Praca_domowa_2

June 5, 2025

1 Praca domowa nr 2 „Planowanie i analiza eksperymentu''

wykonał Paweł Jan Tłusty s95596 Zestaw zadań dla grupy 1.1

Wersja online: Notes dostępny również w serwisie GitHub w formacie do odtworzenia .ipynb

Link:

https://github.com/Kotmin/R-Planowanie-Eksperymentu

Dla wszystkich zadań, o ile nie zaznaczono inaczej, przyjmujemy domyślny poziom istotności ** lpha = 0.05**. W przypadkach, gdzie zostaje on zmieniony (np. alpha = 0.01), informujemy o tym lokalnie przy interpretacji wyników.

$$\alpha = 0.05$$

1.1 Zadanie 1: Porównanie średnich wag mandarynek z dwóch plantacji

Zważono losowo wybrane mandarynki z dwóch różnych plantacji i otrzymano następujące wyniki (w gramach)

Dane:

- Waga1 = c(75, 67, 73, 78, 70, 78, 84, 75, 70, 72, 78)
- Waga2 = c(80, 75, 82, 76, 78, 82, 80, 85, 76, 72)

Cel: Sprawdzić, czy średnia waga mandarynek z dwóch plantacji jest taka sama.

Hipotezy:

- **H0 (hipoteza zerowa):** Średnia waga mandarynek z plantacji 1 = średnia waga z plantacji 2
- **H1 (hipoteza alternatywna):** Średnie są różne

[16]:
```
waga1 <- c(75, 67, 73, 78, 70, 78, 84, 75, 70, 72, 78)
waga2 <- c(80, 75, 82, 76, 78, 82, 80, 85, 76, 72)
```

