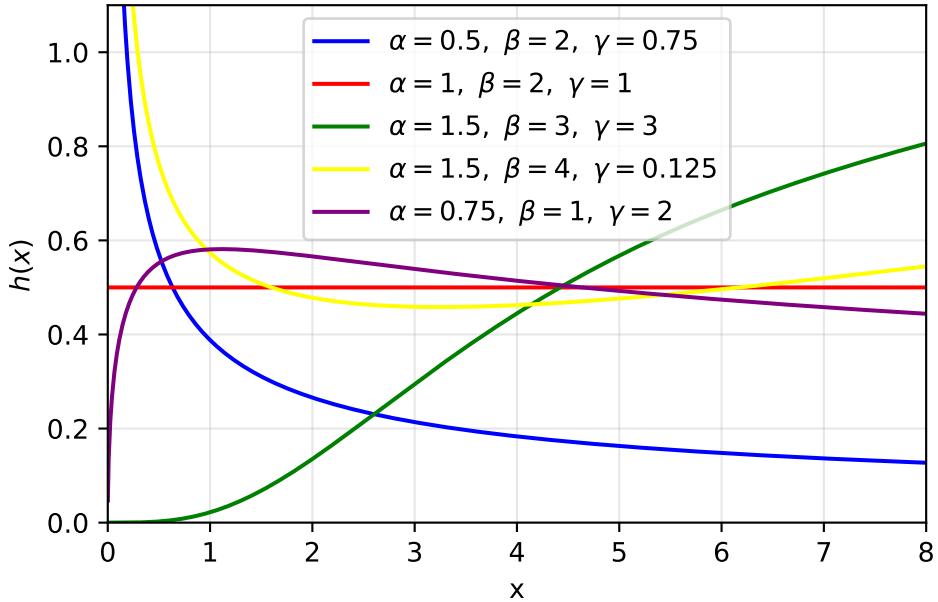
```
def EW_hazard(x, alpha, beta, gamm):
    f = EW_density(x, alpha, beta, gamm)
    F = EW_distribution(x, alpha, beta, gamm)
    if F == 1:
        return np.inf
    return f / (1 - F)
```

1.2 Zadanie 2

W tym zadaniu wygenerowano wykresy przykładowych funkcji hazardu rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla 5 różnych trójków parametrów.

Użyte parametry są następujące:

- $\alpha = \frac{1}{2}, \beta = 2, \gamma = \frac{3}{4}$,
- $\alpha = 1, \beta = 2, \gamma = 1$,
- $\alpha = \frac{3}{2}, \beta = 3, \gamma = 3$,
- $\alpha = \frac{3}{2}, \beta = 4, \gamma = \frac{1}{8}$,
- $\alpha = \frac{3}{4}, \beta = 1, \gamma = 2$.



Wykres 1: Funkcja hazardu - rozkład rozszerzony Weibulla - przykładowe parametry

[Wykres 1.](#) przedstawia funkcję hazardu rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla pięciu różnych trójków parametrów. Widać, że w zależności od doboru parametrów funkcja hazardu może być malejąca, rosnąca, stała, unimodalna lub przyjmować kształt „wanny”.

1.3 Zadanie 3

W tym zadaniu skonstruowano funkcję generującą zmienne losowe z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$. W zadaniu 1. została wyznaczona funkcja kwantylowa $F^{-1}(p)$, dlatego korzystając z metody dystrybuanty odwrotnej można wygenerować zmienne losowe w następujący sposób:

1. Generujemy zmienną losową z rozkładu jednostajnego $U_i \sim \mathcal{U}(0, 1)$,
2. Obliczamy $X_i = F^{-1}(U_i)$.

Otrzymana zmienna losowa X_i ma rozkład jednoznacznie określony przez dystrybuantę $F(t)$, czyli w naszym przypadku przez dystrybuantę rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie realizujący ten algorytm.

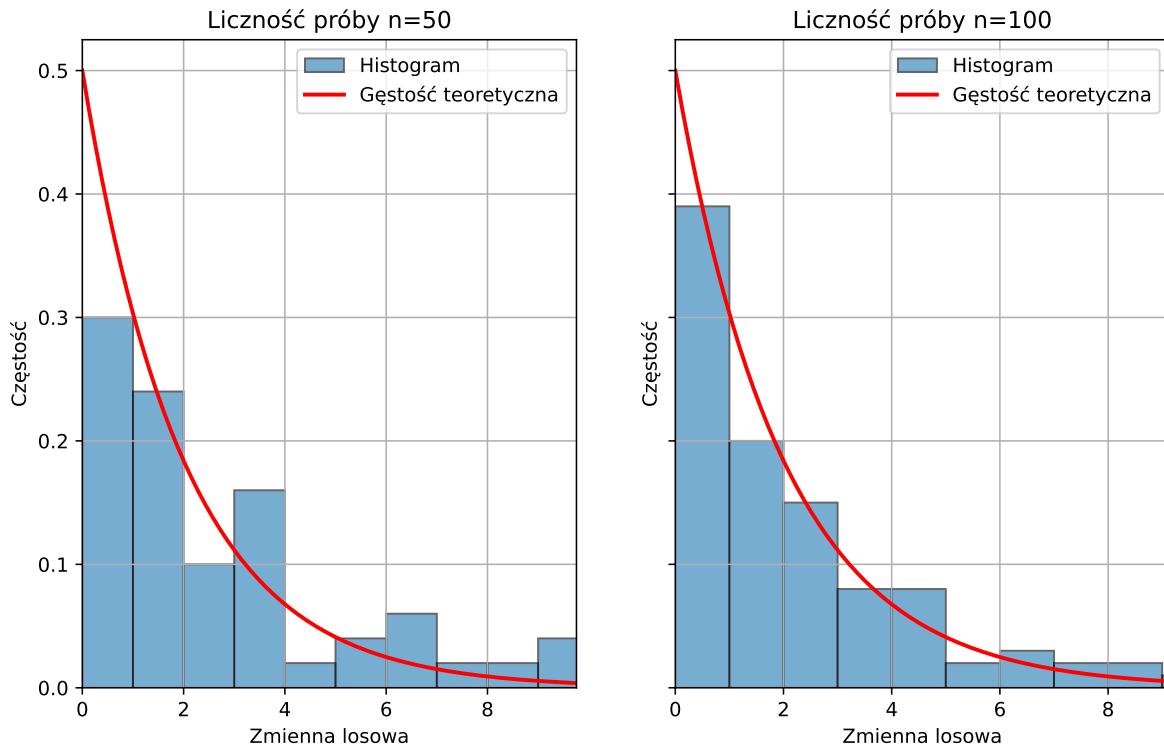
```
def EW_generator(alpha, beta, gamm, size=1):
    u = np.random.rand(size)
    return(EW_quantile(u, alpha, beta, gamm))
```

1.4 Zadanie 4

W tym zadaniu wygenerowano realizację próby z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ o liczności $n = 50$ oraz $n = 100$ dla następujących parametrów:

- $\alpha = 1, \beta = 2, \gamma = 1,$
- $\alpha = \frac{1}{2}, \beta = 1, \gamma = 4.$

Wyniki przedstawiono na poniższych wykresach.

