

# Raport 2

Julia Krempińska, Filip Miśkiewicz

Czerwiec 2024

## 1 Wprowadzenie

W tym raporcie skupimy się na testowaniu hipotez dla różnych parametrów oraz wyznaczymy prawdopodobieństwo popełnienia błędów I i II rodzaju, a także sprawdzimy moc przeprowadzanych testów.

## 2 Przypadek nieznanej średniej

Z populacji generalnej o rozkładzie normalnym  $N(\mu, 0.2)$  pobrano próbę o długości  $n$ . Zweryfikujemy prawdziwość hipotez alternatywnych przy założeniu hipotezy zerowej  $H_0 : \mu = 1.5$ .

### 2.1 Hipoteza alternatywna $H_1 : \mu \neq 1.5$

W celu zweryfikowania hipotezy zerowej ustalamy statystykę testową

$$Z = \frac{\bar{X} - \mu_0}{\sigma \sqrt{n}} \quad (1)$$

Gdzie  $\bar{X}$  to średnia arytmetyczna ze wszystkich wartości jakie przyjmują dane,  $n = 1000$  to długość próby,  $\mu_0 = 1.5$ , a  $\sigma = 0.2$ . Test przeprowadzimy na poziomie istotności  $\alpha = 0.05$ .

Zbiór krytyczny definiujemy jako przedział wartości statystyki  $Z$ , dla którego odrzucamy hipotezę zerową i oznaczamy jako  $C$ . Dla przypadku hipotezy alternatywnej  $H_1 : \mu \neq 1.5$  zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

$$C = (-\infty, -z_{1-\frac{\alpha}{2}}] \cup [z_{1-\frac{\alpha}{2}}, \infty) \quad (2)$$

Gdzie  $z_{1-\frac{\alpha}{2}}$  to kwantyl rzędu  $1 - \frac{\alpha}{2}$  rozkładu  $N(0, 1)$ . Dla naszych danych obliczamy wartość statystyki  $Z$ . Zaczynamy od policzenia średniej wartości

$$\bar{X} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i = \frac{1}{1000} \sum_{i=1}^{1000} X_i \approx 1.456 \quad (3)$$

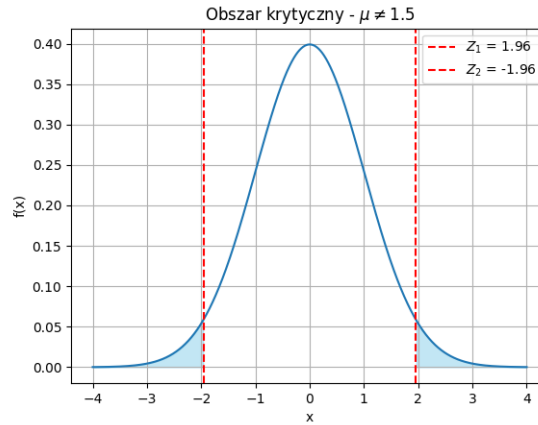
Teraz podstawiamy do wzoru na statystykę testową

$$Z = \frac{1,456 - 1.5}{0.2 \cdot 31.623} = -7.042 \quad (4)$$

Aby sprawdzić czy wartość naszej statystyki znajduje się w zbiorze krytycznym wyznaczamy wartość kwantyla rozkładu normalnego standardowego rzędu 0.975. Otrzymujemy  $z_{0.975} \approx 1.960$ . Wiemy stąd, że

$$C = (-\infty, -1.960] \cup [1.960, \infty) \quad (5)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej



Rysunek 1: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1 : \mu \neq 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $Z$  zawiera się w zbiorze  $C$  i mamy podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej oraz przyjęcia hipotezy alternatywnej  $H_1 : \mu \neq 1.5$ . Teraz wyznaczmy p-wartość. Jest to najmniejszy poziom istotności  $\alpha$ , przy którym zaobserwowana wartość statystyki prowadzi do odrzucenia hipotezy zerowej. Dla tej hipotezy alternatywnej p-wartość obliczamy ze wzoru

$$p = 2(1 - \Phi(|z|)) \quad (6)$$

gdzie  $\Phi(x)$  to wartość dystrybuanty rozkładu normalnego standardowego w punkcie  $x$ .

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 1.9 \times 10^{-12}$ . Oznacza to, że dla  $\alpha < p$  przyjęlibyśmy hipotezę zerową.

