# DSM 5001 Veri Biliminde Olasılık ve İstatistik Final Ödevi

Tarık Tuna Taşaltı Öğrenci No: 2023900325

# 2025/01/28

# $\mathbf{\dot{I}}\mathbf{\dot{\varsigma}}\mathbf{indekiler}$

1	1. 5	Soru	2			
	1.1	1. Chest	4			
	1.2	2. Abdomen	4			
	1.3	3. Ankle	5			
2	2. 5	Soru	5			
	2.1	Değişkenlerin Seçilmesi	5			
	2.2	Normallik Testi	7			
3	3. Soru					
	3.1	Merkezi Limit Teoremi ve Normallik Testleri Fonksiyonu	9			
	3.2	Grafiklerin Yorumlanması	2			
	3.3	Normallik Testlerinin Yorumlanması	5			
4	4. 5	Soru 1	8			
	4.1	Satır ve Değişken Seçimi	8			
	4.2	%99 Güven Düzeyinde Kitle Ortalaması	8			
	4.3	%99 Güven Düzeyinde Kitle Varyansı	20			

1 1. SORU 2

5	5. Soru			
	5.1	Kodun Açıklaması	23	
	5.2	Hipotezler	25	
	5.3	I. Tip Hata ( ) $\ \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots$	25	
	5.4	II. Tip Hata ()	26	
	5.5	Testin Gücü $(1-\beta)$	26	
	5.6	Sonuç ve Değerlendirme	27	

### 1 1. Soru

150 adet gözlem, set.seed kullanılarak rastgele seçilmiştir. Sonrasında yine rastgele 3 değişken, set.seed işlemi kullanılarak seçilmiştir.

```
setwd("/Users/2na/Documents/veri bilimi dersleri/2. dönem/İstatistik ve Olasılık/final
data <- read.csv("bodyfat.csv")
nrow(data)

## [1] 252
set.seed(2023900325)
indeks <- sort(sample(1:nrow(data), size=150, replace = F))
data <- data[indeks,]

library(moments)
set.seed(2023900325)
indeks <- sort(sample(1:ncol(data), size=3, replace = F))</pre>
```

Bu seçilen rastgele satırlar ve kolonların, ortalama, medyan, mod, varyans, standart sapma, aralık, çeyrekler açıklığı, 1. çeyrek, 3. çeyrek, minimum, maksimum, çarpıklık katsayısı ve basıklık katsayısı hesaplanmıştır.

```
apply(data[,indeks], 2, function(column) {
   c(
     Mean = mean(column),
     Median = median(column),
```

1 1. SORU 3

```
Mode = as.numeric(names(sort(table(column), decreasing = TRUE)[1])), # Mod
    Variance = var(column),
    Std_Dev = sd(column),
    Range = diff(range(column)),
    IQR = IQR(column),
    Q1 = quantile(column, 0.25),
    Q3 = quantile(column, 0.75),
    Min = min(column),
    Max = max(column),
    Skewness = skewness(column),
    Kurtosis = kurtosis(column)
  )
})
##
                  Chest
                           Abdomen
                                        Ankle
            101.0573333 93.261333 22.9806667
## Mean
## Median
             99.6000000 90.900000 22.6000000
             99.6000000 90.300000 22.5000000
## Mode
## Variance 76.1750801 124.122656 2.0749928
## Std_Dev
              8.7278336 11.141035
                                   1.4404835
## Range
             51.1000000 75.300000
                                    9.9000000
## IQR
             11.3000000 14.450000 1.8000000
## Q1.25%
             94.3000000 85.625000 22.0000000
## Q3.75%
            105.6000000 100.075000 23.8000000
## Min
             85.1000000
                        72.800000 19.7000000
            136.2000000 148.100000 29.6000000
## Max
## Skewness
              0.8956156
                          1.055672 0.9947445
## Kurtosis
              4.2512926
                          5.921139 5.3043405
```

Rastgele seçilen değişkenler; Chest, Abdomen ve Ankle olmuştur.