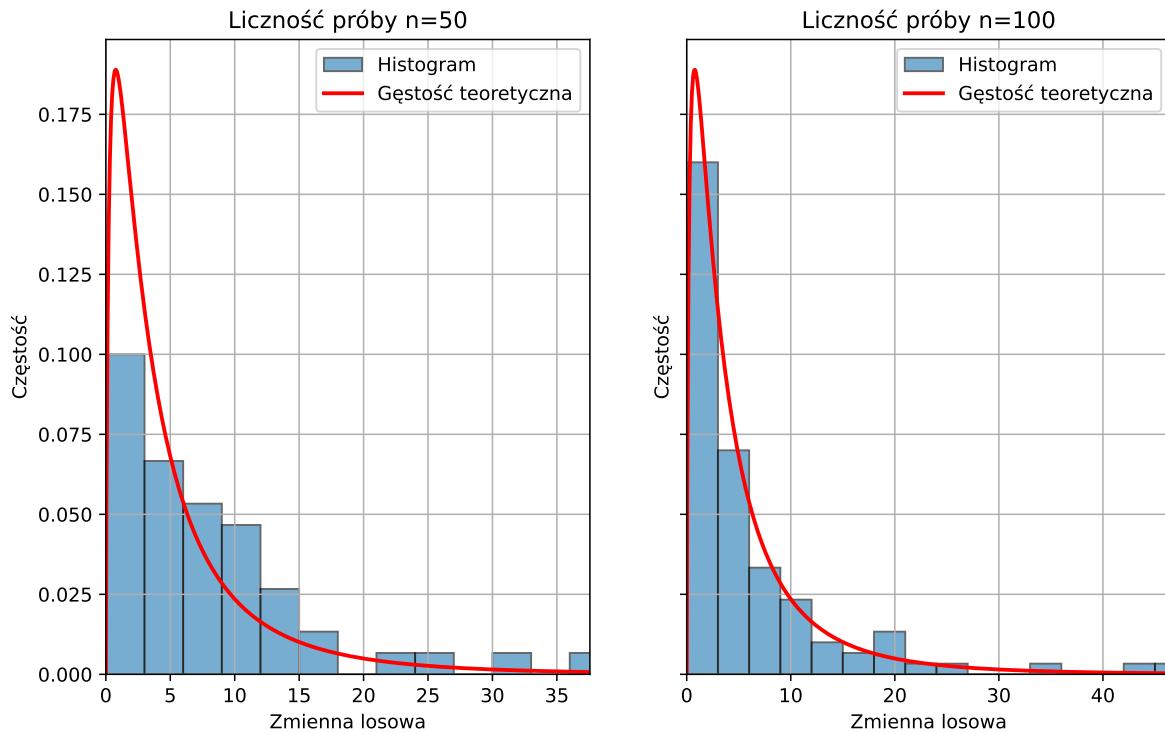


Wykres 2: Histogram i gęstość teoretyczna dla próby z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha = 1, \beta = 2, \gamma = 1)$ - liczność prób $n = 50$ oraz $n = 100$

Z [Wykresu 2](#). można odczytać, że histogram próby jest bardzo podobny do funkcji gęstości, jednak pewne różnice wynikają z małej liczności próby $n = 50$ - w tym przypadku Prawo Wielkich Liczb jeszcze nie zapewnia dokładnego przybliżenia rozkładu prawdopodobieństwa.

Dla większej próby $n = 100$ dopasowanie histogramu do gęstości wygląda lepiej, choć nadal widać drobne odchylenia.

Mimo to można stwierdzić, że kod poprawnie generuje zmienne losowe z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$, co potwierdza wizualne porównanie histogramu z krzywą funkcji gęstości.



Wykres 3: Histogram i gęstość teoretyczna dla próby z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha = \frac{1}{2}, \beta = 1, \gamma = 4)$ - liczność prób $n = 50$ oraz $n = 100$

Na [Wykresie 3.](#), podobnie jak na [Wykresie 2.](#), histogram próby jest bardzo podobny do funkcji gęstości, choć nadal widać pewne odchylenia wynikające z ograniczonej liczności próby $n = 50$ lub $n = 100$.

Tym razem zakres wartości, z którego wylosowały się zmienne losowe, jest większy, jednak liczność próby pozostała bez zmian.

Mimo zmiany parametrów rozkładu, histogram nadal wizualnie przypomina funkcję gęstości, co stanowi dodatkowe potwierdzenie poprawnego działania algorytmu generującego zmienne losowe z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$.

1.5 Zadanie 5

W tym zadaniu wyznaczono podstawowe statystyki opisowe (zarówno teoretyczne, jak i empiryczne) dla prób wygenerowanych w poprzednim zadaniu.

Tabela 1: Podstawowe statystyki opisowe prób z rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$

α	1	1	0.5	0.5
β	2	2	1	1
γ	1	1	4	4
Liczność próby	50	100	50	100
Średnia (emp.)	2.6603	2.1874	7.9032	6.3159
Medianą (emp.)	1.9365	1.4298	5.869	3.2041
Medianą (teor.)	1.3863	1.3863	3.379	3.379
Odchylenie standardowe	2.5294	2.1203	7.812	8.2483
Kwartyl dolny (emp.)	0.613	0.6103	2.6156	1.4636
Kwartyl dolny (teor.)	0.5754	0.5754	1.5079	1.5079
Kwartyl górny (emp.)	3.5458	3.1	10.307	7.2056
Kwartyl górny (teor.)	2.7726	2.7726	7.1179	7.1179
Rozstęp	9.7528	9.1201	37.2814	46.4645
Rozstęp międzykwartylowy (emp.)	2.9327	2.4897	7.6914	5.742
Rozstęp międzykwartylowy (teor.)	2.1972	2.1972	5.61	5.61
Minimum	0.0044	0.014	0.2808	0.0532
Maksimum	9.7572	9.1341	37.5623	46.5178

Z Tabeli 1. można odczytać, że wartości statystyk empirycznych (średnia, mediana, odchylenie standardowe, kwartyle) w przybliżeniu odpowiadają wartościom teoretycznym, choć dla mniejszych prób $n = 50$ różnice są bardziej widoczne. Wynika z tego, że im większe n , tym lepsze przybliżenie rozkładu dostajemy.

1.6 Zadanie dodatkowe 1

W tym zadaniu zadeklarowane zostały funkcje do liczenia wartości oczekiwanej oraz wariancji zmiennej losowej o rozkładzie $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$, który jest absolutnie ciągły. Z tego powodu można zdefiniować ogólny wzór na n-ty moment oraz wariancję jako:

$$\mathbb{E}[X^n] = \int_{\mathbb{R}} x^n f(x) dx,$$

$$Var[X] = \mathbb{E}[X^2] - (\mathbb{E}[X])^2$$

Nie istnieją wzory analityczne na wyliczenie tych całek dla wykładniczego rozkładu Weibulla, zatem otrzymane wartości porównywano z wbudowaną funkcją `scipy.integrate.quad`. Dla jak najlepszej dokładności wyników, przedziałem całkowania będzie $[0; Q(0.999)]$, gdzie $Q(\cdot)$ - funkcja kwantylowa. Całka została policzona metodą Simpsona.

1.6.1 Metoda parabol

```
def simpson_rule(a, b, function, n):

    if n%2 != 0: raise Exception("The number of intervals must be even.")

    x_points = np.linspace(a, b, n+1)
    y_points = []
    for i in x_points: y_points.append(function(i))

    h = (b-a)/(n)
    integral = 0
    integral += y_points[0]
    even = False

    for i in range(1, n):
        if even:
            integral += 2*y_points[i]
            even = False
        else:
            integral += 4*y_points[i]
            even = True

    integral += y_points[n]
    integral = h*integral/3

    return(integral)

def expected_value_simpson(alpha, beta, gamma, moment = 1):
    quan = EW_quantile(0.9999, alpha, beta, gamma)
    intervals = floor(quan/0.01)
    if intervals % 2 != 0: intervals += 1
    return(simpson_rule(0.001, quan,
                        lambda x: x**moment * EW_density(x, alpha, beta, gamma),
                        intervals))

def variance_simpson(alpha, beta, gamma):
    return(expected_value_simpson(alpha, beta, gamma, 2) -
           expected_value_simpson(alpha, beta, gamma)**2)
```

1.6.2 Metoda Monte Carlo

W metodzie skorzystano z Mocnego Prawa Wielkich Liczb, ponieważ rozkład $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ jest dodatni i ma skończone momenty pierwszego i drugiego rzędu, dzięki czemu średnia i wariancja próbkowa z niezależnych prób zbiega prawie na pewno do wartości oczekiwanej i wariancji rozkładu, co uzasadnia zastosowanie symulacji Monte Carlo.

Poniżej przedstawiono kod w języku Python, który przeprowadza symulację Monte Carlo w celu przybliżonego oszacowania wartości oczekiwanej oraz wariancji rozkładu.

```
parameters = [(1, 2, 1),
               (1/2, 1, 4)]

n_sim = 100000000
ew_MC = []
var_MC = []

for alpha, beta, gamm in parameters:
    sample = EW_generator(alpha, beta, gamm, n_sim)

    ew_MC.append(np.mean(sample))
    var_MC.append(np.var(sample, ddof=1))
```

1.6.3 Wyniki

Tabela przedstawia wyniki uzyskane metodą parabol, metodą Monte Carlo oraz przy użyciu funkcji `scipy.integrate.quad`. Dla weryfikacji poprawności obliczeń można dobrać parametry tak, aby rozkład przyjmował postać klasycznego wykładniczego lub rozszerzonego wykładniczego, a następnie porównać wartości obliczone numerycznie z wynikami analitycznymi.