[17]:
```
length(waga1); length(waga2) # Rozmiary prób
```

11

10

[18]:
```
mean(waga1); var(waga1)
mean(waga2); var(waga2)
```

74.5454545454545

23.2727272727273

78.6

15.3777777777778

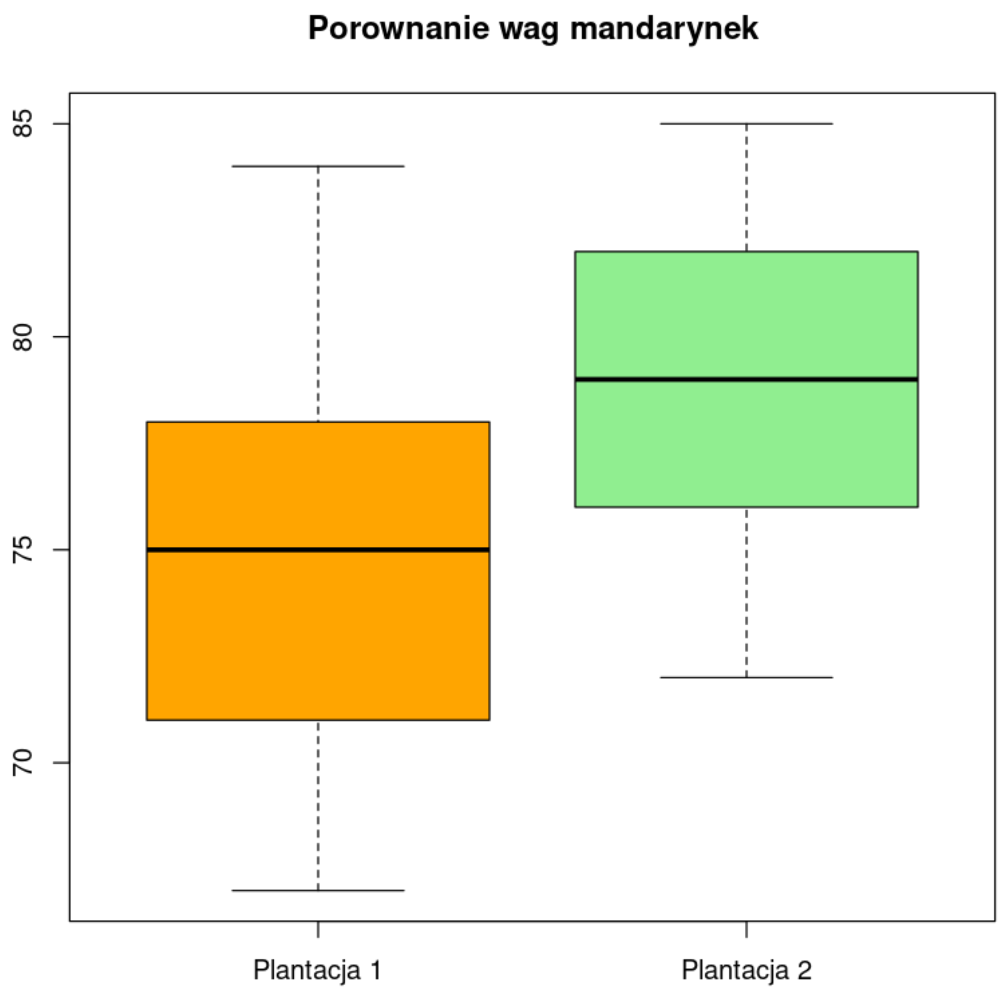
[19]:
```
waga1
```

1. 75 2. 67 3. 73 4. 78 5. 70 6. 78 7. 84 8. 75 9. 70 10. 72 11. 78

[20]:
```
waga2
```

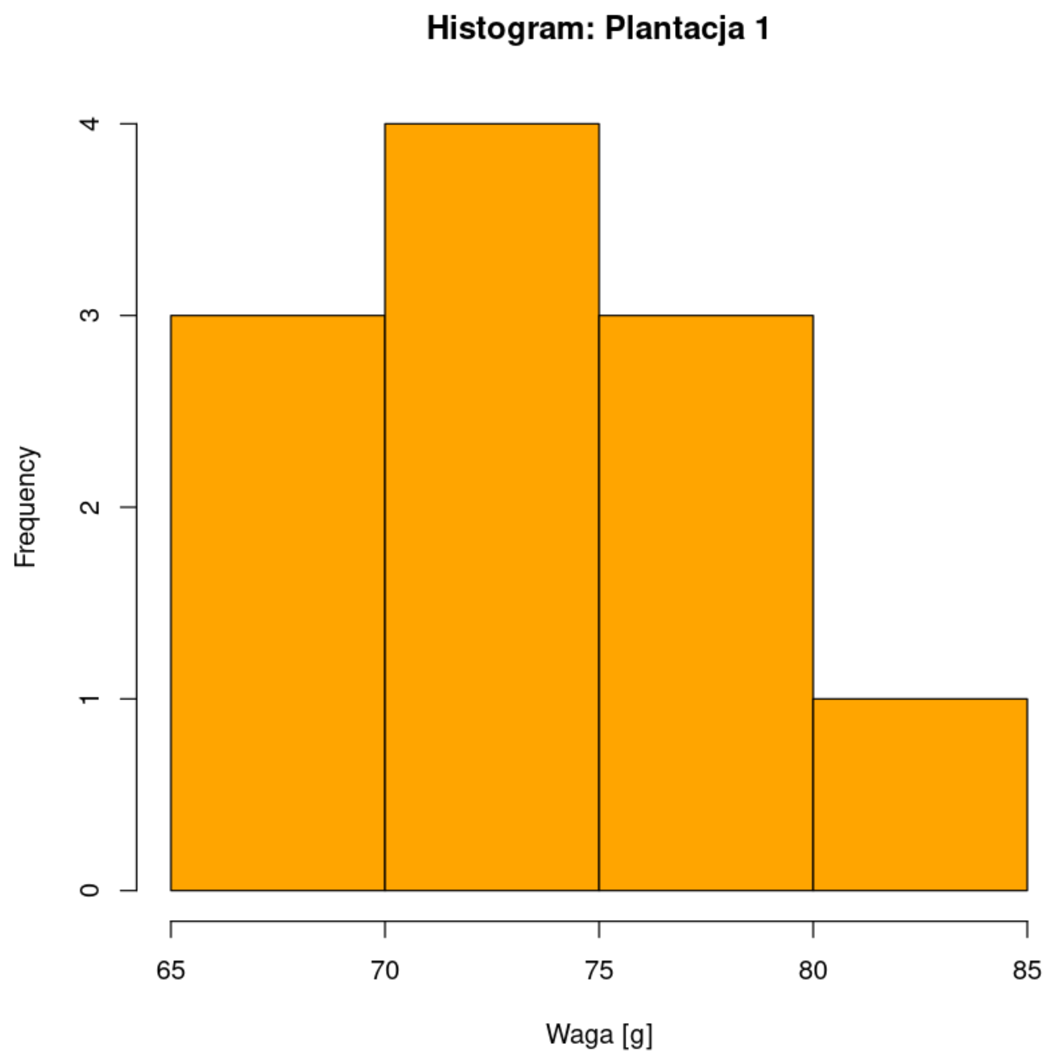
1. 80 2. 75 3. 82 4. 76 5. 78 6. 82 7. 80 8. 85 9. 76 10. 72

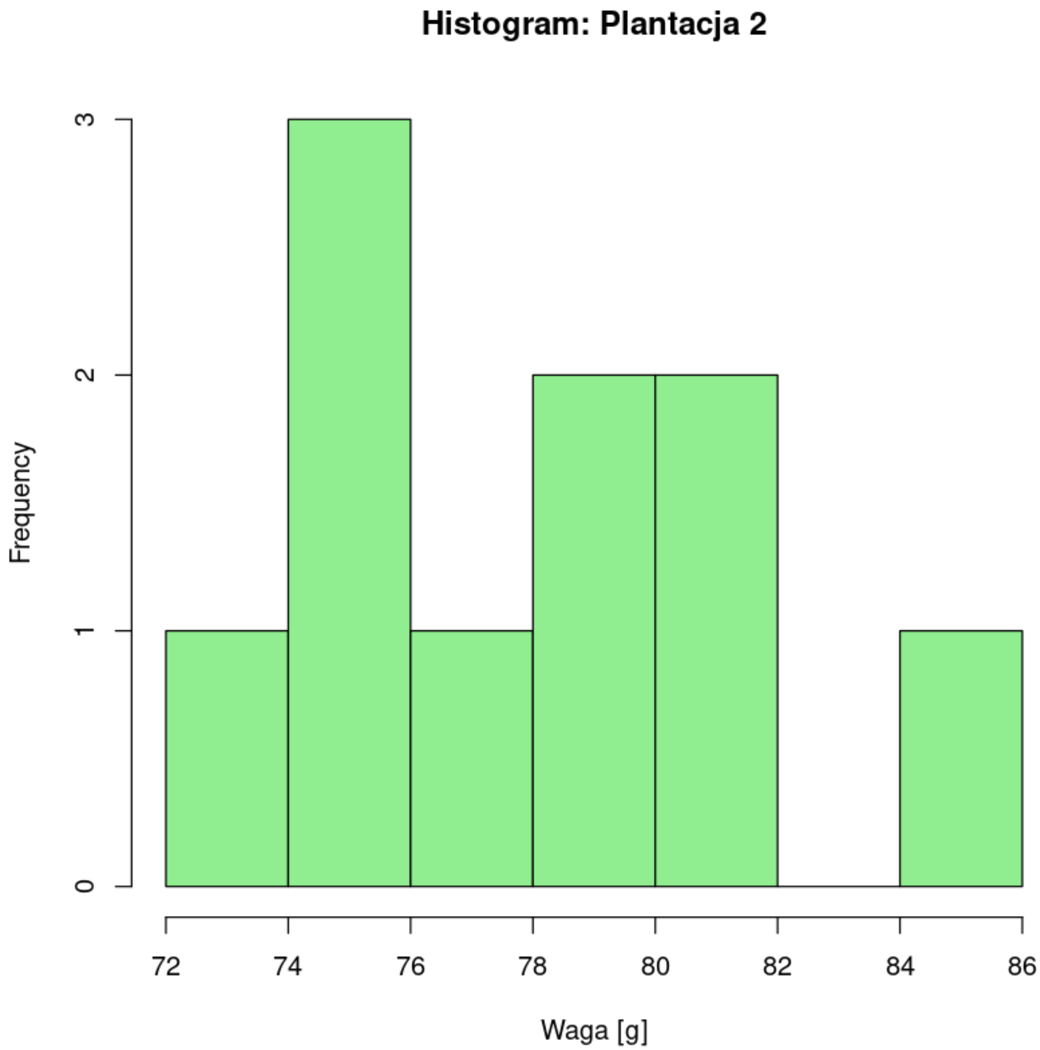
[56]:
```
boxplot(waga1, waga2, names = c("Plantacja 1", "Plantacja 2"), col =␣
    ↪c("orange", "lightgreen"), main = "Porownanie wag mandarynek")
```



