R w analizie statystycznej dla przyrodników

Idzi Siatkowski

Joanna Zyprych-Walczak

Spis treści

Rozdział 1

Wprowadzenie

1.1 Cel książki

Prezentowana książka przeznaczona jest dla wszystkich początkujących, nie znających środowiska R, a chcących poznać podstawowe możliwości obliczeniowe i graficzne oprogramowania R w zakresie zastosowań statystyki. Celem książki jest zapoznanie czytelnika z podstawami składni języka R oraz zastosowaniem R w podstawowych obliczeniach statystycznych. Książka zawiera przykłady wraz z programami (kodami, skryptami) napisanymi w R. Przykłady dotyczą zagadnień przyrodniczych i pochodzą z podręczników, w których znajduje się teoria statystyczna (Elandt, 1964; Greń, 1975; Kala, 2005; Hanusz *i* Tarasińska, 2006; Dobek *i* Szwaczkowski, 2007). Po wykonaniu przedstawionych przykładów czytelnik powinien samodzielnie rozwiązywać problemy statystyczne związane z m.in. testowaniem, regresją, badaniem zależności cech oraz wykonywać wykresy lub prezentacje graficzne.

1.2 Co to jest R

R (R Core Team, 2017) jest narzędziem (programem, środowiskiem) przeznaczonym m.in. do wykonywania zarówno prostych, jak i tych bardziej złożonych obliczeń i analiz statystycznych, a także do tworzenia wysokiej jakości grafiki. Oznacza to, że w R możemy wykonywać

podstawowe obliczenia takie jak np.: na kalkulatorze oraz możemy stosować go do zaawansowanych metod statystycznych, obliczeń symulacyjnych oraz optymalizacyjnych. Ponadto, przy jego pomocy możliwe jest tworzenie różnego rodzaju wykresów.

1.3 Zalety R

- R jest darmowy (licencja GPL GNU)
- Pozwala na korzystanie z 11791 pakietów (listopad 2017)
- Umożliwia tworzenie wykresów oraz rysunków
- Umożliwia wykonywanie funkcji z bibliotek napisanych w różnych językach programowania (Fortran, C, C++, S)
- Pozwala na tworzenie i używanie własnych programów
- Działa w różnych systemach operacyjnych (np. Windows, Linux, Mac)
- R jest elastyczny, nie jest "czarną skrzynką" tzn. na każdym etapie dostępny jest kod wykonywanych poleceń
- R jest wykorzystywany w uczelniach, instytutach badawczych, bankach, małych i dużych firmach analizujących różne typy danych oraz wykonujących wszelkie analizy statystyczne.

1.4 Instalacja R i RStudio

Instalacja R

W pierwszej kolejności należy skopiować na swój komputer plik instalacyjny R, np. plik "R-3.3.3-win.exe" ze strony internetowej

www.r-project.org

czyli:

1. uruchamiamy stronę internetową "www.r-project.org"
2. wybieramy "download R"

3. wybieramy np. “https://cloud.r-project.org/”
4. wybieramy “Download R for Windows” (działamy pod windows’em)
5. wybieramy “install R for the first time”
6. wybieramy “Download R 3.3.3 for Windows”
7. zapisujemy plik instalacyjny “R-3.3.3-win.exe” na swoim komputerze.

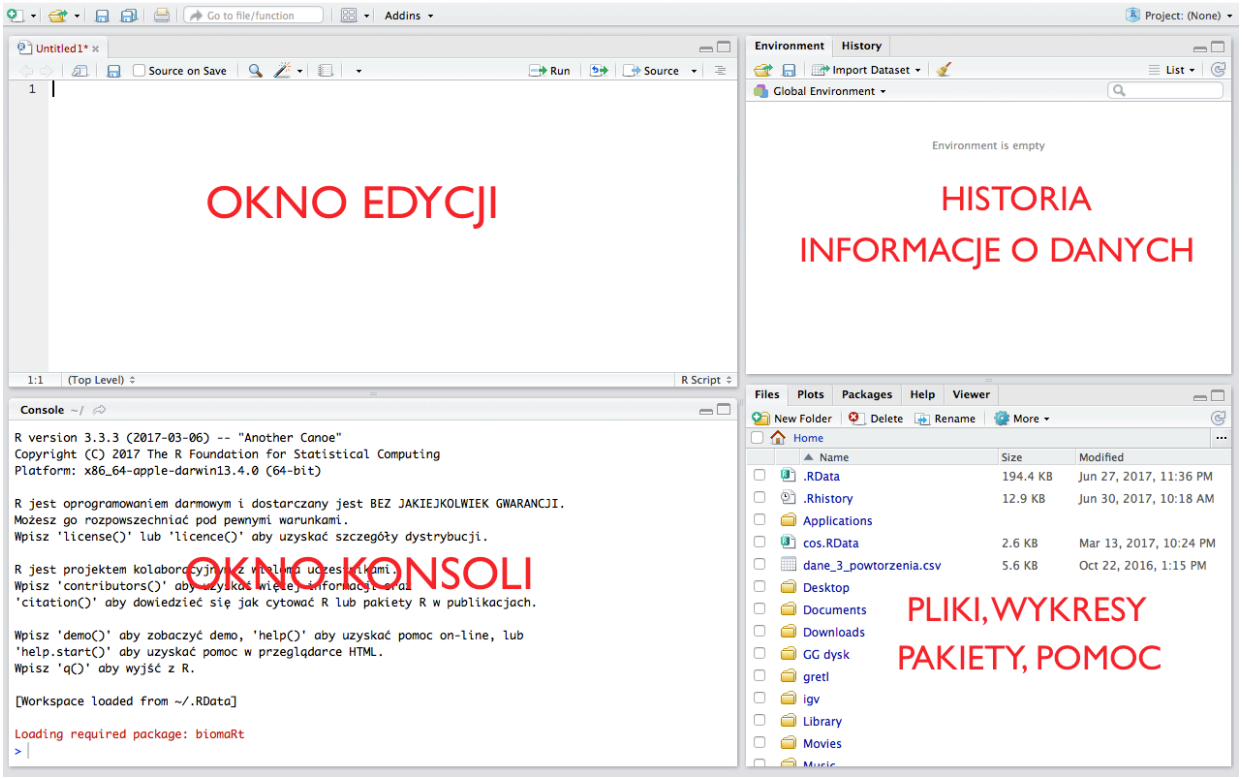
Następnie należy uruchomić skopiowany plik instalacyjny i postępować zgodnie ze wskazówkami.

Instalacja RStudio

Po instalacji R proponujemy zainstalować edytor (interfejs) RStudio (RStudio Team, 2015) dla łatwiejszego korzystania z R. W niniejszej książce ograniczymy się do programu RStudio z kilku ważnych powodów. Jednym z nich jest darmowość i ogólnodostępność tego edytora oraz możliwość instalacji zarówno w systemie Windows, Mac, Linux, jak i jego bezpośrednie użycie ze strony internetowej korzystając z serwera RStudio. Kolejnymi ułatwieniami dla użytkownika jest między innymi: podświetlanie tekstu w celu podpowiedzi składni funkcji, uzupełnianie kodu, nazw zmiennych, łatwe zarządzanie wieloma katalogami za pomocą projektów, szybkie instalowanie pakietów, ukazywanie podpowiedzi dotyczących funkcji i ich argumentów oraz zmiennych otrzymanych po jej zastosowaniu, podgląd danych oraz wykresów w oddzielnym oknie. Aby zainstalować RStudio należy skopiować na swój komputer darmową wersję programu instalacyjnego RStudio ze strony internetowej:

www.rstudio.com

czyli np. plik “RStudio-1.0.136.exe”. Uruchamiając ten plik dokonujemy instalacji edytora RStudio. Po zainstalowaniu uruchamiamy RStudio i ukazuje się nam ekran komputera np. tak jak na Rysunku 1.1.



Rysunek 1.1: Przykładowy ekran RStudio

Interfejs RStudio składa się z czterech okien. Lewe dolne okno jest konsolą. Po znaku zachęty ">" możemy napisać polecenie (komendę, skrypt) i po naciśnięciu klawisza "enter" polecenie to zostanie wykonane, a wynik zostanie wyświetlony poniżej. Okno lewe górne (okno edycji) służy do edycji skryptów, które można tworzyć, zmieniać, zapisywać oraz wykonywać klikając na polecenie "run". Wyniki realizacji poleceń wyświetlane są w lewym dolnym oknie, czyli oknie konsoli. Okno prawe górne jest oknem zawierającym historię działania w RStudio oraz przedstawiającym informacje o wprowadzonych danych. Natomiast w prawym dolnym oknie znajdują się informacje o pakietach, plikach, wyświetlane są rysunki oraz pomoc.

Przydatne skróty klawiszowe w RStudio

- uzupełnianie nazw funkcji i obiektów - 'tab'
- wyświetlanie kodu funkcji - klawisz F2
- wyświetlanie pomocy na temat funkcji - klawisz F1

- zamknięcie programu - ctrl+q
- zamknięcie skryptu - ctrl+w

Uwaga

Należy najpierw zainstalować R, a następnie RStudio. Uruchamiamy tylko RStudio.

1.5 Pakiety

Podczas instalacji R, instalowane są także systemowe pakiety obliczeniowe ('system library'). W każdym momencie możemy zainstalować dowolny pakiet korzystając z prawego dolnego okna RStudio. Należy w zakładce "Packages" uruchomić polecenie "Install" i wpisać nazwę pakietu. Natomiast informacje dotyczące pakietów można uzyskać na dwa sposoby. Po pierwsze, w RStudio w prawym dolnym oknie wybierając "Packages" mamy spis wszystkich zainstalowanych pakietów. Drugi sposób, to kolejno uruchamiamy:

1. www.r-project.org
2. CRAN
3. np. "https://cloud.r-project.org/"
4. "Packages".

Po zainstalowaniu pakietu, można z niego korzystać (czyli stosować polecenia w nim zawarte) dopiero po aktywowaniu pakietu poleceniem library(), gdzie w nawiasach wpisana jest nazwa pakietu.

1.6 Dokumentacja i szukanie pomocy

Materiały dla początkujących, a także zaawansowanych użytkowników R dotyczące jego wykorzystania w podstawowej oraz zaawansowanej statystyce, a także zastosowanie R w tworzeniu wykresów znajdują się na różnych stronach internetowych, szczególnie na stronie "www.r-project.org". Są to artykuły, raporty oraz książki - także w języku polskim. Natomiast pomoc najłatwiej można uzyskać wpisując w oknie konsoli poszukiwane hasło

poprzedzone znakiem zapytania lub wpisując polecenie help(), gdzie w nawiasach wpisana jest nazwa hasła. Treść pomocy wyświetlona zostanie w prawym dolnym oknie.

1.7 Zadania do wykonania

Zad. 1

Zainstaluj pakiet ‘agricolae’ i przedstaw własności funkcji ‘correlation’.

Zad. 2

Zainstaluj pakiet ‘agridat’ i opisz dane ‘yates.oats’.

Zad. 3

Zainstaluj pakiet ‘openxlsx’ i przedstaw informacje o funkcji ‘read.xlsx’.

Rozdział 2

Obliczenia w R

W programie R mamy nie tylko możliwość wykonywania zaawansowanych obliczeń statystycznych, ale także możemy używać R do zwykłych działań jako kalkulatora.

Polecenia w R można realizować na kilka sposobów. Dwa najprostsze są następujące:

1. W lewym górnym oknie RStudio (okno edycji) piszemy polecenie (kod, skrypt) i następnie wykonujemy polecenie "Run" (kursor wskazuje, który wiersz poleceń będzie wykonany, natomiast zaznaczony obszar wskazuje, które polecenia będą wykonane).
2. W lewym dolnym oknie RStudio (okno konsoli) po znaku zachęty ">" piszemy polecenie (kod, skrypt) i wykonujemy to polecenie naciskając klawisz "enter".

Uwagi

1. Realizacja wykonanych poleceń przedstawiana jest w lewym dolnym oknie RStudio (okno konsoli).
2. Po znaku "#" występuje komentarz, który nie jest wykonywany.
3. Liczba rzeczywista przedstawiana jest za pomocą kropki, a nie przecinka (separatorem dziesietnym jest kropka, a nie przecinek).
4. Nazwy obiektów mogą zawierać duże i małe litery, przy czym wielkość znaków jest rozróżnialna.
5. Nazwy nie mogą się zaczynać od liczby oraz znaku '_'.

2.1 Proste obliczenia matematyczne

Tablica 2.1: Podstawowe funkcje i operatory w R

Funkcja/Operator	Opis jej działania	Przykład użycia
+, - , /, *	Dodawanie, odejmowanie, dzielenie, mnożenie	2+3; 1-2; 4/2; 4*3
sqrt(x), ^	Pierwiastkowanie, potęgowanie	sqrt(4); 2^4
log(x), log10(x)	Logarytm naturalny (log), dziesiętny (log10)	log(8); log10(4)
log(x, a)	Logarytm o podstawie a z liczby x	log(6,9)
log2(x)	Logarytm o podstawie 2	log2(5)
exp(x)	Funkcja wykładnicza e^x	exp(3)
sin(x), cos(x)	Funkcje trygonometryczne sinus, cosinus z x	sin(3*pi/4)
round(x,a)	Zaokrąglenie x do a miejsc po przecinku	round(8.345,2)
x%%y	Reszta z dzielenia x przez y	4%%3
x%/%y	Część całkowita z dzielenia x przez y	6%/%4
abs(x)	Wartość bezwzględna z x	abs(-4)

Przykład 2.1

W lewym górnym oknie RStudio (okno edycji) piszemy:

```
6+8
```

i wykonujemy polecenie "Run". Wówczas w lewym dolnym oknie RStudio (okno konsoli) pojawi się:

```
> 6+8

[1] 14
```

gdzie znak ">" jest znakiem zachęty, "6+8" jest wykonanym poleceniem, "[1]" jest liczbą elementów wyjściowych, natomiast "14" jest wynikiem realizacji polecenia wejściowego.

Uwaga

W prezentowanym manuskrypcie wszystkie polecenia, kody oraz skrypty oznaczane są

czcionką koloru czarnego i nazwane "Kod w R". Najlepiej polecenia takie umieścić w lewym górnym oknie RStudio (okno edycji). Natomiast wynik wykonania skryptu (po uruchomieniu poleceniem "Run"), przedstawiony jest w lewym dolnym oknie RStudio (okno konsoli) i nazwany "Realizacja w R".

Przykład 2.2

Kod w R

```
# Przykład 2.2 - proste obliczenia matematyczne
3+5 # dodawanie
4-6 # odejmowanie
8*7 # mnożenie
21/5 # dzielenie
5^3 # 5 do potęgi 3
sqrt(49) # pierwiastek kwadratowy z 49
49^(1/2) # pierwiastek kwadratowy z 49
(8)^(1/3) # pierwiastek trzeciego stopnia z 8
log(7) # logarytm naturalny z 7
log10(6) # logarytm o podstawie 10 z 6
log2(5) # logarytm o podstawie 2 z 5
log(4,5) # logarytm o podstawie 5 z 4
exp(3) # e do potęgi 3
sin(6.28) # sinus kąta 6.28 (w radianach), czyli kąta 360 stopni
cos(pi/2) # cosinus kąta pi/2 (w radianach), czyli kąta 90 stopni
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.2 - proste obliczenia matematyczne
> 3+5 # dodawanie

[1] 8
```

```
> 4-6 # odejmowanie

[1] -2

> 8*7 # mnożenie

[1] 56

> 21/5 # dzielenie

[1] 4.2

> 5^3 # 5 do potęgi 3

[1] 125

> sqrt(49) # pierwiastek kwadratowy z 49

[1] 7

> 49^(1/2) # pierwiastek kwadratowy z 49

[1] 7

> (8)^(1/3) # pierwiastek trzeciego stopnia z 8

[1] 2

> log(7) # logarytm naturalny z 7

[1] 1.94591

> log10(6) # logarytm o podstawie 10 z 6

[1] 0.7781513

> log2(5) # logarytm o podstawie 2 z 5

[1] 2.321928

> log(4,5) # logarytm o podstawie 5 z 4

[1] 0.8613531

> exp(3) # e do potęgi 3

[1] 20.08554
```

```
> sin(6.28) # sinus kąta 6.28 (w radianach), czyli kąta 360 stopni

[1] -0.003185302

> cos(pi/2) # cosinus kąta pi/2 (w radianach), czyli kąta 90 stopni

[1] 6.123234e-17
```

Uwaga

W R można zapisać różne działania w tej samej linii, ale muszą być oddzielone średnikami.

Przykład 2.3

Kod w R

```
# Przykład 2.3 - obliczenia matematyczne
2+3; 1-2; 4/2; 4*3
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.3 - obliczenia matematyczne
> 2+3; 1-2; 4/2; 4*3

[1] 5

[1] -1

[1] 2

[1] 12
```

2.2 Zmienne

W R operatorem przypisania jest znak "=" lub "<-". W manuskrypcie stosujemy znak "=".

Przykład 2.4

Kod w R

```
# Przykład 2.4 - operacje przypisania
x=4  # przypisanie zmiennej x wartości 4
x  # wyświetlenie wartości zmiennej x, czyli 4
imie = "Jan"
imie
nazwisko="Nowak"
nazwisko
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.4 - operacje przypisania
> x=4  # przypisanie zmiennej x wartości 4
> x  # wyświetlenie wartości zmiennej x, czyli 4
[1] 4
> imie = "Jan"
> imie
[1] "Jan"
> nazwisko="Nowak"
> nazwisko
[1] "Nowak"
```

2.3 Wektory, macierze oraz ramki danych

WEKTORY

Podstawowa funkcja wykorzystywana w R w celu utworzenia wektora to "`c()`" od 'concatenate' - powiązać. Przykładowo, gdy chcemy utworzyć wektor o nazwie "a" z elementami 3 i 1 piszemy a=c(3,1). Wektor musi posiadać elementy tylko jednego typu. Rozróżniamy następujące wektory: wektor numeryczny, wektor znakowy oraz wektor logiczny.

Przykład 2.5

Kod w R

```
# Przykład 2.5 - wektory
 # wektor numeryczny
a = c(3, 5, 7, 9, 11)
a
#  wektor znakowy, znak w cudzysłowiu ""
dni = c("wtorek", "czwartek", "sobota", "niedziela")
dni
# wektor logiczny
c = c(TRUE,TRUE,TRUE,FALSE,TRUE,FALSE)
c
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.5 - wektory
>  # wektor numeryczny
> a = c(3, 5, 7, 9, 11)
> a
[1]  3  5  7  9 11
> #  wektor znakowy, znak w cudzysłowiu ""
> dni = c("wtorek", "czwartek", "sobota", "niedziela")
> dni
[1] "wtorek"    "czwartek"  "sobota"    "niedziela"
> # wektor logiczny
> c = c(TRUE,TRUE,TRUE,FALSE,TRUE,FALSE)
> c
[1]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE  TRUE FALSE
```

Przykładowe metody tworzenia wektorów znajdują się w Tablicy 2.2.

Tablica 2.2: Przykładowe funkcje tworzenia wektorów

Funkcja/Operator	Przykład [wynik]	Opis
:	1:3 [1,2,3]	Tworzy sekwencje od : do
seq(from=x,to=y,by=z)	seq(from=0,to=8,by=2) [0,2,4,6,8]	Tworzy regularne sekwencje od 0 do 8 co 2
seq(from=x,to=y, length.out=z)	seq(from=0,to=10, length.out=3) [0,5,10]	Tworzy regularne sekwencje od 0 do 10 co 3 liczbach
rep(x), rep(x,y)	rep(3); rep(3,4) [3]; [3,3,3,3]	Pierwszy argument oznacza co ma być powtórzone drugi ile razy (domyślnie jest 1)
rep(x,length.out=y)	rep(1:2,length.out=4) [1,2,1,2]	Powtórzona sekwencja liczb 1 i 2 o długości 4
rep(x,each=y)	rep(3:1,each=2) [3,3,2,2,1,1]	Każda cyfra z sekwencji 3:1 powtórzona 2 razy

Przykład 2.6

Kod w R

```
# Przykład 2.6 - operacje na wektorach
a = c(1,3,5) # określenie wektora a
a
b=c(3:14) # określenie wektora b
b
# łączymy wektory a i b
ab = c(a,b)
ab
```

```
# zastępujemy liczby z pozycji 6,7,...,10 innymi liczbami
ab[6:10] = c(0,-6,-3,-1,-5)
ab
# Alternatywne metody tworzenia wektorów:
rep(c(1,2), times=3) # powtarzamy wektor (1,2) - 3 razy
rep(c(1,2), each=3)  # powtarzamy elementy wektora (1,2) - 3 razy
seq(from=1, to=10, by=2 ) # tworzymy sekwencję liczb (od 1 do 10 co 2)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.6 - operacje na wektorach
> a = c(1,3,5) # określenie wektora a
> a
[1] 1 3 5
> b=c(3:14) # określenie wektora b
> b
 [1]  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14
> # łączymy wektory a i b
> ab = c(a,b)
> ab
 [1]  1  3  5  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14
> # zastępujemy liczby z pozycji 6,7,...,10 innymi liczbami
> ab[6:10] = c(0,-6,-3,-1,-5)
> ab
 [1]  1  3  5  3  4  0 -6 -3 -1 -5 10 11 12 13 14
> # Alternatywne metody tworzenia wektorów:
> rep(c(1,2), times=3) # powtarzamy wektor (1,2) - 3 razy
[1] 1 2 1 2 1 2
```

```
> rep(c(1,2), each=3)  # powtarzamy elementy wektora (1,2) - 3 razy
[1] 1 1 1 2 2 2
> seq(from=1, to=10, by=2 ) # tworzymy sekwencję liczb (od 1 do 10 co 2)
[1] 1 3 5 7 9
```

Odwoływanie się do elementów wektora:

a) x[1:2] - odwołanie się do 1 i 2 elementu wektora x

b) x[c(2,4)] - odwołanie się do 2 i 4 elementu wektora x

c) x[-c(2,3)] - wektor x bez 2 i 3 elementu

d) x[x>6] - podzbiór wektora x: wyświetlane są tylko te wartości wektora x, które są większe od 6

Przykład 2.7

Kod w R

```
# Przykład 2.7 - odwoływanie się do elementów wektora
x = 1:7  # określenie wektora x
x
x[5]  # 5-ty element wektora x
x[-1]  # wszystkie elementy oprócz pierwszego elementu wektora x
x[2:6]  # od 2-go do 6-go elementu wektora x
x[c(2, 4)]  # 2-gi i 4-ty element wektora x
x[x < 4]  # wszystkie elementy wektora x mniejsze od 4
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.7 - odwoływanie się do elementów wektora
> x=1:7 # określenie wektora x
> x
[1] 1 2 3 4 5 6 7
> x[5]           # 5-ty element wektora x
[1] 5
> x[-1]          # wszystkie elementy oprócz pierwszego elementu wektora x
[1] 2 3 4 5 6 7
> x[2:6]         # od 2-go do 6-go elementu wektora x
[1] 2 3 4 5 6
> x[c(2,4)]      # 2-gi i 4-ty element wektora x
[1] 2 4
> x[x < 4]       # wszystkie elementy wektora x mniejsze od 4
[1] 1 2 3
```

Podstawowe operacje na wektorach:

`x` jest wektorem liczbowym

`length(x)` - liczba elementów wektora `x`

`min(x)`, `max(x)`, `range(x)` - minimum, maximum, rozstęp

`sum(x)`, `prod(x)` - suma i iloczyn elementów

`mean(x)`, `median(x)` - średnia arytmetyczna i mediana

`var(x)`, `sd(x)` - wariancja i odchylenie standardowe

`IQR(x)` - zakres międzykwartylowy

`sort(x)` - posortowane elementy w kolejności rosnącej

`summary(x)` - podstawowe statystyki: min, max, średnia, mediana, kwartyle

Przykład 2.8 (Kala 2005, s. 26)

Obserwowano plonowanie 30 krzaków pomidorów "New Yorker" i otrzymano następujące wielkości plonów (w kg): 1.52, 1.57, 1.30, 1.62, 1.55, 1.70, 2.05, 1.64, 1.95, 1.80, 1.76, 1.40, 1.92, 2.20, 1.57, 1.59, 1.27, 1.79, 1.29, 1.84, 1.77, 1.72, 1.53, 1.32, 1.69, 1.95, 1.75, 1.08, 1.70, 1.45.