Tabela 2: Wartości oczekiwane rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla wybranych parametrów

Metoda	$\alpha=1, \beta=2, \gamma=1$	$\alpha=0.5, \beta=1, \gamma=4$
Parabol	1.99796	5.75034
Monte Carlo	2.00003	5.76338
SciPy	1.99796	5.75034

Tabela 3: Wariancje rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla wybranych parametrów

Metoda	$\alpha=1, \beta=2, \gamma=1$	$\alpha=0.5, \beta=1, \gamma=4$
Parabol	3.96606	53.1256
Monte Carlo	3.99761	54.8623
SciPy	3.96606	53.1256

W [Tabeli 2.](#) i [Tabeli 3.](#) przedstawiono wartości oczekiwane oraz wariancje rozkładu $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ dla wybranych parametrów; widać, że wszystkie zastosowane metody numeryczne dają bardzo zbliżone wyniki, co potwierdza ich poprawność i stabilność estymacji.

1.7 Zadanie dodatkowe 2

TO DO

2 Lista 2

Lista 2 obejmuje generowanie danych cenzurowanych z rozkładu uogólnionego wykładniczego $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$ oraz opis statystyk opisowych zarówno dla wygenerowanych danych cenzurowanych, jak i dla podanych danych cenzurowanych.

2.1 Zadanie 1

W tym zadaniu zadeklarujemy funkcje do prawostronnego cenzurowania danych kompletnych: cenzurowanie typu I, typu II oraz losowe. Chociaż zadanie dotyczy głównie danych z rozkładu $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$, funkcje te można łatwo rozszerzyć na prawostronne cenzurowane dane z dowolnego rozkładu, podając zamiast parametrów $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$ dane kompletne. Pozwoli to potencjalnie na analizę i symulację cenzurowanych danych w szerszym kontekście.

W kontekście zadania łatwo widać, że rozkład uogólniony wykładniczy $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$ jest szczególnym przypadkiem rozkładu wykładniczego Weibulla $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ gdzie,

$$\mathcal{GE}(\lambda, \alpha) = \mathcal{EW}(1, \lambda, \alpha)$$

Dlatego też dane z tego rozkładu można generować za pomocą funkcji z Listy 1. Zadania 3.

Podobnie rozkład wykładniczy $\mathcal{E}(\lambda)$ jest szczególnym przypadkiem uogólnionego rozkładu wykładniczego $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$, a tym samym rozkładu Weibulla $\mathcal{EW}(\alpha, \beta, \gamma)$ gdzie,

$$\mathcal{E}(\lambda) = \mathcal{GE}(\lambda, 1) = \mathcal{EW}(1, \lambda, 1)$$

Informację na temat danych cenzurowanych będziemy zawierać w tzw. indyktorze cenzurowania:

$$\delta_i = \begin{cases} 1, & \text{jeśli dane są kompletne (necenzurowane),} \\ 0, & \text{jeśli dane są niekompletne (cenzurowane).} \end{cases}$$

2.1.1 Cenzurowanie I typu

Cenzurowanie typu I polega na niewyznaczaniu wartości zmiennej losowej powyżej pewnego czasu t_0 . Oznacza to, że jeśli X_i przekracza t_0 , to jest ona zastępowana przez t_0 .

Niech X_i oznacza zaobserwowane czasy życia. Wówczas zmienne losowe po cenzurowaniu definiuje się jako:

$$T_i = \begin{cases} X_i, & X_i \leq t_0 \quad (\delta_i = 1), \\ t_0, & X_i > t_0 \quad (\delta_i = 0), \end{cases} \quad \text{czyli} \quad T_i = \min(X_i, t_0).$$

gdzie δ_i jest indykatorem cenzurowania.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie realizujący censorowanie I typu dla dowolnych danych:

```
def cenzurowanie_I_typu(t_0, data):
    size = len(data)

    censored_data = []
    deltas = []

    for x in data:
        if x <= t_0:
            censored_data.append(x)
            deltas.append(1)
        else:
            censored_data.append(t_0)
            deltas.append(0)

    return censored_data, deltas
```

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie konkretnie do generowania danych cenzurowanych I typu z rozkładu $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$:

```
def GE_cenzurowanie_I_typu(t0, lambd, alpha, n):
    data = EW_generator(1, lambd, alpha, size=n)
    return cenzurowanie_I_typu(t0, data)
```

2.1.2 Cenzurowanie II typu

Cenzurowanie typu II polega na obserwacji jedynie m najmniejszych wartości zmiennych losowych, a pozostałe wartości są zastępowane przez $X_{(m)}$. Oznacza to, że mierzymy tylko do uzyskania $m \leq n$ danych kompletnych.

Niech $X_{(k)}$ oznacza k -tą statystykę pozycyjną. Wówczas zmienne losowe cenzurowane definiuje się jako:

$$T_i = \begin{cases} X_{(i)}, & i = 1, \dots, m \quad (\delta_i = 1), \\ X_{(m)}, & i = m + 1, \dots, n \quad (\delta_i = 0), \end{cases} \text{czyli } T_i = \min(X_{(i)}, X_{(m)}).$$

gdzie δ_i jest indykatorem cenzurowania.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie realizujący censorowanie II typu dla dowolnych danych:

```
def cenzurowanie_II_typy(m, data):
    censored_data = np.sort(data)

    # Wszystkie obserwacje powyżej m-tej zamieniamy na X_(m)
    censored_data[m:] = censored_data[m-1]

    deltas = np.zeros(len(data))
    deltas[:m] = 1

    return censored_data, deltas
```

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie konkretnie do generowania danych cenzurowanych I typu z rozkładu $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$:

```
def GE_cenzurowanie_II_typy(m, lambd, alpha, n):
    data = EW_generator(1, lambd, alpha, size=n)
    return cenzurowanie_II_typy(m, data)
```

2.1.3 Cenzurowanie losowe

Cenzurowanie losowe jest rozszerzeniem cenzurowania typu I, z tym że t_0 nie jest już wartością stałą, lecz zmienną losową C_i , różną dla każdej obserwacji. Zmienna C_i nazywana jest zmienną cenzurującą i ma rozkład g oraz dystrybuantę G (nie musi być taki sam jak dla zmiennej cenzurowanej). Zmienna cenzurująca C_i jest niezależna od X_i i przyjmuje tę samą rolę dla każdej jednostki.

$$T_i = \begin{cases} X_i, & X_i \leq C_i \quad (\delta_i = 1), \\ C_i, & X_i > C_i \quad (\delta_i = 0), \end{cases} \quad \text{czyli} \quad T_i = \min(X_i, C_i).$$

gdzie δ_i jest indykatorem cenzurowania.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie realizujący censorowanie losowe dla dowolnych danych:

```
def cenzurowanie_losowe(cen, data):
    deltas = (data <= cen).astype(int)
    censored_data = np.minimum(data, cen)
    return censored_data, deltas
```

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie konkretnie do generowania danych cenzurowanych losowo z rozkładu $\mathcal{GE}(\lambda, \alpha)$, cenzurowanych zmienną losową z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\lambda)$:

```
def GE_cenzurowanie_losowe(eta, lambd, alpha, n):
    data = EW_generator(1, lambd, alpha, size=n)
    cen = EW_generator(1, eta, 1, size=n)
    return cenzurowanie_losowe(cen, data)
```

2.2 Zadanie 2

W tym zadaniu wygenerowano próbę o rozmiarze $n = 200$ z rozkładu $\mathcal{GE}(1, 1.5)$, a następnie zastosowano cenzurowanie typu I, typu II oraz losowe.