[22]:
```
# par(mfrow = c(2, 1))
```

[57]:
```
hist(waga1, main = "Histogram: Plantacja 1", col = "orange", xlab = "Waga [g]")
hist(waga2, main = "Histogram: Plantacja 2", col = "lightgreen", xlab = "Waga␣
↪[g]")
```


Histogram: Plantacja 1
Frequency
0
1
2
3
4
65
70
75
80
85
Waga [g]



[26]:
```
# sprawdźimy czy dane mają rozkład normalny
# używamy testu Shapiro-Wilka (próbki są małe)
# test SW jest skonstruowany z hipotezami:
# H0: dane pochodzą z rozkładu normalnego
# H1: dane nie pochodzą z rozkładu normalnego / dane są istotne różne od␣
↪rozkładu normalnego

shapiro.test(waga1)
shapiro.test(waga2)
```

```
	Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  waga1
W = 0.96419, p-value = 0.8227


        Shapiro-Wilk normality test

data:  waga2
W = 0.97536, p-value = 0.9356
```

[29]:
```r
# p-value większe od 0.05 --dla obu przypadków.
# nie znaleźliśmy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej. Dane pochodzą z␣
↪rozkładu normalnego
# gdyby dane nie pochodizły z r.norm. użylibyśmy zapewne testu wilcoxona dla␣
↪średnich, dla zgodności z rozkładem normalnym użyjemy
# dobranej wersji t-test
# w celu doboru sprawdźmy wariancję
var.test(waga1, waga2)
# h0 wariancje są równe
# h1 wariancje się różnią
```

```
        F test to compare two variances

data:  waga1 and waga2
F = 1.5134, num df = 10, denom df = 9, p-value = 0.545
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.381799 5.719082
sample estimates:
ratio of variances
            1.5134
```

[30]:
```r
# wariancje są znane, nie znaleźliśmy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.␣
↪Wariancje nie różnią się istotnie statycznycznie
t.test(waga1, waga2, var.equal = TRUE)
```

```
        Two Sample t-test

data:  waga1 and waga2
t = -2.0996, df = 19, p-value = 0.04935
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -8.09632069 -0.01277022
sample estimates:
```

```
mean of x mean of y
 74.54545  78.60000
```

[ ]:
```
# p-value mniejsze od 0.05 - odrzucamy hipotezę zerową
```

1.1.1 Podsumowanie Z1: Porównanie średniej wagi mandarynek z dwóch plantacji

Czy można twierdzić, że średnia waga mandarynek jest taka sama dla każdej z plantacji?

– Nie.

Hipotezy:

- Hipoteza zerowa (H0): średnia waga mandarynek jest taka sama dla obu plantacji (mu1 = mu2)
- Hipoteza alternatywna (H1): średnia waga mandarynek różni się (mu1   mu2)

Założenia:

- Próbki są niezależne – pochodzą z dwóch różnych plantacji
- Dane mają rozkład normalny (sprawdzone testem Shapiro-Wilka)
- Wariancje są równe (sprawdzone testem Fishera)

Wyniki testu t:

- Statystyka t: -2.0996
- p-value: 0.04935
- Przedział ufności 95%: [-8.10, -0.01]
- Średnia (plantacja 1): 74.55 g
- Średnia (plantacja 2): 78.60 g

Wniosek: Na poziomie istotności alfa = 0.05, odrzucamy hipotezę H0 – istnieje statystycznie istotna różnica średnich wag mandarynek między plantacjami.

p-value bardzo bliskie 0.05 → wynik interpretować ostrożnie.

1.2 Zadanie 2:

Polecenie:

Pewna firma farmaceutyczna przetestowała działanie nowego leku na losowo wybranych pacjentach. Celem leku jest obniżenie poziomu pewnego składnika X we krwi. Wyniki badania przed podaniem i po podaniu leku są następujące (w odpowiednich jednostkach dla ustalonej objętości krwi)

Sprawdzić, czy średnio poziom składnika X spada po podaniu leku.
Czy można wnioskować, że lek obniża średnio poziom X ?

Dane:
- przed = c(160, 205, 230, 245, 180, 280, 230, 200, 170, 210)
- po   = c(150, 210, 240, 230, 170, 260, 240, 180, 190, 200)

Hipotezy: - H0: _d = 0 (brak zmiany średniego poziomu X) - H1: _d > 0 (lek **obniża** poziom składnika X)

Z konstukcji zadania wynika, że wartości na kolejnych pozycjach odpowiadają sobie wzajemnie przed/po.