## 2.2 Hipoteza alternatywna $H_1 : \mu > 1.5$

W celu zweryfikowania hipotezy zerowej ustalamy statystykę testową taką jak dla poprzedniej hipotezy alternatywnej. Dla przypadku hipotezy alternatywnej

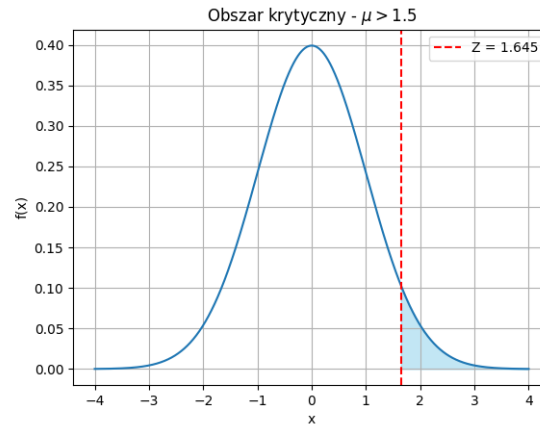
$H_1 : \mu > 1.5$  zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

$$C = [z_{1-\alpha}, \infty) \quad (7)$$

Wartość statystyki testowej pozostaje bez zmian, czyli  $Z = -7.042$ . Aby sprawdzić czy wartość naszej statystyki znajduje się w zbiorze krytycznym wyznaczamy wartość kwantyla rozkładu normalnego standardowego rzędu 0.95. Otrzymujemy  $z_{0.95} \approx 1.645$ . Wiemy stąd, że

$$C = [1.645, \infty) \quad (8)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej



Rysunek 2: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1 : \mu > 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $Z$  nie zawiera się w zbiorze  $C$  i przyjmujemy hipotezę zerową oraz odrzucamy hipotezę alternatywną  $H_1 : \mu > 1.5$ . Dla tej hipotezy alternatywnej p-wartość obliczamy ze wzoru

$$p = 1 - \Phi(Z) \quad (9)$$

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 0.999 \dots$ . Oznacza to, że dla  $\alpha > p$  odrzucilibyśmy hipotezę zerową.

### 2.3 Hipoteza alternatywna $H_1 : \mu < 1.5$

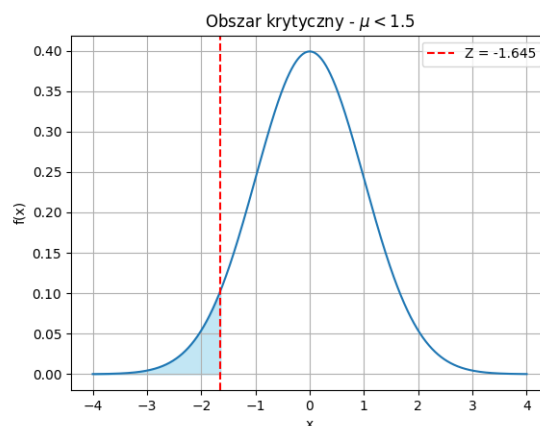
Postępujemy analogicznie jak w poprzednim przypadku. Zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

$$C = (-\infty, -z_{1-\alpha}] \quad (10)$$

Wartość statystyki testowej pozostaje bez zmian, czyli  $Z = -7.042$ . Wiemy z poprzedniego przypadku, że  $z_{0.95} \approx 1.645$ . Stąd mamy

$$C = (-\infty, -1.645] \quad (11)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej



Rysunek 3: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1: \mu < 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $Z$  zawiera się w zbiorze  $C$  i mamy podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej oraz przyjęcia hipotezy alternatywnej  $H_1: \mu < 1.5$ . Dla tej hipotezy alternatywnej p-wartość obliczamy ze wzoru

$$p = \Phi(Z) \quad (12)$$

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 9.51 \times 10^{-13}$ . Oznacza to, że dla  $\alpha < p$  przyjęlibyśmy hipotezę zerową.

## 2.4 Wnioski

Z przeprowadzonych testów wynika, że  $\mu < 1.5$ . Wartości  $p$  pozwalają założyć dużą istotność statystyczną przeprowadzonych testów. Po przetestowaniu na poziomach istotności  $\alpha = 0.1$  i  $\alpha = 0.01$  otrzymaliśmy takie same wyniki.