- W cenzurowaniu typu I wybrano parametr $t_0 = 1$.
- W cenzurowaniu typu II wybrano parametr $m = 120$.
- W przypadku cenzurowania losowego wygenerowano próbę zmiennych cenzujących z rozkładu $\mathcal{E}(1)$.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie generujący wspomniane wyżej dane cenzurowane.

```
lambd = 1.0
alpha = 1.5
size = 200

# Parametry cenzurowania
t0 = 1.0
m = 120
eta = 1.0

data = EW_generator(1, lambd, alpha, size)
cen = EW_generator(1, eta, 1, size)

times_I, deltas_I = cenzurowanie_I_typy(t0, data)
times_II, deltas_II = cenzurowanie_II_typy(m, data)
times_R, deltas_R = cenzurowanie_losowe(cen, data)
```

W następnej kolejności wyliczono podstawowe statystyki opisowe wygenerowanych danych. Jednak w przypadku danych cenzurowanych pominięto średnią i odchylenie standardowe, ponieważ klasyczne wzory na te statystyki zakładają pełne obserwacje i nie uwzględniają faktu, że niektóre wartości są ograniczone przez cenzurę. Obliczenie średniej lub odchylenia standar-dowego z użyciem klasycznych formuł mogłyby prowadzić do obciążonych i niepoprawnych wyników.

Zamiast tego dodano informację o liczbie danych cenzurowanych, co jest kluczowe w analizie takich danych, ponieważ pozwala ocenić stopień niepełności próby i wpływ cenzury na interpretację statystyk opisowych.

Tabela 4: Podstawowe statystyki opisowe danych cenzurowanych wygenerowanych z rozkładu $\mathcal{GE}(1, 1.5)$

Rodzaj cenzurowania	I typu ($t_0 = 1.0$)	II typu ($m = 120$)	Losowe ($\eta = 1.0$)
Rozmiar próby	200	200	200
Liczba obserwacji kompletnych	105	120	76
Kwantyl dolny (Q1)	0.5749	0.5749	0.2131
Medianą	0.9448	0.9448	0.4456
Kwantyl górny (Q3)	1.0000	1.1886	0.8162
Rozstęp międzykwartylowy (IQR)	0.4251	0.6138	0.6031
Minimum	0.0026	0.0026	0.0002
Maksimum	1.0000	1.1886	3.0117
Rozstęp	0.9974	1.1861	3.0115

Z Tabeli 4. można odczytać m.in., że cenzurowanie wpływa na rozkład danych. Cenzurowanie typu I i typu II są do siebie zbliżone pod względem sposobu ograniczania obserwacji - w cenzurowaniu typu I z góry ustalany jest czas obserwacji t_0 , na podstawie którego wyznaczana jest liczba obserwacji kompletnych, natomiast w cenzurowaniu typu II określa się liczbę obserwacji kompletnych m , a odpowiadający jej czas obserwacji $X_{(m)}$ wyznaczany jest na podstawie danych. W przypadku cenzurowania losowego sytuacja wygląda inaczej, ponieważ moment cenzurowania nie jest ustalony z góry, lecz stanowi zmienną losową C_i , co wprowadza dodatkowy element losowości i powoduje większe zróżnicowanie wśród obserwacji.

2.3 Zadanie 3

W tym zadaniu wyznaczono statystyki opisowe danych cenzurowanych I-go typu dotyczących leczenia dwoma różnymi lekami A i B. Grupa 40 pacjentów została podzielona losowo na dwie równoliczne podgrupy. Przez jeden rok obserwacji, jednej z nich podawano lek A, drugiej - lek B, i obserwowało czas do remisji choroby.

W grupie otrzymującą lek A uzyskano następujące dane. U dziesięciu pacjentów remisja choroby nastąpiła w chwilach: 0.03345514, 0.08656403, 0.08799947, 0.24385821, 0.27755032, 0.40787247, 0.58825664, 0.64125620, 0.90679161, 0.94222208, natomiast u pozostałych dziesięciu pacjentów w ciągu roku nie zaobserwowano remisji.

W grupie otrzymującą lek B uzyskano następujące dane. U dziesięciu pacjentów remisja choroby nastąpiła w chwilach: 0.03788958, 0.12207257, 0.20319983, 0.24474299, 0.30492413,

0.34224462, 0.42950144, 0.44484582, 0.63805066, 0.69119721, natomiast u pozostałych dzisiaj ciu pacjentów w ciągu roku nie zaobserwowano remisji.

Tabela 5: Podstawowe statystyki opisowe danych czasu remisji choroby po stosowaniu leku A lub leku B - dane cenzurowane I typu

Statystyka Opisowa	Lek A	Lek B
Rozmiar próby	20	20
Liczba obserwacji kompletnych	10	10
Liczba danych cenzurowanych	10	10
Minimum	0.0335	0.0379
Kwartyl dolny (Q1)	0.3753	0.3329
Mediana	0.9711	0.8456
Kwartyl górny (Q3)	1	1
Maksimum	1	1
Rozstęp międzykwartylowy (IQR)	0.6247	0.6671
Rozstęp (max-min)	0.9665	0.9621

W Tabeli 5. widać że grupy stosujące lek A oraz lek B nie różnią się znacząco między. Jednak jeżeli mamy już porównywać ich skuteczność, to lek B wypada lepiej. Zarówno mediana, jak i kwartyl dolny posiadają mniejsze wartości. Jest to równoznaczne z tym, że średni czas leczenia lekiem B jest krótszy niż lekiem A. Na korzyść leku A natomiast wypada (choć nieznacznie) minimum: pierwsza wyleczona osoba korzystała właśnie z niego. Natomiast liczba nieskutecznych prób (cenzurowanych) jest równa w obu przypadkach.

3 Lista 3

Lista 3 polega na wyznaczaniu estymatorów parametrów dla rozkładów, których obserwacje zostały częściowo ocenzeni, a także na wyznaczaniu przedziałów ufności dla tych estymatorów. Dodatkowo przeprowadzono porównanie różnych estymatorów na danych wygenerowanych.

UWAGA: Poniższe fragmenty kodu pozwalają na wyznaczenie estymatorów punktowych oraz przedziałów ufności dla próbek zmiennych losowych pochodzących z rozkładu wykładniczego postaci $f(x) = \vartheta \exp(-\vartheta x) \mathbb{1}_{(0; \infty)}(x)$, dla którego wartość oczekiwana wynosi $\mathbb{E}[X] = \frac{1}{\vartheta}$. W zadaniach 1. oraz 2. chcemytrzymać średni czas do remisji choroby, czyli $\mathbb{E}[X] = \mu$. Z tego wynika, że $\vartheta = \frac{1}{\mu}$. Z tego powodu wyniki będą podawane w postaci:

- $\hat{\mu} = \frac{1}{\vartheta}$, w przypadku estymacji punktowej,
- $\mu \in \left(\frac{1}{T_U}; \frac{1}{T_L}\right)$, gdzie T_L oraz T_U - odpowiednio dolna i górna granica realizacji zbioru ufności dla parametru ϑ .

3.1 Zadanie 1

Zadanie polega na oszacowaniu średniego czasu do remisji choroby dla pacjentów leczonych lekami A i B na podstawie danych poddanych cenzurowaniu typu I przyjmując, że dane pochodzą z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(1)$. Obejmuję ono:

- wyznaczenie estymatorów największej wiarogodności średniego czasu do remisji dla obu grup,
- wyznaczenie przedziałów ufności dla średniego czasu do remisji na poziomach ufności 95% ($\alpha = 0.05$) i 99% ($\alpha = 0.01$) dla obu grup.

3.1.1 Estymacja punktowa

Z wykładu wiadomo że estymatorem największej wiarogodności jest estymator $\hat{\vartheta} = \frac{R}{T_1}$, gdzie:

$$R = \sum_{i=1}^n \mathbf{1}(X_i \leq t_0), \quad T_1 = \sum_{i=1}^R X_{(i)} + t_0(n - R)$$

Poniżej przedstawiono kod w języku Python służący do wyznaczania estymatora największej wiarogodności dla danych cenzurowanych I typu z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$. Dodatkowo dokonano estymacji parametrycznej parametru ϑ dla danych z Listy 2. Zadania 3. za pomocą metody największej wiarogodności.

```

def MLE_cenzurowanie_I(times, deltas, t0):
    R = np.sum(deltas)
    n = len(times)
    T1 = np.sum(times[deltas==1]) + t0*(n - R)
    theta_hat = R / T1
    return theta_hat

mu_hat_A = 1/MLE_cenzurowanie_I(times_A, deltas_A, t0)
mu_hat_B = 1/MLE_cenzurowanie_I(times_B, deltas_B, t0)

```

Dla danych dotyczących osób przyjmujących lek A otrzymano estymator $\hat{\mu}_A = 1.422$, natomiast dla osób przyjmujących lek B - estymator $\hat{\mu}_B = 1.346$.