[31]:
```r
przed <- c(160, 205, 230, 245, 180, 280, 230, 200, 170, 210)
po    <- c(150, 210, 240, 230, 170, 260, 240, 180, 190, 200)
```

[32]:
```r
przed
```

1. 160 2. 205 3. 230 4. 245 5. 180 6. 280 7. 230 8. 200 9. 170 10. 210

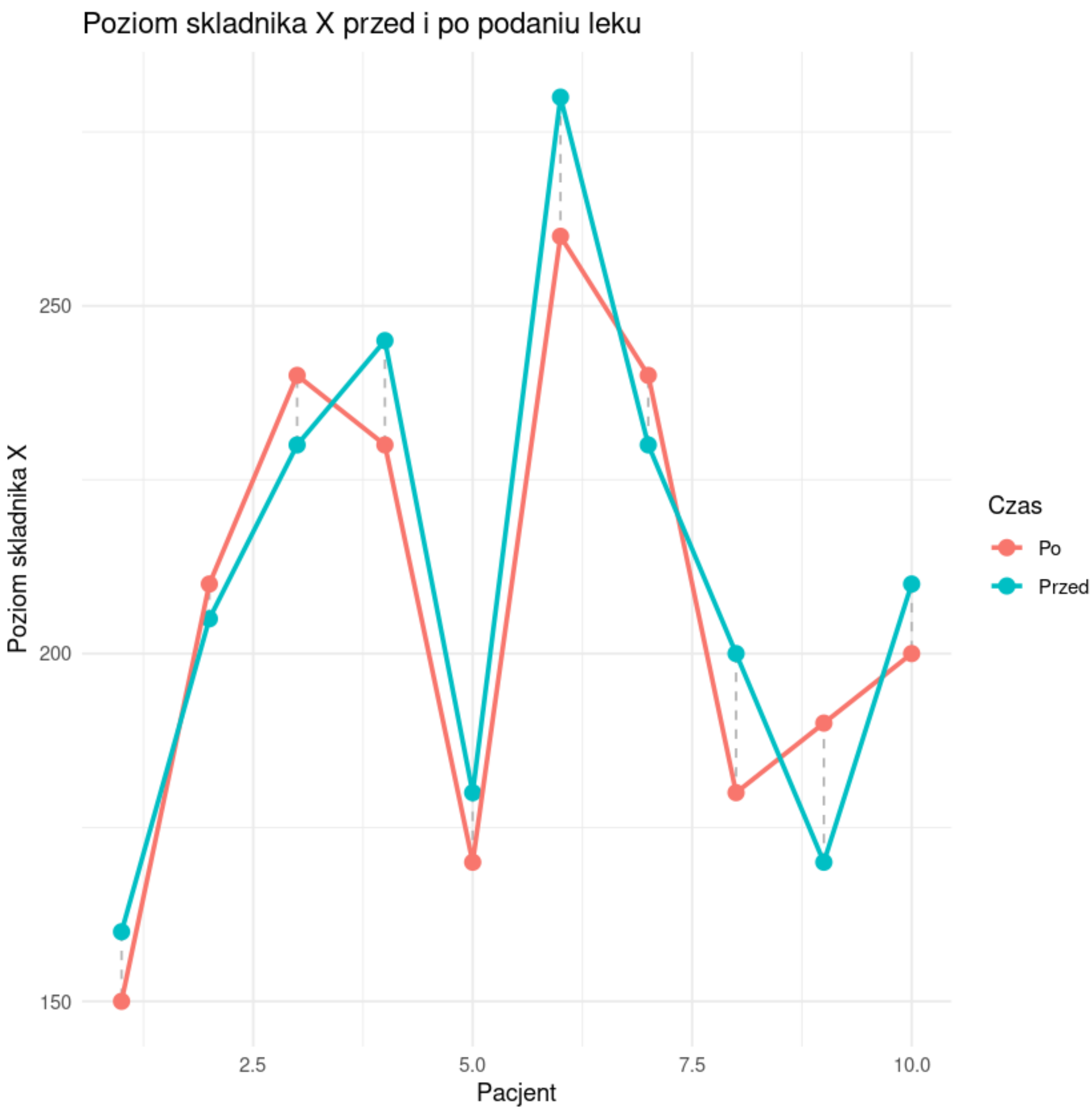
[33]:
```r
po
```

1. 150 2. 210 3. 240 4. 230 5. 170 6. 260 7. 240 8. 180 9. 190 10. 200

[43]:
```r
# chcemy zwizualicować dane
pacjenci <- 1:length(przed)
df <- data.frame(
  Pacjent = pacjenci,
  Przed = przed,
  Po = po
)

# Długa wersja danych
library(tidyr)
df_long <- pivot_longer(df, cols = c(Przed, Po), names_to = "Czas", values_to =
 ↪"Wartosc")

# Wykres
library(ggplot2)
ggplot(df_long, aes(x = Pacjent, y = Wartosc, color = Czas, group = Czas)) +
  geom_line(aes(group = Pacjent), color = "gray70", linetype = "dashed") +
  geom_point(size = 3) +
  geom_line(size = 1) +
  labs(title = "Poziom skladnika X przed i po podaniu leku",
       x = "Pacjent",
       y = "Poziom skladnika X",
       color = "Czas") +
  theme_minimal()
```