## 2.5 Kod w Pythonie

Poniżej znajduje się kod napisany w języku Python rozwiązujący rozważany problem.

```
import numpy as np
from scipy.stats import norm
from urllib.request import urlopen
import matplotlib.pyplot as plt
```

```
url = "https://prac.im.pwr.edu.pl/~wyloman/ss_2023_2024/lista8_zad1.txt"
```

```

page = urlopen(url)
html_lines = page.readlines()
data = [float(line.decode("utf-8")) for line in html_lines]
np.array(data)

H0 = 1.5
sig = 0.2
n = len(data)
alpha = 0.05

data_mean = np.mean(data)
z = (data_mean - H0) / (sig / np.sqrt(n))
Z_quantile = norm.ppf(1 - (alpha/2))

# p-wartości
p_g = 1 - norm.cdf(z)
p_neq = 2 * (1 - norm.cdf(abs(z)))
p_l = norm.cdf(z)

# mu != 1.5 <- hipoteza alternatywna
if z <= -Z_quantile or z >= Z_quantile:
    print('Hipoteza mu != 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza mu != 1.5 fałszywa')

Z_quantile = norm.ppf(1 - alpha)

# mu > 1.5 <- hipoteza alternatywna
if z > Z_quantile:
    print('Hipoteza mu > 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza mu > 1.5 fałszywa')

# mu < 1.5 <- hipoteza alternatywna
if z < -Z_quantile:
    print('Hipoteza mu < 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza mu < 1.5 fałszywa')

Kod zwrócił następujące wyniki

Hipoteza mu != 1.5 prawdziwa
Hipoteza mu > 1.5 fałszywa
Hipoteza mu < 1.5 prawdziwa

```

### 3 Przypadek nieznanej wariancji

Z populacji generalnej o rozkładzie normalnym  $N(0.2, \sigma^2)$  pobrano próbę o długości  $n$ . Zweryfikujemy prawdziwość hipotez alternatywnych przy założeniu hipotezy zerowej  $H_0 : \sigma^2 = 1.5$ .

#### 3.1 Hipoteza alternatywna $H_1 : \sigma \neq 1.5$

W celu zweryfikowania hipotezy zerowej ustalamy statystykę testową

$$\chi = \frac{(n-1)s^2}{\sigma_0^2} \quad (13)$$

gdzie  $n = 1000$  jest długością próby,  $s^2$  to wariancja wyznaczona z próby,  $\sigma_0^2 = 1.5$ . Test przeprowadzimy na poziomie istotności  $\alpha = 0.05$ .

Zbiór krytyczny definiujemy jako przedział wartości statystyki  $\chi$ , dla którego odrzucamy hipotezę zerową i oznaczamy jako  $C$ . Dla przypadku hipotezy alternatywnej  $H_1 : \sigma^2 \neq 1.5$  zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

$$C = (-\infty, x_{\frac{\alpha}{2}, n-1}] \cup [x_{1-\frac{\alpha}{2}, n-1}, \infty) \quad (14)$$

Gdzie  $x_{\frac{\alpha}{2}, n-1}$  to kwantyl rzędu  $\frac{\alpha}{2}$  rozkładu  $\chi^2$  z  $n-1$  stopniami swobody i analogicznie  $x_{1-\frac{\alpha}{2}, n-1}$  to kwantyl rzędu  $1 - \frac{\alpha}{2}$  rozkładu  $\chi^2$  z  $n-1$  stopniami swobody. Dla naszych danych obliczamy wartość statystyki  $\chi$ . Zaczynamy od policzenia wariancji ze wzoru

$$s^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \approx 1.667 \quad (15)$$

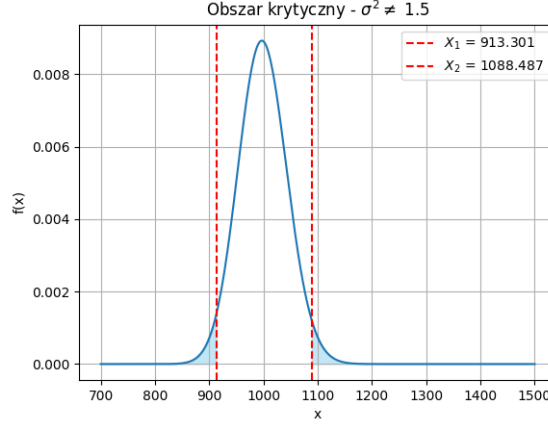
Teraz podstawiamy do wzoru na statystykę testową

$$\chi = \frac{999 \cdot 1.667}{1.5} \approx 1109.858 \quad (16)$$

Aby sprawdzić czy wartość naszej statystyki znajduje się w zbiorze krytycznym wyznaczamy wartość kwantyla rozkładu  $\chi^2$  rzędu 0.025 i 0.975. Otrzymujemy  $x_{0.025} \approx 913.301$  i  $x_{0.975} \approx 1088.487$ . Wiemy stąd, że

$$C = (-\infty, 913.301] \cup [1088.487, \infty) \quad (17)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej



Rysunek 4: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1 : \sigma^2 \neq 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $\chi$  zawiera się w zbiorze  $C$  i mamy podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej oraz przyjęcia hipotezy alternatywnej  $H_1 : \sigma^2 \neq 1.5$ .