3.1.2 Estymacja przedziałowa

Do estymacji przedziałowej nie stosujemy estymatora $\hat{\vartheta} = \frac{R}{T_1}$ do bezpośredniego konstruowania przedziałów ufności, ponieważ jest on ilorazem zmiennej dyskretnej R i zmiennej ciągłej T_1 . Taka mieszana natura utrudnia uzyskanie analitycznej funkcji centralnej o znanym rozkładzie w próbie skończonej, więc konstrukcja dokładnych przedziałów ufności jest trudna (wymaga przybliżeń asymptotycznych lub metod numerycznych).

Z tego względu używa się alternatywnego estymatora $\tilde{\vartheta} = -\frac{\log(1-\frac{R}{n})}{t_0}$, który zależy wyłącznie od R i korzysta z faktu, że $R \sim \mathcal{B}(n, p)$ z $p = 1 - \exp(-\vartheta t_0)$.

Dla $\tilde{\vartheta}$ przedziały ufności buduje się dwuetapowo: najpierw wyznaczamy przedział $[p_L, p_U]$ dla p na poziomie ufności $1 - \alpha$ (np. metodą Cloppera–Pearsona), a następnie transformujemy jego końce przez odwrotność $p = 1 - \exp(-\vartheta t_0)$, otrzymując

$$\vartheta_L = -\frac{1}{t_0} \ln(1 - p_L), \quad \vartheta_U = -\frac{1}{t_0} \ln(1 - p_U).$$

W praktyce przedział Cloppera–Pearsona dla p definiuje się jako $S_{\leq} \cap S_{\geq}$ (równoważnie $[\inf S_{\geq}; \sup S_{\leq}]$), gdzie dla $k = R$:

$$S_{\leq} = p : \Pr(\text{Bin}(n, p) \leq k) > \frac{\alpha}{2}, \quad S_{\geq} = p : \Pr(\text{Bin}(n, p) \geq k) > \frac{\alpha}{2}.$$

Po uzyskaniu $[p_L, p_U]$ powyższa transformacja daje przedział ufności $[\vartheta_L, \vartheta_U]$ o poziomie ufności $1 - \alpha$.

Należy mieć na uwadze, że wynik będzie jedynie przybliżony - co wynika z błędów numerycznych.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie realizujący generowanie wspomnianego wcześniej przedziału ufności:

```

def binom_cdf(t, n, p):
    s = 0.0
    for i in range(0, t+1):
        s += comb(n, i) * (p**i) * ((1-p)**(n-i))
    return s

def clopper_pearson_binom(R, n, alpha):
    if R == 0:
        p_L = 0
        P_U = 1 - (alpha / 2) **(1 / n)
        return p_L, P_U
    if R == n:
        p_U = 1.0
        p_L = (alpha / 2.0) ** (1.0 / n)
        return p_L, p_U

    target_low = 1 - alpha / 2
    L, H = 0, 1

    while H - L > 1e-12:
        M = (L + H) / 2
        cdf = binom_cdf(R, n, M)
        if cdf > target_low:
            L = M
        else:
            H = M
    p_L = (L + H) / 2

    target_up = alpha / 2
    L, H = 0, 1

    while H - L > 1e-12:
        M = (L + H) / 2
        cdf = binom_cdf(R, n, M)
        if cdf > target_up:
            L = M
        else:
            H = M
    p_U = (L + H) / 2

    return p_L, p_U

```

```

def p_to_theta(p, t0):
    return -np.log(1 - p) / t0

def Ci_theta_cenzurowanie_I(times, deltas, t0, alpha):
    R = np.sum(deltas)
    n = len(times)

    p_L, p_U = clopper_pearson_binom(R, n, alpha)

    theta_L = p_to_theta(p_L, t0)
    theta_U = p_to_theta(p_U, t0)

    return theta_L, theta_U

```

Poniżej przedstawiono wywołanie kodu dla danych z Listy 2. Zadanie 3. Wyniki przedstawiono w tabeli poniżej.

```

alphas = [0.05, 0.01]
rows = []

for alpha in alphas:
    # Lek A
    thA_L, thA_U = Ci_theta_cenzurowanie_I(times_A, deltas_A, t0, alpha)
    rows.append(["Lek A", alpha, 1/thA_U, 1/thA_L])

    # Lek B
    thB_L, thB_U = Ci_theta_cenzurowanie_I(times_B, deltas_B, t0, alpha)
    rows.append(["Lek B", alpha, 1/thB_U, 1/thB_L])

```

Tabela 6: Przedziały ufności dla danych cenzurowanych I typu - różne poziomy ufności

Grupa	α	$\hat{\mu}_L$	$\hat{\mu}_U$
Lek A	0.05	0.768	2.64
Lek B	0.05	0.768	2.64
Lek A	0.01	0.656	3.363
Lek B	0.01	0.656	3.363

W Tabeli 6. widać, że otrzymane realizacje zbioru ufności są identyczne dla obu leków. Wynika to z faktu, że oba zbiory danych zawierają taką samą liczbę obserwacji kompletnych oraz ocenzurowanych, co przy tym samym czasie obserwacji prowadzi do identycznych wartości estymatora i granic przedziału ufności.

3.2 Zadanie 2

Zadanie polega na oszacowaniu średniego czasu do remisji choroby dla pacjentów leczonych lekami A i B na podstawie danych poddanych cenzurowaniu typu II, przyjmując, że pochodzą one z rozkładu wykładniczego. Obejmuje ono:

- (a) wyznaczenie estymatorów największej wiarogodności średniego czasu do remisji dla obu grup,
- (b) wyznaczenie przedziałów ufności dla średniego czasu do remisji na poziomach ufności 95% ($\alpha = 0.05$) i 99% ($\alpha = 0.01$) dla obu grup.

UWAGA: Formalnie ze względu na zmianę typu danych cenzurowanych z I-go na II-gi powinniśmy zastąpić dane cenzurowane w postaci $(t_0, 0)$ na dane $(X_{(m)}, 0)$. Jednak estymacja zarówno punktowa, jak i przedziałowa nie korzysta z dokładnych wartości $X_{(i)}$, $i \geq m$, zatem ten krok możemy pominąć.

3.2.1 Estymacja punktowa

Dla danych cenzurowanych II typu pochodzących z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$ estymator największej wiarogodności przyjmuje postać:

$$\hat{\vartheta} = \frac{m}{T_2}, \quad \text{gdzie } T_2 = \sum_{i=1}^m X_{(i)} + (n - m)X_{(m)}.$$

Poniżej przedstawiono kod w języku Python dla danych z Listy 2, Zadania 3, które tym razem przyjmujemy jako cenzurowane II typu z parametrem cenzurowania $m = 10$.

```
m = 10

def MLE_cenurowanie_II(times, deltas, m):
    n = len(times)
    T2 = np.sum(times[deltas==1]) + (n - m)*np.max(times[deltas==1])
    theta_hat = m / T2
    return theta_hat

mu_hat_A = 1/MLE_cenurowanie_II(times_A, deltas_A, m)
mu_hat_B = 1/MLE_cenurowanie_II(times_B, deltas_B, m)
```

Dla danych dotyczących osób przyjmujących lek A otrzymano estymator $\hat{\mu}_A = 1.364$, natomiast dla osób przyjmujących lek B - estymator $\hat{\mu}_B = 1.037$.

3.2.2 Estymacja przedziałowa

Do wyznaczenia przedziałów ufności dla danych cenzurowanych II typu pochodzących z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$ potrzebna będzie funkcja kwantylowa rozkładu gamma $\Gamma(k, \vartheta)$. Wynika to stąd, że dla statystyki

$$T_2 = \sum_{i=1}^m X_{(i)} + (n-m)X_{(m)}$$

zachodzi zależność

$$\frac{T_2}{m\vartheta} \sim \text{Gamma}(m, \frac{1}{m})$$

Dystrybuanta rozkładu gamma wyraża się przez niepełną funkcję gamma:

$$F(x; k, \sigma) = \frac{\gamma(k, x/\sigma)}{\Gamma(k)},$$

gdzie

$$\begin{aligned} \gamma(z, x) &= \int_0^x t^{z-1} e^{-t} dt \quad (\text{niepełna funkcja gamma}), \\ \Gamma(z) &= \int_0^\infty t^{z-1} e^{-t} dt \quad (\text{funkcja gamma}). \end{aligned}$$

Ponieważ dystrybuanta gamma nie ma prostego wzoru elementarnego, korzystamy z jej funkcji kwantylowej (numerycznie dostępnej w pakietach statystycznych).