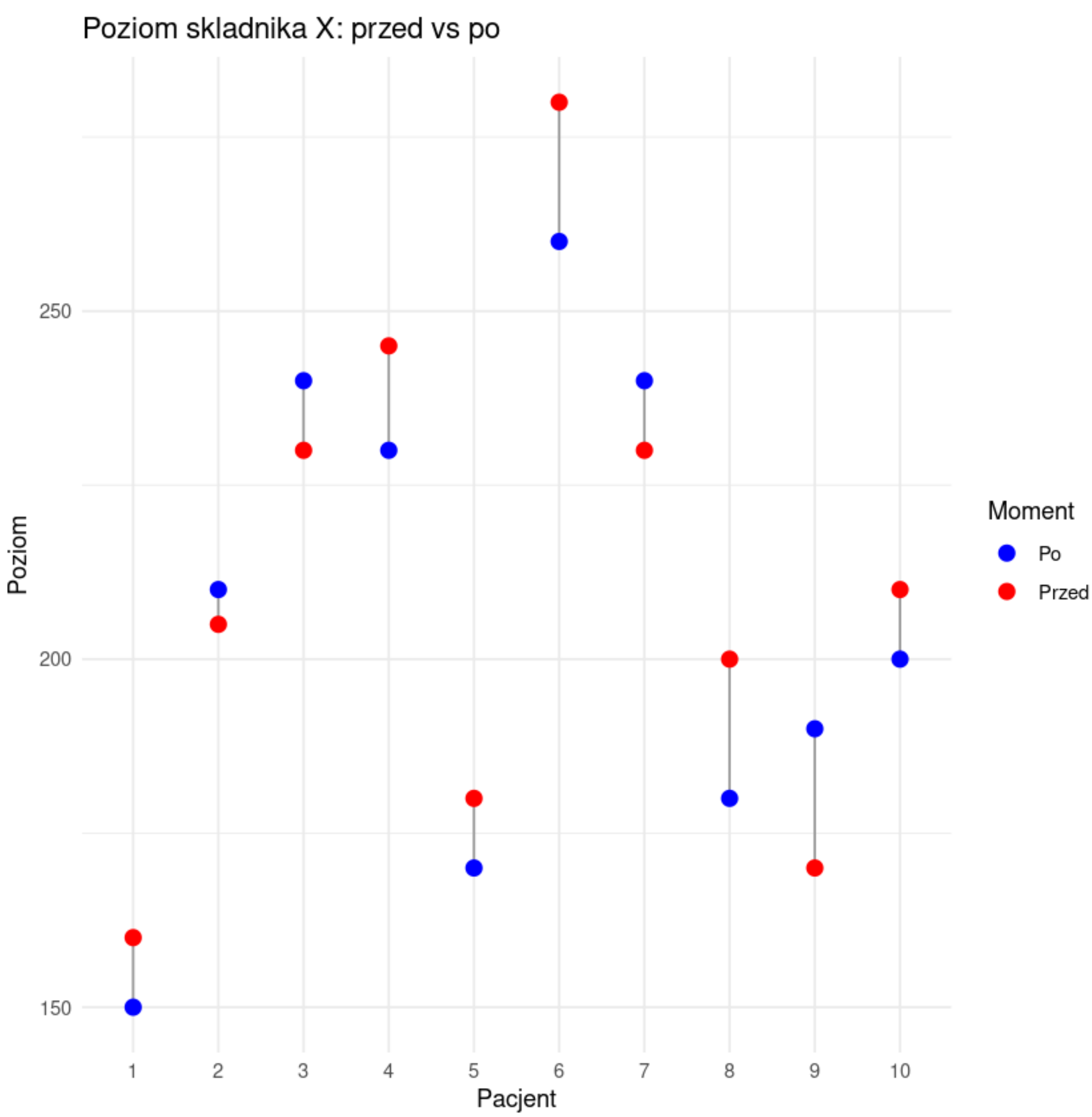
[38]:
```
# wykres liniowy zdaje się być tutaj niepoprawny. Chcieliśmy zobaczyć czy
↪kształt zmian będzie miał podobny przebieg.
# bardziej odpowiednia wizualizacja ponizej
```

[37]:
```
library(ggplot2)

# Ramka danych
df <- data.frame(
  Pacjent = factor(1:length(przed)),
  Przed = przed,
  Po = po
)
```

```r
# Długa wersja do wykresu
library(tidyr)
df_long <- pivot_longer(df, cols = c(Przed, Po), names_to = "Moment", values_to␣
↪= "Poziom")

# Wykres z liniami łączącymi przed i po
ggplot(df_long, aes(x = Pacjent, y = Poziom, group = Pacjent)) +
  geom_line(color = "gray60") +
  geom_point(aes(color = Moment), size = 3) +
  scale_color_manual(values = c("Przed" = "red", "Po" = "blue")) +
  labs(
    title = "Poziom skladnika X: przed vs po",
    x = "Pacjent",
    y = "Poziom",
    color = "Moment"
  ) +
  theme_minimal()
```



[39]:
```
# Czy lek obniża X po zażyciu: wykres pokazuje, ze zachodzą takie przypadki.␣
↪Należy to jednak zweryfikować

roznice <- przed - po
```

[40]:
```
shapiro.test(roznice)
```

```
	Shapiro-Wilk normality test

data:  roznice
W = 0.89467, p-value = 0.1913
```

[41]:
```r
# poruszamy się w obszarze testów dla  dwóch średnich, w tym przypadku zależnych
# nie znaleźliśmy testem Shapiro-Wilka by różnice miały statystycznie istotną różnicę w dystrybucji od rozkładu nromalnego
# wobec tego możemy użyć t.test, jednostronny (szukamy odpowiedzi na pytanie przed > po)

t.test(przed, po, paired = TRUE, alternative = "greater")
```

```
	Paired t-test

data:  przed and po
t = 0.89692, df = 9, p-value = 0.1966
alternative hypothesis: true mean difference is greater than 0
95 percent confidence interval:
 -4.175127       Inf
sample estimates:
mean difference 
              4 
```

[ ]:
```r
# p-value jest większe od 0.05 wobec tego nie mamy podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej.
#  Wobec czego w mocy utrzymuje się H0: Lek nie obniża poziomu składnika X
```

1.2.1 Podsumowanie Z2: Czy lek obniża poziom składnika X

Czy można wnioskować, że lek obniża średnio poziom X?

– Nie.

Hipotezy:

- Hipoteza zerowa (H0): Średnia różnica 0 (lek nie obniża poziomu składnika X)
- Hipoteza alternatywna (H1): Średnia różnica > 0 (lek obniża poziom składnika X)

Założenia:

- Dane pochodzą od tych samych pacjentów (próby zależne)
- Różnice mają rozkład normalny (sprawdzone testem Shapiro-Wilka)

Wyniki testu t (dla prób zależnych, jednostronny):

- Statystyka t: 0.8969
- p-value: 0.1966
- Przedział ufności 95%: $[-4.18, \infty)$

- Średnia różnica (przed - po): 4 jednostki #### Wyniki testu t:
- Statystyka t: -2.0996
- p-value: 0.04935
- Przedział ufności 95%: [-8.10, -0.01]
- Średnia (plantacja 1): 74.55 g
- Średnia (plantacja 2): 78.60 g

Wniosek: Wnioskujemy, że nie ma statystycznie istotnych dowodów na to, że lek obniża poziom składnika X we krwi.