Teraz wyznaczmy p-wartość ze wzoru

$$p = 2\min(1 - F_{\chi, n-1}(x), F_{\chi, n-1}(x)) \quad (18)$$

gdzie  $F_{\chi, n-1}(x)$  to dystrybucja rozkładu  $\chi$  z  $n-1$  stopniami swobody w punkcie  $x$ .

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 0.016$ . Oznacza to, że dla  $\alpha < p$  przyjąłoby się hipotezę zerową.

### 3.2 Hipoteza alternatywna $H_1 : \sigma^2 > 1.5$

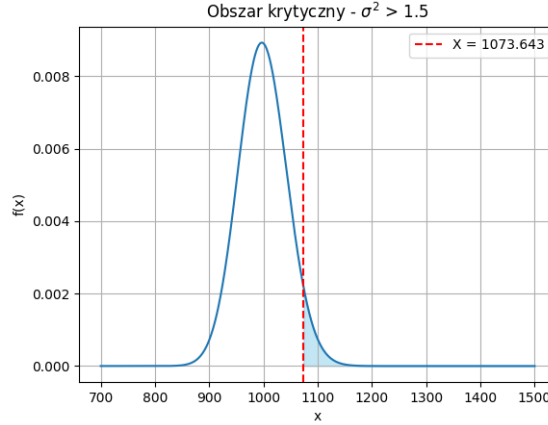
W celu zweryfikowania hipotezy zerowej ustalamy statystykę testową taką jak dla poprzedniej hipotezy alternatywnej. Dla przypadku hipotezy alternatywnej  $H_1 : \sigma^2 > 1.5$  zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

$$C = [x_{1-\alpha, n-1}, \infty) \quad (19)$$

Wartość statystyki testowej pozostaje bez zmian, czyli  $\chi = 1109.858$ . Aby sprawdzić czy wartość naszej statystyki znajduje się w zbiorze krytycznym wyznaczamy wartość kwantyla rozkładu  $\chi^2$  rzędu 0.95. Otrzymujemy  $x_{0.95} \approx 1073.643$ . Wiemy stąd, że

$$C = [1073.643, \infty) \quad (20)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej



Rysunek 5: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1 : \sigma^2 > 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $\chi$  awiera się w zbiorze  $C$  i mamy podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej oraz przyjęcia hipotezy alternatywnej  $H_1 : \sigma^2 > 1.5$ .

Dla tej hipotezy alternatywnej p-wartość obliczamy ze wzoru

$$p = 1 - F_{\chi, n-1}(x) \quad (21)$$

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 0.008$ . Oznacza to, że dla  $\alpha < p$  przyjęlibyśmy hipotezę zerową.

### 3.3 Hipoteza alternatywna $H_1 : \sigma^2 < 1.5$

Postępujemy analogicznie jak w poprzednim przypadku. Zbiór krytyczny konstruujemy w następujący sposób

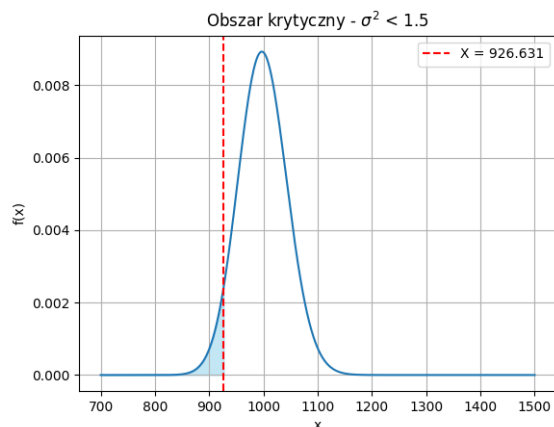
$$C = (-\infty, x_{\alpha, n-1}] \quad (22)$$

Wartość statystyki testowej pozostaje bez zmian, czyli  $\chi = 1109.858$ . Aby sprawdzić czy wartość naszej statystyki znajduje się w zbiorze krytycznym wyznaczamy wartość kwantyla rozkładu  $\chi^2$  rzędu 0.05. Otrzymujemy  $x_{0.05} \approx 926.631$ . Wiemy stąd, że

$$C = (-\infty, 926.631] \quad (23)$$

Wyznaczony zbiór krytyczny jest przedstawiony poniżej





Rysunek 6: Zbiór krytyczny dla hipotezy  $H_1 : \sigma^2 < 1.5$

Zatem otrzymane wcześniej  $\chi$  nie zawiera się w zbiorze  $C$  i przyjmujemy hipotezę zerową oraz odrzucamy hipotezę alternatywną  $H_1 : \sigma^2 < 1.5$ . Dla tej hipotezy alternatywnej p-wartość obliczamy ze wzoru

$$p = F_{\chi, n-1}(x) \quad (24)$$

Dla naszych danych p-wartość wynosi  $p = 0.992$ . Oznacza to, że dla  $\alpha > p$  odrzucilibyśmy hipotezę zerową.