Wyznaczyć wartość minimalną i maksymalną, rozstęp, sumę i iloczyn elementów, średnią arytmetyczną i medianę, wariancję i odchylenie standardowe. Następnie rosnąco posortować wszystkie elementy oraz wykonać polecenie "summary".

Kod w R

```
# Przykład 2.8 - (Kala 2005, s.26)
# Przygotowanie danych
y = c(1.52, 1.57, 1.30, 1.62, 1.55, 1.70, 2.05, 1.64, 1.95, 1.80, 1.76, 1.40,
      1.92, 2.20, 1.57, 1.59, 1.27, 1.79, 1.29, 1.84, 1.77, 1.72, 1.53, 1.32,
      1.69, 1.95, 1.75, 1.08, 1.70, 1.45)
# wyświetlanie zawartości y
y
# wykonanie obliczeń
min(y)  # wartość minimalna
max(y)  # wartość maksymalna
range(y)  # wartość min i max
length(y) # liczba elementów
sum(y)  # suma elementów
prod(y)  # iloczyn elementów
var(y)  # wariancja
sd(y)  # odchylenie standardowe
sort(y) # sortowanie elementów (szereg pozycyjny)
```

```
summary(y) # wartości wybranych statystyk
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.8 - (Kala 2005, s.26)
> # Przygotowanie danych
> y = c(1.52, 1.57, 1.30, 1.62, 1.55, 1.70, 2.05, 1.64, 1.95, 1.80, 1.76, 1.40,
+      1.92, 2.20, 1.57, 1.59, 1.27, 1.79, 1.29, 1.84, 1.77, 1.72, 1.53, 1.32,
+       1.69, 1.95, 1.75, 1.08, 1.70, 1.45)
> # wyświetlanie zawartości y
> y
 [1] 1.52 1.57 1.30 1.62 1.55 1.70 2.05 1.64 1.95 1.80 1.76 1.40 1.92 2.20
[15] 1.57 1.59 1.27 1.79 1.29 1.84 1.77 1.72 1.53 1.32 1.69 1.95 1.75 1.08
[29] 1.70 1.45
> # wykonanie obliczeń
> min(y)  # wartość minimalna
[1] 1.08
> max(y)  # wartość maksymalna
[1] 2.2
> range(y)  # wartość min i max
[1] 1.08 2.20
> length(y) # liczba elementów
[1] 30
> sum(y)  # suma elementów
[1] 49.29
> prod(y)  # iloczyn elementów
[1] 2068140
```

```
> var(y)  # wariancja

[1] 0.06315966

> sd(y)  # odchylenie standardowe

[1] 0.2513158

> sort(y) # sortowanie elementów (szereg pozycyjny)

 [1] 1.08 1.27 1.29 1.30 1.32 1.40 1.45 1.52 1.53 1.55 1.57 1.57 1.59 1.62
[15] 1.64 1.69 1.70 1.70 1.72 1.75 1.76 1.77 1.79 1.80 1.84 1.92 1.95 1.95
[29] 2.05 2.20

> summary(y) # wartości wybranych statystyk

   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  1.080   1.523   1.665   1.643   1.785   2.200
```

MACIERZE

Macierz - zbiór elementów tego samego typu o strukturze wierszy i kolumn.

Przykład macierzy o 3 wierszach i 5 kolumnach:

$$\begin{pmatrix} 2 & 3 & 7 & 5 & 1 \\ 7 & 9 & 1 & 4 & 0 \\ 8 & 2 & 6 & 3 & 7 \end{pmatrix}$$

Funkcją tworzącą macierz jest

```
matrix(data, nrow, ncol, byrow)
```

gdzie:

`data` - dane, które chcemy przedstawić w formie macierzy,

`nrow` - liczba wierszy,

`ncol` - liczba kolumn,

`byrow` - jeśli byrow=TRUE, to macierz tworzona jest wierszami (domyślnie byrow=FALSE)

Przykład 2.9

Kod w R

```
# Przykład 2.9 - tworzenie macierzy
# macierz o 3 wierszach tworzona kolumnami
mat1 = matrix(c(1,3,5,7,9,11,13,15,18,21,23,25),  nrow = 3)
mat1
# macierz o 3 kolumnach tworzona kolumnami
mat2 = matrix(c(1,3,5,7,9,11,13,15,18,21,23,25),  ncol = 3)
mat2
# macierz o 3 wierszach i 2 kolumnach
mat3 = matrix(1:6,3,2)
mat3
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.9 - tworzenie macierzy
> # macierz o 3 wierszach
> mat1 = matrix(c(1,3,5,7,9,11,13,15,18,21,23,25),  nrow = 3)
> mat1
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    7   13   21
[2,]    3    9   15   23
[3,]    5   11   18   25
> # macierz o 3 kolumnach
> mat2 = matrix(c(1,3,5,7,9,11,13,15,18,21,23,25),  ncol = 3)
> mat2
     [,1] [,2] [,3]
```

```
[1,]    1    9   18
[2,]    3   11   21
[3,]    5   13   23
[4,]    7   15   25
```

```
> # macierz o 3 wierszach i 2 kolumnach
> mat3 = matrix(1:6,3,2)
> mat3
```

```
     [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6
```

Przykład 2.10

Kod w R

```
# Przykład 2.10 - alternatywne metody tworzenia macierzy
macierz1 = matrix(seq(1:8), nrow = 4)
macierz1
macierz2 = matrix(seq(1:8), nrow = 4, byrow = TRUE)
macierz2
# macierz diagonalna
macdiag1 = diag(1:5)
macdiag1
# macierz jednostkowa
macdiag2 = diag(4)
macdiag2
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.10 - alternatywne metody tworzenia macierzy
```

```
> macierz1 = matrix(seq(1:8), nrow = 4)
> macierz1
     [,1] [,2]
[1,]    1    5
[2,]    2    6
[3,]    3    7
[4,]    4    8
> macierz2 = matrix(seq(1:8),  nrow = 4, byrow=TRUE)
> macierz2
     [,1] [,2]
[1,]    1    2
[2,]    3    4
[3,]    5    6
[4,]    7    8
> # macierz diagonalna
> macdiag1=diag(1:5)
> macdiag1
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    0    0    0    0
[2,]    0    2    0    0    0
[3,]    0    0    3    0    0
[4,]    0    0    0    4    0
[5,]    0    0    0    0    5
> # macierz jednostkowa
> macdiag2=diag(4)
> macdiag2
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    0    0    0
```

```
[2,]    0    1    0    0
[3,]    0    0    1    0
[4,]    0    0    0    1
```

Odwoływanie się do elementów macierzy:

a) A[2,3] - element z drugiego wiersza i trzeciej kolumny macierzy A

b) A[2,] - drugi wiersz macierzy A

c) A[,3] - trzecia kolumna macierzy A

d) A[,c(1,3)] - pierwsza i trzecia kolumna macierzy A

Przykład 2.11

Kod w R

```
# Przykład 2.11 - odwoływanie się do elementów macierzy
dane1 = matrix(seq(1:12),nrow = 3) # tworzenie macierzy dane1
dane1 # wyświetlenie zawartości macierzy dane1
dane1[1,2]  # element z pierwszego wiersza i drugiej kolumny macierzy dane1
dane1[2,]  # drugi wiersz macierzy dane1
dane1[,3]  # trzecia kolumna macierzy dane1
dane1[ ,c(1,4)]  # pierwsza i czwarta kolumna macierzy dane1
dane1[c(1,3),]  # pierwszy i trzeci wiersz macierzy dane1
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.11 - odwoływanie się do elementów macierzy
> dane1 = matrix(seq(1:12),  nrow = 3) # tworzenie macierzy dane1
> dane1 # wyświetlenie zawartości macierzy dane1
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    4    7   10
[2,]    2    5    8   11
```

```
[3,]    3    6    9   12
> dane1[1,2]  # element z pierwszego wiersza i drugiej kolumny macierzy dane1
[1] 4
> dane1[2,]  # drugi wiersz macierzy dane1
[1]  2  5  8 11
> dane1[,3]  # trzecia kolumna macierzy dane1
[1] 7 8 9
> dane1[ ,c(1,4)]  # pierwsza i czwarta kolumna macierzy dane1
     [,1] [,2]
[1,]    1   10
[2,]    2   11
[3,]    3   12
> dane1[c(1,3),]  # pierwszy i trzeci wiersz macierzy dane1
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    4    7   10
[2,]    3    6    9   12
```

Podstawowe operacje na macierzach:

`dim(A)` - wymiar macierzy A

`A%*%B` - iloczyn macierzy A i B

`t(A)` - transpozycja macierzy A

`det(A)` - wyznacznik macierzy A

`solve(A)` - macierz odwrotna do macierzy A

`ncol(A), nrow(A)` - liczba kolumn, wierszy macierzy A

`colnames(A), rownames(A)` - nazwy kolumn, wierszy macierzy A

`colSums(A), rowSums(A)` - sumy kolumn, wierszy macierzy A

`colMeans(A), rowMeans(A)` - wartości średnie dla kolumn, wierszy macierzy A

`diag(A)` - wektor o elementach z przekątnej macierzy A

Przykład 2.12

Kod w R

```
# Przykład 2.12 - operacje na macierzach
macierz1
dim(macierz1) # wymiar macierzy
t(macierz1) # transpozycja macierzy
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.12 - operacje na macierzach
> macierz1
     [,1] [,2]
[1,]    1    5
[2,]    2    6
[3,]    3    7
[4,]    4    8
> dim(macierz1) # wymiar macierzy
[1] 4 2
> t(macierz1) # transpozycja macierzy
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
```

Przykład 2.13

Kod w R

```
# Przykład 2.13 - mnożenie macierzy
A=matrix(c(1,2,3,4,5,6), nrow=2)
A
B=matrix(c(9,8,7,6,5,4,3,2,1), nrow=3)
B
C=A%*%B
C
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.13 - mnożenie macierzy
> A=matrix(c(1,2,3,4,5,6), nrow=2)
> A
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    3    5
[2,]    2    4    6
> B=matrix(c(9,8,7,6,5,4,3,2,1), nrow=3)
> B
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    9    6    3
[2,]    8    5    2
[3,]    7    4    1
> C=A%*%B
> C
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   68   41   14
[2,]   92   56   20
```

Przykład 2.14

Kod w R

```
# Przykład 2.14 - dalsze operacje na macierzach
rowSums(B) # sumy dla wierszy macierzy B
rowMeans(B) # średnie arytmetyczne dla wierszy macierzy B
colSums(A) # sumy dla kolumn macierzy A
colMeans(A) # średnie arytmetyczne dla kolumn macierzy A
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.14 - dalsze operacje na macierzach
> rowSums(B) # sumy dla wierszy macierzy B
[1] 18 15 12
> rowMeans(B) # średnie arytmetyczne dla wierszy macierzy B
[1] 6 5 4
> colSums(A) # sumy dla kolumn macierzy A
[1]  3  7 11
> colMeans(A) # średnie arytmetyczne dla kolumn macierzy A
[1] 1.5 3.5 5.5
```

Przykład 2.15

Kod w R

```
# Przykład 2.15 - wyznacznik i odwrotność macierzy
D=matrix(c(1,3,5,1,2,3,7,8,1), nrow=3)
D
wyznacznik=det(D)  # wyznacznik macierzy D
wyznacznik
D1=solve(D)  # macierz odwrotna do macierzy D
```

```
D1
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.15 -  wyznacznik i odwrotność macierzy
> D=matrix(c(1,3,5,1,2,3,7,8,1), nrow=3)  # tworzenie macierzy D
> D
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    1    7
[2,]    3    2    8
[3,]    5    3    1
> wyznacznik=det(D)  # wyznacznik macierzy D
> wyznacznik
[1] 8
> D1=solve(D)  # macierz odwrotna do macierzy D
> D1
       [,1]  [,2]   [,3]
[1,] -2.750  2.50 -0.750
[2,]  4.625 -4.25  1.625
[3,] -0.125  0.25 -0.125
```

Przykład 2.16

Kod w R

```
# Przykład 2.16 - rozwiązywanie układu równań
w=c(3,1,5)  # wektor wyrazów wolnych
w
roz=solve(D,w)  # rozwiązanie układu równań postaci Dx=w, D - macierz układu
roz
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.16 - rozwiązywanie układu równań
> w=c(3,1,5)  # wektor wyrazów wolnych
> w
[1] 3 1 5
> roz=solve(D,w)  # rozwiązanie układu równań postaci Dx=w, D - macierz układu
> roz
[1] -9.50 17.75 -0.75
```

RAMKA DANYCH

Ramka danych - zbiór elementów o strukturze wierszy i kolumn, gdzie kolumny mogą być różnego typu.

Funkcją tworzącą ramkę danych jest 'data.frame'.

Przykład 2.17

Kod w R

```
# Przykład 2.17 - tworzenie ramki danych
dawki=c("d0", "d20", "d50", "d100")
odmiany=c("K", "M", "P", "S")
plon=c(6.1, 5.4, 6.5, 6.3)
roslina=data.frame(Odmiany=odmiany, Dawki=dawki, Plon=plon)
roslina
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.17 - tworzenie ramki danych
> dawki=c("d0", "d20", "d50", "d100")
> odmiany=c("K", "M", "P", "S")
> plon=c(6.1, 5.4, 6.5, 6.3)
> roslina=data.frame(Odmiany=odmiany, Dawki=dawki, Plon=plon)
> roslina
  Odmiany Dawki Plon
1       K    d0  6.1
2       M   d20  5.4
3       P   d50  6.5
4       S  d100  6.3
```

Odwoływanie się do elementów z ramki danych:

a) roslina[1:3,1] - pierwsze trzy elementy pierwszej kolumny

b) roslina[1:2,'Odmiany'] - pierwsze dwa elementy kolumny o nazwie 'Odmiany'

c) roslina$Plon - wszystkie elementy z kolumny 'Plon'

d) roslina$Plon[1:2] - pierwsze dwa elementy z kolumny o nazwie 'Plon'

Przykład 2.18

W R można korzystać z gotowych zbiorów danych. Przykładowe dane o nazwie 'iris' oraz 'trees' użyte zostaną w dalszej części rozdziału.

Kod w R

```
# Przykład 2.18 - odwoływanie się do elementów ramki danych
# przykładowa ramka danych
data(iris) # załadowanie danych iris
head(iris) # wyświetlenie pierwszych elementów ze zbioru iris
iris[1:10,1] # pierwsze dziesięć elementów z pierwszej kolumny
```

```
iris[1:10,'Sepal.Length'] # lub równoznacznie
iris$Sepal.Length[1:10] # lub równoznacznie
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.18 - odwoływanie się do elementów ramki danych
> # przykładowa ramka danych
> data(iris) # załadowanie danych iris
> head(iris) # wyświetlenie pierwszych elementów ze zbioru iris
  Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
1          5.1         3.5          1.4         0.2  setosa
2          4.9         3.0          1.4         0.2  setosa
3          4.7         3.2          1.3         0.2  setosa
4          4.6         3.1          1.5         0.2  setosa
5          5.0         3.6          1.4         0.2  setosa
6          5.4         3.9          1.7         0.4  setosa
> iris[1:10,1] # pierwsze dziesięć elementów z pierwszej kolumny
 [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9
> iris[1:10,'Sepal.Length'] # lub równoznacznie
 [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9
> iris$Sepal.Length[1:10] # lub równoznacznie
 [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9
```

Podstawowe operacje na ramkach danych:

`head()` - wyświetla pierwsze rekordy

`tail()` - wyświetla ostatnie rekordy

`attach()` - pozwala odnosić się do nazw zmiennych znajdujących się bezpośrednio w danych

`detach()` - likwiduje możliwość bezpośredniego odnoszenia się do zmiennych

`str()` - wyświetla informacje o obiekcie

`table()` - tabela z liczbą wystąpień danego czynnika lub kombinacji czynników

`subset()` - określa podzbiór danego zbioru, spełniający określone warunki

`by()` - stosuje określoną funkcję do zadanego podzbioru danych

Przykład 2.19

Kod w R

```
# Przykład 2.19 - operacje na ramkach danych
data(trees)
head(trees)
attach(trees)
Girth
str(trees)
# tworzenie nowej ramki danych o nazwie 'ankieta'
ankieta = data.frame(odpowiedzi = c("T", "N", "T", "T", "N", "X", "N", "X",
    "T"), wiek = c(16, 23, 22, 65, 45, 32, 24, 12, 56))
ankieta
# zliczanie ile było ankietowanych względem odpowiedzi
table(ankieta$odpowiedzi)
# podzbiór ankietowanych, których wiek jest większy niż 20
subset(ankieta, wiek > 20)
# podzbiór tylko z odpowiedziami 'T'
subset(ankieta, odpowiedzi == "T")
# suma lat dla respondentów względem odpowiedzi
by(ankieta$wiek, ankieta$odpowiedzi, sum)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 2.19 - operacje na ramkach danych
> data(trees)
> head(trees)
  Girth Height Volume
1   8.3     70   10.3
2   8.6     65   10.3
3   8.8     63   10.2
4  10.5     72   16.4
5  10.7     81   18.8
6  10.8     83   19.7
> attach(trees)
> Girth
 [1]  8.3  8.6  8.8 10.5 10.7 10.8 11.0 11.0 11.1 11.2 11.3 11.4 11.4 11.7
[15] 12.0 12.9 12.9 13.3 13.7 13.8 14.0 14.2 14.5 16.0 16.3 17.3 17.5 17.9
[29] 18.0 18.0 20.6
> str(trees)
'data.frame':   31 obs. of  3 variables:
 $ Girth : num  8.3 8.6 8.8 10.5 10.7 10.8 11 11 11.1 11.2 ...
 $ Height: num  70 65 63 72 81 83 66 75 80 75 ...
 $ Volume: num  10.3 10.3 10.2 16.4 18.8 19.7 15.6 18.2 22.6 19.9 ...
> # tworzenie nowej ramki danych o nazwie 'ankieta'
> ankieta = data.frame(odpowiedzi = c("T", "N", "T", "T", "N", "X", "N", "X",
+     "T"), wiek = c(16, 23, 22, 65, 45, 32, 24, 12, 56))
> ankieta
  odpowiedzi wiek
1          T   16
2          N   23
```

```
3          T   22
4          T   65
5          N   45
6          X   32
7          N   24
8          X   12
9          T   56

> # zliczanie ile było ankietowanych względem odpowiedzi
> table(ankieta$odpowiedzi)


N T X
3 4 2

> # wyznacza podzbiór ankietowanych, których wiek jest większy niż 20
> subset(ankieta, wiek > 20)

  odpowiedzi wiek
2          N   23
3          T   22
4          T   65
5          N   45
6          X   32
7          N   24
9          T   56

> # wyznacza podzbiór tylko z odpowiedziami 'T'
> subset(ankieta, odpowiedzi == "T")

  odpowiedzi wiek
1          T   16
3          T   22
4          T   65
```

```
9          T   56
> # wyznacza sumę lat dla respondentów względem odpowiedzi
> by(ankieta$wiek, ankieta$odpowiedzi, sum)
ankieta$odpowiedzi: N
[1] 92
------------------------------------------------------------
ankieta$odpowiedzi: T
[1] 159
------------------------------------------------------------
ankieta$odpowiedzi: X
[1] 44
```

2.4 Zadania do wykonania

Wektory

Zad. 1

Wprowadź dowolne wektory x, y, z. Wykonaj następujące operacje: $y - z$, $x + y$, $x/2$, $ln(x)$ – $cos(y)$

Zad. 2

Stwórz dane, które będą zawierały 8 jedynek i zapisz je pod zmienną cc, a następnie utwórz dane zawierające 199 zer i zapisz pod zmienną d

Zad. 3

Oblicz:

a) $100^2 + 101^2 + ... + 200^2$

b) $\sqrt{(log(1))} + \sqrt{(log(10))} + ... + \sqrt{(log(100000))}$

Zad. 4

Użyj funkcji rep żeby utworzyć następujące dane:

a) `1 1 1 1 1 1 1 1`

b) 1 4 1 4 1 4 1 4 1 4 1 4 1 4

c) 3 3 3 3 3 3 3 3 6 6 6

d) 5 4 4 3 3 3 2 2 2 2 1 1 1 1 1

e) 12 12 12 21 43 43

f) „A” „B” „A” „B” „A” „B”

g) 1 1 3 3 5 5 7 7 9 9 11 11

Macierze

Zad. 1

Zadeklaruj poniższe macierze:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 2 & -3 & 0 \\ 2 & -5 & 4 & 1 \\ 3 & 7 & 5 & -2 \\ 0 & 1 & 6 & -3 \end{pmatrix}$$

$$B = \begin{pmatrix} 1 & 7 \\ 4 & 2 \\ 3 & -1 \\ 2 & 0 \end{pmatrix}$$

Oblicz wyznacznik macierzy $\mathbf{A}$, iloczyn $\mathbf{AB}$, macierz transponowaną $\mathbf{A}^T$, macierz odwrotną $\mathbf{A}^{-1}$.

Zad. 2

Zadeklaruj macierz A postaci:

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 4 & 7 \\ 2 & 5 & 8 \\ 3 & 68 & 9 \end{pmatrix}.$$

Następnie, korzystając z funkcji R wyznacz:

a) liczbę wierszy i kolumn macierzy **A**

b) sumę wszystkich elementów macierzy **A**

c) średnią wszytkich elementów w poszczególnych kolumnach macierzy **A**

d) sumę wszytkich elementów w wierszu drugim macierzy **A**

e) sumę: $A_{12} + A_{33}$, gdzie A_{12} oznacza element macierzy A znajdujący się na przecięciu pierwszego wiersza i drugiej kolumny

f) zawartość trzeciej kolumny

g) zawartość drugiego wiersza

Ramki danych

Zad. 1

Bazując na danych iris (wczytaj je wykorzystując funkcję: `data(iris)`) odpowiedz na następujące pytania:

a) ile wierszy i kolumn zawierają te dane?

b) oblicz wartość średnią i odchylenie standardowe dla zmiennej Sepal.Width oraz Sepal.Length dla każdego gatunku osobno.

c) wybierz tylko wiersze, które odpowiadają gatunkowi Virginica i przypisz te dane nazwie 'virginica'.

d) wybierz tylko te dane, które odpowiadają gatunkowi Virginica dla zmiennej Sepal.Length i przypisz je nazwie ‘virginica.sl’.

e) ile kwiatów z każdego gatunku zawierają dane iris?

f) jakie jest minimum dla zmiennej Sepal.Length dla gatunku setosa?

Rozdział 3

Przygotowanie danych

W R dane można przygotować na wiele sposobów. W niniejszym opracowaniu przygotowanie danych oznacza: wczytanie, otwarcie i wyświetlenie danych na ekranie. Najprostszą metodą "tworzenia danych", omówioną w poprzednim rozdziale, jest zastosowanie polecenia "c()", czyli utworzenie wektora elementów wskazanych w nawiasach "()". Jeśli np. mamy liczby 3, 5, 2 oraz 8 i wykonamy polecenie x=c(3, 5, 2, 8), to zmienna x będzie wektorem powyższych liczb. Natomiast, jeśli mamy dane zapisane na dysku w formie pliku tekstowego lub pliku utworzonego w excelu, to należy zastosować odpowiednie polecenia do wczytania takiego pliku.