1.3 Zadanie 3:

Polecenie:

Pierwszą monetą rzucono 100 razy i otrzymano 46 orłów, drugą monetą rzucono 50 razy i otrzymano 21 orłów, trzecią monetą rzucono 60 razy i otrzymano 26 orłów.

Zweryfikować hipotezę, że prawdopodobieństwo wyrzucenia orła jest takie samo dla wszystkich monet.

kolejne pozycje w strukturze reprezentują kolejne monety

Dane:
- Liczba orłów: `orly = c(46, 21, 26)` - Liczba rzutów: `rzuty = c(100, 50, 60)` - Liczba reszek: `reszki = rzuty - orly`

Hipotezy: - H0: Prawdopodobieństwo wyrzucenia orła jest takie samo dla wszystkich monet (p1 = p2 = p3) - H1: Co najmniej jedna moneta ma inne prawdopodobieństwo (pk != pj)

Z konstukcji zadania wynika, że wartości na kolejnych pozycjach odpowiadają sobie wzajemnie przed/po.

[44]:
```
orly <- c(46, 21, 26)
rzuty <- c(100, 50, 60)
reszki <- rzuty - orly
```

[45]:
```
dane <- rbind(orly, reszki)
```

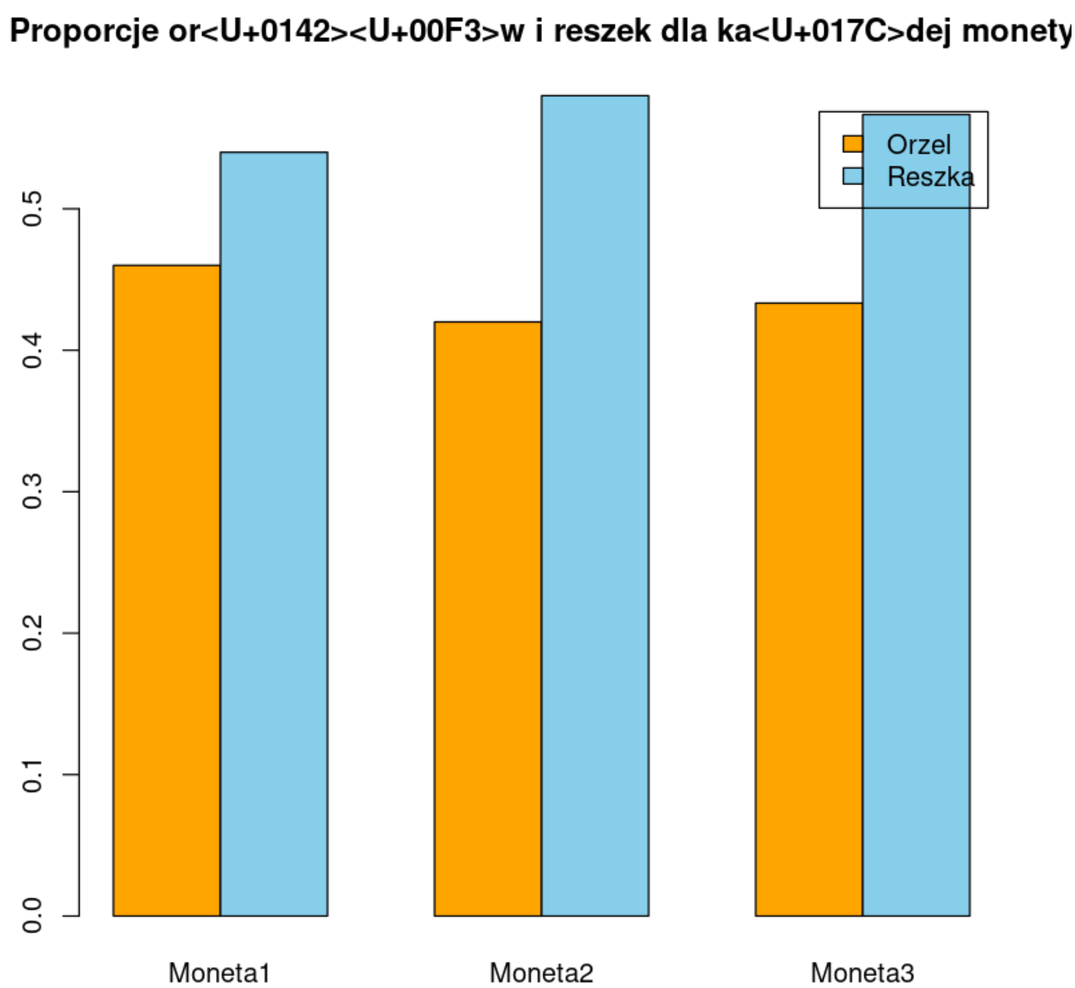
[48]:
```
colnames(dane) <- c("Moneta1", "Moneta2", "Moneta3")
rownames(dane) <- c("Orzel", "Reszka")
```

[49]:
```
dane
```

A matrix: 2 x 3 of type dbl

	Moneta1	Moneta2	Moneta3
Orzel	46	21	26
Reszka	54	29	34

[53]:
```
dane_prop <- prop.table(dane, 2)  # proporcje w kolumnach
barplot(dane_prop, beside = TRUE,
        col = c("orange", "skyblue"),
        legend = rownames(dane),
        main = "Proporcje orlow i reszek dla kazdej monety")
```



[ ]:
```
# wizualnie żadna z monet zdaje się nie odbiegać znacznie od reszty
```

[50]:
```
test_chi <- chisq.test(dane)
```

[51]:
```
test_chi
```

```
        Pearson's Chi-squared test

data:  dane
X-squared = 0.24704, df = 2, p-value = 0.8838
```

[52]:
```
# oczekiwane liczności
test_chi$expected
```

A matrix: 2 x 3 of type dbl

	Moneta1	Moneta2	Moneta3
Orzel	44.28571	22.14286	26.57143
Reszka	55.71429	27.85714	33.42857

[55]:
```
# żadna liczność oczekiwana nie jest mniejsza od 1
# nie więcej niż 20-25% liczości oczekiwanych jest mniejszych niż 5
# warunki dla testu chi-kwadrat zostały spełnione
# nie znaleźliśmy statystycznie istnotnego powodu dla odrzucenia H0 -
```

1.3.1 Podsumowanie Z3: Rzut monetą

Czy można twierdzić, że prawdopodobieństwo wyrzucenia orła jest takie samo dla wszystkich monet?