### 3.4 Wnioski

Z przeprowadzonych testów wynika, że  $\sigma^2 > 1.5$ . Wartości p pozwalają założyć dużą istotność statystyczną przeprowadzonych testów. Po przetestowaniu na poziomie istotności  $\alpha = 0.1$  otrzymaliśmy takie same wyniki, ale dla  $\alpha = 0.01$  należałoby przyjąć hipotezę zerową w przypadku  $\sigma^2 \neq 1.5$  oraz  $\sigma^2 < 1.5$ .

### 3.5 Kod w Pythonie

Poniżej znajduje się kod napisany w języku Python rozwiązujący rozważany problem.

```
import numpy as np
from scipy.stats import chi2
from urllib.request import urlopen
import matplotlib.pyplot as plt
```

```
url = "https://prac.im.pwr.edu.pl/~wyloman/ss_2023_2024/lista8_zad2.txt"
page = urlopen(url)
```

```

html_lines = page.readlines()
data = [float(line.decode("utf-8")) for line in html_lines]
np.array(data)

H0 = 1.5
mu = 0.2
n = len(data)
alpha = 0.05

data_std = np.std(data)
x = ((n-1) * (data_std) ** 2) / H0

X_quantile_low = chi2.ppf(alpha/2, n-1)
X_quantile_high = chi2.ppf(1 - (alpha/2), n-1)

# p-wartości
p_neq = 2 * min(1 - chi2.cdf(x, n-1), chi2.cdf(x, n-1))
p_g = 1 - chi2.cdf(x, n-1)
p_l = chi2.cdf(x, n-1)

# sig2 != 1.5 <- hipoteza alternatywna
if x <= X_quantile_low or x >= X_quantile_high:
    print('Hipoteza sig != 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza sig != 1.5 fałszywa')

X_quantile = chi2.ppf(1 - alpha, n-1)

# sig > 1.5 <- hipoteza alternatywna
if x > X_quantile:
    print('Hipoteza sig > 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza sig > 1.5 fałszywa')

X_quantile = chi2.ppf(alpha, n-1)

# sig < 1.5 <- hipoteza alternatywna
if x < X_quantile:
    print('Hipoteza sig < 1.5 prawdziwa')
else:
    print('Hipoteza sig < 1.5 fałszywa')

Kod zwrócił następujące wyniki

Hipoteza sig != 1.5 prawdziwa
Hipoteza sig > 1.5 prawdziwa
Hipoteza sig < 1.5 fałszywa

```

## 4 Wyznaczenie prawdopodobieństwa błędów

Za pomocą Pythona możemy symulacyjne wyznaczyć prawdopodobieństwa wystąpienia błędów I i II rodzaju dla rozpatrywanych testów. Rozpocniemy od wyznaczenia prawdopodobieństw błędu I rodzaju, zaczynając dla średniej i następnie dla wariancji, dla odpowiednich wartości  $\alpha$ . Błąd pierwszego rodzaju wyznaczymy poprzez tysiąckrotne wygenerowanie próby losowej z odpowiedniego rozkładu (standardowego normalnego lub  $\chi^2$ ). Po przeprowadzeniu symulacji, możemy łatwo policzyć stosunek liczby prób w których statystyka testowa znajduje się w obszarze krytycznym do liczby wszystkich prób. Operację powtórzymy stukrotnie w celu uzyskania średniej wartości błędu. Obliczymy również medianę oraz odchylenie standardowe.