Niech $q_{\alpha/2}$ i $q_{1-\alpha/2}$ będą kwantylami rozkładu $\text{Gamma}(m, 1/m)$. Z faktu, że

$$\Pr\left(q_{\alpha/2} \leq \frac{T_2}{\vartheta} \leq q_{1-\alpha/2}\right) = 1 - \alpha$$

otrzymujemy przedział ufności dla ϑ :

$$[\vartheta_L, \vartheta_U] = \left[\frac{m \cdot T_2}{q_{1-\alpha/2}}, \frac{m \cdot T_2}{q_{\alpha/2}} \right].$$

W praktyce kwantyle $q_{\alpha/2}$ i $q_{1-\alpha/2}$ oblicza się numerycznie, np. funkcją `scipy.stats.gamma.ppf` w Pythonie z parametrami `a=m` i `scale=1/m`.

Poniżej przedstawiono kod realizujący wyżej wspomnianą estymację przedziałową.

```

def Ci_theta_cenzurowanie_II(times, deltas, m, alpha):
    n = len(times)
    T2 = np.sum(times[deltas==1]) + (n - m)*np.max(times[deltas==1])

    q_lower = gamma.ppf(alpha/2, a=m, scale=1/m)
    q_upper = gamma.ppf(1 - alpha/2, a=m, scale=1/m)

    theta_L = m * q_lower / T2
    theta_U = m * q_upper / T2

    return theta_L, theta_U

```

Poniżej przedstawiono wywołanie kodu dla danych z Listy 2. Zadanie 3. Wyniki przedstawiono w tabeli poniżej.

```

alphas = [0.05, 0.01]
rows = []

for alpha in alphas:
    # Lek A
    thA_L, thA_U = Ci_theta_cenzurowanie_II(times_A, deltas_A, m, alpha)
    rows.append(["Lek A", alpha, 1/thA_U, 1/thA_L])

    # Lek B
    thB_L, thB_U = Ci_theta_cenzurowanie_II(times_B, deltas_B, m, alpha)
    rows.append(["Lek B", alpha, 1/thB_U, 1/thB_L])

```

Tabela 7: Przedziały ufności dla danych cenzurowanych II typu - różne poziomy ufności

Grupa	α	$\hat{\mu}_L$	$\hat{\mu}_U$
Lek A	0.05	0.798	2.844
Lek B	0.05	0.607	2.163
Lek A	0.01	0.682	3.669
Lek B	0.01	0.519	2.79

Z [Tabeli 7](#). można odczytać, że powstałe przedziały ufności są węższe dla danych dotyczących leku A.

3.3 Zadanie 3

Zadanie polega na symulacyjnym porównaniu dokładności dwóch estymatorów punktowych ϑ , zdefiniowanych wzorami:

$$\hat{\vartheta} = \frac{R}{T_1}, \quad \tilde{\vartheta} = -\frac{\log(1 - \frac{R}{n})}{t_0}$$

gdzie

$$R = \sum_{i=1}^n \mathbf{1}_{\{X_i \leq t_0\}}, \quad T_1 = \sum_{i=1}^R X_{(i)} + t_0(n - R).$$

Porównanie estymatorów zostanie dokonane na podstawie:

- obciążenia (bias):

$$\text{Bias}(\hat{\vartheta}, \vartheta) = E_{\vartheta}(\hat{\vartheta} - \vartheta), \quad \text{Bias}(\tilde{\vartheta}, \vartheta) = E_{\vartheta}(\tilde{\vartheta} - \vartheta),$$

- średniego błędu kwadratowego (MSE):

$$\text{MSE}(\hat{\vartheta}, \vartheta) = E_{\vartheta}(\hat{\vartheta} - \vartheta)^2, \quad \text{MSE}(\tilde{\vartheta}, \vartheta) = E_{\vartheta}(\tilde{\vartheta} - \vartheta)^2,$$

dla wartości $\vartheta = 1$, rozmiarów próby $n = 10, 30$ oraz parametrów cenzurowania $t_0 = 0.5, 1, 2$.

Celem jest ocena, który z estymatorów daje mniejsze obciążenie i mniejszy błąd średniokwadratowy w różnych scenariuszach cenzurowania.

Symulacja będzie polegała na generowaniu prób 100 000 razy. W przypadku, gdy $R = n$ (czyli wszystkie dane są niecenzurowane), estymatory przyjmują wartości skrajne $\hat{\vartheta} = 0, \tilde{\vartheta} = -\infty$, co czyni je niepraktycznymi w analizie. W takiej sytuacji iteracja zostanie powtórzona. Wartości $\hat{\vartheta}$ oraz $\tilde{\vartheta}$ zawsze będą wyznaczane na podstawie tych samych prób. Takie podejście ogranicza wpływ sytuacji skrajnych i zapewnia poprawność porównania estymatorów.

Poniżej przedstawiono kod w Pythonie dokonujący wyżej wspomnianej symulacji. Wyniki przedstawiono w tabeli poniżej.

```
theta_true = 1
n_values = [10, 30]
t0_values = [0.5, 1, 2]
n_sim = 10000 # PRZED WYSŁANIEM ZMIĘŃ NA 10000 (tak jest w tekście powyżej) i ten komentarz s
```



```
rows = []
```

```

for n in n_values:
    for t0 in t0_values:
        theta_hat_vals = []
        theta_wave_vals = []
        i = 0
        while i < n_sim:
            # generowanie próbki i cenzurowanie I typu
            sample, deltas = GE_cenzurowanie_I_typu(t0, 1/theta_true, 1, n)
            sample = np.array(sample)
            deltas = np.array(deltas)

            R = int(np.sum(deltas))

            if R == n:
                continue

            T1 = np.sum(sample[deltas==1]) + t0*(n - R)

            theta_hat = R / T1
            theta_wave = -np.log(1 - R/n) / t0

            theta_hat_vals.append(theta_hat)
            theta_wave_vals.append(theta_wave)
            i += 1

        bias_hat = np.mean(np.array(theta_hat_vals)) - theta_true
        bias_wave = np.mean(np.array(theta_wave_vals)) - theta_true
        mse_hat = np.mean((np.array(theta_hat_vals)) - theta_true)**2
        mse_wave = np.mean((np.array(theta_wave_vals)) - theta_true)**2

        rows.append({
            "Liczność próby": n,
            "Czas obserwacji": t0,
            r"\mathrm{Bias}(\hat{\vartheta})": bias_hat,
            r"\mathrm{Bias}(\tilde{\vartheta})": bias_wave,
            r"\mathrm{MSE}(\hat{\vartheta})": mse_hat,
            r"\mathrm{MSE}(\tilde{\vartheta})": mse_wave
        })

```

Tabela 8: Porównanie estymatorów $\hat{\vartheta}$ oraz $\tilde{\vartheta}$

Liczność próby	Czas obserwacji	Bias($\hat{\vartheta}$)	Bias($\tilde{\vartheta}$)	MSE($\hat{\vartheta}$)	MSE($\tilde{\vartheta}$)
10	0.5	0.0565	0.0679	0.3037	0.3315
10	1.0	0.0629	0.0876	0.1876	0.2257
10	2.0	-0.0502	-0.0750	0.0757	0.0596
30	0.5	0.0118	0.0150	0.0896	0.0936
30	1.0	0.0269	0.0347	0.0578	0.0669
30	2.0	0.0229	0.0555	0.0402	0.0683

Z Tabeli 8. wynika, że estymator największej wiarygodności $\hat{\vartheta}$ w każdym przypadku charakteryzuje się mniejszym obciążeniem (Bias) niż estymator $\tilde{\vartheta}$, oparty wyłącznie na liczbie obserwacji kompletnych R . W większości przypadków $\hat{\vartheta}$ ma również niższą wartość błędu średniokwadratowego (MSE).

Warto zauważyc, że wraz ze wzrostem liczby próby różnice w obciążeniu i MSE między estymatorami stają się coraz mniejsze.