– Tak, **brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej**.

Hipotezy:

- Hipoteza zerowa (H0): Prawdopodobieństwo wyrzucenia orła jest **takie samo** dla wszystkich trzech monet
- Hipoteza alternatywna (H1): Co najmniej jedna moneta ma **inne** prawdopodobieństwo wyrzucenia orła

Założenia:

- Dane są niezależne (każda próba dotyczy innej monety)
- Liczności oczekiwane spełniają warunki testu chi-kwadrat:
  - żadna < 1

  - nie więcej niż 25% < 5

Dane:

- Moneta 1: 46 orłów / 100 rzutów
- Moneta 2: 21 orłów / 50 rzutów
- Moneta 3: 26 orłów / 60 rzutów

Wniosek: Wnioskujemy, że nie ma statystycznie istotnych dowodów na różnice międz<y monetami.Możemy przyjąć, że **wszystkie trzy monety mają to samo prawdopodobieństwo wyrzucenia orła**.

1.4 Zadanie 4: Czas świecenia żarówki

Polecenie:

Zmierzono długości czasów świecenia czterech typów żarówek. Celem jest sprawdzenie, czy wszystkie typy mają ten sam średni czas świecenia.

Dane (w godzinach):
- typ1 = c(910, 960, 940, 1040, 980, 1020, 1060)
- typ2 = c(950, 1010, 1045, 980, 930, 1035)
- typ3 = c(1020, 1070, 1010, 980, 1005, 950)
- typ4 = c(1010, 930, 950, 990, 1040)

Czy średnie czasy świecenia różnią się pomiędzy typami żarówek?

Hipotezy: - H0: średni czas świecenia jest taki sam dla wszystkich grup żarówek
(= = =) - H1: co najmniej jedna para średnich różni się
(i j :)

[58]:
```
typ1 <- c(910, 960, 940, 1040, 980, 1020, 1060)
typ2 <- c(950, 1010, 1045, 980, 930, 1035)
typ3 <- c(1020, 1070, 1010, 980, 1005, 950)
typ4 <- c(1010, 930, 950, 990, 1040)
```

[59]:
```
czas <- c(typ1, typ2, typ3, typ4)
typ <- factor(rep(c("typ1", "typ2", "typ3", "typ4"), times = c(length(typ1),␣
 ↪length(typ2), length(typ3), length(typ4))))
```

[60]:
```
dane <- data.frame(Czas = czas, Typ = typ)
head(dane)
```

A data.frame: 6 x 2

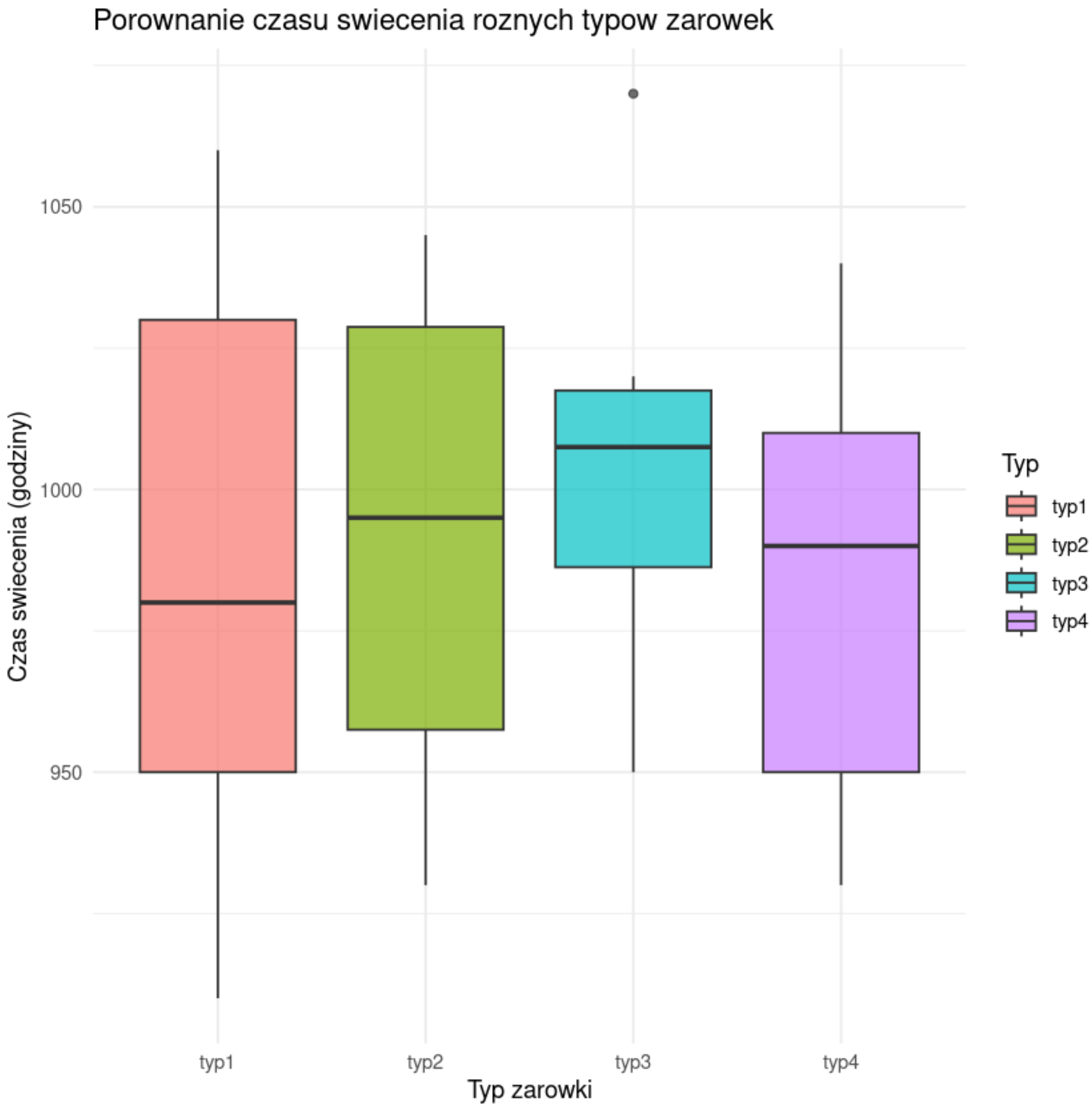
	Czas <dbl>	Typ <fct>
1	910	typ1
2	960	typ1
3	940	typ1
4	1040	typ1
5	980	typ1
6	1020	typ1