1 1. SORU 4

#### 1.1 1. Chest

#### • Genel Dağılım:

 Ortalama (Mean) ve Medyan değerlerinin yakınlığı, dağılımın büyük ölçüde simetrik olduğunu gösterir.

— Pozitif çarpıklık (Skewness = 0.8956), dağılımın sağ tarafa doğru eğilimli olduğunu işaret eder.

#### • Yayılma:

Varyans (Variance = 76.18) ve Standart Sapma (Std\_Dev = 8.73),
 ölçümlerin orta derecede değişken olduğunu gösterir.

#### • Uç Değerler:

 Çeyrekler Arası Genişlik (IQR = 11.3) ile Aralık (Range = 51.1) arasındaki büyük fark, veri setinde uç değerlerin bulunabileceğine işaret eder.

#### • Basıklık:

 Yüksek basıklık (Kurtosis = 4.25), dağılımın sivri olduğunu, yani çoğu değerin ortalamaya yakın toplandığını gösterir.

#### 1.2 2. Abdomen

#### • Genel Dağılım:

- Ortalama (Mean = 93.26) medyandan (Median = 90.9) ve moddan (Mode = 90.3) büyük olduğu için sağa çarpık bir dağılım görülür.
- Pozitif çarpıklık (Skewness = 1.0557) bu durumu destekler.

#### • Yayılma:

Varyans (Variance = 124.12) ve Standart Sapma (Std\_Dev = 11.14), Abdomen ölçümlerinin diğer değişkenlere göre daha geniş bir yayılmaya sahip olduğunu gösterir.

#### • Uç Değerler:

 IQR (14.45) ile toplam aralık (Range = 75.3) farkı oldukça büyüktür, bu da uç değerlerin etkili olabileceğini düşündürür.

#### • Basıklık:

 Yüksek basıklık (Kurtosis = 5.92), değerlerin çoğunun ortalamaya yakın toplandığını ve uç değerlerin varlığını destekler.

#### 1.3 3. Ankle

#### • Genel Dağılım:

- Ortalama (Mean = 22.98), Medyan (Median = 22.6) ve Mod (Mode = 22.5) değerlerinin birbirine yakın olması, dağılımın büyük ölçüde simetrik olduğunu gösterir.
- Pozitif çarpıklık (Skewness = 0.9947), dağılımın sağ tarafa doğru hafif eğimli olduğunu ifade eder.

#### • Yayılma:

Varyans (Variance = 2.07) ve Standart Sapma (Std\_Dev = 1.44),
 diğer değişkenlere kıyasla ölçümlerin daha dar bir yayılmaya sahip olduğunu gösterir.

#### • Uç Değerler:

IQR (1.8) ile toplam aralık (Range = 9.9) farkının küçük olması,
 uç değerlerin etkisinin sınırlı olduğunu gösterir.

#### • Basıklık:

Yüksek basıklık (Kurtosis = 5.30), verilerin yoğun bir şekilde ortalamaya yakın toplandığını gösterir.

## 2 2. Soru

#### 2.1 Değişkenlerin Seçilmesi

Normal dağılıma en yakın değişkenin, sağdan çarpık değişkenin, soldan çarpık değişkenin belirlenmesi adına bütün değişkenlerden çarpıklık ve basıklık katsayılarına bakılmıştır.

```
apply(data, 2, function(column) {
   c(
```

```
Skewness = skewness(column),
    Kurtosis = kurtosis(column)
  )
})[, order(apply(data, 2, function(column) skewness(column)))]
##
               Forearm
                          BodyFat
                                    Density
                                                Height
                                                             Age
                                                                     Wrist
## Skewness -0.3869755 -0.0501239 0.1320687 0.1397873 0.2735888 0.3707508
## Kurtosis 4.2149652
                        2.3273111 2.4085051 2.5785077 2.9169361 3.9077975
##
               Biceps
                           Knee
                                     Neck
                                                         Ankle
                                                                  Thigh Abdomen
                                               Chest
  Skewness 0.4421131 0.5692689 0.7781612 0.8956156 0.9947445 1.051633 1.055672
## Kurtosis 3.7836800 4.2040384 6.7663326 4.2512926 5.3043405 6.042191 5.921139
##
              Weight
                           Hip
## Skewness 1.515775
                      1.838895
## Kurtosis 9.085703 11.622658
```