3.4 Zadanie dodatkowe 1

TO DO

3.5 Zadanie dodatkowe 2

W tym zadaniu muismy wyznaczyć estymator NW oraz przedziały ufności w oparciu o dane cenzurowane I-go typu, jednak tym razem dane pochodzą z rozkładu Rayleigha $\mathcal{R}_a(\sigma)$:

$$f_{\sigma}(x) = \frac{x}{\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right), \quad F_{\sigma}(x) = 1 - \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right).$$

3.5.1 Estymacja punktowa

Funkcja wiarogodności oparta o ten rozkład ma postać:

$$L(\sigma; t^*) = \frac{n!}{(n-r)!} \frac{\prod_{i=1}^r x_{(i)}}{\sigma^{2r}} \exp\left(-\frac{1}{2\sigma^2} \left(\sum_{i=1}^r x_{(i)} + (n-r)t_0\right)\right)$$

Do szukania maksimum skorzystamy z funkcji logarytmicznej (log-wiarogodność), gdyż logarytm zachowuje ekstrema:

$$\ell(\sigma) = \ln \frac{n!}{(n-r)!} + \ln \prod_{i=1}^r x_{(i)} - 2r \ln \sigma - \frac{1}{2\sigma^2} T_3, \quad T_3 = \sum_{i=1}^r x_{(i)} + (n-r) t_0$$

Liczymy pochodną funkcji ℓ po σ :

$$\ell'(\sigma) = \frac{-2r}{\sigma} + \frac{T_3}{\sigma^3} \Rightarrow \hat{\sigma} = \sqrt{\frac{T_3}{2r}}$$

Sprawdzamy, czy w tym punkcie funkcja jest wklęsła:

$$\ell''(\sigma) = \frac{2r}{\sigma^2} - \frac{3T_3}{\sigma^4}, \quad \ell''(\hat{\sigma}) < 0$$

Zatem mamy wklęsłość, czyli mamy maksimum.

Dodatkowo, funkcja osiąga tylko jedno ekstremum w postaci maksimum. Oznacza to, że funkcja rośnie na przedziale $(0; \hat{\sigma}]$, oraz maleje na przedziale $[\hat{\sigma}; \infty)$. Oznacza to, że w tym punkcie osiąga maksimum globalne.

Wniosek: L jest unimodalna, z maksimum globalnym w $\hat{\sigma}$.

3.5.2 Estymacja przedziałowa

Estymator NW rozkładu Rayleigha oparty na danych cenzurowanych I-go typu zależy od wartości zmiennych losowych o rozkładach odpowiednio absolutnie ciągłym (T_3) oraz dyskretnym ($R \sim \mathcal{B}(n, p = F_\sigma(t_0))$). Z tego powodu, podobnie jak w przypadku rozkładu wykładniczego, wyznaczamy przedział ufności dla parametru p i skorzystamy z faktu, że jest on równy dystrybuancie rozkładu $\mathcal{R}_a(\sigma)$ w punkcie t_0 .

Tym samym, mając przedział ufności $[p_L; p_U]$ dla parametru p , po odpowiednich przekształceniach otrzymujemy przedział ufności $[\sigma_L; \sigma_U]$ parametru σ , gdzie:

$$\sigma_L = \frac{t_0}{\sqrt{-2 \ln(1 - p_U)}}, \quad \sigma_U = \frac{t_0}{\sqrt{-2 \ln(1 - p_L)}}.$$

3.6 Zadanie dodatkowe 3

TO DO

4 Lista 4

Lista 4 polega na testowaniu hipotez dotyczących średniego czasu życia na podstawie danych cenzurowanych I typu z rozkładu wykładniczego, poprzez wyznaczanie poziomu krytycznego testu ilorazu wiarogodności oraz ocenę jego mocy i rozmiaru.

4.1 Zadanie 1

Zadanie dotyczy deklaracji funkcji do wyznaczania poziomu krytycznego (*eng. p-value*) w teście ilorazu wiarogodności do testowania hipotez prawo-, lewo- i dwustronnych dla danych cenzurowanych I-go typu pochodzących z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$.

Zacznijmy od udowodnienia że funkcja wiarygodności jest funkcją unimodalną (ma jedno maksimum globalne).

Funkcja wiarogodności dla rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$ ma postać:

$$L(\vartheta; t^*) = \frac{n!}{(n-r)!} \vartheta^r \exp\left(-\vartheta \left[\sum_{i=1}^r x_{(i)} + t_0(n-r)\right]\right).$$

Najwygodniej maksimum będzie się szukało przez funkcję logarytmiczną (log-wiarogodność), ponieważ logarytm jest funkcją rosnącą i zachowuje maksimum:

$$\ell(\vartheta) = \ln \frac{n!}{(n-r)!} + r \ln \vartheta - \vartheta S, \quad S = \sum_{i=1}^r x_{(i)} + t_0(n-r).$$

Aby znaleźć maksimum, obliczamy pochodną log-wiarogodności po ϑ .

$$\ell'(\vartheta) = \frac{r}{\vartheta} - S = 0 \quad \Rightarrow \quad \hat{\vartheta} = \frac{r}{S}.$$

Z warunku stacjonarności wynika że ekstremum znajduje się w $\hat{\vartheta} = \frac{r}{S}$, który jest naszym estymatorem największej wiarogodności.

Sprawdzamy, czy funkcja jest wklęsła (co gwarantuje maksimum):

$$\ell''(\vartheta) = -\frac{r}{\vartheta^2} < 0 \quad \forall \vartheta > 0.$$

Wniosek: ℓ jest ściśle wklęsła, więc L jest unimodalna z maksimum globalnym w $\hat{\vartheta}$.

Funkcja ilorazu wiarogodności ma postać:

$$\lambda(t^*) = \frac{\sup_{\vartheta \in \Theta_0} L(\vartheta; t^*)}{\sup_{\vartheta \in \Theta} L(\vartheta; t^*)}.$$

Przy testowaniu hipotezy dwustronnej zbiór $\Theta_0 = \{\vartheta_0\}$ jest jednoelementowy i właśnie w tym punkcie osiąga swoje supremum.

W przypadku hipotezy prawostronnej, tj. testowania na przedziale $[\vartheta_0, \infty)$, supremum przyjmuje się w punkcie $\hat{\vartheta}$, jeżeli $\hat{\vartheta} \in [\vartheta_0, \infty]$, lub w punkcie ϑ_0 w przeciwnym przypadku.

Analogicznie, dla hipotezy lewostronnej, gdy rozważany przedział to $(-\infty, \vartheta_0]$, supremum osiągane jest w $\hat{\vartheta}$, jeśli $\hat{\vartheta} \in (-\infty, \vartheta_0]$, lub w ϑ_0 w przeciwnym wypadku.

Zgodnie z twierdzeniem Wilksa, wartość krytyczna ma postać:

$$1 - F_{\chi^2(1)}(-2 \ln \lambda(r, s)),$$

gdzie $F_{\chi^2(1)}$ oznacza dystrybuantę rozkładu χ^2 z jednym stopniem swobody.

Poniżej przedstawiono kod deklarujący funkcję do testowania wyżej wspomianych hipotez danych cenzurowanych z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(\vartheta)$.

```
def IW_cenzurowanie_I(r, s, n, t0, theta0, test_type, alpha):
    if r == 0:
        theta_hat = 1e-9
    else:
        S = s + (n - r) * t0 # Całkowity czas testowania
        theta_hat = r / S # Estymator MLM

    Lambda = (theta0 / theta_hat)**r * np.exp(S * (theta_hat - theta0))

    chi2_statistic = -2 * np.log(Lambda)
    lambda_1 = chi2.ppf(1 - alpha, df=1)

    if test_type == "dwustronna":
        # H0: theta = theta0 vs H1: theta != theta0
        p_value = 1 - chi2.cdf(chi2_statistic, df=1)
    elif test_type == "prawostronna":
        # H0: theta <= theta0 vs H1: theta > theta0
        p_value = ((1 - chi2.cdf(chi2_statistic, df=1)))
        if (theta_hat > theta0) else 1
    else: # "lewostronna"
        # H0: theta >= theta0 vs H1: theta < theta0
        p_value = ((1 - chi2.cdf(chi2_statistic, df=1)))
        if (theta_hat < theta0) else 1

    return chi2_statistic, lambda_1, p_value
```

4.2 Zadanie 2

Zadanie polega na przeprowadzeniu symulacji, których celem jest oszacowanie mocy (dla 10 wybranych alternatyw) oraz rozmiaru testu z punktu dwustronnego dla wybranej wartości ϑ_0 , t_0 oraz $n \in \{20, 50\}$.