### 4.1 Błąd I rodzaju

#### 4.1.1 Populacja o rozkładzie o normalnym $N(\mu, 0.2)$

Kod, który służy do wyznaczenia błędu I rodzaju dla

$$H_1 : \mu \neq 1.5, \alpha = 0.05 :$$

```
import numpy as np
from scipy.stats import norm
import seaborn as sns
sns.set_style('whitegrid')
import matplotlib.pyplot as plt

alpha = 0.05
n = 1000          # długość pojedynczej próby
N = 1000          # liczba iteracji do symulacyjnego wyznaczenia błędu I rodzaju
M = 100           # liczba wysymulowanych błędów I rodzaju
mu = 1.5
sigma = 0.2

def critical_values(alpha):
    return norm.ppf(alpha/2), norm.ppf(1 - alpha/2)

def simulate_type1_error(alpha=alpha, mu=mu, sigma=sigma, n=n, N=N, M=M):
    type1_errors = []
    for _ in range(M):
        rejections = 0
        c1, c2 = critical_values(alpha)
        for _ in range(N):
            X = norm.rvs(loc=mu, scale=sigma, size=n) # parametry zgodne z H0
            m = np.mean(X)
            Z = (m - mu) / (sigma / np.sqrt(n)) # statystyka testowa
            if not (c1 < Z < c2): # Z w obszarze krytycznym?
```

```

        rejections += 1
    type1_errors.append(rejections/N)
    return type1_errors

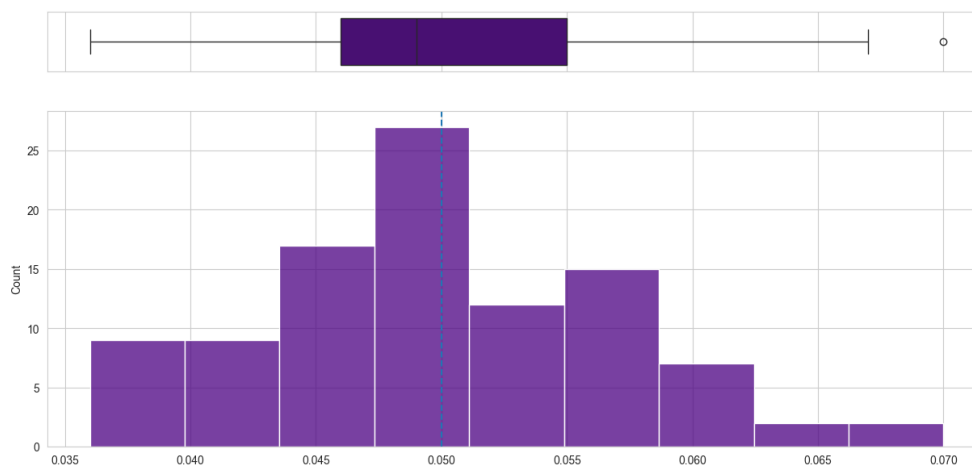
type1_error = simulate_type1_error(alpha=alpha, mu=mu, sigma=sigma, n=n, N=N, M=M)
print("Średnia: ", np.mean(type1_error), ", Mediana: ",
      np.median(type1_error), ", Odchylenie standardowe: ", np.std(type1_error))

fig, (ax_box, ax_hist) = plt.subplots(2, sharex=True,
    gridspec_kw={"height_ratios": (.15, .85)}, figsize=(15, 7))
sns.boxplot(x=type1_error, ax=ax_box, color="indigo")
sns.histplot(data=type1_error, ax=ax_hist, color="indigo")
ax_box.set(xlabel='')
plt.suptitle(f'Symulacyjny rozkład błędu pierwszego rodzaju ( $H_1$  \; \colon \;
\mu \neq 1.5, \; \alpha = {alpha}$, N = {N}, M={M})', fontsize=20);
plt.axvline(x=alpha, linestyle='dashed')

```

Powyższy kod zwrócił wykres przedstawiony na Rysunku 7 oraz wartości:  
Średnia: 0.04991, Mediana: 0.049, Odchylenie standardowe: 0.00695427206830449

Symulacyjny rozkład błędu pierwszego rodzaju ( $H_1 : \mu \neq 1.5$ ,  $\alpha = 0.05$ ,  $N = 1000$ ,  $M=100$ )



Rysunek 7: Błąd pierwszego rodzaju jest bliski teoretycznej wartości poziomu istotności testu.

Za pomocą analogicznego kodu dla pozostałych wartości  $\alpha$  oraz hipotez, otrzymujemy wartości, które umieszczone zostały w tabeli.

$H_1$	$\alpha$	Błąd I rodzaju		
		Średnia	Mediana	Odchylenie st.
$\mu \neq 1.5$	0.01	0.01	0.01	0.0031
	0.05	0.051	0.051	0.0065
	0.1	0.101	0.1	0.0094
$\mu > 1.5$	0.01	0.0099	0.01	0.0031
	0.05	0.051	0.051	0.0067
	0.1	0.0993	0.099	0.0082
$\mu < 1.5$	0.01	0.0104	0.01	0.0032
	0.05	0.0505	0.05	0.0072
	0.1	0.101	0.102	0.0101

Rysunek 8: Tabela przedstawia otrzymane rezultaty dla poszczególnych hipotez oraz różnych wartości  $\alpha$ .