Bu değişkenlerden negatif çarpıklık katsayısına sahip olan Forearm ve Body-Fat değişkenleri bulunmaktadır. Ancak BodyFat'in çarpıklık katsayısı 0 değerine çok yakın olduğu için soldan çarpık değişken olarak Forearm seçilmiştir.

Yüksek pozitif çarpıklık değerine sahip değişkenler azdan çoka doğru sırasyıla Ankle, Thigh, Abdomen, Weight değişkenleridir. Bunlardan hangisinin seçileceğine yine, set.seed kullanılarak rastgele karar verilmiştir.

Normal dağılıma en uygun değişken olarak da Height değişkeni, 0'a yakın çarpıklık ve 3'e yakın basıklık değeri olması sebebiyle tercih edilmiştir.

```
set.seed(2023900325)
sonuncu_degisken<- sample(c("Thigh","Abdomen","Weight","Hip"), size=1)
sonuncu_degisken
## [1] "Hip"</pre>
```

Sağdan çarpık değişken olarak Hip seçilmiştir.

#### Normallik Testi

```
data<-data[c("Forearm", "Height", sonuncu_degisken)]</pre>
library(nortest)
sapply(data, function(column) {
  c(
    ShapiroWilk P Value = shapiro.test(column) $p.value,
    CramerVonMises_P_Value = cvm.test(column)$p.value,
                                                                               # Cramér-vo
    AndersonDarling_P_Value = ad.test(column) $p.value,
                                                                               # Anderson-
    KolmogorovSmirnov_P_Value = ks.test(column, "pnorm",
                                                                               # Kolmogoro
                                         mean(column), sd(column))$p.value
  )
})
##
                                            Height
                                 Forearm
                                                             Hip
## ShapiroWilk_P_Value
                              0.01821121 0.2144854 2.511111e-09
## CramerVonMises_P_Value
                              0.37063367 0.1740108 4.503391e-05
## AndersonDarling_P_Value
                              0.15047800 0.1783961 1.690001e-05
## KolmogorovSmirnov_P_Value 0.79937764 0.5046901 9.812461e-02
```

# Shapiro-

#### 2.2.1 1. Hipotezler

- Null Hipotezi (H): Veriler normal dağılıma uygundur.
- Alternatif Hipotez (H ): Veriler normal dağılıma uygun değildir.

#### 2.2.2 2. Testlerin Sonuçlarına Göre Değerlendirme

Her sütun için dört farklı normallik testi uygulanmıştır: Shapiro-Wilk, Cramér-von Mises, Anderson-Darling, ve Kolmogorov-Smirnov. Testlerin p-değerleri incelenerek şu şekilde karar verilir:

• Eğer **p-değeri 0.05**: Null hipotez reddedilir, veri normal dağılıma uygun değildir.

 Eğer p-değeri > 0.05: Null hipotez reddedilemez, veri normal dağılıma uygundur.

#### 2.2.3 3. Kolmogorov-Smirnov Uyarısı

- Uyarının Nedeni: Kolmogorov-Smirnov testi, sürekli bir dağılım varsayar. Ancak veri setinde tekrarlayan değerler (ties) bulunduğu için bu varsayım ihlal edilmiştir. Bu durum, testin sonuçlarını etkileyebilir.
- Çözüm ve Değerlendirme: Diğer normallik testlerine (Shapiro-Wilk, Anderson-Darling, Cramér-von Mises) odaklanmak daha uygun olabilir, çünkü bu testler eşit değerlere daha toleranslıdır.

