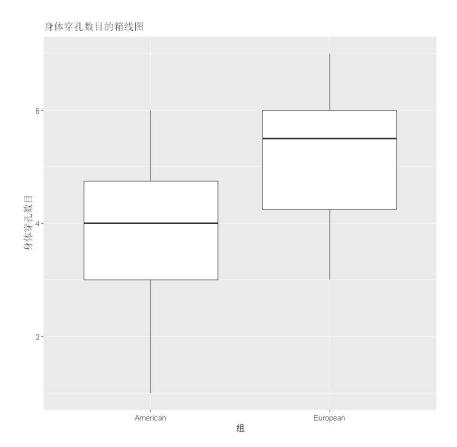
## 0. 准备工作

```
In [ ]: load("data.RData")
                       # Body piercing data
                       american.bp \leftarrow c(3, 5, 2, 1, 4, 4, 6, 3, 5, 4)
                       european.bp \leftarrow c(6, 5, 7, 7, 6, 3, 4, 6, 5, 4)
                        # Store data in a dataframe
                       bp.survey <- data.frame(</pre>
                                   "bp" = c(american.bp, european.bp),
                                   "group" = rep(c("American", "European"), each = 10),
                                   stringsAsFactors = FALSE
                        str(pirates)
                        'data.frame': 1000 obs. of 17 variables:
                          $ id
                                                                      : int 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
                                                                      : chr "male" "male" "male" "female" ...
                           $ sex
                           $ age
                                                                     : num 28 31 26 31 41 26 31 31 28 30 ...
                          $ weight : num 70.5 105.6 77.1 58.5 58.4 ... $ headband : chr "yes" "yes" "yes" "no" ... $ college : chr "JSSED" "JSSE
                          $ height
$ weight
                                                                     : chr "JSSFP" "JSSFP" "CCCC" "JSSFP" ...
                          $ tattoos
                                                                      : num 9 9 10 2 9 7 9 5 12 12 ...
                          $ tchests
                                                                         : num 0 11 10 0 6 19 1 13 37 69 ...
                          $ parrots : num 0 0 1 2 4 0 7 7 2 4 ...
                          $ favorite.pirate: chr "Jack Sparrow" "Jack Sparrow" "Jack Sparrow" "Jack Sparrow"
                       rrow" ...
                           $ sword.type : chr "cutlass" "cutlass" "cutlass" "scimitar" ...
                          $ eyepatch : num 1 0 1 1 1 1 0 1 0 1 ...
$ sword.time : num 0.58 1.11 1.44 36.11 0.11 ...
                          $ beard.length : num 16 21 19 2 0 17 1 1 1 25 ...
                          $ fav.pixar : chr "Monsters, Inc." "WALL-E" "Inside Out" "Inside Out"
                                                                      : num 11 9 7 9 14 7 9 12 16 9 ...
                          $ grogg
```

## 1. 对海盗身体穿孔数目(按照美国,欧洲进行分组)进行箱线 图绘图,解读图,阐述美国和欧洲是否有差异?



有差异,欧洲明显平均数目比较多,分布更密集且中位数偏高,最小值最大值还有上下四分位数都比较高;美国平均数目少,分布更分散,中位数偏低,最小值最大值还有上下四分位数都比较小。

2. 使用 t 检验(t-test)判断美国和欧洲海盗身上穿孔数目是否有差异,零假设是没有差异,备择假设是有差异,请将 t-test 结果保存在 R 变量 p.test 中,查看 p.test 对象内容,依据对象内容来回答"美国和欧洲海盗身上穿孔数目是否有差异"这个问题。

```
In []: # 进行t检验
p.test <- t.test(bp ~ group, data = bp.survey)

# 查看p.test对象内容
print(p.test)
```

Welch Two Sample t-test

```
data: bp by group

t = -2.5228, df = 17.783, p-value = 0.0214

alternative hypothesis: true difference in means between group American and gro

up European is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-2.9335927 -0.2664073

sample estimates:

mean in group American mean in group European

3.7 5.3
```