Przykład 3.1 (Greń 1975, s. 161)

Wylosowano po 12 pędów żyta trzech różnych gatunków i otrzymano dla nich następujące długości kłosów żyta (w cm) - patrz Tablica 3.1.

Wykonać poniższe polecenia:

1. Przedstawić dane w formie ramki danych.
2. Zapisać dane na pulpicie "Pulpit://abc" w postaci pliku tekstowego o nazwie 'kwiaty.txt'. Następnie wczytać i wyświetlić zawartość tego pliku.
3. Zapisać dane na pulpicie "Pulpit://abc" w postaci pliku excelowskiego o nazwie 'kwiaty.xlsx'. Następnie wczytać i wyświetlić zawartość tego pliku.

Tablica 3.1: Dane - Greń (1975, s. 161)

Gatunek		
A	B	C
6.7	7.5	5.9
7.3	7.7	6.9
8.0	7.7	7.0
8.0	8.2	7.0
7.9	8.9	9.5
9.2	8.9	9.6
10.1	10.6	9.6
9.2	10.2	10.3
8.3	9.4	8.1
8.4	9.4	8.5
8.0	8.2	8.6
7.9	7.8	8.8

3.1 Wczytanie ramki danych

Kod w R

```
# Przykład 3.1 (Greń 1975, s. 161)
# ramka danych
A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
dane=data.frame(A,B,C)  # tworzenie ramki danych o nazwie "dane"
dane
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 3.1 (Greń 1975, s. 161)
> # ramka danych
> A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
> B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
> C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
> dane=data.frame(A,B,C)  # tworzenie ramki danych o nazwie "dane"
> dane
      A    B    C
1   6.7  7.5  5.9
2   7.3  7.7  6.9
3   8.0  7.7  7.0
4   8.0  8.2  7.0
5   7.9  8.9  9.5
6   9.2  8.9  9.6
7  10.1 10.6  9.6
8   9.2 10.2 10.3
9   8.3  9.4  8.1
10  8.4  9.4  8.5
11  8.0  8.2  8.6
12  7.9  7.8  8.8
```

3.2 Wczytanie danych tekstowych

Na pulpicie “Pulpit://abc” pod nazwą “kwiaty.txt” zapisujemy plik tekstowy postaci:

A B C
6.7 7.5 5.9
7.3 7.7 6.9
8.0 7.7 7.0
8.0 8.2 7.0
7.9 8.9 9.5
9.2 8.9 9.6
10.1 10.6 9.6
9.2 10.2 10.3
8.3 9.4 8.1
8.4 9.4 8.5
8.0 8.2 8.6
7.9 7.8 8.8

Następnie wykonujemy polecenia wczytania pliku tekstowego przy pomocy funkcji `read.table` i podstawienia wczytanych wartości pod nazwę “dane1” (trzecia linia poniższego kodu) oraz wyświetlenie zawartości zmiennej “dane1” (czwarta linia kodu). Używając funkcji `read.table()` stosujemy argument `header=TRUE`, co oznacza, że dane będą wczytane traktując pierwszy wiersz jako nagłówek.

Kod w R

```
# Przykład 3.1 (Greń 1975, s. 161)
# wczytanie pliku tekstowego
dane1 = read.table("~/Desktop/kwiaty.txt", header=TRUE)
dane1
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 3.1 - Greń (1975, s. 161)
> # wczytanie pliku tekstowego
> dane1 = read.table("~/Desktop/kwiaty.txt", header=TRUE)
> dane1
```

```
      A    B    C
1   6.7  7.5  5.9
2   7.3  7.7  6.9
3   8.0  7.7  7.0
4   8.0  8.2  7.0
5   7.9  8.9  9.5
6   9.2  8.9  9.6
7  10.1 10.6  9.6
8   9.2 10.2 10.3
9   8.3  9.4  8.1
10  8.4  9.4  8.5
11  8.0  8.2  8.6
12  7.9  7.8  8.8
```

3.3 Wczytanie danych z Excela

W folderze "D://abc" pod nazwą "kwiaty.xlsx" w arkuszu 'dane' zapisujemy plik z treścią taką jak w pliku tekstowym "kwiaty.txt". Do wczytywania danych w formacie `xlsx` stosujemy funkcję `read.xlsx()` z pakietu `openxlsx`. Używamy argumentu `sheet=dane` wskazując, że dane do wczytania znajdują się w arkuszu o nazwie 'dane'.

Kod w R

```
# Przykład 3.1 (Greń 1975, s. 161)
# czytanie pliku typu xlsx
```

```
library(openxlsx)  # otwarcie pakietu "openxlsx"
dane2 <- read.xlsx("~/Desktop/kwiaty.xlsx", sheet = "dane"")
dane2
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 3.1 - Greń (1975, s. 161)
> # czytanie pliku typu xlsx
> library(openxlsx)  # otwarcie pakietu "openxlsx"
> dane2 <- read.xlsx("~/Desktop/kwiaty.xlsx", sheet = "dane")
> dane2
```

			A.B.C
1	6.7	7.5	5.9
2	7.3	7.7	6.9
3	8.0	7.7	7.0
4	8.0	8.2	7.0
5	7.9	8.9	9.5
6	9.2	8.9	9.6
7	10.1	10.6	9.6
8	9.2	10.2	10.3
9	8.3	9.4	8.1
10	8.4	9.4	8.5
11	8.0	8.2	8.6
12	7.9	7.8	8.8

Uwaga

Jeśli mamy zapisany plik w excelu w formacie ".xls", to należy plik ten zapisać w formacie ".xlsx" i następnie zastosować funkcję `read.xlsx()` z pakietu `openxlsx`.

Przydatne funkcje

`rm(list=ls())` - usuwanie wszystkich obiektów z pamięci

`setwd("D://abc")` - ustanowienie aktualnej ścieżki dostępu do folderu "abc" znajdującego się na dysku D. Oznacza to, że zamiast np. funkcji

```
read.table("D://abc/kwiaty.txt", header=TRUE)
```

możemy wykorzystać funkcję postaci

```
read.table("kwiaty.txt", header=TRUE)
```

3.4 Zadania do wykonania

Zad. 1

Pobierz ze strony www.up.poznan.pl/kmmis/R plik "rodziny.txt" i wczytaj go do R. Następnie odpowiedz na następujące pytania:

a) Ile rodzin żyje w mieście, a ile na wsi?

b) Ile dużych rodzin mieszka w mieście, a ile na wsi?

c) Ile rodzin ze wsi jedzie na wakacje?

d) Jaki jest maksymalny dochód dużych rodzin żyjących w mieście?

Zad. 2

Pobierz ze strony www.up.poznan.pl/R plik "studenci.xlsx" i wczytaj go do R. Następnie odpowiedz na następujące pytania:

a) Ile studentów i studentek studiuje leśnictwo?

b) Jakie jest średnie stypendium dla studentów, a jakie dla studentek?

c) Ile studentek studiuje agroturystykę?

d) Ile studentów leśnictwa nie ma stypendium?

Rozdział 4

Wizualizacje

W rozdziale tym przedstawione zostaną podstawowe informacje dotyczące graficznych prezentacji danych oraz wykresów dla przykładowych funkcji.

4.1 Graficzna prezentacja danych

Przykład 4.1 (Kala 2005, s. 26)

Obserwowano plonowanie 30 krzaków pomidorów "New Yorker" i otrzymano następujące wielkości plonów (w kg): 1.52, 1.57, 1.30, 1.62, 1.55, 1.70, 2.05, 1.64, 1.95, 1.80, 1.76, 1.40, 1.92, 2.20, 1.57, 1.59, 1.27, 1.79, 1.29, 1.84, 1.77, 1.72, 1.53, 1.32, 1.69, 1.95, 1.75, 1.08, 1.70, 1.45.

Wyznaczyć podstawowe statystyki dla wielkości plonów przy użyciu funkcji "summary" oraz przedstawić graficznie dane przy użyciu funkcji: barplot, plot, histogram oraz boxplot.

Kod w R

```
#  Przykład 4.1 (Kala 2005, s. 26)
y=c(1.52,1.57,1.30,1.62,1.55,1.70,2.05,1.64,1.95,1.80,1.76,1.40,1.92,2.20,1.57,
1.59,1.27,1.79,1.29,1.84,1.77,1.72,1.53,1.32,1.69,1.95,1.75,1.08,1.70,1.45)
```

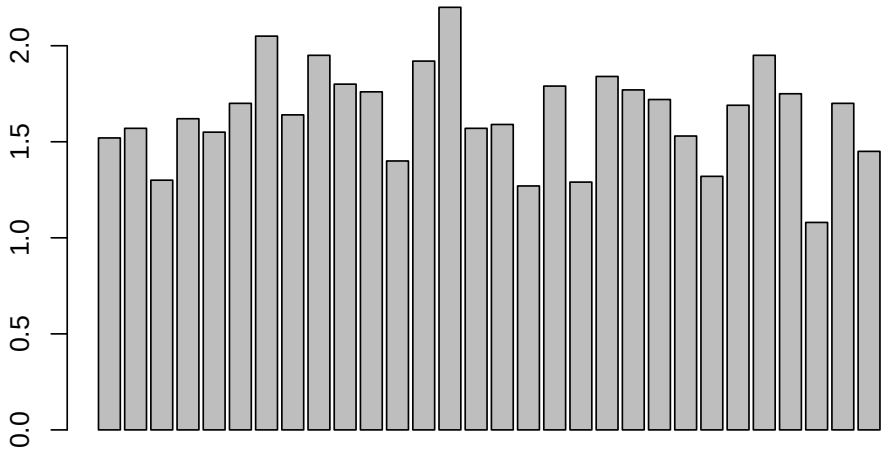
```
summary(y)  # wyznaczenie wybranych statystyk
barplot(y)  # Rys. 4.1
plot(y)  # Rys. 4.2
# xlab - tytuł osi OX, ylab - tytuł osi OY, main - tytuł wykresu
plot(y,xlab="numery krzakow",ylab="wartosci y w kg", main="Plony pomidorow") # Rys. 4.3
hist(y)  # Rys. 4.4
hist(y, main="Plonowanie pomidorow")  # Rys.4.5
# col - kolory wykresu
hist(y, col=rainbow(20), xlab="przedzialy", ylab="liczebnosci",
     main="Plonowanie pomidorow") # Rys. 4.6
boxplot(y) # Rys. 4.7
```

Realizacja w R

```
#  Przykład 4.1 (Kala 2005, s. 26)
y=c(1.52,1.57,1.30,1.62,1.55,1.70,2.05,1.64,1.95,1.80,1.76,1.40,1.92,2.20,1.57,
1.59,1.27,1.79,1.29,1.84,1.77,1.72,1.53,1.32,1.69,1.95,1.75,1.08,1.70,1.45)
summary(y)  # wyznaczenie wybranych statystyk
```

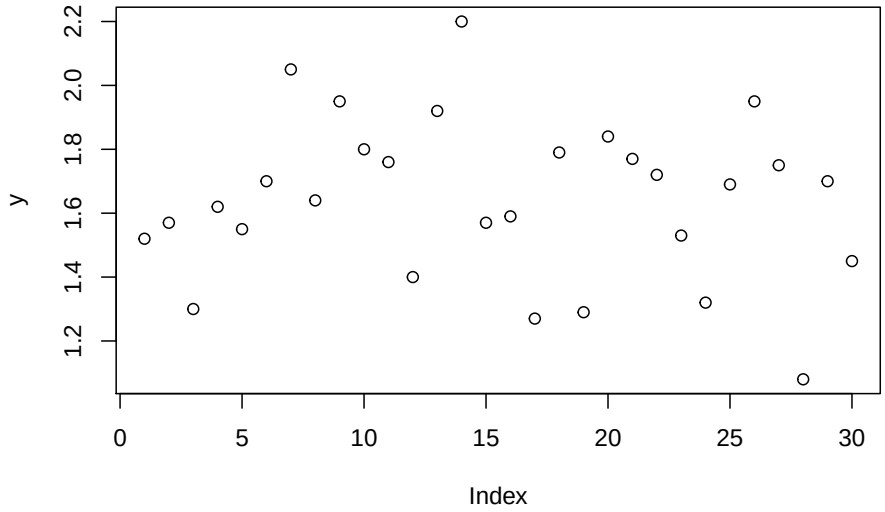
```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   1.080   1.523   1.665   1.643   1.785   2.200
```

```
barplot(y)  # Rys. 4.1
```



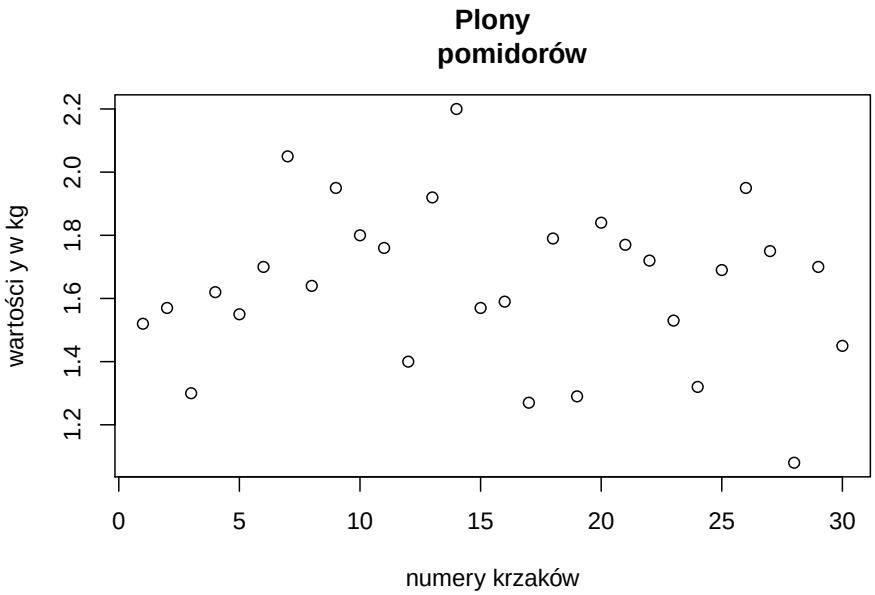
Rysunek 4.1: Barplot dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
plot(y)  # Rys. 4.2
```



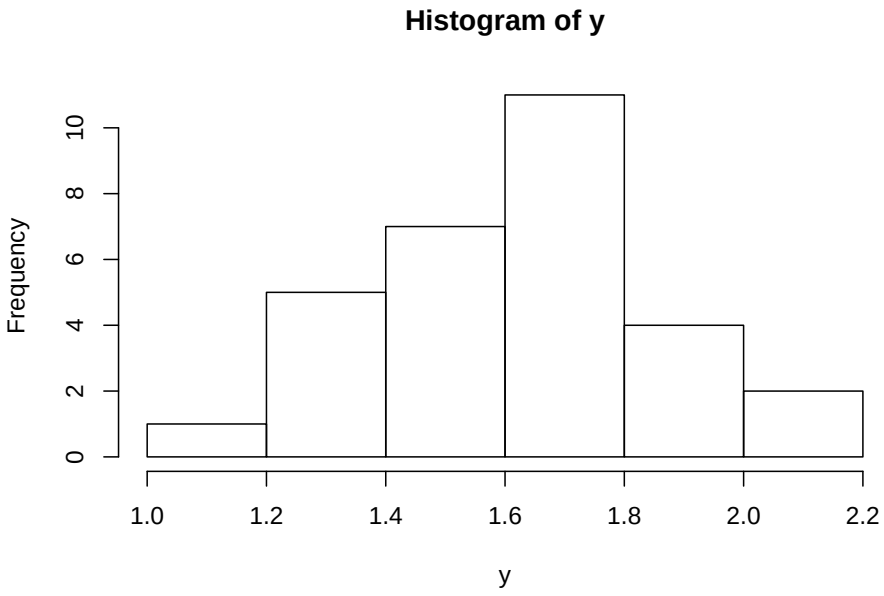
Rysunek 4.2: Przykład użycia funkcji plot dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
# xlab - tytuł osi OX, ylab - tytuł osi OY, main - tytuł wykresu
plot(y,xlab="numery krzaków",ylab="wartości y w kg", main="Plony
     pomidorów") # Rys. 4.3
```



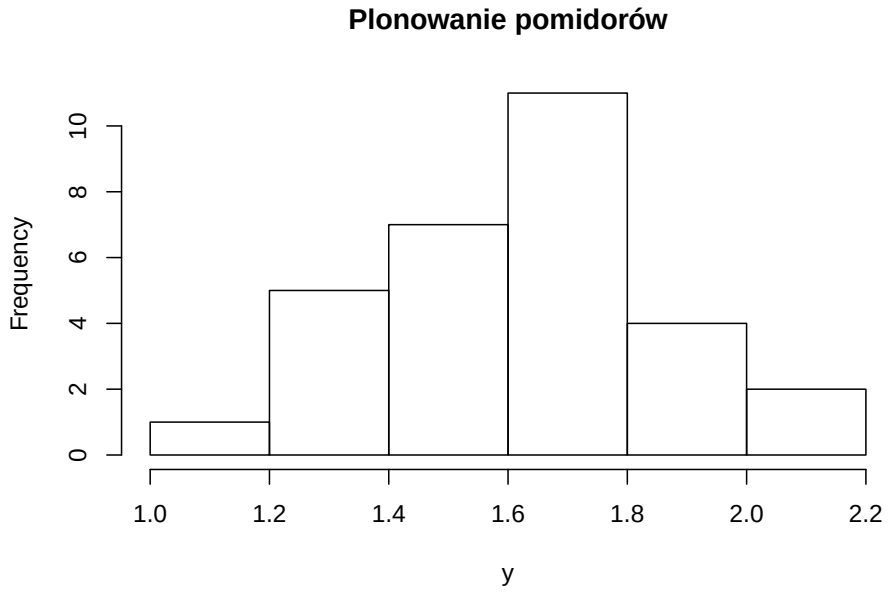
Rysunek 4.3: Przykład użycia funkcji plot z tytułami osi dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
hist(y)  # Rys. 4.4
```



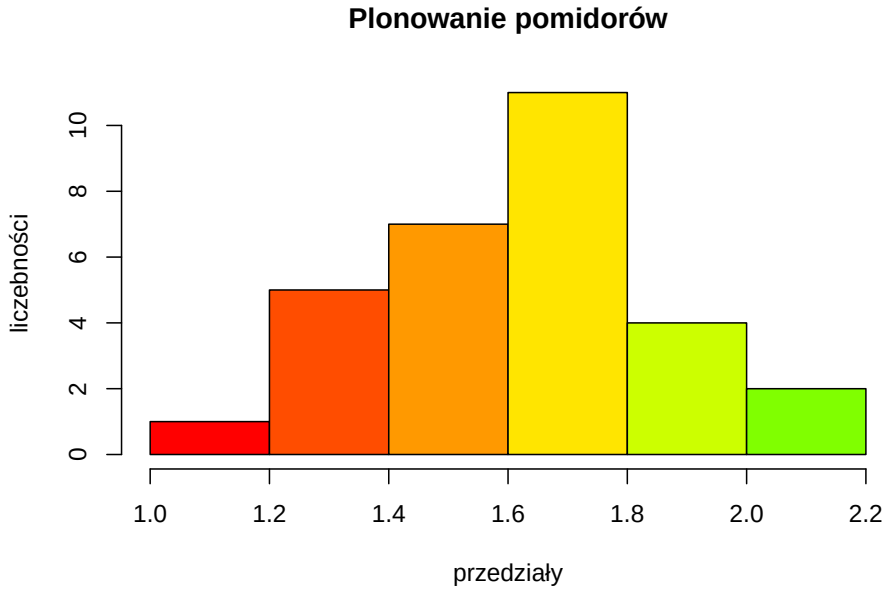
Rysunek 4.4: Histogram dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
hist(y, main="Plonowanie pomidorów")  # Rys. 4.5
```



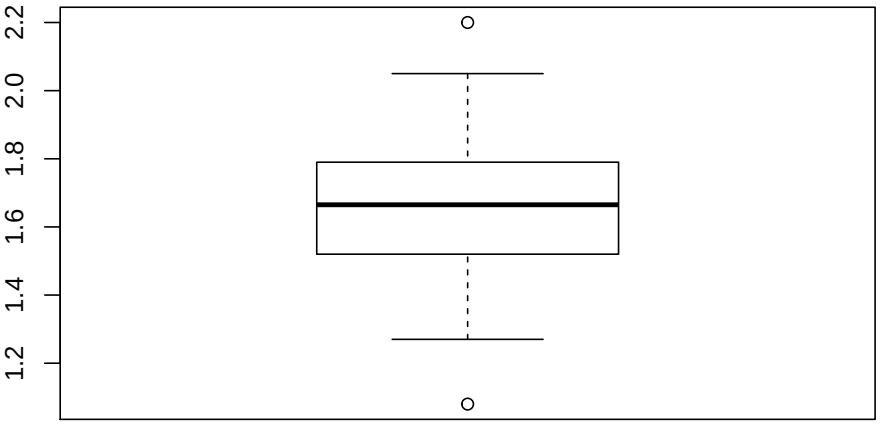
Rysunek 4.5: Histogram z tytułem dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
# col - kolory wykresu
hist(y, col=rainbow(20), xlab="przedziały", ylab="liczebności",
     main="Plonowanie pomidorów") # Rys. 4.6
```



Rysunek 4.6: Histogram z tytułami w kolorze dla danych - Kala (2005, s. 26)

```
boxplot(y) # Rys. 4.7
```



Rysunek 4.7: Boxplot dla danych - Kala (2005, s. 26)

Przykład 4.2 (Greń 1975, s. 161)

Dla danych z przykładu 3.1 wykonać wykres typu boxplot.

Kod w R

```
# Przykład 4.2 - (Greń 1975, s. 161)
# przygotowanie danych
A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
dane=data.frame(A, B, C)  # tworzenie ramki danych o nazwie "dane"
dane
boxplot(dane)   # Rys. 4.8
boxplot(dane, main="ABC")   # Rys. 4.9
```

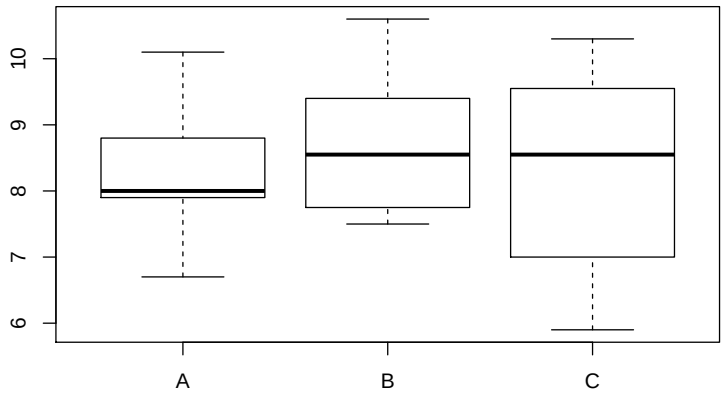
Realizacja w R

```
> # Przykład 4.2 - (Greń 1975, s. 161)
> # przygotowanie danych
> A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
> B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
> C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
> dane=data.frame(A, B, C)  # tworzenie ramki danych o nazwie "dane"
> dane
```