Próba została wygenerowana z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(2)$. Dokonano cenzurowania I-typu z parametrem cenzurowania $t_0 = 1.5$.

W następnej kolejności zbadano hipotezę zerową $H_0 : \vartheta = \vartheta_0 = 2$, przy hipotezie alternatywnej $H_1 : \vartheta \neq \vartheta_0$ dla 10 alternatyw $\vartheta_0 \in \{1.1, 1.3, 1.5, 1.7, 1.9, 2.0, 2.1, 2.3, 2.5, 2.7\}$. Dla każdego przypadku wykonano 10 000 replikacji (które było powtarzane w przypadku $R = 0$). Wyniki przedstawiono w tabeli poniżej.

Poniżej znajduje się kod w języku Python dokonujacy symulacji.

```
theta0 = 2
t0 = 1.5
n_vals = [20, 50]
alternatives = [1.1, 1.3, 1.5, 1.7, 1.9, 2, 2.1, 2.3, 2.5, 2.7]
alpha = 0.05
n_sim = 10000 # liczba replikacji

rows = []
rozmiar = []

for n in n_vals:
    for theta in alternatives:
        results = []

        n_cur = 0
        while n_cur != n_sim:
            sample, deltas = GE_cenzurowanie_I_typu(t0, 1/theta0, 1, n)
            sample = np.array(sample)
            deltas = np.array(deltas)

            r = np.sum(deltas)

            if (r != 0):
                n_cur += 1
            else:
                continue

        rozmiar.append(n)
        rows.append(results)
```

```

s = np.sum(sample[deltas==1])

_, _, p_value = IW_cenzurowanie_I(r, s, n, t0, theta,
"dwustronna", alpha)
results.append(int(p_value <= alpha))

moc = np.mean(results)
if theta == theta0:
    rozmiar.append(moc)

rows.append({
    r"\vartheta": theta,
    "Liczność próby": n,
    "Moc testu": moc
})

```

Tabela 9: Wyniki symulacji mocy testu dwustronnego

ϑ	Liczność próby	Moc testu	Liczność próby	Moc testu
1.1	20	0.7014	50	0.9839
1.3	20	0.4393	50	0.8237
1.5	20	0.2253	50	0.4854
1.7	20	0.1098	50	0.1909
1.9	20	0.0524	50	0.0669
2.0	20	0.0518	50	0.0480
2.1	20	0.0612	50	0.0663
2.3	20	0.0967	50	0.1651
2.5	20	0.1786	50	0.3479
2.7	20	0.2796	50	0.5687

Tabeli 9. bla bla bla.

Rozmiar testu wyniósł 0.052 dla liczności próby $n = 20$ oraz 0.048 dla liczności próby $n = 50$.

COŚ NAPISAĆ ŻE CHWALIMY ANTYCHRYSTA

4.3 Zadanie 3

Zadanie polega na weryfikacji hipotezy, że średni czas do remisji choroby w grupie, która brała lek A, oraz w grupie, która brała lek B (na podstawie danych z Listy 2, Zadanie 3), można traktować jako realizacje zmiennych losowych z rozkładu wykładniczego $\mathcal{E}(1)$. Zakładamy również,

że dokonano cenzurowania typu I z parametrem cenzurowania $t_0 = 1$. Test przeprowadzimy na poziomie istotności $\alpha = 0.05$.

Poniżej przedstawiono kod dokonujący testowania tej hipotezy statystycznej. Wyniki przedstawiono w tabelce poniżej.

```
theta0 = 1.0
t0 = 1.0
alpha = 0.05

rows = []

for name, (times, deltas) in datasets.items():
    n = len(times)
    r = int(np.sum(deltas))
    s = float(np.sum(times[deltas==1]))
    chi2_statistic, lambda_1, p_value = IW_cenzurowanie_I(r, s, n, t0, theta0,
    "dwustronna", alpha)
    rows.append({
        "Grupa": name,
        "Liczność próby": n,
        "Liczność danych kompletnych": r,
        "p -wartość": p_value,
    })
}
```

Tabela 10: Testowanie hipotezy dwustronnej na danych rzeczywistych

Grupa	Liczność próby	Liczność danych kompletnych	p -wartość
Lek A	20	10	0.2374
Lek B	20	10	0.3230

Z [Tabeli 10](#), odczytujemy, że wartości p są większe od przyjętego poziomu istotności, zatem nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej H_0 .

4.4 Zadanie dodatkowe

W tym zadaniu badamy krytyczny poziom krytycznego testu ilorazu wiarogodności dla hipotezy $H_0 : \vartheta_A = \vartheta_B$, przeciwko hipotezie alternatywnej $H_1 : \vartheta_A \neq \vartheta_B$. Korzystamy z faktu, że A i B są prowadzone niezależnie, dzięki czemu mamy również niezależność funkcji wiarygodności:

$$L((\vartheta_A, \vartheta_B); (t_A^*, t_B^*)) = L(\vartheta_A; t_A^*) \cdot L(\vartheta_B; t_B^*).$$

Dla hipotezy alternatywnej badamy przestrzeń: $\Theta_1 = \{(\vartheta_A, \vartheta_B) : \vartheta_A > 0, \vartheta_B > 0\} = (0; \infty)^2$, natomiast dla hipotezy zerowej: $\Theta_0 = \{(\vartheta_A, \vartheta_B) : \vartheta_A = \vartheta_B > 0\} = (0; \infty)$.

Zarówno w liczniku, jak i w mianowniku badamy supremum iloczynu dwóch funkcji wiarygodności dla A i B. Z faktu, że funkcja wiarygodności jest jednomodalna wiemy, że:

$$\sup_{(\vartheta_A, \vartheta_B) \in \Theta_1} [L(\vartheta_A; t_A^*) \cdot L(\vartheta_B; t_B^*)] = \sup_{\vartheta_A \in (0; \infty)} L(\vartheta_A; t_A^*) \cdot \sup_{\vartheta_B \in (0; \infty)} L(\vartheta_B; t_B^*) = L(\hat{\vartheta}_A; t_A^*) \cdot L(\hat{\vartheta}_B; t_B^*),$$

znamy zatem postać mianownika. W iloczynie natomiast dostaniemy iloczyn postaci:

$$L(\vartheta; (t_A^*, t_B^*)) = \frac{n!}{(n-r)!} \vartheta^r \exp\left(-\vartheta \left[\sum_{i=1}^r a_{(i)} + t_0(n-r)\right]\right) * \frac{n!}{(n-r)!} \vartheta^r \exp\left(-\vartheta \left[\sum_{i=1}^r b_{(i)} + t_0(n-r)\right]\right),$$

gdzie $a_{(i)}, b_{(i)}$ - realizacje statystyk pozycyjnych odpowiednio wektorów A i B. Łatwo zauważyc, że po krótkich przekształceniach otrzymujemy postać testu:

$$L(\vartheta; (t_A^*, t_B^*)) = \left(\frac{n!}{(n-r)!}\right)^2 \vartheta^{2r} \exp\left(-\vartheta [T_{1_A} + T_{1_B}]\right), \text{ gdzie: } T_{1_A} = \sum_{i=1}^r a_{(i)} + (n-r)t_0, T_{1_B} = \sum_{i=1}^r b_{(i)} + (n-r)t_0$$

Z tego natomiast łatwo zauważyc, że dostajemy analogiczną funkcję największej wiarygodności jak w zadaniu 1 na liście 4, gdzie $T_1 = T_{1_A} + T_{1_B}$, $R = R_A + R_B$ (w tym przypadku $R_A = R_B = r$). Tym samym otrzymujemy wzór na wspólny estymator największej wiarygodności $\hat{\vartheta} = \frac{R_A + R_B}{T_{1_A} + T_{1_B}}$.

A teraz, mając wartości supremów licznika oraz mianownika, możemy wyznaczyć postać funkcji lambda:

$$\lambda((t_A^*, t_B^*)) = \left(\frac{\vartheta^2}{\vartheta_A \cdot \vartheta_B}\right) \cdot \exp(T_A(\vartheta_A - \vartheta) + T_B(\vartheta_B - \vartheta)).$$

W ten sposób otrzymujemy p-value testu badającego równość parametrów realizacji A i B, który wynosi 0.292, zatem nie ma podstaw do odrzucenia tej hipotezy.