• t = -2.5228: 这是t统计量的值。t统计量是样本均值差异的度量,考虑了样本大小和样本标准差。t值的负号表示美国海盗的平均穿孔数目小于欧洲海盗。

- df = 17.783 : 这是自由度的数量。自由度是可以自由变化的参数的数量。
- p-value = 0.0214: 这是p值,用于判断检验的结果是否具有统计学意义。在这个例子中,p值小于0.05,意味着我们有足够的证据来拒绝零假设(即,美国和欧洲海盗身上穿孔数目没有差异)。换句话说,我们的数据显示出美国和欧洲海盗身上穿孔数目有显著的差异。
- 95 percent confidence interval: -2.9335927 -0.2664073 : 这是均值差异的95%置信区间。这个区间表示,如果我们多次从同一个总体中抽样并计算均值差异,那么这个差异有95%的概率落在这个区间内。
- mean in group American 3.7 mean in group European 5.3: 这是两个样本的平均穿孔数目。美国海盗的平均穿孔数目是3.7, 欧洲海盗的平均穿孔数目是5.3。

综上,我们可以得出结论:美国和欧洲海盗身上穿孔数目存在显著的差异,欧洲海盗的平均穿孔数目多于美国海盗。

3. 使用 t 检验(t-test)判断 29 岁和 30 岁海盗的文身情况是否有差异,零假设是没有差异,备择假设是有差异,请将 t-test 结果保存在 R 变量 t.test 中,查看 t.test 对象内容,依据对象内容来回答"29 岁和 30 岁海盗的文身情况是否有差异"这个问题。

```
In []: # 创建29岁和30岁海盗的文身数据子集
tattoos_29 <- pirates$tattoos[pirates$age == 29]
tattoos_30 <- pirates$tattoos[pirates$age == 30]

# 进行t检验
t.test <- t.test(tattoos_29, tattoos_30)

# 查看t.test对象内容
print(t.test)
```

Welch Two Sample t-test

data: tattoos\_29 and tattoos\_30
t = 0.26552, df = 119.15, p-value = 0.7911
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -1.058586 1.386455
sample estimates:
mean of x mean of y
10.081967 9.918033

- t = 0.26552: 这是t统计量的值。t统计量是样本均值差异的度量,考虑了样本大小和样本标准差。t值接近0,表示29岁和30岁海盗的平均文身数目差异不大。
- df = 119.15 : 这是自由度的数量。自由度是可以自由变化的参数的数量。
- p-value = 0.7911: 这是p值,用于判断检验的结果是否具有统计学意义。在这个例子中,p值大于0.05,意味着我们没有足够的证据来拒绝零假设(即,29岁和30岁

海盗的文身情况没有差异)。换句话说,我们的数据没有显示出29岁和30岁海盗的文身情况有显著的差异。

- 95 percent confidence interval: -1.058586 1.386455 : 这是均值差异的 95%置信区间。这个区间表示,如果我们多次从同一个总体中抽样并计算均值差异, 那么这个差异有95%的概率落在这个区间内。
- mean of x mean of y: 10.081967 9.918033 : 这是两个样本的平均文身数目。 29岁海盗的平均文身数目是10.08, 30岁海盗的平均文身数目是9.92。

综上,我们可以得出结论: 29岁和30岁海盗的文身情况没有显著的差异。

4. 卡方检验(Chi-square test)可以用来判断一个因子变量是否依赖另一个因子变量,请考察一个海盗上的大学和海盗是否佩戴眼罩是否有关联,使用卡方检验,将结果保存在R变量c.test中,查看c.test对象内容,依据对象内容来回答"一个海盗上的大学和海盗是否佩戴眼罩是否有关联"这个问题

In []: # 创建列联表
 table <- table(pirates\$college, pirates\$eyepatch)
# 进行卡方检验
 c.test <- chisq.test(table)
# 查看c.test对象内容
print(c.test)</pre>

Pearson's Chi-squared test with Yates' continuity correction

data: table
X-squared = 0, df = 1, p-value = 1

- X-squared = 0: 这是卡方统计量的值。卡方统计量是观察频数和期望频数之间差异的度量。在这个例子中,卡方统计量为0,意味着观察频数和期望频数完全一致。
- df = 1: 这是自由度的数量。自由度是可以自由变化的参数的数量。在卡方检验中,自由度通常等于(行数-1)\*(列数-1)。
- p-value = 1: 这是p值,用于判断检验的结果是否具有统计学意义。在这个例子中,p值为1,意味着我们没有足够的证据来拒绝零假设(即,海盗的大学和是否佩戴眼罩是独立的)。换句话说,我们的数据没有显示出这两个变量之间有显著的关联。

综上,我们可以得出结论:一个海盗上的大学和海盗是否佩戴眼罩没有显著的关联。