```
    A   B   C
1 6.7 7.5 5.9
2 7.3 7.7 6.9
3 8.0 7.7 7.0
4 8.0 8.2 7.0
5 7.9 8.9 9.5
```

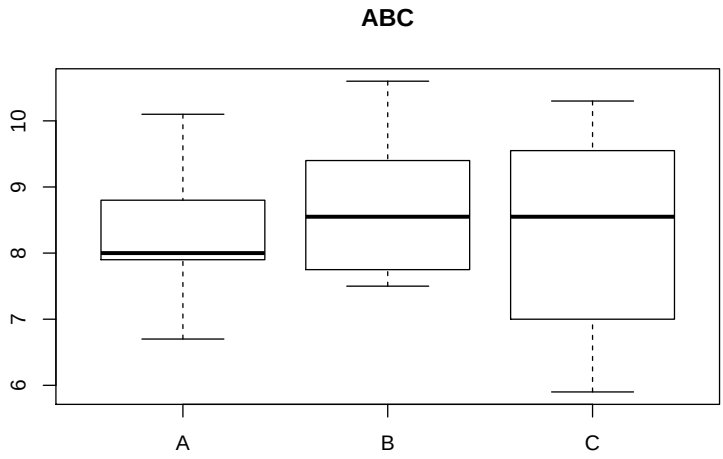
```
6   9.2  8.9  9.6
7  10.1 10.6  9.6
8   9.2 10.2 10.3
9   8.3  9.4  8.1
10  8.4  9.4  8.5
11  8.0  8.2  8.6
12  7.9  7.8  8.8
```

```
boxplot(dane) # Rys. 4.8
```



Rysunek 4.8: Boxplot dla danych - Greń (1975, s. 161)

```
boxplot(dane,main="ABC") # Rys. 4.9
```



Rysunek 4.9: Boxplot z tytułem wykresu - Greń (1975, s. 161)

4.2 Wykresy dla przykładowych funkcji

Przykład 4.3

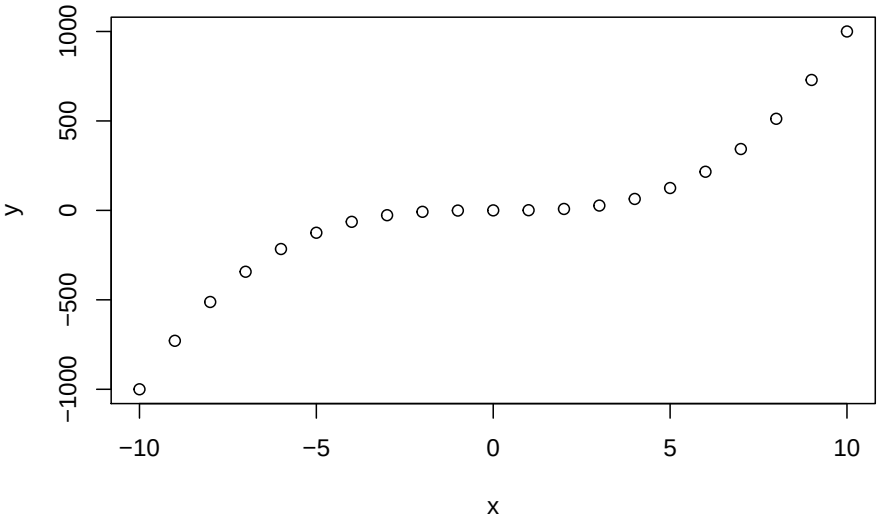
Narysować wykres funkcji $y = x^3$ dla $x \in \langle -10; 10 \rangle$ z osiami współrzędnych.

Kod w R

```
# Przykład 4.3
x = -10:10  # ustalenie wartości x
x # wyświetlenie zawartości x
y=x^3  # obliczenie wartości y
plot(x, y)  # Rys. 4.10
# pch - określenie znaków (symboli) na wykresie
plot(x, y, pch = 1:20) # zmiana wartości argumentu 'pch'  -  Rys. 4.11
lines(x,y)  # dodanie linii łączących x i y  - Rys. 4.12
abline(h=0)  # dodanie linii poziomej y=0, czyli osi OX
abline(v=0, col="red") # dodanie czerwonej linii pionowej x=0 (oś OY)  - Rys. 4.13
```

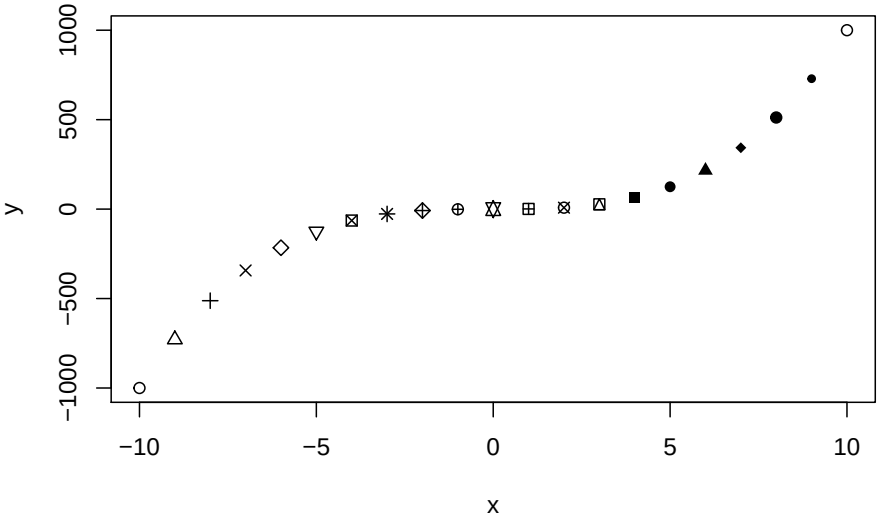
Realizacja w R

```
> # Przykład 4.3
> x = -10:10  # ustalenie wartości x
> x # wyświetlenie zawartości x

 [1] -10  -9  -8  -7  -6  -5  -4  -3  -2  -1   0   1   2   3   4   5   6
[18]   7   8   9  10

> y=x^3  # obliczenie wartości y

plot(x, y)  # Rys. 4.10
```



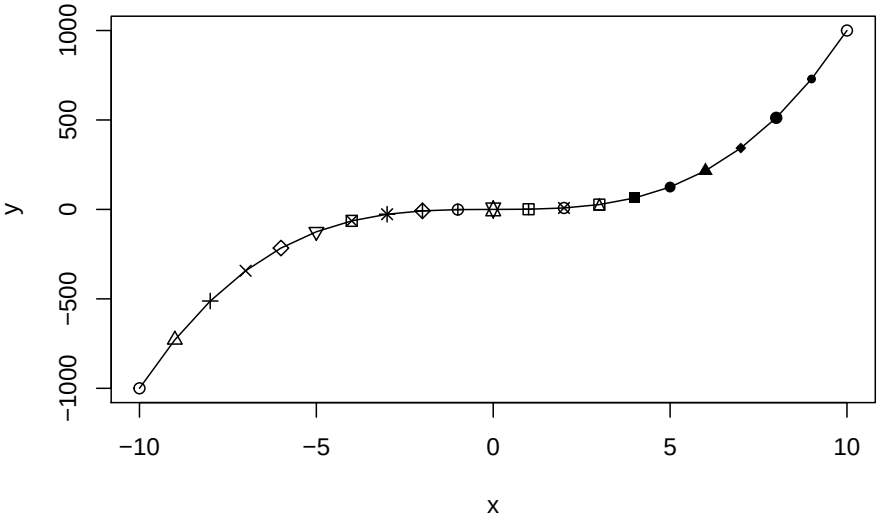
Rysunek 4.10: Wykres funkcji $y = x^3$

```
# pch - określenie znaków (symboli) na wykresie
plot(x, y, pch = 1:20) # zmiana wartości argumentu 'pch' -  Rys. 4.11
```



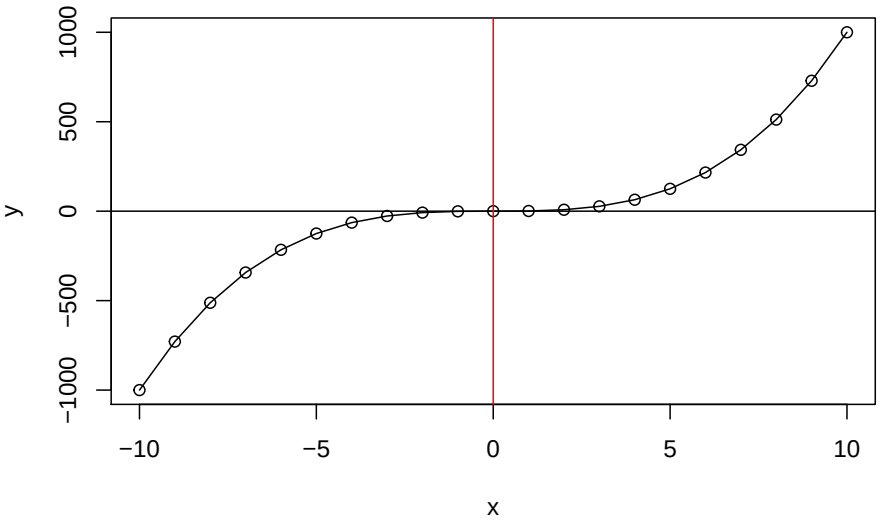
Rysunek 4.11: Wykres funkcji $y = x^3$ ze zmianą wartości pch

```
lines(x,y)  # dodanie linii łączących x i y -  Rys. 4.12
```



Rysunek 4.12: Wykres funkcji $y = x^3$ z liniami łączącymi

```
abline(h=0)  # dodanie linii poziomej y=0, czyli osi OX
abline(v=0, col="red") # dodanie czerwonej linii pionowej x=0 (oś OY)  - Rys. 4.13
```



Rysunek 4.13: Wykres funkcji $y = x^3$ z osiami OX i OY

Przykład 4.4

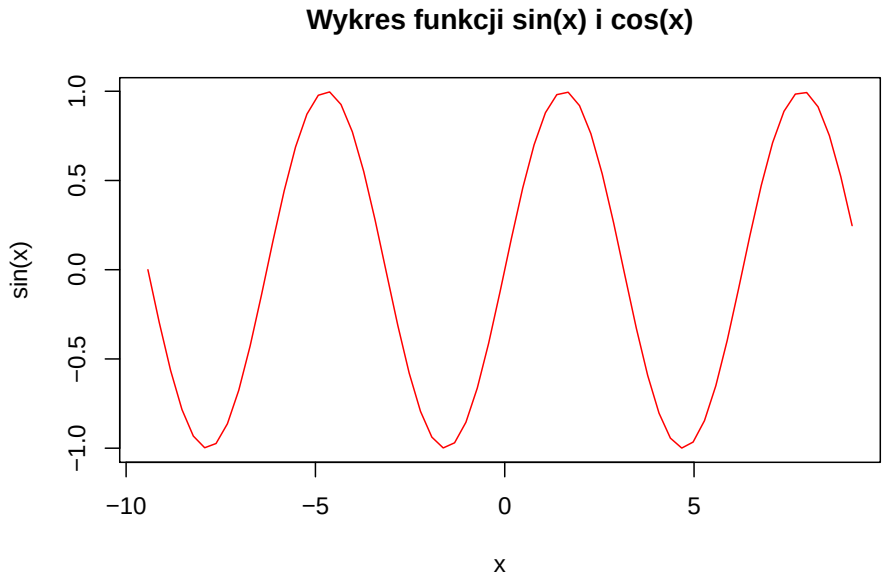
Narysować w jednym „oknie” wykresy funkcji $y = sin(x)$ oraz $y = cos(x)$ dla $x \in \langle -3\pi; 3\pi \rangle$.

Kod w R

```
# Przykład 4.4
# ustalamy wartości x
x = seq(-3*pi, 3*pi, by=0.3)
# rysujemy funkcję sin(x) - type='l' oznacza linię
plot(x, sin(x), type="l", main="Wykres funkcji sin(x) i cos(x)", col="red")  # Rys. 4.14
# dorysowujemy funkcję cos(x) i nadajemy tytuł osi OY
lines(x, cos(x),  col="blue", type="l", ylab='wartości funkcji')  # Rys. 4.15
```

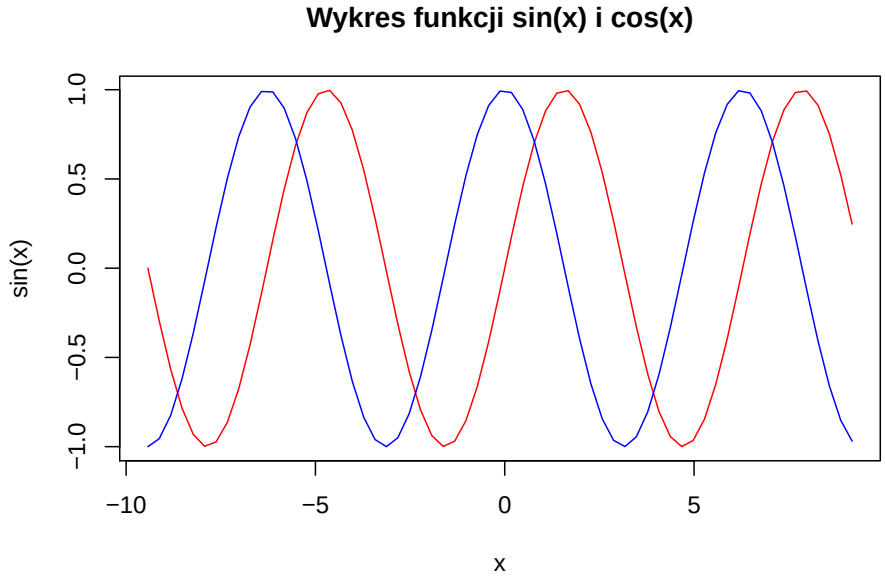
Realizacja w R

```
> # Przykład 4.4
> # ustalamy wartości x
> x = seq(-3*pi, 3*pi, by=0.3)

# rysujemy funkcję sin(x) - type='l'
# oznacza linię
plot(x, sin(x), type = "l", main = "Wykres funkcji sin(x) i cos(x)",
    col = "red")  # Rys. 4.14
```



Rysunek 4.14: Wykres funkcji $y = sin(x)$

```
# dorysowujemy funkcję cos(x) i nadajemy tytuł osi OY
lines(x, cos(x),  col="blue", type="l", ylab='wartości funkcji')  # Rys. 4.15
```



Rysunek 4.15: Wykresy funkcji $y = sin(x)$ oraz $y = cos(x)$ przy pomocy funkcji plot i lines

Przykład 4.5

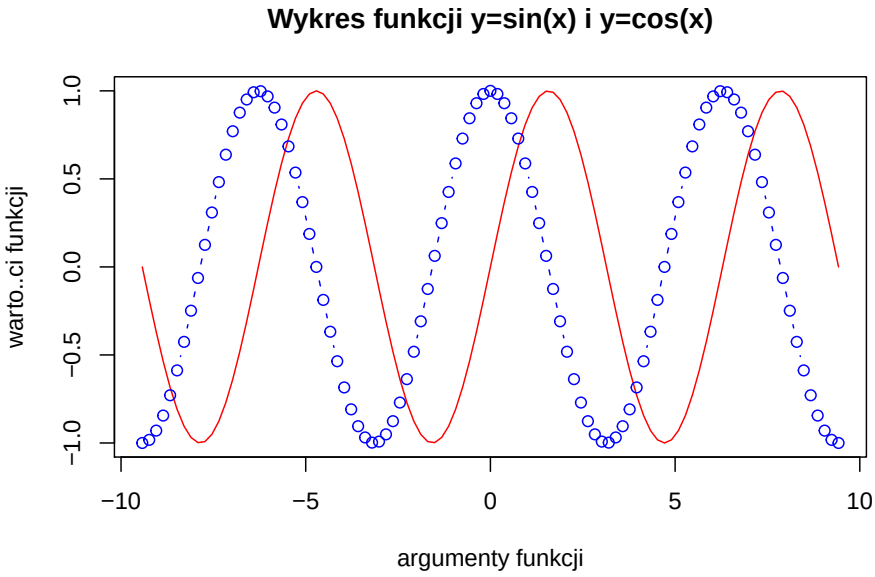
Narysować w jednym 'oknie' wykresy funkcji $y = sin(x)$ oraz $y = cos(x)$ dla $x \in \langle -3\pi; 3\pi \rangle$ przy pomocy funkcji 'curve'.

Kod w R

```
# Przykład 4.5 - funkcja 'curve' Rys. 4.16
curve(sin, from = -3 * pi, to = 3 * pi, type = "l", col = "red", xlab = "argumenty funkcji",
    ylab = "wartości funkcji")
curve(cos, from = -3 * pi, to = 3 * pi, type = "b", col = "blue", add = T)
title(main = "Wykres funkcji y=sin(x) i y=cos(x)")
```

Realizacja w R

```
# Przykład 4.5 - funkcja 'curve' Rys. 4.16
curve(sin, from = -3 * pi, to = 3 * pi, type = "l", col = "red", xlab = "argumenty funkcji",
    ylab = "wartości funkcji")
curve(cos, from = -3 * pi, to = 3 * pi, type = "b", col = "blue", add = T)
title(main = "Wykres funkcji y=sin(x) i y=cos(x)")
```



Rysunek 4.16: Wykresy funkcji $y = sin(x)$ oraz $y = cos(x)$ przy pomocy funkcji curve

4.3 Zadania do wykonania

Zad. 1

Wczytaj dane "Studenci.xlsx" i wykonaj wykres funkcją `plot` typu punktowego, gdzie na osi X znajdować się będzie wiek studentów, a na osi Y wysokość stypendium. Zaznacz kolorem czerwonym kobiety, a niebieskim mężczyzn.

Zad. 2

Na jednym wykresie narysuj w przedziale $[-5, 5]$ następujące funkcje: $y = x^2$; $y = (x-2)^2$; $y = (x-2)^2 + 3$; $y = x^2 + 3$; $y = (x+1)^2 - 2$. Dodaj linie $x = 0$ w kolorze czarnym. Każda funkcja niech będzie narysowana innym kolorem. Nadaj tytuł: "Wykresy funkcji przesuniętych".

Zad. 3

Narysuj histogram dla wysokości stypendium dla danych z pliku "Studenci.xlsx".

Rozdział 5

Testowanie

5.1 Wprowadzenie

Niech dane będą 2 populacje, dla których chcemy zweryfikować interesujące nas przypuszczenie. Na przykład, dane jest 200 ha pole z pszenżytem odmiany A oraz 150 ha pole z pszenżytem odmiany B. Chcemy porównać ciężar nasion w kłosie dla obu odmian. Oczywiście, najlepszym sposobem postępowania jest zważenie nasion wszystkich kłosów z obu pól. Jak wiadomo, taka czynność nie jest wykonywana. Powinniśmy losowo wybrać kilkanaście lub kilkadziesiąt kłosów z pierwszego pola (próba A) i drugiego pola (próba B). Tak więc mamy populacje oraz mamy próby, gdzie najczęściej stosowane oznaczenia wybranych parametrów przedstawia Tablica 5.1.

Tablica 5.1: Podstawowe parametry dla populacji oraz próby

populacja	próba
μ – średnia cechy w populacji	$\bar{x}$ – średnia cechy w próbie
σ^2 – wariancja cechy w populacji	s^2 – wariancja cechy w próbie
σ – odchylenie standardowe cechy w populacji	s – odchylenie standardowe cechy w próbie

Testowanie jest to weryfikacja przypuszczeń. W opracowaniu tym rozpatrujemy testy parametryczne, czyli testy dotyczące parametrów populacji (np. średnia, wariancja). Przy-

puszczenia określone są przy pomocy dwóch hipotez: hipotezy zerowej H_0 oraz hipotezy alternatywnej H_1. Po wybraniu właściwej statystyki, wyliczamy wartość tej statystyki dla wylosowanych prób oraz tzw. p-wartość (p-value) i podejmujemy decyzję: albo odrzucamy hipotezę zerową i przyjmujemy hipotezę alternatywną, albo stwierdzamy brak podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej (w praktyce często przyjmuje się hipotezę zerową). Porównując rzeczywistość z naszą decyzją możemy mieć sytuacje przedstawione w Tablicy 5.2. Prawdopodobieństwo odrzucenia hipotezy prawdziwej jest błędem pierwszego rodzaju oznaczanym przez α oraz nazywanym poziomem istotności. Natomiast prawdopodobieństwo przyjęcia hipotezy nieprawdziwej jest błędem drugiego rodzaju oznaczanym przez β.

Tablica 5.2: Możliwe decyzji podczas testowania

		Decyzja	
		H_0 nie odrzucamy	H_0 odrzucamy
Rzeczywistość	H_0 jest prawdziwa	OK	α
	H_0 nie jest prawdziwa	β	OK

Reguły postępowania podczas testowania hipotez:

1. Mamy dane populacje w ramach których chcemy wykonać testowanie.
2. Formułujemy problem badawczy.
3. Ustalamy poziom istotności α, np. w tym manuskrypcie $\alpha = 0.05$.
4. Formułujemy hipotezę zerową H_0 oraz hipotezę alternatywną H_1.
5. Losowo wybieramy próby.
6. Ustalamy właściwą statystykę (odpowiedni test) do weryfikacji hipotez.
7. Obliczamy wartości wybranej statystki, m.in. p-wartość.
8. Podejmujemy decyzje:

   8.1. jeśli p-wartość <0.05 (poziom istotności), to odrzucamy hipotezę zerową i przyjmujemy hipotezę alternatywną,

8.2. jeśli p-wartość ≥ 0.05, to nie mamy podstaw do odrzucenia H_0, co w praktyce często oznacza przyjęcie hipotezy zerowej.

9. Dokonujemy interpretacji problemu badawczego.

Tablica 5.3: Wybrane testy statystyczne dla wartości średnich

		Dane z rozkładu normalnego	Dane nie są z rozkładu normalnego
Próby niezależne	2 grupy	Test t dla grup niezależnych (t.test)*	Test Wilcoxona (Wilcox.test)
	>2 grupy	ANOVA (aov)	Test Kruskala-Wallisa (kruskal.test)
Próby zależne (związane)	2 grupy	Test t związany (t.test)	Test Wilcoxona związany (wilcox.test)
	>2grupy	ANOVA (aov)	Test Friedmana (friedman.test)

$*$ w nawiasach podane są nazwy funkcji w R.

Tablica 5.3 wskazuje, że wybór testu zależy od trzech charakterystyk:

1. Czy dane podlegają rozkładowi normalnemu, czy nie podlegają,
2. Czy próby są niezależne, czy są zależne,
3. Czy rozpatrujemy dwie próby (grupy), czy więcej niż dwie.

Uwaga

1) Sprawdzenie normalności rozkładu w R można przeprowadzić stosując funkcję `shapiro.test` - test Shapiro–Wilka.

2) Przed zastosowaniem testu t (`t.test`) należy sprawdzić, czy założenie o równości wariancji jest spełnione. W R można to wykonać np. przy pomocy funkcji `var.test`.

5.2 Testy dwóch wartości średnich z rozkładów normalnych

Założenie

Mamy dwie próby odpowiednio o liczebności n_1 z rozkładu $N(\mu_1, \sigma_1^2)$ oraz o liczebności n_2 z rozkładu $N(\mu_2, \sigma_2^2)$.

Możemy rozpatrywać hipotezę dwustronną, hipotezę lewostronną lub hipotezę prawostronną.

Hipotezy

a) hipoteza dwustronna (test obustronny)

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 \tag{5.1}$$
$$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$$

b) hipoteza lewostronna (test lewostronny)

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 \tag{5.2}$$
$$H_1 : \mu_1 < \mu_2$$

c) hipoteza prawostronna (test prawostronny)

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 \tag{5.3}$$
$$H_1 : \mu_1 > \mu_2$$

Rozpatrujemy dwie sytuacje: próby są niezależne lub próby są zależne (związane, sprzężone).

5.2.1 Próby niezależne

Przykład 5.1 (Elandt 1964, s. 102)

Dany jest ciężar w gramach 1000 nasion dla dwóch rodów seradeli:

Tablica 5.4: Dane - Elandt (1964, s. 102)

Ród A	Ród B
3.8	3.7
3.7	4.6
2.9	5.4
3.5	6.2
2.6	4.2
3.3	3.5
	5.3
	5.5

Zweryfikować przypuszczenie, że średnie ciężary tych rodów różnią się istotnie.

Rozwiązanie

Niech μ_1 oznacza średni ciężar 1000 nasion rodu A, natomiast μ_2 oznacza średni ciężar 1000 nasion rodu B. Rozpatrujemy hipotezę obustronną postaci (5.1):

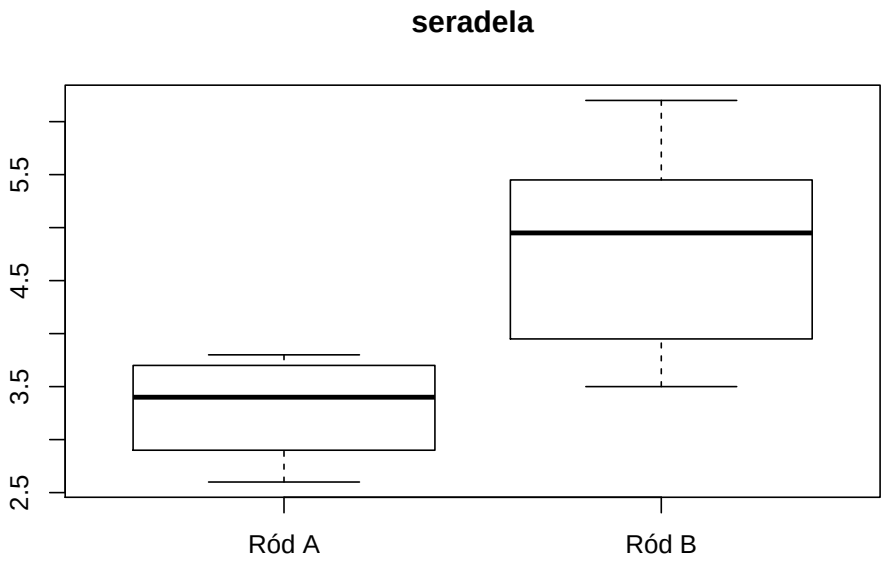
$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$
$$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$$

Kod w R