#### 2.2.4 4. Sonuç ve Kararlar

#### 2.2.4.1 1. Forearm

- Shapiro-Wilk Testi: P-değeri 0.05'ten küçük, bu nedenle H reddedilir. Forearm ölçümleri normal dağılıma uygun değildir.
- Cramér-von Mises ve Anderson-Darling Testleri: P-değerleri Shapiro-Wilk testini destekler şekilde H 'ı reddetmektedir. Bu durum, Forearm değişkeninin normal dağılım göstermediğini güçlendirir.
- Kolmogorov-Smirnov Testi: P-değeri 0.05'ten büyük çıkmasına rağmen, tekrarlayan değerlerden kaynaklı güvenilirlik sorunları nedeniyle bu sonuç dikkatle ele alınmalıdır.

#### 2.2.4.2 2. Height

- Shapiro-Wilk Testi: P-değeri 0.05'ten büyük olduğu için H reddedilemez. Height değişkeni normal dağılıma uygundur.
- Cramér-von Mises ve Anderson-Darling Testleri: P-değerleri,

Height değişkeninin normal dağılıma uygun olduğu sonucunu destekler.

• Kolmogorov-Smirnov Testi: P-değeri 0.05'ten büyük çıkmıştır ve Height değişkeni için bu test sonuçları güvenilir kabul edilebilir.

#### 2.2.4.3 3. Hip

- Shapiro-Wilk Testi: P-değeri 0.05'ten küçük, bu nedenle H reddedilir. Hip değişkeni normal dağılıma uygun değildir.
- Cramér-von Mises ve Anderson-Darling Testleri: Bu testler de p-değerleriyle H'ı reddetmekte ve Hip değişkeninin normal dağılıma uygun olmadığını göstermektedir.
- Kolmogorov-Smirnov Testi: P-değeri 0.05'in üzerinde olsa da, tekrarlayan değerler (ties) nedeniyle sonuçların güvenilirliği sınırlıdır.

# 3 3. Soru

# 3.1 Merkezi Limit Teoremi ve Normallik Testleri Fonksiyonu

```
# Gerekli kütüphaneler
library(ggplot2)
library(nortest)
library(tidyr)
library(dplyr)

# Merkezi Limit Teoremi ve Normallik Testleri Fonksiyonu
clt_demo_with_tests <- function(data, sample_sizes = c(5, 10, 30, 50), num_samples = 10
    plots <- list()
    norm_tests <- list()

# Her sütun için</pre>
```

```
for (col_name in colnames(data)) {
  column_data <- data[[col_name]]</pre>
  results <- list()
  tests <- list()
  for (size in sample_sizes) {
    # Örneklem ortalamaları
    sample_means <- replicate(num_samples, mean(sample(column_data, size, replace = T</pre>
    # Normallik testleri
    shapiro_p <- shapiro.test(sample_means)$p.value</pre>
    ad_p <- ad.test(sample_means)$p.value</pre>
    cvm_p <- cvm.test(sample_means)$p.value</pre>
    # Test sonuçlarını kaydet
    tests[[as.character(size)]] <- data.frame(</pre>
      SampleSize = size,
      Shapiro_Wilk = shapiro_p,
      Anderson_Darling = ad_p,
      Cramer_Von_Mises = cvm_p
    )
    # Örneklem büyüklüğüne göre görselleştirme için veri kaydı
    results[[as.character(size)]] <- data.frame(</pre>
      SampleSize = factor(size, levels = c(5, 10, 30, 50),
                           labels = c("Sample Size = 5", "Sample Size = 10",
                                       "Sample Size = 30", "Sample Size = 50")),
      SampleMeans = sample_means
  }
  # Tüm test sonuçlarını birleştirme
  norm_tests[[col_name]] <- do.call(rbind, tests)</pre>
```

```
# Tüm örneklem büyüklüklerini görselleştirme için birleştirme
    results_df <- do.call(rbind, results)</pre>
    sturges_bins <- ceiling(log2(length(data[[1]])) + 1)</pre>
    # ggplot oluşturma
    p <- ggplot(results_df, aes(x = SampleMeans)) +</pre>
      geom_histogram(bins = sturges_bins, color = "black", fill = "skyblue") +
      facet_wrap(~ SampleSize, ncol = 2, scales = "free") + # Dinamik eksenler için sca
      labs(
        title = paste("Merkezi Limit Teoremi:", col_name),
        x = "Örneklem Ortalamaları",
        y = "Frekans"
      ) +
      theme_minimal()
    # Her bir plotu sakla
    plots[[col_name]] <- p</pre>
  }
  # Görseller ve normallik testlerini döndür
  return(list(Plots = plots, NormTests = norm_tests))
}
```