#### 4.1.2 Populacja o rozkładzie normalnym $N(0.2, \sigma^2)$

Kod potrzebny do wyznaczenia prawdopodobieństwa błędu I rodzaju w tym przypadku jest analogiczny jak dla pierwszego rozkładu, należy jednak pamiętać o podstawieniu rozkładu  $\chi^2$  oraz zastosowaniu odpowiedniej statystyki testowej. W wyniku przeprowadzonych symulacji, otrzymujemy wartości przedstawione w tabeli (Rysunek 9).

#### 4.1.3 Wnioski

Obserwujemy, że dla każdej z wartości, błąd pierwszego rodzaju jest zbliżony do poziomu istotności testu, zatem uzyskane wyniki symulacyjne należy uznać za poprawne.

$H_1$	$\alpha$	Błąd I rodzaju		
		Średnia	Mediana	Odchylenie st.
$\sigma^2 \neq 1.5$	0.01	0.0099	0.009	0.0031
	0.05	0.05	0.05	0.0061
	0.1	0.101	0.099	0.0096
$\sigma^2 > 1.5$	0.01	0.0091	0.009	0.0029
	0.05	0.047	0.0475	0.0077
	0.1	0.094	0.093	0.0088
$\sigma^2 < 1.5$	0.01	0.01	0.01	0.003
	0.05	0.052	0.052	0.0065
	0.1	0.102	0.1025	0.0083

Rysunek 9: Tabela przedstawia otrzymane rezultaty dla poszczególnych hipotez oraz różnych wartości  $\alpha$ .

## 4.2 Błąd II rodzaju

### 4.2.1 Populacja o rozkładzie o normalnym $N(\mu, 0.2)$

Kod, który służy do wyznaczenia błędu II rodzaju dla

$$H_1 : \mu \neq 1.5, \alpha = 0.05 :$$

```
import numpy as np
from scipy.stats import norm
import seaborn as sns
sns.set_style('whitegrid')
import matplotlib.pyplot as plt

mu0 = 1.5
#-----
mu1 = 1.47
mu2 = 1.48
mu3 = 1.49
mu4 = 1.51
mu5 = 1.52
mu6 = 1.53
mus = [mu1, mu2, mu3, mu4, mu5, mu6]
alpha = 0.05
sigma = 0.2
n = 1000
N = 1000
M = 100
def critical_values(alpha):
    return norm.ppf(alpha/2), norm.ppf(1 - alpha/2)
def simulate_type2_error(alpha=alpha, mu=mu, mu0=mu0, sigma=sigma,
n=n, N=N, M=M):
    type2_errors = []
    for _ in range(M):
        acceptances = 0
        c1, c2 = critical_values(alpha)
        for _ in range(N):
            X = norm.rvs(loc=mu, scale=sigma, size=n) # parametry zgodne z H0
            m = np.mean(X)
            Z = (m - mu0) / (sigma / np.sqrt(n)) # statystyka testowa
            if (c1 < Z < c2): # Z poza obszarem krytycznym?
                acceptances += 1
        type2_errors.append(acceptances/N)
    return type2_errors
for mu in mus:
    type2_error = simulate_type2_error(alpha=alpha, mu=mu,
sigma=sigma, n=n, N=N, M=M)
```

```

print("Średnia: ", np.mean(type2_error), ",
Mediana: ", np.median(type2_error), ",
Odchylenie standardowe: ", np.std(type2_error))

fig, (ax_box, ax_hist) = plt.subplots(2, sharex=True,
gridspec_kw={"height_ratios": (.15, .85)}, figsize=(15, 7))
sns.boxplot(x=type2_error, ax=ax_box, color="#0BCE9D")
sns.histplot(data=type2_error, ax=ax_hist, color="#0BCE9D")
ax_box.set(xlabel='')
plt.suptitle(f'Symulacyjny rozkład błędu drugiego rodzaju ($H_1 \setminus$
colon \setminus; \mu \neq 1.5, \setminus; \alpha = {\alpha}, \setminus; \mu = {\mu}$,
N = {N}, M={M})', fontsize=17);
fig.savefig(f"box2_H1neq_{alpha}_{mu}.pdf")

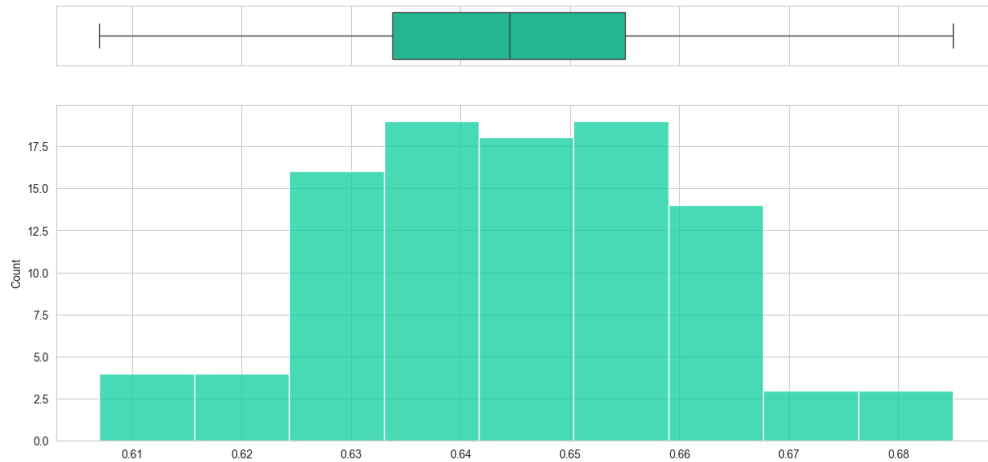
```