```
# Przykład 5.1 (Elandt 1964, s. 102)
# tworzenie danych
rodA=c(3.8, 3.7, 2.9, 3.5, 2.6, 3.3)
rodB=c(3.7, 4.6, 5.4, 6.2, 4.2, 3.5, 5.3, 5.5)
# Boxplot - prezentacja graficzna danych
boxplot(rodA, rodB, names=c("Ród A","Ród B"), main="seradela")
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.1 (Elandt 1964, s. 102)
> # tworzenie danych
> rodA=c(3.8, 3.7, 2.9, 3.5, 2.6, 3.3)
> rodB=c(3.7, 4.6, 5.4, 6.2, 4.2, 3.5, 5.3, 5.5)
> # Boxplot - prezentacja graficzna danych
> boxplot(rodA, rodB, names=c("Ród A","Ród B"), main="seradela")
```



Rysunek 5.1: Boxplot dla danych - Elandt (1964, s. 102)

Sprawdzamy założenie o normalności rozkładów dla rodu A oraz rodu B

H_0: rozkład normalny jest spełniony

H_1: rozkład normalny nie jest spełniony

Kod w R

```
# sprawdzenie założeń o normalności rozkładów dla rodu A oraz rodu B
shapiro.test(rodA)
shapiro.test(rodB)
```

Realizacja w R

```
> # sprawdzenie założeń o normalności rozkładów dla rodu A oraz rodu B
> shapiro.test(rodA)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  rodA
W = 0.93433, p-value = 0.6139
> shapiro.test(rodB)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  rodB
W = 0.94586, p-value = 0.6694
```

Interpretacja

Po zastosowaniu testu Shapiro–Wilka dla obu rodów otrzymane p-wartości są większe od 0.05. Stwierdzamy, że założenia o normalności rozkładów są spełnione. Kolejnym krokiem jest sprawdzenie równości wariancji obu rodów.

Kod w R

```
var.test(rodA,rodB)
```

Realizacja w R

```
> var.test(rodA,rodB)

    F test to compare two variances
```

```
data:  rodA and rodB
F = 0.24214, num df = 5, denom df = 7, p-value = 0.1377
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.0458141 1.6593925
sample estimates:
ratio of variances
         0.2421384
```

Interpretacja

Testowanie równości wariancji pokazuje, że otrzymana p-wartość $= 0.1377 > 0.05$, zatem nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy mówiącej o równości wariancji obu rodów. W tym przypadku wykonując w kolejnym kroku testowanie hipotez (5.1) wykorzystujemy dwustronny test t, przy użyciu funkcji `t.test` z zastosowaniem dodatkowo argumentu `var.equal=TRUE` oznaczającego równość wariancji. W przeciwnym przypadku ustawiana jest domyślnie wartość `var.equal=FALSE` (co oznacza, że wariancje nie są równe) oraz stosowane jest przybliżenie Welcha.

Kod w R

```
# obustronny test t
t.test(rodA, rodB, var.equal = TRUE)
```

Realizacja w R

```
> # obustronny test t
> t.test(rodA, rodB, var.equal = TRUE)


    Two Sample t-test
```

```
data:  rodA and rodB
t = -3.5226, df = 12, p-value = 0.004203
alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 -2.4277738 -0.5722262
sample estimates:
mean of x mean of y
      3.3       4.8
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.004203 < 0.05$, więc stwierdzamy, że ciężar 1000 nasion seradeli rodu A różni się od rodu B. Ponadto, analizując boxplot (Rys. 5.1) można przypuszczać, że ciężar 1000 nasion dla rodu A seradeli jest mniejszy niż ciężar 1000 nasion dla rodu B seradeli. Wobec tego, zastosujemy lewostronny test t postaci (5.2), czyli:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$
$$H_1 : \mu_1 < \mu_2$$

Kod w R

```
# lewostronny test t
t.test(rodA, rodB, alternative="less", var.equal = TRUE)
```

Realizacja w R

```
> # lewostronny test t
> t.test(rodA, rodB, alternative="less", var.equal = TRUE)


    Two Sample t-test
```

```
data:  rodA and rodB
t = -3.5226, df = 12, p-value = 0.002101
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
95 percent confidence interval:
       -Inf -0.7410731
sample estimates:
mean of x mean of y
      3.3       4.8
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.002101 < 0.05$, więc stwierdzamy, że ciężar 1000 nasion rodu A seradeli jest mniejszy niż rodu B.

5.2.2 Próby zależne

Przykład 5.2 (Elandt 1964, s. 109)

Oznaczono procent tłuszczu w 18 próbkach mleka za pomocą dwóch metod: metody Gerbera (metoda G) i metody Burata (metoda B) - patrz Tablica 5.5.

Czy metody te dają takie same wyniki?

Kod w R

```
# Przykład 5.2 (Elandt 1964, s. 109)
rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
# tworzenie danych
metodaG=c(2.73, 2.84, 3.18, 2.79, 3.05, 3.03, 3.10, 2.88, 3.00, 3.07,
          2.66, 2.78, 3.62, 3.31, 2.71, 2.80, 2.95, 3.52)
metodaB=c(2.88, 2.93, 3.38, 2.99, 3.30, 3.19, 3.34, 3.08, 3.20, 3.23,
          2.81, 2.94, 3.59, 3.41, 2.88, 2.99, 3.16, 3.66)
```

Tablica 5.5: Dane - Elandt (1964, s. 109)

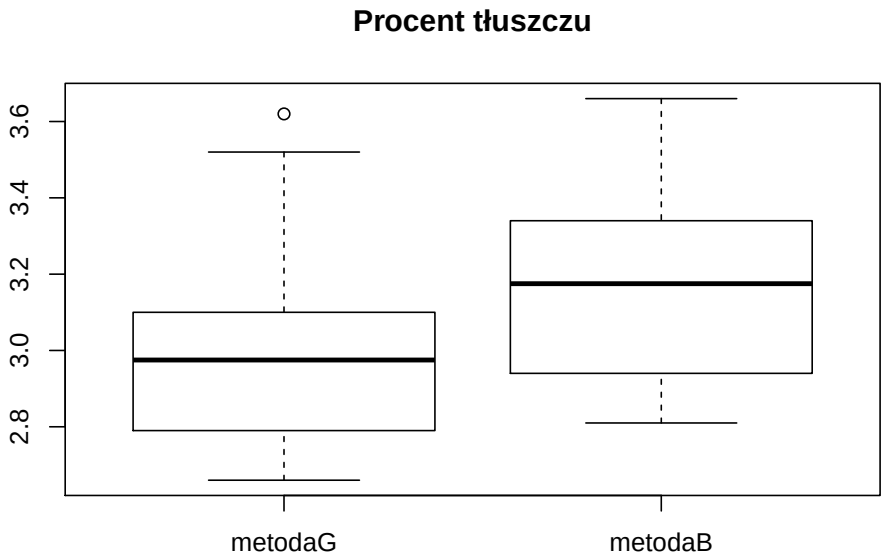
Lp.	Metoda G	Metoda B	Lp.	Metoda G	Metoda B
1	2.73	2.88	10	3.07	3.23
2	2.84	2.93	11	2.66	2.81
3	3.18	3.38	12	2.78	2.94
4	2.79	2.99	13	3.62	3.59
5	3.05	3.30	14	3.31	3.41
6	3.03	3.19	15	2.71	2.88
7	3.10	3.34	16	2.80	2.99
8	2.88	3.08	17	2.95	3.16
9	3.00	3.20	18	3.52	3.66

```
dane=data.frame(metodaG,metodaB)
# prezentacja graficzna danych - boxplot
boxplot(metodaG, metodaB, main="Procent tłuszczu")
# Sprawdzamy założenia o normalności rozkładów
shapiro.test(metodaG)
shapiro.test(metodaB)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.2 (Elandt 1964, s. 109)
> rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> # tworzenie danych
> metodaG=c(2.73, 2.84, 3.18, 2.79, 3.05, 3.03, 3.10, 2.88, 3.00, 3.07,
+           2.66, 2.78, 3.62, 3.31, 2.71, 2.80, 2.95, 3.52)
> metodaB=c(2.88, 2.93, 3.38, 2.99, 3.30, 3.19, 3.34, 3.08, 3.20, 3.23,
+           2.81, 2.94, 3.59, 3.41, 2.88, 2.99, 3.16, 3.66)
> dane=data.frame(metodaG,metodaB)
> # prezentacja graficzna danych - boxplot
```

```
> boxplot(dane, main="Procent tłuszczu")
```



Rysunek 5.2: Boxplot dla danych - Elandt (1964, s. 109)

```
> # Sprawdzamy założenia o normalności rozkładów
> shapiro.test(metodaG)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  metodaG
W = 0.91487, p-value = 0.1049

> shapiro.test(metodaB)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  metodaB
W = 0.95253, p-value = 0.4661
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartości dla obu metod są > 0.05, zatem dla obu prób spełnione jest założenie o normalności rozkładów. Następnie sprawdzamy równość wariancji.

Kod w R

```
var.test(metodaG, metodaB)
```

Realizacja w R

```
> var.test(metodaG, metodaB)


    F test to compare two variances


data:  metodaG and metodaB
F = 1.1901, num df = 17, denom df = 17, p-value = 0.7238
alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.4451786 3.1814844
sample estimates:
ratio of variances
          1.190096
```

Interpretacja

Testowanie równości wariancji pokazuje, że otrzymana p-wartość $= 0.7238 > 0.05$, zatem nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej o równości wariancji dla obu metod. W kolejnym kroku wykonamy test t z parametrem `var.equal=TRUE`.

Uwaga

Ponieważ te same obiekty badane są dwa razy - należy zastosować test t dla par zależnych - w tym celu w funkcji `t.test` używamy argumentu `paired = TRUE`. Analiza boxplotu (Rys.

5.2) sugeruje, aby zastosować w dalszych analizach lewostronny test t dla par zależnych.

Kod w R

```
# lewostronny test t dla par zależnych
t.test(metodaG, metodaB, alternative="less", paired = TRUE, var.equal = TRUE)
```

Realizacja w R

```
> # lewostronny test t dla par zależnych
> t.test(metodaG, metodaB, alternative="less", paired = TRUE, var.equal = TRUE)


    Paired t-test

data:  metodaG and metodaB
t = -10.846, df = 17, p-value = 2.326e-09
alternative hypothesis: true difference in means is less than 0
95 percent confidence interval:
       -Inf -0.1371352
sample estimates:
mean of the differences
             -0.1633333
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość < 0.0001 ($2.326e$-09 $= 2.326 * 10^{-9} = 0.000000002326$), więc należy stwierdzić, że metoda Gerbera daje mniejszy procent tłuszczu w badanym mleku niż metoda Burata.

5.3 Testy dwóch wartości średnich z dowolnych rozkładów

Założenie

Co najmniej jedna próba nie podlega rozkładowi normalnemu.

Przykład 5.3

Zasadzono równocześnie młode drzewka w mieście przy ulicy oraz w części zielonej w parku. Po pewnym czasie zmierzono ich wysokości (w cm). Wyniki przedstawia Tablica 5.6

Tablica 5.6: Dane do przykładu 5.3

ulica	98	116	100	103	104	102	105	99	106	101
park	109	118	121	108	115	111	110	113	107	117

Czy lokalizacja drzewka ma istotny wpływ na jego wysokość?

Kod w R

```
# Przykład 5.3
# tworzymy dane
ulica = c(98, 116, 100, 103, 104, 102, 105, 99, 106, 101)
park = c(109, 118, 121, 108, 115, 111, 110, 113, 107, 117)
# sprawdzamy normalność rozkładów
shapiro.test(ulica)
shapiro.test(park)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.3
> # tworzymy dane
> ulica = c(98, 116, 100, 103, 104, 102, 105, 99, 106, 101)
> park = c(109, 118, 121, 108, 115, 111, 110, 113, 107, 117)
> # sprawdzamy normalność rozkładów
> shapiro.test(ulica)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  ulica
W = 0.84217, p-value = 0.04684
> shapiro.test(park)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  park
W = 0.94786, p-value = 0.6433
```

Uwaga

Ponieważ jedna z prób (ulica) nie spełnia warunku rozkładu normalnego, więc nie możemy skorzystać z testu t. Zastosujemy test Wilcoxona (patrz Tablica 5.3).

Kod w R

```
# test wilcoxona
wilcox.test(ulica, park, alternative="less")
```

Realizacja w R

```
> # test wilcoxona
> wilcox.test(ulica, park, alternative="less")


    Wilcoxon rank sum test


data:  ulica and park
W = 7, p-value = 0.0002436
alternative hypothesis: true location shift is less than 0
```

Interpretacja:

Ponieważ p-wartość dla testu Wilcoxona jest mniejsza od 0.05 zatem wnioskujemy, że wysokość drzewek rosnących przy ulicy jest istotnie mniejsza niż wysokość drzewek rosnących w parku.

Przykład 5.4

Na teście wstępnym oceniono 9 studentów oraz 8 studentek pod względem zdolności matematycznych w celu weryfikacji przypuszczenia, że studenci są pod tym względem lepsi od studentek. Wyniki testu są następujące (Tablica 5.7):

Tablica 5.7: Wyniki z matematyki

studenci	15	21	22	24	18	19	23	19	23
studentki	15	19	23	25	10	15	22	21	

Przy pomocy odpowiedniego testu zweryfikować hipotezę mówiącą o tym, że studenci są pod względem zdolności matematycznych lepsi od studentek.

Rozwiązanie

Zastosujemy test prawostronny postaci (5.3):

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2$$
$$H_1 : \mu_1 > \mu_2$$

Uwagi

1) Otrzymane wyniki są liczbami naturalnymi, zatem populacje nie mogą spełniać warunku o normalności rozkładów – rozkład normalny jest rozkładem ciągłym, a my mamy rozkład dyskretny.

2) Nie zastosujemy testu t, tylko test Wilcoxona.

Kod w R

```
# Przykład 5.4
studenci = c(15, 21, 22, 24, 18, 19, 23, 19, 23)
studentki = c(15, 19, 23, 25, 10, 15, 22, 21)
wilcox.test(studenci,studentki, alternative="greater")
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.4
> studenci = c(15, 21, 22, 24, 18, 19, 23, 19, 23)
> studentki = c(15, 19, 23, 25, 10, 15, 22, 21)
> wilcox.test(studenci,studentki, alternative="greater")

    Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data:  studenci and studentki
W = 42, p-value = 0.2967
alternative hypothesis: true location shift is greater than 0
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.2967$, więc nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy H_0. Wnioskujemy zatem, że zdolności matematyczne ocenianych studentów i studentek zdających testy wstępne są takie same.

5.4 Analiza wariancji - ANOVA

Mamy $r > 2$ populacji. Z każdej losowo pobieramy po jednej próbie.

Założenia ANOVY

1. Niezależność - próby zostały pobrane niezależnie z każdej z r populacji.
2. Normalność - w każdej z r populacji rozkład badanej cechy jest normalny

   H_0: rozkład normalny jest spełniony

   H_1: rozkład normalny nie jest spełniony
3. Jednorodność wariancji - wariancje rozkładu badanej cechy są takie same w r populacjach

   H_0: $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = ... = \sigma_r^2$

   H_1: $\neg H_0$

Uwagi

1) Jednorodność wariancji oprócz testu `var.test` można również zweryfikować testem Bartletta (`bartlett.test`).

2) Analizę wariancji wykonamy przy użyciu funkcji `aov`.

Przykład 5.5 (Greń 1975, s. 161)

Wylosowano po 12 pędów żyta trzech różnych gatunków i otrzymano dla nich następujące długości kłosów żyta (w cm):

Tablica 5.8: Dane - Greń (1975, s. 161)

Gatunek					
A	B	C	A	B	C
6.7	7.5	5.9	10.1	10.6	9.6
7.3	7.7	6.9	9.2	10.2	10.3
8.0	7.7	7.0	8.3	9.4	8.1
8.0	8.2	7.0	8.4	9.4	8.5
7.9	8.9	9.5	8.0	8.2	8.6
9.2	8.9	9.6	7.9	7.8	8.8

Czy długości kłosów badanych gatunków są różne?

Rozwiązanie

Należy zweryfikować następujące hipotezy:

$$H_0\text{: } \mu_A = \mu_B = \mu_C$$

$$H_1\text{: } \neg H_0$$

gdzie μ_K oznacza średnią długość kłosów gatunku K.

Kod w R

```
# Przykład 5.5 (Greń 1975, s. 161)
rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
# tworzenie danych
A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
```

```
C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
# sprawdzanie założenia o normalności rozkładów
shapiro.test(A)
shapiro.test(B)
shapiro.test(C)
# przygotowanie danych w formie ramki danych
zyto=data.frame(Dlugosc=c(A, B, C), Gat=c(rep(c("A","B","C"), c(12,12,12))))
head(zyto)
# weryfikacja założenia o jednorodności wariancji - test Bartleta
bartlett.test(zyto$Dlugosc,zyto$Gat)
# ANOVA
model=aov(Dlugosc~Gat, data=zyto)
summary(model)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.5 (Greń 1975, s. 161)
> rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> # tworzenie danych
> A = c(6.7,7.3,8.0,8.0,7.9,9.2,10.1,9.2,8.3,8.4,8.0,7.9)
> B = c(7.5,7.7,7.7,8.2,8.9,8.9,10.6,10.2,9.4,9.4,8.2,7.8)
> C = c(5.9,6.9,7.0,7.0,9.5,9.6,9.6,10.3,8.1,8.5,8.6,8.8)
> # sprawdzanie założenia o normalności rozkładów
> shapiro.test(A)


    Shapiro-Wilk normality test

data:  A
W = 0.93886, p-value = 0.4835

> shapiro.test(B)
```

```
    Shapiro-Wilk normality test

data:  B
W = 0.91484, p-value = 0.246

> shapiro.test(C)

    Shapiro-Wilk normality test

data:  C
W = 0.94392, p-value = 0.5505
```

Interpretacja

Wszystkie p-wartości > 0.05, więc H_0 nie odrzucamy co oznacza, że próby pochodzą z rozkładu normalnego.

```
> # przygotowanie danych w formie ramki danych
> zyto=data.frame(Dlugosc=c(A, B, C), Gat=c(rep(c("A","B","C"), c(12,12,12))))
> head(zyto)
  Dlugosc Gat
1     6.7   A
2     7.3   A
3     8.0   A
4     8.0   A
5     7.9   A
6     9.2   A
> # weryfikacja założenia o jednorodności wariancji - test Bartleta
> bartlett.test(zyto$Dlugosc,zyto$Gat)
```

```
    Bartlett test of homogeneity of variances

data:  zyto$Dlugosc and zyto$Gat
Bartlett's K-squared = 1.8934, df = 2, p-value = 0.388
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.388 > 0.05$, więc nie odrzucamy H_0, a to oznacza, że założenie o jednorodności wariancji jest spełnione - możemy zatem wykonać analizę wariancji ANOVA.