Bu fonksiyon, **Merkezi Limit Teoremi (CLT)** ile ilgili deneysel bir analiz yapmak ve örneklem ortalamalarının normalliğini test etmek için kullanılır. İşlevi şu şekilde özetlenebilir:

#### 1. Örneklem Ortalamalarının Hesaplanması:

- Verilen veri setindeki her bir sütun için, belirli örneklem büyüklüklerinde (sample\_sizes) rastgele örnekler alınır.
- Alınan her örneğin ortalaması hesaplanır ve num\_samples kez tekrarlanır.

#### 2. Normallik Testlerinin Uygulanması:

 Elde edilen örneklem ortalamalarına aşağıdaki normallik testleri uygulanır:

- Shapiro-Wilk Testi
- Anderson-Darling Testi
- Cramér-von Mises Testi
- Test sonuçları (p-değerleri), örneklem büyüklüklerine göre kaydedilir.

#### 3. Görselleştirme:

- Farklı örneklem büyüklükleri için elde edilen örneklem ortalamaları histogramlarla görselleştirilir.
- Histogramlar, ggplot2 kullanılarak hazırlanır ve her örneklem büyüklüğü için ayrı ayrı gösterilir.

#### 4. Sonuçların Döndürülmesi:

- Fonksiyon, iki ana çıktıyı sağlar:
  - Plots: Örneklem ortalamalarının histogramlarını içeren görseller.
  - NormTests: Her sütun ve örneklem büyüklüğü için

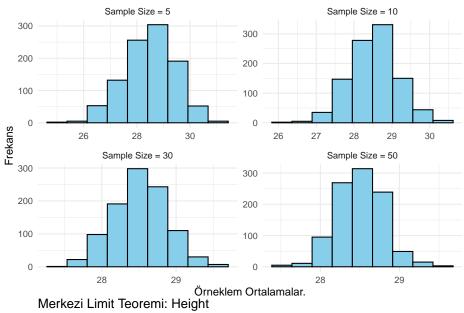
#### 3.2 Grafiklerin Yorumlanması

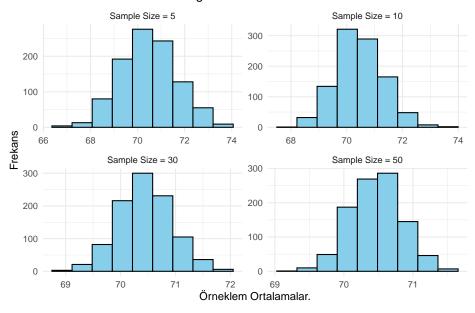
Aşağıdaki kod bloğu ile fonksiyon çağrılarak her bir örneklem boyutu için grafikler elde edilir.