[62]:
```
#dane # zakomentowano dla czytelności
```

[67]:
```
library(ggplot2)

ggplot(dane, aes(x = Typ, y = Czas, fill = Typ)) +
  geom_boxplot(alpha = 0.7) +
  labs(
    title = "Porownanie czasu swiecenia roznych typow zarowek",
    y = "Czas swiecenia (godziny)",
    x = "Typ zarowki"
```

```
  ) +
  theme_minimal()
```



[73]:
```
# wizualnie widzimy jakieś różnice - czy statystycznie istotne?
# gdybyśmy szukali odpowiedzi na pytanie ,,którą żarówkę najpewniej najpóźniej
↪musielibyśmy wymienić'' mielibyśmy silniejszą poszlakę
```

[68]:
```
# właściwym podejściem zdaje się wykorzystanie ANOVA
# musimy sprawdzić jej założenia: normalność & homogeniczność wariancji
# wywołujemy test Shapiro-Wika dla każdej grupy (sprawdzamy normalość)
by(dane$Czas, dane$Typ, shapiro.test)
```

```
dane$Typ: typ1
```

```
        Shapiro-Wilk normality test

data:  dd[x, ]
W = 0.96381, p-value = 0.8507

------------------------------------------------------------
dane$Typ: typ2

        Shapiro-Wilk normality test

data:  dd[x, ]
W = 0.94008, p-value = 0.6598

------------------------------------------------------------
dane$Typ: typ3

        Shapiro-Wilk normality test

data:  dd[x, ]
W = 0.97159, p-value = 0.9029

------------------------------------------------------------
dane$Typ: typ4

        Shapiro-Wilk normality test

data:  dd[x, ]
W = 0.96873, p-value = 0.867
```

[69]:

```
# dla żadnej z grup p-value nie było mniejsze od 0.05, nie mamy podstaw do␣
↪odrzucenia hipotezy zerowej - o normalności
# dla danych o rozkł. norm dla sprawdzenia homogeniczności wariancji możemy␣
↪użyć testu Bartletta (gdyby tak nie było - Leverne)
bartlett.test(Czas ~ Typ, data = dane)
```

```
        Bartlett test of homogeneity of variances

data:  Czas by Typ
Bartlett's K-squared = 0.52124, df = 3, p-value = 0.9142
```

[72]:

```
# H0 dla t.Bartletta - Wariancje we wszystkich grupach są równe
# p-value większe od 0.05, nie znaleźliśmy powodu do odrzucenia H0
```

```
# Założenia ANOVA zostały spełnione
```

[70]:
```r
model <- aov(Czas ~ Typ, data = dane)
summary(model)
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Typ          3   1632     544   0.242  0.866
Residuals   20  44917    2246
```

[ ]:
```r
# p-value - Pr(>F)
# nie znaleziono podstaw do odrzucenia H0
# Nie mamy podstaw żeby przeprowadzać analizę post-hoc (ANOVA nie pokazał istotnych rożnic)
```

[74]:
```r
TukeyHSD(model)
```

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

Fit: aov(formula = Czas ~ Typ, data = dane)

$Typ
                diff        lwr      upr     p adj
typ2-typ1   4.523810  -69.27180 78.31942 0.9981423
typ3-typ1  18.690476  -55.10513 92.48608 0.8923859
typ4-typ1  -3.142857  -80.81049 74.52478 0.9994619
typ3-typ2  14.166667  -62.41465 90.74799 0.9538484
typ4-typ2  -7.666667  -87.98583 72.65250 0.9931118
typ4-typ3 -21.833333 -102.15250 58.48583 0.8709607
```

[76]:
```r
# średnie różnice w godzinach między różnymi typami zasadniczo wahały się  w przybliżeniu od 4 do 20 godzin.
# przedział lwr,upr zawiera 0 - różnica średnich nie ma znaczenia
# p adj mniejsze od 0.05 mówiłoby o istotnej różnicy między grupami
```

1.4.1 Podsumowanie Z4: Żarówki

Czy można twierdzić, że średnie czasy świecenia są takie same dla wszystkich typów żarówek?

– Tak, **brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej**.

Hipotezy:

- Hipoteza zerowa (H): Średni czas świecenia jest taki sam dla wszystkich typów żarówek (= = =)
- Hipoteza alternatywna (H): Istnieją różnice między co najmniej dwoma średnimi

Założenia:

- Dane są niezależne i pochodzą z czterech niezależnych grup
- Dane mają rozkład normalny w każdej grupie (sprawdzone testem Shapiro-Wilka)
- Wariancje są równe (sprawdzone testem Levene'a lub Bartlett'a)

Wyniki analizy wariancji (ANOVA):

- Statystyka F = 0.242

- p-value = 0.866

- Brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej

Wyniki testu post-hoc (Tukey HSD):

- Żaden z porównań par typów żarówek nie wykazał istotnej różnicy
- Wszystkie p-value > 0.87
- Wszystkie przedziały ufności zawierały 0

Wniosek: Na podstawie testu ANOVA oraz (opcjonalnej) analizy post-hoc możemy stwierdzić, że **brak istotnych różnic w średnim czasie świecenia** między czterema typami żarówek.

[ ]:
```

```