```
> # ANOVA
> model=aov(Dlugosc~Gat, data=zyto)
> summary(model)
             Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Gat           2   1.47  0.7358   0.592  0.559
Residuals    33  41.00  1.2423
```

Interpretacja

Ponieważ $Pr(> F) = p$-wartość$=0.559 > 0.05$, więc nie odrzucamy H_0, czyli długości kłosów badanych trzech gatunków żyta nie różnią się istotnie statystycznie.

Uwaga

W takiej sytuacji nie wykonuje się porównań wielokrotnych (patrz Rozdział 5.5).

Przykład 5.6 (Kala 2005, s. 163)

Porównano długości kłosów czterech odmian uprawnych D, A, J i N pewnej trawy. Uzyskano następujące obserwacje (w cm):

D: 24.7, 26.6, 23.7, 18.8, 23.4, 20.6, 26.0, 27.9, 25.6

A: 19.2, 24.2, 14.2, 19.2, 18.1, 21.2, 19.0, 16.8, 15.0, 14.6

J: 22.7, 18.5, 23.6, 21.9, 20.0, 23.5, 17.0, 18.0

N: 19.9, 13.7, 16.8, 18.6, 23.0, 16.3, 15.2, 14.1, 16.9, 13.7

Dokonać porównań odmian.

Rozwiązanie

Formułujemy następujące hipotezy:

H_0: długości kłosów nie różnią się,

H_1: długości kłosów różnią się.

Kod w R

```
# Przykład 5.6 (Kala 2005, s. 163)
rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
# tworzenie danych
D = c(24.7,26.6,23.7,18.8,23.4,20.6,26,27.9,25.6)
A = c(19.2,24.2,14.2,19.2,18.1,21.2,19,16.8,15,14.6)
J = c(22.7,18.5,23.6,21.9,20,23.5,17,18)
N = c(19.9,13.7,16.8,18.6,23,16.3,15.2,14.1,16.9,13.7)
B=c(rep("D",9), rep("A",10), rep("J",8), rep("N",10))
B
trawa=data.frame(Dlugosc=c(D,A,J,N), Odmiany=B)
head(trawa)
boxplot(split(trawa$Dlugosc, trawa$Odmiany),
    main = "Zależność długości kłosów od odmian",
```

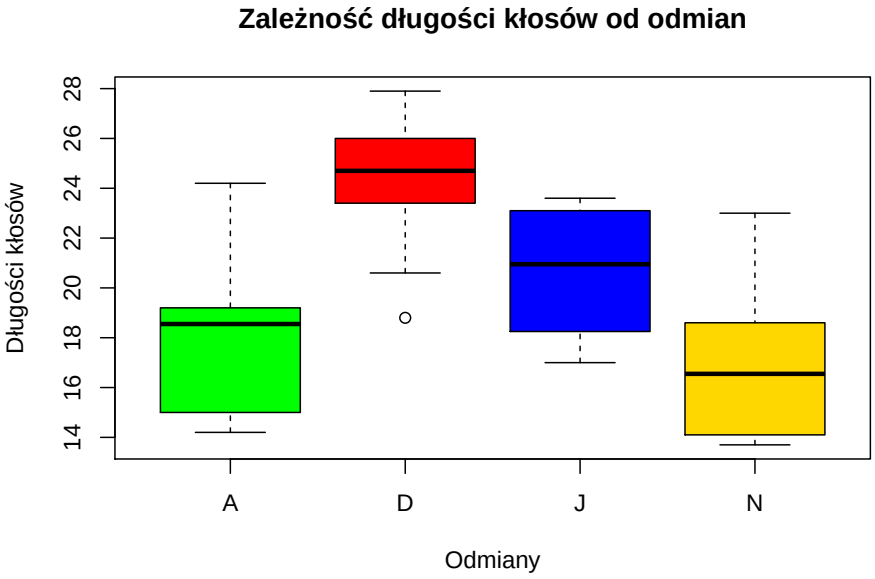
```
    xlab = "Odmiany", ylab = "Długości kłosów",
    col = c("green", "red", "blue", "gold"))
# sprawdzamy założenie o normalności
# rozkładów dla odmian
shapiro.test(D)
shapiro.test(A)
shapiro.test(J)
shapiro.test(N)

# weryfikacja założenia o jednorodności wariancji
bartlett.test(trawa$Dlugosc,trawa$Odmiany)
# ANOVA
model = aov(Dlugosc~Odmiany, trawa)
summary(model)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.6 (Kala 2005, s. 163)
> rm(list = ls())  # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> # tworzenie danych
> D = c(24.7, 26.6, 23.7, 18.8, 23.4, 20.6, 26, 27.9, 25.6)
> A = c(19.2, 24.2, 14.2, 19.2, 18.1, 21.2, 19, 16.8, 15, 14.6)
> J = c(22.7, 18.5, 23.6, 21.9, 20, 23.5, 17, 18)
> N = c(19.9, 13.7, 16.8, 18.6, 23, 16.3, 15.2, 14.1, 16.9, 13.7)
> B = c(rep("D", 9), rep("A", 10), rep("J", 8), rep("N", 10))
> B

 [1] "D" "D" "D" "D" "D" "D" "D" "D" "D" "A" "A" "A" "A" "A" "A" "A" "A"
[18] "A" "A" "J" "J" "J" "J" "J" "J" "J" "J" "N" "N" "N" "N" "N" "N" "N"
[35] "N" "N" "N"

> trawa = data.frame(Dlugosc = c(D, A, J, N), Odmiany = B)
> head(trawa)
```

```
  Dlugosc Odmiany
1    24.7       D
2    26.6       D
3    23.7       D
4    18.8       D
5    23.4       D
6    20.6       D
```

```
> boxplot(split(trawa$Dlugosc, trawa$Odmiany),
+     main = "Zależność długości kłosów od odmian",
+     xlab = "Odmiany", ylab = "Długości kłosów",
+     col = c("green", "red", "blue", "gold"))
```



Rysunek 5.3: Boxploty dla zależność długości kłosów od odmian

```
> # sprawdzamy założenie o normalności
> # rozkładów dla odmian
> shapiro.test(D)


    Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  D
W = 0.94245, p-value = 0.608

> shapiro.test(A)


    Shapiro-Wilk normality test


data:  A
W = 0.9408, p-value = 0.5619

> shapiro.test(J)


    Shapiro-Wilk normality test


data:  J
W = 0.90125, p-value = 0.2965

> shapiro.test(N)


    Shapiro-Wilk normality test


data:  N
W = 0.91073, p-value = 0.2861
```

Interpretacja

Ponieważ dla wszystkich odmian p-wartości testu Shapiro–Wilka (`shapiro.test`) są większe od 0.05, więc nie odrzucamy hipotezy H_0, czyli wnioskujemy, że spełniony jest warunek o normalności rozkładów dla odmian D, A, J i N.

```
> # weryfikacja założenia o jednorodności wariancji
> bartlett.test(trawa$Dlugosc,trawa$Odmiany)
```

```
    Bartlett test of homogeneity of variances

data:  trawa$Dlugosc and trawa$Odmiany
Bartlett's K-squared = 0.25106, df = 3, p-value = 0.969
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.969$, zatem warunek jednorodności wariancji jest spełniony. Możemy wykonać analizę wariancji.

```
> # ANOVA
> model = aov(Dlugosc~Odmiany, trawa)
> summary(model)
            Df Sum Sq Mean Sq F value   Pr(>F)
Odmiany      3  291.7   97.22   11.25 3.07e-05 ***
Residuals   33  285.3    8.64
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość < 0.05, więc odrzucamy hipotezę H_0 i przyjmujemy H_1. Długości kłosów czterech odmian uprawnych D, A, J i N badanej trawy różnią się statystycznie istotnie.

Uwaga

Ponieważ odrzuciliśmy hipotezę zerową H_0 i przyjęliśmy hipotezę alternatywną H_1, więc możemy zastosować testy wielokrotne, np. test Tukeya, aby zbadać istotność różnic wszystkich możliwych par badanych odmian.

5.5 Testy wielokrotne

Najczęściej stosowane testy wielokrotne:

1. Test HSD Tukeya (Honestly Significant Differences)
2. Test LSD Fishera (Least Significant Differences) – NIR: Najmniejsza Istotna Różnica
3. Test Scheffego
4. Test Duncana
5. Test Newmana-Keulsa
6. Test Dunnetta

Uwagi

1. Test Tukeya jest bardziej konserwatywny (ostrożny, rzadziej odrzuca H_0) niż test Fishera, a test Fishera jest bardziej konserwatywny niż test Scheffego.
2. Test Tukeya jest preferowany i najczęściej stosowany, ponieważ mamy zagwarantowany poziom istotności α dla wszystkich porównywanych par.

W manuskrypcie zostanie zastosowany test Tukeya.

Kod w R

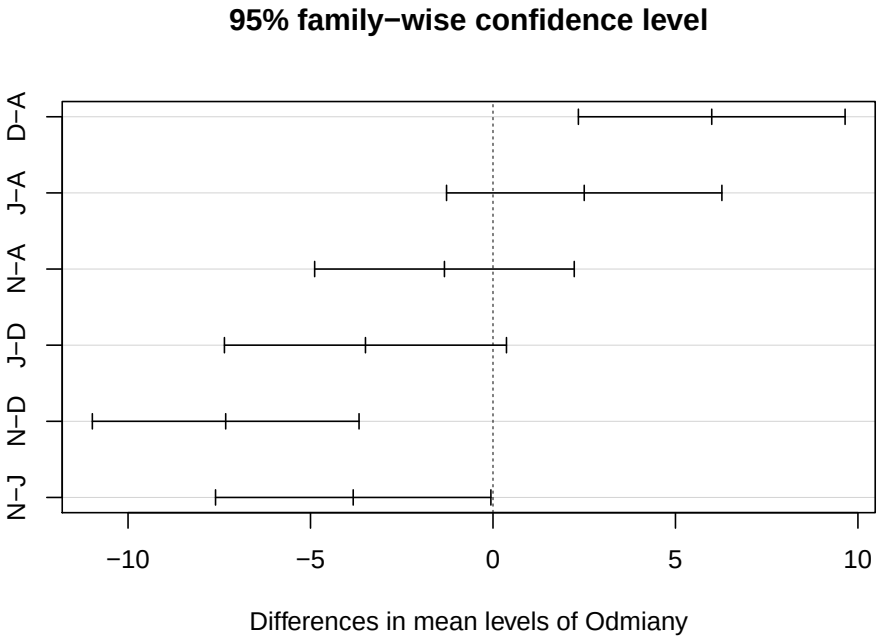
```
# cd. przykładu 5.6 testowanie szczegółowe - test wielokrotny Tukeya
library(agricolae)  # aktywowanie pakietu agricolae
a = HSD.test(model, "Odmiany")  # funkcja z pakietu agricolae
a
# mała litera oznacza grupę odmian podobnych tj. do tej samej grupy należy
```

```
# odmiana D i J, innej grupy J i A oraz kolejnej A i N
TukeyHSD(model, "Odmiany", ordered = TRUE)  # funkcja z pakietu stats
plot(TukeyHSD(model, "Odmiany"))  # Rys. 5.4
```

Realizacja w R

```
> # cd. przykładu 5.6 testowanie szczegółowe - test wielokrotny Tukeya
> library(agricolae)  # aktywowanie pakietu agricolae
> a = HSD.test(model, "Odmiany")  # funkcja z pakietu agricolae
> a

$statistics
  MSerror Df     Mean       CV
  8.64434 33 19.78919 14.85723

$parameters
   test  name.t ntr StudentizedRange alpha
  Tukey Odmiany   4         3.825373  0.05

$means
   Dlugosc      std  r  Min  Max    Q25   Q50    Q75
A 18.15000 3.140860 10 14.2 24.2 15.450 18.55 19.200
D 24.14444 2.912950  9 18.8 27.9 23.400 24.70 26.000
J 20.65000 2.618069  8 17.0 23.6 18.375 20.95 22.900
N 16.82000 2.992880 10 13.7 23.0 14.375 16.55 18.175

$comparison
NULL

$groups
   Dlugosc groups
```

```
D 24.14444      a
J 20.65000     ab
A 18.15000     bc
N 16.82000      c

attr(,"class")
[1] "group"


> # mała litera oznacza grupę odmian podobnych tj. do tej samej grupy należy
> # odmiana D i J, innej grupy J i A oraz kolejnej A i N
> TukeyHSD(model, "Odmiany", ordered = TRUE)  # funkcja z pakietu stats


  Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level
    factor levels have been ordered

Fit: aov(formula = Dlugosc ~ Odmiany, data = trawa)

$Odmiany
        diff         lwr       upr     p adj
A-N 1.330000 -2.22663884  4.886639 0.7438813
J-N 3.830000  0.05761484  7.602385 0.0455162
D-N 7.324444  3.67034540 10.978543 0.0000304
J-A 2.500000 -1.27238516  6.272385 0.2948589
D-A 5.994444  2.34034540  9.648543 0.0005319
D-J 3.494444 -0.36996363  7.358853 0.0879854


> plot(TukeyHSD(model, "Odmiany"))  # Rys. 5.4
```



Rysunek 5.4: Graficzne przedstawienie porównań wielokrotnych.

Rysunek 5.4 przedstawia porównania odmian parami. Dla odmian, które nie różnią się istotnie statystycznie odcinki na wykresie przechodzą przez punkt zero, natomiast dla odmian różniących się istotnie statystycznie odcinki nie przechodzą przez punkt zero.

Poniżej w formie tabel (patrz Tablica 5.9) przedstawione są trzy sposoby prezentacji porównań wielokrotnych.

Tablica 5.9: Porównania pomiędzy odmianami (p-wartości)

	A	J	N
D	0.0005319	0.0879854	0.0000304
A		0.2948589	0.7438813
J			0.0455162

lub

	A	J	N
D	x	ns	x
A		ns	ns
J			x

x - statystycznie istotna różnica, ns – nie ma różnicy

lub

Odmiany	Średnie*
D	24.14^{a}
J	20.65^{ab}
A	18.25^{bc}
N	16.82^{c}

$*$ mała litera (indeks górny) oznacza grupę odmian podobnych.

Przykład 5.7 (Greń 1975, s. 105)

Ceny jednego kwiatu róży ogrodowej na trzech różnych targowiskach były następujące (w zł):

Tablica 5.10: Dane - Greń (1975, s. 105)

Miasto		
A	B	C
10	3	2
7	4	8
3	2	5
11	4	6
9	5	3
10		6
15		
5		

Zweryfikować hipotezę, że targowiska we wszystkich trzech miastach nie różnią się średnimi cenami kwiatu róży.

Kod w R

```
# Przykład 5.7 (Greń 1975, s. 105)
# wprowadzamy dane
A = c(10,7,3,11,9,10,15,5)
B = c(3,4,2,4,5)
C = c(2,8,5,6,3,6)
# sprawdzamy założenie o normalności rozkładów
shapiro.test(A)
shapiro.test(B)
shapiro.test(C)
```

```
# przygotowanie danych w formie ramki danych
kwiat=data.frame(Ceny=c(A, B, C), Miasto=c(rep('A',8),rep('B',5),rep('C',6)))
head(kwiat)
# weryfikacja założenia o jednorodności wariancji - test Bartleta
bartlett.test(kwiat$Ceny,kwiat$Miasto)
# ANOVA
model=aov(Ceny~Miasto, data=kwiat)
summary(model)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 5.7 (Greń 1975, s. 105)
> # wprowadzamy dane
> A = c(10,7,3,11,9,10,15,5)
> B = c(3,4,2,4,5)
> C = c(2,8,5,6,3,6)
> # sprawdzamy założenie o normalności rozkładów
> shapiro.test(A)


    Shapiro-Wilk normality test

data:  A
W = 0.97307, p-value = 0.921

> shapiro.test(B)


    Shapiro-Wilk normality test

data:  B
W = 0.96086, p-value = 0.814
```

```
> shapiro.test(C)


    Shapiro-Wilk normality test


data:  C
W = 0.95529, p-value = 0.7828
```

Interpretacja

Wszystkie p-wartości > 0.05, więc H_0 nie odrzucamy co oznacza, że próby pochodzą z rozkładu normalnego.

```
> # przygotowanie danych w formie ramki danych
> kwiat=data.frame(Ceny=c(A, B, C), Miasto=c(rep('A',8),rep('B',5),rep('C',6)))
> head(kwiat)
  Ceny Miasto
1   10      A
2    7      A
3    3      A
4   11      A
5    9      A
6   10      A
> # weryfikacja założenia o jednorodności wariancji - test Bartleta
> bartlett.test(kwiat$Ceny,kwiat$Miasto)


    Bartlett test of homogeneity of variances


data:  kwiat$Ceny and kwiat$Miasto
Bartlett's K-squared = 5.3084, df = 2, p-value = 0.07036
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.07036 > 0.05$, więc nie odrzucamy H_0, a to oznacza, że założenie o jednorodności wariancji jest spełnione - możemy zatem wykonać analizę wariancji ANOVA.

```
> # ANOVA
> model=aov(Ceny~Miasto, data=kwiat)
> summary(model)
            Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Miasto       2  94.46   47.23   5.964 0.0116 *
Residuals   16 126.70    7.92
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.0116 < 0.05$, więc odrzucamy H_0 i przyjmujemy H_1, czyli we wszystkich trzech miastach ceny kwiatu róży różnią się. Następnie stosujemy test Tukeya, aby zbadać istotność różnic pomiędzy średnimi cenami kwiatu róży we wszystkich miastach.

Kod w R

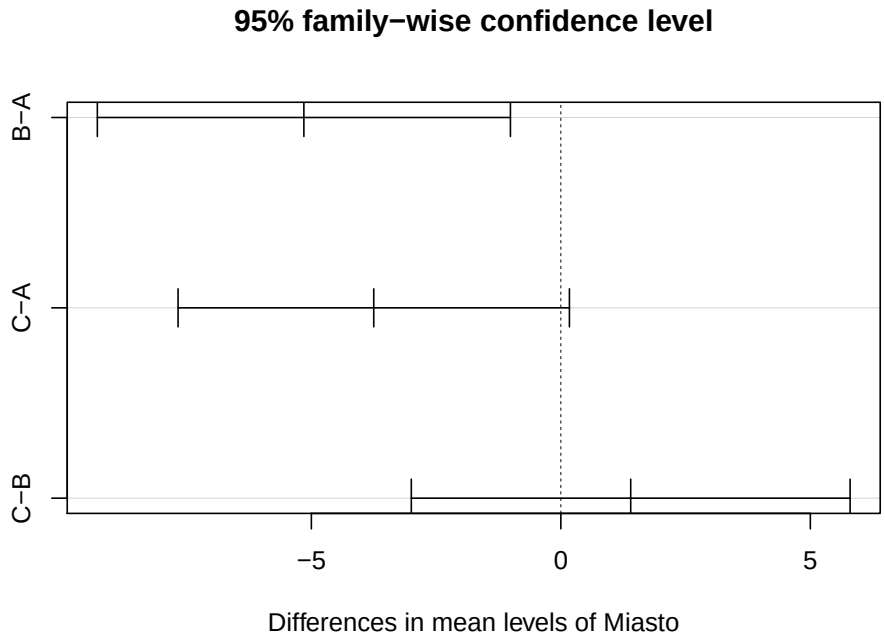
```
# testowanie szczegółowe - test wielokrotny Tukeya
a=HSD.test(model,"Miasto")
a
TukeyHSD(model,"Miasto", ordered = TRUE)
plot(TukeyHSD(model,"Miasto")) # Rys. 5.5
```

Realizacja w R

```
> # testowanie szczegółowe - test wielokrotny Tukeya
> a=HSD.test(model,"Miasto")
```

```
> a

$statistics
  MSerror Df     Mean       CV
  7.91875 16 6.210526 45.31061

$parameters
   test name.t ntr StudentizedRange alpha
  Tukey Miasto   3         3.649139  0.05

$means
  Ceny      std r Min Max Q25 Q50   Q75
A 8.75 3.732100 8   3  15 6.5 9.5 10.25
B 3.60 1.140175 5   2   5 3.0 4.0  4.00
C 5.00 2.190890 6   2   8 3.5 5.5  6.00

$comparison
NULL

$groups
  Ceny groups
A 8.75      a
C 5.00     ab
B 3.60      b

attr(,"class")
[1] "group"

> TukeyHSD(model,"Miasto", ordered = TRUE)

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

```
    factor levels have been ordered

Fit: aov(formula = Ceny ~ Miasto, data = kwiat)

$Miasto
    diff        lwr      upr     p adj
C-B 1.40 -2.9968275 5.796827 0.6954262
A-B 5.15  1.0105238 9.289476 0.0142703
A-C 3.75 -0.1714539 7.671454 0.0620108

> plot(TukeyHSD(model,"Miasto")) # Rys. 5.5
```



Rysunek 5.5: Graficzne przedstawienie porównań wielokrotnych

Interpretacja

Dla porównania pomiędzy miastami A i B p-wartość = 0.0142703 i jest ona mniejsza od 0.05, zatem dla tych miast wykazano istotne różnice w średnich cenach kwiatu róży. Ten sam wniosek wynika z analizy wykresu 5.5, gdzie tylko dla porównania odmian A i B odcinki na wykresie nie przechodzą przez punkt zero, co oznacza, że różnią się istotnie.

5.6 Zadania do wykonania

Testy dwóch wartości średnich z rozkładów normalnych - próby zależne

Zad. 1 (Elandt 1964, str. 104)

Dane są średnie wyniki długości technicznej słomy lnianej 4 odmian lnu włóknistego odpowiednio w latach 1948 i 1949 w tej samej miejscowości. Czy można stwierdzić wpływ warunków meteorologicznych na długość słomy lnianej?

Tablica 5.11: Dane - Elandt (1964, str. 104)

Odmiana/Lata	1948 (x_1)	1949 (x_2)
1	68.9	64.5
2	52.6	54.8
3	59.5	57.9
4	60.3	57.2

Zad. 2 (Dobek, Szwaczkowski 2007, str. 90)

Badano wpływ sposobu rozmnażania pewnej rośliny uprawnej na długość pędów. W tym celu na każdym z ośmiu poletek umieszczono rośliny samopylne i pochodzące z krzyżowania, uzyskując następujące wyniki:

Tablica 5.12: Dane - Dobek, Szwaczkowski (2007, str. 90)

Nr poletka	1	2	3	4	5	6	7	8
Krzyżowanie	188	101	156	197	97	94	120	178
Samopylność	150	97	134	139	95	91	118	161

Zauważmy, że każda grupa roślin z danego poletka ma identyczne warunki glebowe, stąd możemy przyjąć zależność obydwu grup roślin. Zweryfikować hipotezę zerową mówiącą o tym, że różnice między wysokością roślin z poszczególnych poletek są takie same.

Analiza wariancji - ANOVA

Zad. 1 (Elandt 1964, str. 155)

Zastosowano 4 terminy cięcia łubinu białego na zielonkę. Doświadczenie przeprowadzono na polu gospodarczym wycinając w różnych miejscach po 8 poletek wielkości 9 m^2. Wyniki zestawiono w Tablicy 5.13.

Tablica 5.13: Dane - Elandt (1964, str. 155)

Powtórzenia	Terminy			
	I	II	III	IV
1	290	445	520	370
2	286	450	470	405
3	266	413	516	412
4	270	448	530	403
5	301	454	475	384
6	270	442	508	410
7	264	430	485	415
8	277	438	480	377

Sprawdź, czy istnieje wpływ terminu w którym cięty był łubin biały na plon zielonki łubinu.

Zad. 2 (Kala 2005, s. 158)

W doświadczeniu z czterema odmianami kukurydzy S, L, A, D określono masę tysiąca ziaren (w g):

Tablica 5.14: Dane - Kala (2005, s. 158)

	Replikacja			
S	214.6	193.1	189.1	177.7
L	262.3	235.9	216.5	219.1
A	221.4	236.8	227.9	234.1
D	248.0	255.0	229.6	242.8

Czy badane odmiany różni przeciętna masa tysiąca ziaren? Przyjąć, że $\alpha = 0.05$.

Testy wielokrotne

Zad. 1 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 124)

Badano zawartość fenolu (w mg/litr wody) w siedmiu jeziorach zróżnicowanych pod względem położenia względem ośrodka przemysłowego. Pierwsze z jezior (L1) leży w jego bezpośrednim sąsiedztwie. Kolejne jeziora (L2, L3,..., L7) leżą średnio w odległości co ok. 2 km od poprzedniego, w stronę przeciwną do centrum przemysłowego. Z każdego ze zbiorników pobrano pięć próbek wody w pięciu kolejnych miesiącach, uzyskując następujące wyniki:

Tablica 5.15: Dane - Dobek, Szwaczkowski (2007, s. 124)

Jezioro	Replikacja				
	1	2	3	4	5
L1	0.26	0.28	0.27	0.25	0.19
L2	0.30	0.27	0.26	0.22	0.19
L3	0.26	0.25	0.24	0.22	0.20
L4	0.25	0.23	0.21	0.22	0.21
L5	0.23	0.22	0.22	0.21	0.20
L6	0.21	0.21	0.20	0.20	0.20
L7	0.24	0.22	0.21	0.20	0.18

Spawdzić, czy słuszne jest przypuszczenie, że stężenie fenolu zależy od miejsca położenia

jeziora.

Zad. 2 (Kala 2005, s. 167)

Badając w doświadczeniu wazonowym wpływ nawożenia mineralnego na plon olejku w zielu cząbru ogrodowego, uzyskano dla 6 kombinacji nawozowych i kontroli następujące obserwacje (w ml/wazon):

Tablica 5.16: Dane - (Kala 2005, s. 167)

K	N1	N2	N3	N4	N5	N6
0.16	0.18	0.62	0.62	0.29	0.39	0.61
0.23	0.28	0.38	0.68	0.24	0.37	0.65
0.39	0.39	0.63	0.63	0.20	0.49	0.57
0.34	0.16	0.52	0.52	0.26	0.44	0.67
0.23	0.48	0.61	0.61	0.18	0.47	0.69
0.38	0.44	0.57	0.57	0.19	0.53	0.65

Czy wszystkie badane kombinacje nawozowe zapewniają taki sam plon olejku?

Rozdział 6

Badanie zależności cech

6.1 Korelacje

Korelacja wskazuje siłę i kierunek zależności pomiędzy dwiema cechami. Korelacja dla próby wyrażona jest za pomocą współczynnika korelacji r, gdzie $r \in \langle -1; 1 \rangle$.