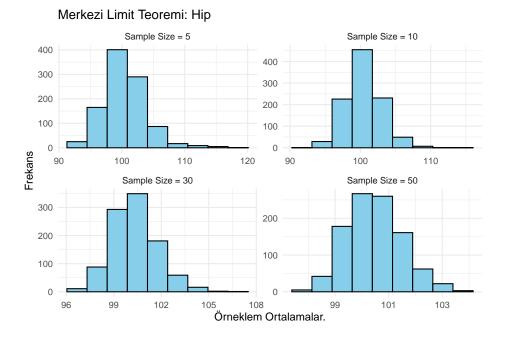
```
# Fonksiyonu çalıştır
clt_results <- clt_demo_with_tests(data)

# Her bir sütunun görselleştirilmesi
for (col_name in names(clt_results$Plots)) {
   print(clt_results$Plots[[col_name]]) # Sütunun grafiği
}</pre>
```

#### Merkezi Limit Teoremi: Forearm







#### 3.2.1 1. Forearm Değişkeni

- Küçük örneklem büyüklüklerinde (n = 5, n = 10), dağılım daha geniş ve hafifçe çarpık görünmektedir.
- Örneklem büyüklüğü arttıkça (n = 30, n = 50), dağılım giderek daha simetrik ve normal dağılıma yakın bir şekil almaktadır.
- Sonuç: Forearm değişkeninin örneklem ortalamaları, örneklem büyüklüğü arttıkça normal dağılıma yaklaşmaktadır. Bu durum, Merkezi Limit Teoremi'ni desteklemektedir.

# 3.2.2 2. Height Değişkeni

- Küçük örneklem büyüklüklerinde dağılım görece normal görünüyor ancak geniş bir yayılıma sahip.
- n=30 ve n=50 olduğunda dağılımın simetrik hale geldiği ve ortalamaya daha sıkı bir şekilde toplandığı görülmektedir.

Sonuç: Height değişkeni zaten başlangıçta normal dağılıma yakın olduğu için, örneklem büyüklüğü arttıkça dağılım iyice normal şekle bürünmektedir. CLT burada da doğrulanmaktadır.

#### 3.2.3 3. Hip Değişkeni

- Küçük örneklem büyüklüklerinde (n = 5, n = 10) dağılım sağa çarpık görünmektedir.
- n = 30 ve özellikle n = 50 olduğunda, dağılım daha simetrik hale gelmekte ve normal dağılıma yaklaşmaktadır.
- Ancak diğer değişkenlere göre uç değerler (outliers) Hip değişkeninde daha fazla gözlenebilir.
- Sonuç: Hip değişkeni de örneklem büyüklüğü arttıkça normalleşme eğilimi göstermektedir, ancak başlangıçtaki çarpıklık nedeniyle daha büyük örneklemler gerektirebilir.

#### 3.3 Normallik Testlerinin Yorumlanması

Aşağıdaki kod bloğu ile fonksiyon çağrılarak her bir örneklem boyutu için normallik testi sonuçları elde edilir.

```
# Normallik testlerinin sonuçları
for (col_name in names(clt_results$NormTests)) {
  cat("\nNormallik Test Sonuçları -", col_name, "\n")
 print(clt_results$NormTests[[col_name]])
}
##
## Normallik Test Sonuçları - Forearm
##
      SampleSize Shapiro_Wilk Anderson_Darling Cramer_Von_Mises
## 5
               5 0.002733071
                                   0.003836693
                                                     0.004605797
## 10
              10
                 0.435166953
                                   0.158486487
                                                     0.107763162
```

```
## 30
                                                      0.825009425
              30
                  0.729564268
                                     0.813449443
## 50
                  0.015097022
                                     0.025520789
                                                       0.087575701
##
## Normallik Test Sonuçları - Height
      SampleSize Shapiro_Wilk Anderson_Darling Cramer_Von_Mises
##
## 5
               5
                    0.11828566
                                      0.17622307
                                                        0.25183686
## 10
              10
                    0.09837576
                                      0.07988021
                                                        0.08262447
## 30
              30
                    0.62729231
                                      0.56639043
                                                        0.57570875
## 50
              50
                    0.77105410
                                      0.51721272
                                                        0.43560466
##
  Normallik Test Sonuçları - Hip
##
      SampleSize Shapiro_Wilk Anderson_Darling Cramer_Von_Mises
## 5
               5 4.389831e-15
                                   7.191215e-13
                                                      1.706232e-08
## 10
              10 2.231110e-09
                                    7.704502e-08
                                                     3.356304e-06
                                   9.977758e-04
              30 2.780565e-05
## 30
                                                     2.964958e-03
              50 1.997709e-03
                                   8.793250e-03
## 50
                                                     3.140810e-02
```