Powyższy kod zwraca kilka wykresów oraz wartości w zależności od parametru  $\mu$ . Przykładowy wykres dla  $\mu = 1.51$  przedstawiony został na Rysunku 10. Analogicznie prezentuje się to dla pozostałych hipotez. Za pomocą otrzymanych wartości możemy wyznaczyć moc testu, którą definiujemy wzorem

$$1 - P(B_{II}),$$

gdzie  $P(B_{II})$  to prawdopodobieństwo błędu II rodzaju. Uzyskane wartości zostały przedstawione w tabeli na Rysunku 11.

Symulacyjny rozkład błędu drugiego rodzaju ( $H_1 : \mu \neq 1.5, \alpha = 0.05, \mu = 1.51, N = 1000, M=100$ )



Rysunek 10: Przykładowy wykres dla błędu II rodzaju.

$H_1$	$\mu$	Błąd II rodzaju			Moc testu
		Średnia	Mediana	Odchylenie st.	
$\mu \neq 1.5$	1.47	0.0026	0.003	0.0015	0.9974
	1.48	0.114	0.115	0.01	0.886
	1.49	0.645	0.646	0.016	0.355
	1.51	0.647	0.647	0.014	0.353
	1.52	0.113	0.114	0.010	0.887
	1.53	0.0024	0.002	0.0015	0.9976
$\mu > 1.5$	1.51	0.525	0.527	0.015	0.475
	1.52	0.065	0.066	0.0069	0.935
	1.53	0.0009	0.001	0.0008	0.9991
$\mu < 1.5$	1.47	0.001	0.001	0.001	0.999
	1.48	0.0649	0.065	0.0073	0.9351
	1.49	0.523	0.522	0.016	0.477

Rysunek 11: Tabela przedstawia otrzymane rezultaty dla poszczególnych hipotez oraz różnych wartości  $\mu$ .

### 4.3 Populacja o rozkładzie normalnym $N(0.2, \sigma^2)$

Tę samą procedurę (z uwzględnieniem wymaganych zmian parametrów) stosujemy dla rozkładu  $N(0.2, \sigma^2)$ . Otrzymane wyniki przedstawione zostały w tabeli na Rysunku 12.

$H_1$	$\sigma^2$	Błąd II rodzaju			Moc testu
		Średnia	Mediana	Odchylenie st.	
$\sigma^2 \neq 1.5$	1.3	0.108	0.108	0.009	0.892
	1.4	0.664	0.665	0.014	0.334
	1.45	0.882	0.883	0.010	0.118
	1.55	0.886	0.885	0.009	0.113
	1.6	0.695	0.695	0.013	0.305
	1.7	0.202	0.203	0.011	0.798
$\sigma^2 > 1.5$	1.55	0.821	0.821	0.013	0.179
	1.6	0.580	0.581	0.014	0.420
	1.7	0.126	0.126	0.010	0.874
$\sigma^2 < 1.5$	1.45	0.810	0.812	0.010	0.189
	1.4	0.537	0.538	0.017	0.462
	1.3	0.057	0.0575	0.006	0.943

Rysunek 12: Tabela przedstawia otrzymane rezultaty dla poszczególnych hipotez oraz różnych wartości  $\sigma^2$ .



#### **4.3.1 Wnioski**

Zarówno dla testu wariancji jak i testu średniej, obserwujemy, że im bliżej wartości o której mówi hipoteza zerowa, tym większe prawdopodobieństwo błędu II rodzaju i mniejsza moc testu. Dzieje się tak niezależnie od wybranej hipotezy alternatywnej.