Interpretacja współczynnika korelacji r:

$|r| = 0$ - brak korelacji,

$0,0 < |r| \leq 0,1$ - korelacja nikła,

$0,1 < |r| \leq 0,3$ - korelacja słaba,

$0,3 < |r| \leq 0,5$ - korelacja przeciętna,

$0,5 < |r| \leq 0,7$ - korelacja wysoka,

$0,7 < |r| \leq 0,9$ - korelacja bardzo wysoka,

$0,9 < |r| < 1,0$ - korelacja niemal pełna (silna),

$|r| = 1$ - korelacja pełna (bardzo silny związek liniowy).

Jeśli wartość współczynnika korelacji r jest dodatnia to mamy zależność liniową dodatnią.

Oznacza to, że wraz ze wzrostem wartości jednej cechy rosną wartości drugiej cechy. Natomiast, jeśli wartość współczynnika korelacji r jest ujemna to mamy zależność liniową ujemną, tzn. wraz ze wzrostem wartości jednej cechy maleją wartości drugiej cechy.

Uwaga

Oprócz wyznaczania wartości współczynnika korelacji r dla próby, należy zawsze zbadać czy współczynnik korelacji dla populacji jest istotny. Weryfikację hipotez o istotności współczynnika korelacji dla populacji możemy wykonać przy pomocy funkcji `cor.test(x, y, method='aaa')`, gdzie 'aaa'='pearson' lub 'kendall' lub 'spearman' oraz domyślnie 'aaa'='pearson'.

6.1.1 Cechy ilościowe

Cecha ilościowa (mierzalna) jest to cecha, która przyjmuje wartości liczbowe. Dla cech ilościowych (np. cechy x i cechy y) wyznacza się współczynnik korelacji r Pearsona stosując funkcję `cor(x, y)`. Natomiast istotność współczynnika korelacji testujemy funkcją `cor.test(x, y)` lub `cor.test(x, y, method='pearson')`.

Przykład 6.1 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 153)

Badano zależność pomiędzy długością pędu (cm) a długością kłosa (cm) pewnej odmiany pszenicy. Z poletka wybrano losowo 25 roślin, u których dokonano pomiaru obydwu cech. Wyniki zaprezentowano w Tablicy 6.1.

Czy korelacja między badanymi cechami jest istotna?

Kod w R

```
# Przykład 6.1 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 153)
# usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
rm(list=ls())
```

Tablica 6.1: Dane - Dobek, Szwaczkowski (2007, s. 153)

numer rośliny	długość pędu (cm)	długość kłosa (cm)	numer rośliny	długość pędu (cm)	długość kłosa (cm)
nr	dp	dk	nr	dp	dk
1	105	5.6	14	107	6.6
2	103	6.2	15	106	6.4
3	101	4.8	16	102	5.0
4	107	6.5	17	100	4.9
5	103	5.4	18	100	5.0
6	102	5.0	19	106	6.0
7	104	5.6	20	105	4.9
8	103	6.0	21	105	4.8
9	102	4.9	22	101	5.2
10	106	6.3	23	105	4.8
11	105	5.2	24	101	5.1
12	101	4.9	25	101	5.0
13	103	5.3			

```
# tworzenie danych
pszenica=read.table("~/Desktop/Dobek_153.txt",header=T)
head(pszenica)
# funkcja round wyświetla wyniki z zaokrągleniem do 2 miejsc po przecinku
round(cor(pszenica$dk,pszenica$dp),2)
# testowanie istotności korelacji
cor.test(pszenica$dk,pszenica$dp)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 6.1 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 153)
> # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> rm(list=ls())
> # tworzenie danych
> pszenica=read.table("~/Desktop/Dobek_153.txt", header=T)
> head(pszenica)

  nr  dp  dk
1  1 105 5.6
2  2 103 6.2
3  3 101 4.8
4  4 107 6.5
5  5 103 5.4
6  6 102 5.0

> # funkcja round wyświetla wyniki z zaokrągleniem do 2 miejsc po przecinku
> round(cor(pszenica$dk,pszenica$dp),2)

[1] 0.66

> # testowanie istotności korelacji
> cor.test(pszenica$dk,pszenica$dp)


    Pearson's product-moment correlation

data:  pszenica$dk and pszenica$dp
t = 4.2547, df = 23, p-value = 0.0002984
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.3639564 0.8388175
sample estimates:
```

```
      cor
0.6636478
```

Interpretacja

Wartość współczynnika korelacji r Pearsona wynosi 0,66, więc korelacja jest wysoka. Ponadto, ponieważ p-wartość = 0,0003, więc odrzucamy hipotezę zerową i przyjmujemy hipotezę alternatywną stwierdzając, że zależność pomiędzy długością pędu a długością kłosa pewnej odmiany pszenicy jest istotna.

6.1.2 Cechy jakościowe

Cecha jakościowa (niemierzalna) jest to cecha, która ma charakter opisowy lub podlega kategoryzacji. Współczynnik korelacji r_S Spearmana używamy w przypadku gdy:

1. choć jedna z badanych cech jest cechą jakościową (niemierzalną), ale istnieje możliwość uporządkowania (ponumerowania) wariantów każdej z cech,
2. cechy mają charakter ilościowy (mierzalny), ale liczebność zbiorowości jest mała (n<30).

Przykład 6.2 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 163)

Dwaj eksperci niezależnie oceniali stopień porażenia ziarniaków w skali od 1 do 20. Uzyskali następujące wyniki:

ekspert 1: 5, 7, 34, 9, 12, 16, 9, 13, 18, 6, 17

ekspert 2: 6, 6, 3, 10, 8, 18, 10, 11, 16, 8, 15

Czy oceny obu ekspertów są skorelowane?

Kod w R

```
# Przykład 6.2 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 153)
eksp1=c(5, 7, 34, 9, 12, 16, 9, 13, 18, 6, 17)
eksp2=c(6, 6, 3, 10, 8, 18, 10, 11, 16, 8, 15)
cor.test(eksp1, eksp2, method = "spearman")
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 6.2 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 153)
> eksp1=c(5, 7, 34, 9, 12, 16, 9, 13, 18, 6, 17)
> eksp2=c(6, 6, 3, 10, 8, 18, 10, 11, 16, 8, 15)
> cor.test(eksp1, eksp2, method = "spearman")


    Spearman's rank correlation rho

data:  eksp1 and eksp2
S = 130.18, p-value = 0.2126
alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
sample estimates:
      rho
0.4082612
```

Interpretacja

Wartość współczynnika korelacji Spearmana $r_S = 0,408$, więc korelacja jest przeciętna. Ponadto, ponieważ p-wartość=0,2126, więc nie odrzucamy hipotezy zerowej i stwierdzamy, że współczynnik korelacji Spearmana nie różni się istotnie od zera. Oznacza to, że oceniani eksperci niezależnie ocenili stopień porażenia ziarniaków.

6.2 Tablice kontyngencji

Tablica kontyngencji przedstawia liczebności dwóch cech (zmiennych) jakościowych (niemierzalnych). Najczęściej interesujące są następujące hipotezy:

$$H_0\text{: cechy } X \text{ i } Y \text{ są niezależne}$$

$$H_1\text{: cechy } X \text{ i } Y \text{ są zależne} \tag{6.1}$$

Weryfikację hipotez (6.1) wykonuje się stosując test χ^2 (`chisq.test`). Jeśli conajmniej jedna liczebność ma wartość 5 lub mniej, to należy zastosować dokładny test Fishera (`fisher.test`).

Przykład 6.3 (Kala 2005, s. 87)

Badając jakość jabłek oceniono owoce ze względu na uszkodzenia spowodowane przez owocówkę jabłkóweczkę (U - owoce uszkodzone, N - owoce nieuszkodzone) oraz porażone parchem jabłoniowym (C - owoce czyste, P - owoce z plamami). W wyniku klasyfikacji owoców uzyskano następujące liczebności:

Tablica 6.2: Dane - Kala (2005, s. 87)

Parch	Owocówka	
	U	N
C	29	194
P	17	68

Czy na poziomie istotności 0,01 można uznać, że badane zmienne są niezależne?

Kod w R

```
# Przykład 6.3 (Kala 2005, s. 87)
# analiza tablicy kontyngencji
x = matrix(c(29, 17, 194, 68), ncol = 2)
```

```
x
chisq.test(x)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 6.3 (Kala 2005, s. 87)
> # analiza tablicy kontyngencji
> x = matrix(c(29, 17, 194, 68), ncol = 2)
> x

     [,1] [,2]
[1,]   29  194
[2,]   17   68

> chisq.test(x)


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


data:  x
X-squared = 1.8519, df = 1, p-value = 0.1736
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.1736$, więc nie odrzucamy hipotezy H_0 i stwierdzamy, że badane zmienne są niezależne.

Przykład 6.4 (Hanusz, Tarasińska 2006, s. 84)

W celu sprawdzenia, czy przy ocenie stanu technicznego pewnego urządzenia można się posługiwać łatwym do wyznaczenia pomiarem, wybrano losowo 100 urządzeń i zanotowano następujące dane:

Tablica 6.3: Dane - Hanusz, Tarasińska (2006, s. 84)

Stan urządzenia	Wartość pomiaru		
	niska	średnia	wysoka
dobry	37	22	11
zły	6	9	15

Kod w R

```
# Przykład 6.4 (Hanusz, Tarasińska 2006, s. 84)
x = matrix(c(37, 6, 22, 9, 11, 15), ncol = 3)
x
chisq.test(x)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 6.4 (Hanusz, Tarasińska 2006, s. 84)
> x = matrix(c(37, 6, 22, 9, 11, 15), ncol = 3)
> x
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   37   22   11
[2,]    6    9   15

> chisq.test(x)


    Pearson's Chi-squared test

data:  x
X-squared = 14.781, df = 2, p-value = 0.0006172
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość $= 0.0006172$, więc odrzucamy hipotezę H_0 i przyjmujemy hipotezę H_1. Stwierdzamy, że ocena stanu badanego urządzenia zależy od wartości pomiaru.

Przykład 6.5

Wysunięto hipotezę, że wadliwość produkcji luksusowych samochodów nie zależy od metody produkcji. Wylosowano niezależnie próbę 296 aut i otrzymano następujące wyniki badania jakości dla poszczególnych metod:

Tablica 6.4: Dane do przykładu 6.5

Jakość	Metoda produkcji		
	I	II	III
dobra	5	67	75
zła	4	96	49

Kod w R

```
# Przykład 6.5
x = matrix(c(5,4,67,96,75,49), ncol = 3)
x
fisher.test(x)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 6.5
> x = matrix(c(5,4,67,96,75,49), ncol = 3)
> x
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    5   67   75
```

```
[2,]    4   96   49
> fisher.test(x)


    Fisher's Exact Test for Count Data


data:  x
p-value = 0.004014
alternative hypothesis: two.sided
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartość=0.004014, więc odrzucamy hipotezę H_0 i przyjmujemy hipotezę H_1. Stwierdzamy, że wadliwość produkcji luksusowych samochodów nie zależy od metody produkcji.

6.3 Zadania do wykonania

Korelacje

Zad. 1 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 163)

U dziewięciu losowo wybranych koni półkrwi dokonano pomiaru wysokości w kłębie (cm) i obwodu nadpęcia (cm), uzyskując następujące wyniki:

wysokość w kłębie: 163, 170, 158, 156, 161, 159, 161, 168, 177

obwód nadpęcia: 21, 24, 22, 19, 24, 26, 26, 27, 28

Sprawdź, czy cechy te są skorelowane.

Zad. 2 (Dobek, Szwaczkowski 2007, s. 163)

W badaniach nad strukturą plonu pszenżyta, przy gęstości wysiewu 400 ziaren/m^2, oznaczono masę 1000 ziaren i plon ziarna. Uzyskano następujące obserwacje:

masa 1000 ziaren: 44.1, 45.6, 45.2, 46.8, 43.3, 47.1, 46.8, 45.7

plon: 4.68, 4.76, 4.71, 4.87, 4.31, 4.97, 4.82, 4.72

Czy korelacja między badanymi cechami jest istotna?

Tablice kontyngencji

Zad. 1 (Greń 1975, s. 138)

W pewnym doświadczeniu farmakologicznym otrzymano na 120 badanych szczurów, którym podano pewien preparat, 57 takich, które doszły do pokarmu w labiryncie doświadczalnym w czasie do 1 minuty. Natomiast na 100 szczurów, którym nie podano tego preparatu, 71 wykonało to zadanie w tym samym czasie. Sporządzono następującą tablicę wyników badania farmakologicznego:

Tablica 6.5: Dane - Greń (1975, s. 138)

liczba szczurów	z preparatem	bez preparatu
wykonały zadanie	57	71
nie wykonały zadania	63	19

Zweryfikuj hipotezę o otępiającym działaniu badanego preparatu.

Zad. 2 (Greń 1975, s. 135)

Wysunięto hipotezę medyczną, że pacjenci z objawem klinicznym niewydolności oddechowej charaktarezują się istotnie zawyżonym poziomem aktywności pewnego enzymu. Losowa próba 49 pacjentów z niewydolnością oddechową i 208 pacjentów bez objawów tej niewydolności dały wyniki zestawione w Tablicy 6.6. Na poziomie istotności 0.01 zweryfikować hipotezę o niezależności aktywności badanego enzymu w organiźmie chorych od posiadania objawu klinicznego niewydolności oddechowej.

Tablica 6.6: Dane - Greń (1975, s. 135)

Niewydolność oddechowa	Aktywność enzymu w organiźmie	
	powyżej normy	poniżej normy
ma	18	31
nie ma	25	183

Rozdział 7

Regresja liniowa i wielokrotna

7.1 Regresja liniowa

Mamy dane dwie zmienne (cechy) x i y. Chcemy określić zależność liniową pomiędzy tymi zmiennymi, tzn. wyznaczyć liniowy wpływ zmiennej x na zmienną y. W tym celu wyznaczymy linię prostą zwaną regresją liniową postaci

$$y = a + bx \tag{7.1}$$

gdzie

y - zmienna zależna, objaśniana (the response variable)

x - zmienna niezależna, objaśniająca (the predyctor variable)

a - wyraz wolny (intercept)

b - współczynnik regresji.

Miarą dopasowania regresji liniowej do danych jest współczynnik determinacji R^2.

W R wyznaczenie regresji liniowej oraz testowanie istotności wyrazu wolnego a i współczynnika regresji b można wykonać przy pomocy funkcji postaci $lm(y \sim x)$ lub $lm(y \sim x, dane)$.

Przykład 7.1 (Greń 1975, s. 176)

Badając zależność między wielkością produkcji X pewnego wyrobu, a zużyciem Y pewnego surowca zużywanego w produkcji tego wyrobu otrzymano dla losowej próby 7 obserwacji następujące wyniki (x_i w tys. sztuk, y_i w tonach):

Tablica 7.1: Dane - Greń (1975, s. 176)

sztuki (x)	1	2	3	4	5	6	7
surowiec (y)	8	13	14	17	18	20	22

Wyznaczyć równanie regresji liniowej.

Kod w R

```
# Przykład 7.1 (Greń 1975,  s. 176)
# usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
rm(list=ls())
# tworzenie danych
sztuki = c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7)
sztuki
surowiec=c(8, 13, 14, 17, 18, 20, 22)
surowiec
# wykres danych
plot(sztuki, surowiec, main="Dane - Greń (1975, s. 176)")   # Rys. 7.1
# model: y = a + bx
# model: surowiec=a+b*sztuki
# a = (Intercept), czyli wyraz wolny, b = współczynnik regresji
# wyznaczanie równania regresji liniowej
model1=lm(surowiec~sztuki)
summary(model1)
# na wykresie danych wyznaczana jest prosta regresji
abline(model1)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 7.1 (Greń 1975,  s. 176)
> # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> rm(list=ls())
> # tworzenie danych
> sztuki = c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7)
> sztuki
[1] 1 2 3 4 5 6 7
> surowiec=c(8, 13, 14, 17, 18, 20, 22)
> surowiec
[1]  8 13 14 17 18 20 22
> # wykres danych
> plot(sztuki, surowiec, main="Dane - Greń (1975, s. 176)")   # Rys. 7.1
```

Rysunek 7.1: Zależność między wielkością produkcji pewnego wyrobu, a zużyciem pewnego surowca

```
> # model: y = a + bx
> # model: surowiec=a+b*sztuki
```

```
> # a = (Intercept), czyli wyraz wolny, b = współczynnik regresji
> # wyznaczanie równania regresji liniowej
> model1=lm(surowiec~sztuki)
> summary(model1)


Call:
lm(formula = surowiec ~ sztuki)

Residuals:
      1       2       3       4       5       6       7
-1.5714  1.2857  0.1429  1.0000 -0.1429 -0.2857 -0.4286

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   7.4286     0.8806   8.436 0.000384 ***
sztuki        2.1429     0.1969  10.882 0.000114 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.042 on 5 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9595,    Adjusted R-squared:  0.9514
F-statistic: 118.4 on 1 and 5 DF,  p-value: 0.0001138
```

```
abline(model1)  # Rys. 7.2
```

Interpretacja

Ponieważ p-wartości dla wyrazu wolnego a (Intercept) oraz dla współczynnika kierunkowego b są mniejsze od 0,05, więc odrzucamy hipotezy zerowe i przyjmujemy hipotezy alternatywne. Wyraz wolny a (Intercept) oraz współczynnik kierunkowy b są istotne statystycznie (p-wartość = 0.000384 oraz p-wartość = 0.000114, odpowiednio) dla równania

Rysunek 7.2: Prosta regresji liniowej dla zależności między wielkością produkcji pewnego wyrobu, a zużyciem pewnego surowca

regresji liniowej $y = a + bx$. Wartość $R^2 = 0.9595$ oznacza, że stopień dopasowania prostej regresji do danych wynosi 96 %. Oszacowanie równania regresji liniowej jest postaci: $\widehat{surowiec} = 7.4286 + 2.1429 * \text{sztuki}$.

Przykład 7.2 (Kala 2005, s. 94)

W badaniach nad szybkością oddawania wody przez blaszki liściowe pewnego gatunku trawy poszukiwano w szczególności związku pomiędzy masą początkową blaszek liściowych bezpośrednio po zerwaniu oraz ich masą po trzech godzinach przechowywania bez dostępu wody. Dla 10 blaszek uzyskano obserwacje (w g):

0h: 0.25, 0.33, 0.39, 0.23, 0.19, 0.51, 0.31, 0.24, 0.33, 0.41

3h: 0.09, 0.15, 0.23, 0.10, 0.08, 0.28, 0.17, 0.11, 0.19, 0.24

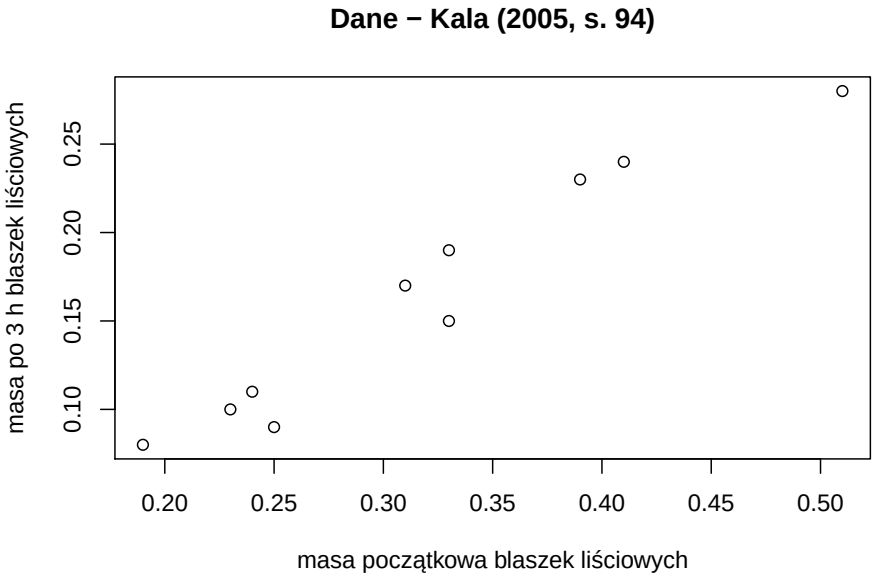
Wyznaczyć regresję liniową masy blaszki liściowej po trzech godzinach przechowywania w zależności od masy początkowej.

Kod w R

```
# Przykład 7.2 (Kala 2005, s. 94)
rm(list = ls())  # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
# tworzenie danych
h0 = c(0.25, 0.33, 0.39, 0.23, 0.19, 0.51, 0.31, 0.24, 0.33, 0.41)
h3 = c(0.09, 0.15, 0.23, 0.1, 0.08, 0.28, 0.17, 0.11, 0.19, 0.24)
# wykres danych
plot(h0, h3, main = "Dane - Kala (2005, s. 94)", xlab = "masa początkowa blaszek
     liściowych",
    ylab = "masa po 3 h blaszek liściowych")  # Rys. 7.3
# wyznaczanie równania regresji liniowej
model2 = lm(h3 ~ h0)
summary(model2)
# na wykresie danych wyznaczana jest prosta regresji
abline(model2)
```

Realizacja w R

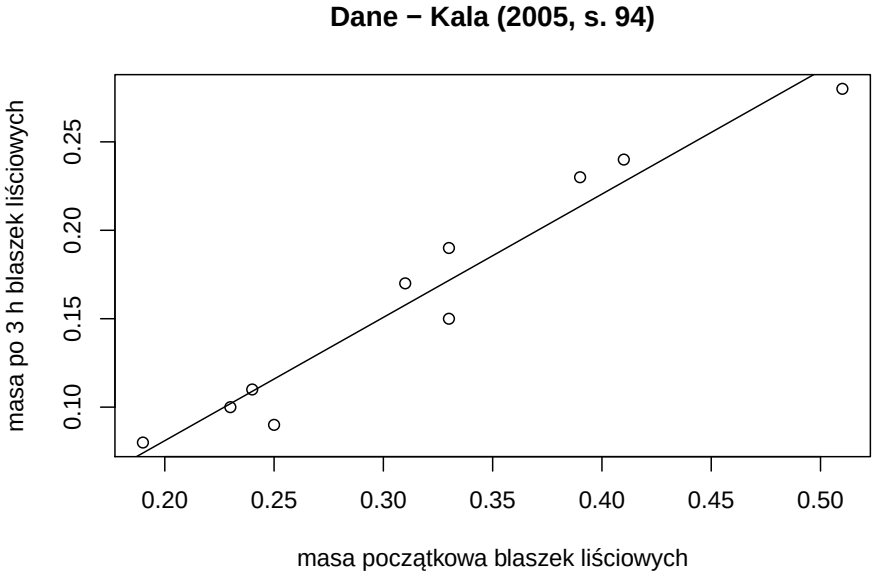
```
> # Przykład 7.2 (Kala 2005, s. 94)
> rm(list = ls())  # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> # tworzenie danych
> h0 = c(0.25, 0.33, 0.39, 0.23, 0.19, 0.51, 0.31,
+     0.24, 0.33, 0.41)
> h3 = c(0.09, 0.15, 0.23, 0.1, 0.08, 0.28, 0.17,
+     0.11, 0.19, 0.24)

> # wykres danych
> plot(h0, h3, main = "Dane - Kala (2005, s. 94)",
+     xlab = "masa początkowa blaszek liściowych",
+     ylab = "masa po 3 h blaszek liściowych")  # Rys. 7.3
```



Rysunek 7.3: Masa blaszki liściowej po trzech godzinach przechowywania w zależności od masy początkowej

```
> # wyznaczanie równania regresji liniowej
> model2 = lm(h3 ~ h0)
> summary(model2)


Call:
lm(formula = h3 ~ h0)

Residuals:
      Min        1Q    Median        3Q       Max
-0.025896 -0.013357  0.003505  0.012487  0.018331

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -0.05840    0.01962  -2.977   0.0177 *
h0           0.69716    0.05906  11.804 2.43e-06 ***
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.01729 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9457,    Adjusted R-squared:  0.9389
F-statistic: 139.3 on 1 and 8 DF,  p-value: 2.431e-06

> # na wykresie danych wyznaczana jest prosta regresji
> abline(model2)
```



Rysunek 7.4: Masa blaszki liściowej po trzech godzinach przechowywania w zależności od masy początkowej

Interpretacja

Ponieważ p-wartości dla wyrazu wolnego a (Intercept) oraz dla współczynnika kierunkowego b są mniejsze od 0,05, więc odrzucamy hipotezy zerowe i przyjmujemy hipotezy alternatywne. Wyraz wolny a (Intercept) oraz współczynnik kierunkowy b są istotne statystycznie dla równania regresji liniowej $y = a + bx$ oraz stopień dopasowania prostej regresji do danych wynosi 94 %.

Oszacowanie prostej regresji jest postaci: $\hat{y} = -0.058 + 0.697x$.

7.2 Regresja wielokrotna

Mamy dane zmienne niezależne (cechy) $x_1, x_2, ..., x_n$ i zmienną zależną y. Chcemy określić zależność liniową pomiędzy zmienną y a zmiennymi $x_1, x_2, ..., x_n$, tzn. wyznaczyć liniowy wpływ zmiennych $x_1, x_2, ..., x_n$ na zmienną y. W tym celu wyznaczymy regresję wielokrotną postaci $y = b_0 + b_1 * x_1 + b_2 * x_2 + b_3 * x_3 + ... + b_n * x_n$ gdzie:

y - zmienna zależna, objaśniana (the response variable), $x_1, x_2, ..., x_n$ - zmienne niezależne, objaśniające (the predyctor variables), b_0 - wyraz wolny (Intercept), $b_1, ..., b_n$ - współczynniki regresji.

Miarą dopasowania regresji wielokrotnej do danych jest współczynnik determinacji R^2.

W R wyznaczenie regresji wielokrotnej, tak jak regresji liniowej, można wykonać za pomocą funkcji postaci $lm(y \sim x_1 + x_2 + ... + x_n)$ lub $lm(y \sim x_1 + x_2 + ... + x_n, dane)$.

Przykład 7.3 (Elandt 1964, s. 441)

Badano cztery cechy słomy konopi: ciężar włókna (g), długość łodygi (cm), grubość łodygi (mm) oraz ciężar łodygi (g) (Tablica 7.2). Znaleźć równanie regresji wielokrotnej liniowej określającej zależność ciężaru włókna od długości, grubości oraz ciężaru łodygi.

Tablica 7.2: Ciężar włókna (g), długość łodygi (cm), grubość łodygi (mm) oraz ciężar łodygi (g) konopi

Lp.	ciężar włókna	długość łodygi	grubość łodygi	ciężar łodygi	Lp.	ciężar włókna	długość łodygi	grubość łodygi	ciężar łodygi
	y	x1	x2	x3		y	x1	x2	x3
1	7.4	251	9.25	47.5	26	8.3	248	8.75	51.2
2	9.2	255	10.50	57.7	27	8.5	248	9.50	46.1
3	9.6	253	9.50	47.1	28	8.9	256	9.50	46.1
4	6.7	242	8.50	38.8	29	6.7	246	9.00	40.1
5	7.8	246	9.50	45.2	30	7.6	247	9.00	42.9
6	7.8	246	10.25	49.8	31	4.6	242	8.25	34.1
7	6.3	243	8.75	43.4	32	6.2	247	9.00	38.8
8	7.6	246	9.00	50.8	33	7.0	250	9.25	41.5
9	6.4	249	9.00	41.5	34	8.9	280	10.25	69.2
10	7.0	247	9.50	38.8	35	6.9	240	9.25	43.8
11	6.6	237	9.75	47.1	36	8.7	243	9.25	48.9
12	8.2	246	9.50	51.2	37	8.5	229	9.00	44.3
13	8.2	257	9.50	52.6	38	10.4	271	9.50	52.6
14	7.0	250	8.75	46.1	39	8.5	266	10.50	54.5
15	6.8	235	8.00	36.0	40	9.8	267	9.25	52.6
16	6.8	247	10.00	44.8	41	7.8	260	8.75	51.7
17	9.7	234	9.50	47.1	42	7.3	247	8.75	41.5
18	9.3	259	10.50	68.3	43	7.0	242	8.50	49.4
19	12.0	255	10.25	62.8	44	9.8	254	10.50	59.1
20	8.4	264	8.50	45.7	45	8.9	262	9.50	51.7
21	9.5	261	10.75	60.9	46	10.2	260	10.50	63.2
22	9.0	242	9.50	45.2	47	8.7	254	8.50	51.2
23	6.8	240	8.25	37.8	48	6.8	249	8.75	39.7
24	7.3	235	10.25	48.0	49	7.5	244	9.00	44.3
25	7.0	245	8.75	44.3					

Kod w R

```
# Przykład 7.3 (Elandt 1964, s. 441)
rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
# tworzenie danych
sloma=read.table("~/Desktop/Elandt-441-regresja-wielokrotna.txt", header=T)
head(sloma)
# korelacje
round(cor(sloma),2)
# regresja liniowa wielokrotna
regresja=lm(ciezwlokna~dluglodygi+grublodygi+ciezlodygi, data=sloma)
summary(regresja)
```

Realizacja w R

```
> # Przykład 7.3 (Elandt 1964, s. 441)
> rm(list=ls()) # usuwanie wszystkich zmiennych z przestrzeni roboczej
> # tworzenie danych
> sloma=read.table("~/Desktop/Elandt-441-regresja-wielokrotna.txt", header=T)
> head(sloma)

  ciezwlokna dluglodygi grublodygi ciezlodygi
1        7.4        251       9.25       47.5
2        9.2        255      10.50       57.7
3        9.6        253       9.50       47.1
4        6.7        242       8.50       38.8
5        7.8        246       9.50       45.2
6        7.8        246      10.25       49.8

> # korelacje
> round(cor(sloma),2)

           ciezwlokna dluglodygi grublodygi ciezlodygi
```

```
ciezwlokna       1.00       0.51       0.59       0.75
dluglodygi       0.51       1.00       0.39       0.64
grublodygi       0.59       0.39       1.00       0.73
ciezlodygi       0.75       0.64       0.73       1.00
```

Interpretacja

Powyżej przedstawione są współczynniki korelacji pomiędzy analizowanymi zmiennymi tzn. ciężarem włókna, długością łodygi, grubością łodygi i ciężarem łodygi.

```
> # regresja liniowa wielokrotna
> regresja=lm(ciezwlokna~dluglodygi+grublodygi+ciezlodygi, data=sloma)
> summary(regresja)


Call:
lm(formula = ciezwlokna ~ dluglodygi + grublodygi + ciezlodygi,
    data = sloma)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.8650 -0.5898 -0.1117  0.4528  2.1508

Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -0.855915   4.398332  -0.195 0.846582
dluglodygi   0.007644   0.017509   0.437 0.664498
grublodygi   0.160398   0.285718   0.561 0.577321
ciezlodygi   0.113245   0.030308   3.736 0.000524 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 0.9233 on 45 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.569, Adjusted R-squared:  0.5402
F-statistic:  19.8 on 3 and 45 DF,  p-value: 2.492e-08
```

Interpretacja

Oszacowanie równania regresji liniowej wielokrotnej jest postaci:

$\widehat{ciezarwlokna} = -0.856 + 0.008 * \text{dlugosc lodygi} + 0.16 * \text{grubosc lodygi} + 0.113 * \text{ciezar lodygi}$

Współczynnik determinacji wynosi $R^2 = 0,569$.

7.3 Selekcja zmiennych

Analizując przykład 7.3, po wyznaczeniu równania regresji liniowej wielokrotnej i otrzymaniu charakterystyk współczynników regresji należy zauważyć, że p-wartości dla wyrazu wolnego, długości i grubości łodygi są większe od 0,05 (0.8465882, 0.664498 oraz 0.577321, odpowiednio). Oznacza to, że długość i grubość łodygi nie mają istotnego wpływu na ciężar włókna. Skoro tak, to zmienne te (zmienne nieistotne) można nie uwzględniać w wyznaczaniu równania regresji liniowej wielokrotnej. Obecnie wyznaczymy równania regresji uwzględniającej tylko ciężar łodygi jako zmienną niezależną, czyli wyznaczymy równania regresji liniowej. Takie postępowanie jest jedną z metod selekcji zmiennych. Drugą metodą jest automatyczna selekcja zmiennych przy pomocy funkcji `step`. Program sam dokona selekcji zmiennych. Jest to tzw. selekcja zstępująca.

Kod w R

```
# cd. przykładu 7.3
regresja1=lm(ciezwlokna~ciezlodygi, data=sloma)
summary(regresja1)
# step()
modelstep=step(regresja)
```

```
summary(modelstep)
```

Realizacja w R

```
> # cd. przykładu 7.3
> regresja1=lm(ciezwlokna~ciezlodygi, data=sloma)
> summary(regresja1)


Call:
lm(formula = ciezwlokna ~ ciezlodygi, data = sloma)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.8395 -0.5892 -0.1005  0.3746  2.0922

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.74744    0.81087   2.155   0.0363 *
ciezlodygi   0.12994    0.01664   7.809 4.92e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.9078 on 47 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5647,    Adjusted R-squared:  0.5555
F-statistic: 60.98 on 1 and 47 DF,  p-value: 4.919e-10
```

Interpretacja

Równanie regresji liniowej wielokrotnej jest postaci:

ciężar włókna $= 1.74744 + 0.12994 *$ ciężar łodygi.

Współczynnik determinacji jest równy $R^2 = 0.5647$.

Realizacja w R (c.d.)

```
> # step()
> modelstep=step(regresja)

Start:  AIC=-4
ciezwlokna ~ dluglodygi + grublodygi + ciezlodygi

             Df Sum of Sq    RSS     AIC
- dluglodygi  1    0.1625 38.520 -5.7911
- grublodygi  1    0.2686 38.627 -5.6562
<none>                    38.358 -3.9982
- ciezlodygi  1   11.9004 50.258  7.2424

Step:  AIC=-5.79
ciezwlokna ~ grublodygi + ciezlodygi

             Df Sum of Sq    RSS     AIC
- grublodygi  1     0.214 38.734 -7.5196
<none>                    38.520 -5.7911
- ciezlodygi  1    20.001 58.521 12.7006

Step:  AIC=-7.52
ciezwlokna ~ ciezlodygi

             Df Sum of Sq    RSS     AIC
<none>                    38.734 -7.5196
- ciezlodygi  1    50.255 88.990 31.2384

> summary(modelstep)
```

```
Call:
lm(formula = ciezwlokna ~ ciezlodygi, data = sloma)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.8395 -0.5892 -0.1005  0.3746  2.0922

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  1.74744    0.81087   2.155   0.0363 *
ciezlodygi   0.12994    0.01664   7.809 4.92e-10 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.9078 on 47 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5647,    Adjusted R-squared:  0.5555
F-statistic: 60.98 on 1 and 47 DF,  p-value: 4.919e-10
```

Interpretacja

Najlepiej dopasowanym równaniem regresji do analizowanych danych jest równanie z najmniejszą wartością współczynnika Akaike (AIC). Z powyższych danych wynika, że jest to ostatnie równanie, czyli równanie regresji liniowej postaci:

ciężar włókna $= 1.74744 + 0.12994 *$ ciężar łodygi

Ponadto, dla tego równania wyraz wolny oraz współczynnik kierunkowy są istotne statystycznie. Współczynnik determinacji jest równy $R^2 = 0.5647$.

7.4 Zadania do wykonania

Regresja liniowa

Zad. 1 (Greń 1975, s. 179)

Dokonano w pewnej miejscowości 6 pomiarów temperatury dla różnych głębokości pod powierzchnią ziemi. Otrzymano następujące wyniki (x_i głębokość w m, y_i temperatura w stopniach C):

x_i: 200, 400, 600, 800, 1000, 1200

y_i: 10, 15, 23, 26, 33, 37

Znaleźć równanie regresji liniowej określającej zależność temperatury od głębokości.

Regresja wielokrotna

Zad. 1 (Greń 1975, s. 210)

W pewnym eksperymencie rolniczym zastosowano różne dawki dwu nawozów na poletkach doświadczalnych i otrzymano następujące dane dotyczące wysokości uzyskanych plonów (w q/ha) pewnej rośliny uprawnej (X_1 dawki nawozu A, X_2 dawki nawozu B, Y wielkość plonu):

Tablica 7.3: Dane - Greń (1975, s. 210)

X1	X2	Y
1	0	3
0	1	7
1	1	8
2	1	11
1	2	14
2	2	16

Oszacować współczynniki regresji wielokrotnej oraz współczynnik korelacji wielorakiej.

Selekcja zmiennych

Zad. 1 (Kala 2005, s. 113)

Badając pewien ród pszenżyta jarego, zmierzono u 10 roślin następujące cechy: długość kłosa głównego (w cm), liczbę ziarniaków w kłosie głównym (w szt.), masę ziarniaków z całej rośliny (w g). Uzyskano pomiary:

długość: 10.8, 11.7, 10.3, 11.2, 10, 10.8, 10.6, 10.7, 9.8, 11.5

ziarniaki: 39, 56, 46, 48, 36, 36, 40, 42, 38, 42

masa: 6.7, 7.3, 6, 6.6, 5.4, 6, 5.8, 6.4, 6.1, 6.9

Wyznaczyć równanie regresji wielokrotnej dla masy w zależności od długości i liczby ziarniaków kłosa głównego oraz wykonać selekcję zmiennych.

Rozdział 8

Odpowiedzi do zadań

Rozdział 1

Zad. 1

```
install.packages('agricolae')
library('agricolae')
?correlation
```

Zad. 2

```
install.packages('agridat')
library('agridat')
??yates.oats
```

Zad. 3

```
install.packages('openxlsx')
library('openxlsx')
?read.xlsx
```

Rozdział 2

Wektory

Zad. 2

```
cc<-rep(1,8)
d<-rep(0,199)
```

Zad. 3

```
a)
sum((100:200)^2)
b)
sum(sqrt(log10(10^(0:5))))
```

Zad. 4

```
a)
rep(1,8)
b)
rep(c(1,4),7)
c)
rep(c(3,6),c(8,3))
d)
rep(5:1,1:5)
e)
rep(c(12,21,43),c(3,1,2))
f)
rep(c("A","B"),3)
g)
rep(c(1,3,5,7,9,11),each=2)
```

Macierze

Zad. 1

```
A=matrix(c(1,2,3,0,2,-5,7,1,-3,4,5,6,0,1,-2,-3),4,4)
B=matrix(c(1,4,3,2,7,2,-1,0),4,2)
det(A)
A%*%B
t(A)
solve(A)
```

Zad. 2

```
A =matrix(c(1,4,7,2,5,8,3,68,9),3,3,byrow=T)
nrow(A)
ncol(A)
sum(A)
colMeans(A)
sum(A[2,])
A[1,2]+A[3,3]
A[,3]
A[2,]
```

Ramki danych

Zad. 1

```
data(iris)
dim(iris)
by(iris$Sepal.Width,iris$Species,mean)
by(iris$Sepal.Width,iris$Species,sd)
virginica<-subset(iris,iris$Species=='virginica')
virginica.sl<-virginica$Sepal.Length
table(iris$Species)
by(iris$Sepal.Length,iris$Species,min)
```

Rozdział 3

Zad. 1

```
a)
dane<-read.table('dane.txt', header=T)
b)
table(dane$miejsce.zamieszkania)
c)
table(dane$miejsce.zamieszkania,dane$wielkość.rodziny)
d)
table(dane$miejsce.zamieszkania,dane$jedzie.na.wakacje)
e)
max(subset(dane$dochód,dane$wielkość.rodziny=='duże' &
             dane$miejsce.zamieszkania=='miasto'))
```

Zad. 2

```
library(openxlsx)
dane<-read.xlsx('studenci.xlsx')
a)
table(dane$`Kierunek studiów`,dane$Płeć)
b)
by(dane$`Stypendium naukowe`,dane$Płeć,mean)
c)
subset(dane,dane$Płeć=='kobieta' & dane$`Kierunek studiów`=='Agroturystyka')
d)
subset(dane,dane$`Kierunek studiów`=='Leśnictwo' & dane$Płeć=='mężczyzna'
       & dane$`Stypendium naukowe`=='0')
```

Rozdział 4

Zad. 1

```
library(openxlsx)
dane<-read.xlsx('studenci.xlsx')
plot(dane$Wiek,dane$`Stypendium naukowe`, col=c('red','blue'))
```

Zad. 2

```
curve(x^2,from=-5,to=5,col='red')
curve((x-2)^2,from=-5,to=5,col='orange',add=T)
curve((x-2)^2+3,from=-5,to=5,col='green',add=T)
curve(x^2+3,from=-5,to=5,col='blue',add=T)
curve((x+1)^2-2,from=-5,to=5,col='violet',add=T)
abline(v=0,col='black')
title(main="Wykresy funkcji przesuniętych")
```

Zad. 3

```
hist(dane$`Stypendium naukowe`, main = "Histogram wysokości stypendium
     naukowego",
    xlab = "Wysokość stypendium naukowego")
```

Rozdział 5

Testy dwóch wartości średnich z rozkładów normalnych - próby zależne

Zad. 1

```
numer_odmiany = 1:4
dł_słomy_1948 = c(68.9, 52.6, 59.5, 60.3)
dł_słomy_1949 = c(64.5, 54.8, 57.9, 57.2)
dane_dł_słomy = data.frame(numer_odmiany, dł_słomy_1948, dł_słomy_1949)
# testowanie zgodności z rozkładem normalnym
shapiro.test(dł_słomy_1948)
shapiro.test(dł_słomy_1949)
```

```
dane <- data.frame(Wartości = c(dł_słomy_1948, dł_słomy_1949), Rok = rep(1948:1949,
    c(4, 4)))
# sprawdzenie równosci wartości średnich
t.test(Wartości ~ Rok, dane, var.equal = TRUE, paired = TRUE, conf.level = 0.95)
```

Zad. 2

```
krzyzowanie <- c(188, 101, 156, 197, 97, 94, 120, 178)
samopylnosc <- c(150, 97, 134, 139, 95, 91, 118, 161)
shapiro.test(krzyzowanie)
shapiro.test(samopylnosc)
t.test(krzyzowanie, samopylnosc, conf.level = 0.95, paired = TRUE)
```

Analiza wariancji - Anova

Zad. 1

```
Plon <- c(290, 286, 266, 270, 301, 270, 264, 277, 445, 450, 413, 448, 454, 442,
    430, 438, 520, 470, 516, 530, 475, 508, 485, 480, 370, 405, 412, 403, 384,
    410, 415, 377)
Terminy <- as.factor(rep(1:4, c(8, 8, 8, 8)))
levels(Terminy) <- c("I", "II", "III", "IV")
dane <- data.frame(Plon, Terminy)
model <- lm(Plon ~ Terminy, data = dane)
rozwiazanie = anova(model)
rozwiazanie
```

Zad. 2

```
masa <- c(214.6, 193.1, 189.1, 177.7, 262.3, 235.9, 216.5, 219.1, 221.4, 236.8,
    227.9, 234.1, 248, 255, 229.6, 242.8)
odmiany <- as.factor(c("S", "L", "A", "D"))
dane <- data.frame(masa, odmiany)
model <- lm(masa ~ odmiany, data = dane)
```

```
rozwiazanie = anova(model)
rozwiazanie
```

Testy wielokrotne

Zad. 1

```
L1 = c(0.26, 0.28, 0.27, 0.25, 0.19)
L2 = c(0.3, 0.27, 0.26, 0.22, 0.19)
L3 = c(0.26, 0.25, 0.24, 0.22, 0.2)
L4 = c(0.25, 0.23, 0.21, 0.22, 0.21)
L5 = c(0.23, 0.22, 0.22, 0.21, 0.2)
L6 = c(0.21, 0.21, 0.2, 0.2, 0.2)
L7 = c(0.24, 0.22, 0.21, 0.2, 0.18)
fenol = c(L1, L2, L3, L4, L5, L6, L7)
jeziora = as.factor(rep(c("L1", "L2", "L3", "L4", "L5", "L6", "L7"), each = 5))
dane = data.frame(fenol, jeziora)
model = aov(fenol ~ jeziora, dane)
a = HSD.test(model, "jeziora")
a
TukeyHSD(model, "jeziora", ordered = TRUE)
plot(TukeyHSD(model, "jeziora"))
```

Zad. 2

```
plon = c(0.16, 0.18, 0.62, 0.62, 0.29, 0.39, 0.61, 0.23, 0.28, 0.38, 0.68, 0.24,
   0.37, 0.65, 0.39, 0.39, 0.63, 0.63, 0.2, 0.49, 0.57, 0.34, 0.16, 0.52, 0.52,
    0.26, 0.44, 0.67, 0.23, 0.48, 0.61, 0.61, 0.18, 0.47, 0.69, 0.38, 0.44,
    0.57, 0.57, 0.19, 0.53, 0.65)
nawożenie = as.factor(rep(c("K", "N1", "N2", "N3", "N4", "N5", "N6"), 6))
dane <- data.frame(plon, nawożenie)
model = aov(plon ~ nawożenie, dane)
a = HSD.test(model, "nawożenie")
```

```
a
TukeyHSD(model, "nawożenie", ordered = TRUE)
plot(TukeyHSD(model, "nawożenie"))
```

Rozdział 6

Korelacje

Zad. 1

```
wysokość = c(163, 170, 158, 156, 161, 159, 161, 168, 177)
obwód = c(21, 24, 22, 19, 24, 26, 26, 27, 28)
cor.test(wysokość, obwód)
```

Zad. 2

```
masa = c(44.1, 45.6, 45.2, 46.8, 43.3, 47.1, 46.8, 45.7)
plon = c(4.68, 4.76, 4.71, 4.87, 4.31, 4.97, 4.82, 4.72)
cor.test(masa, plon)
```

Tablice kontyngencji

Zad. 1

```
x = matrix(c(71, 19, 57, 63), ncol = 2)
x
chisq.test(x)
```

Zad. 2

```
x = matrix(c(18, 25, 31, 183), ncol = 2)
x
chisq.test(x)
```

Rozdział 7

Regresja liniowa

Zad. 1

```
x = c(200, 400, 600, 800, 1000, 1200)
y = c(10, 15, 23, 26, 33, 37)
model1=lm(y~x)
summary(model1)
```

Zad. 2

```
X1=c(1,0,1,2,1,2)
X2=c(0,1,1,1,2,2)
Y<-c(3,7,8,11,14,16)
plon = data.frame(X1, X2, Y)
plon
modelw = lm(Y ~ X1 + X2, data = plon)
summary(modelw)
```

Bibliografia

Dobek, A., Szwaczkowski, T. (2007). *Statystyka matematyczna dla biologów.* Wydawnictwo Akademii Rolniczej w Poznaniu, Poznań.

Elandt, R. (1964). *Statystyka matematyczna w zastosowaniu do doświadczalnictwa rolniczego.* PWN, Warszawa.

Greń, J. (1975). *Statystyka matematyczna. Modele i zadania.* PWN, Warszawa.

Hanusz, Z., Tarasińska, J. (2006). *Statystyka matematyczna.* Wydawnictwo Akademii Rolniczej w Lublinie, Lublin.

Kala, R. (2005). *Statystyka dla przyrodników.* Wydawnictwo Akademii Rolniczej w Poznaniu, Poznań.

R Core Team (2017). *R: A Language and Environment for StatisticalComputing.* R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. http://www.R-project.org.

RStudio Team (2015). *RStudio: Integrated Development Environment for R.* RStudio, Inc., Boston, MA. http://www.rstudio.com.