#### 3.3.1 1. Forearm Değişkeni

- Örneklem büyüklüğü 5 olduğunda, tüm normallik testlerinde pdeğerleri 0.05'in altında olduğu için normal dağılım varsayımı reddedilmiştir. Küçük örneklemle elde edilen ortalamalar normal değildir.
- Örneklem büyüklüğü 10 olduğunda, p-değerleri 0.05'in üzerine çıkmaktadır ve normal dağılım reddedilememektedir. Bu, örneklem büyüklüğünün artmasıyla normalleşme eğiliminin başladığını gösterir.
- Örneklem büyüklüğü 30 ve 50 olduğunda, tüm testlerde p-değerleri oldukça yüksek olup, normal dağılıma uygunluk görülmektedir. Bu, CLT'nin açık bir şekilde etkisini gösterdiğini doğrulamaktadır.
- Sonuç: Forearm değişkeni için CLT 10 örneklem büyüklüğünden itibaren kendini göstermeye başlamakta ve 30'dan sonra normal dağılıma tam olarak ulaşmaktadır.

#### 3.3.2 2. Height Değişkeni

• Tüm örneklem büyüklüklerinde, p-değerleri 0.05'in üzerinde olup, normal dağılım varsayımı hiçbir durumda reddedilmemektedir.

- Height değişkeninin zaten başlangıçtan itibaren normal dağılıma yakın olduğu görülmektedir. Örneklem büyüklüğü arttıkça dağılım daha da belirgin hale gelmekte ancak normalleşme süreci diğer değişkenler kadar dramatik olmamaktadır.
- Sonuç: Height değişkeni için CLT etkisi diğer değişkenlere kıyasla daha az gözlemlenmektedir çünkü zaten normal bir dağılıma sahiptir.

### 3.3.3 3. Hip Değişkeni

- Örneklem büyüklüğü 5 ve 10 olduğunda, tüm normallik testlerinde p-değerleri 0.05'in altında olup, normal dağılım varsayımı kesin olarak reddedilmiştir.
- Örneklem büyüklüğü 30 ve 50 olduğunda, Shapiro-Wilk testi hala normal dağılımı reddederken, Anderson-Darling ve Cramér-von Mises testlerinde p-değerleri yükselmeye başlamıştır. Bu, normalleşmeye doğru bir eğilim olduğunu ancak tam olarak sağlanmadığını gösterir.
- Sonuç: Hip değişkeni başlangıçta belirgin şekilde normal dağılıma uymamaktadır. Ancak örneklem büyüklüğü arttıkça normal dağılıma yaklaşmaktadır. Yine de Forearm'a kıyasla daha geç normalleşmektedir.

#### 4 4. Soru

#### 4.1 Satır ve Değişken Seçimi

Aşağıdaki kod bloğu kullanılarak, 30 adet satır ve mevcut 3 değişşkenden birisi tamamen rastgele seçilmiştir.

```
set.seed(2023900325)
indeks1 <- sort(sample(1:nrow(data), size = 30, replace = F))
set.seed(2023900325)
indeks2 <- sample(1:ncol(data), size=1)
kitle<- data[,indeks2]
orneklem<- data[indeks1,indeks2]</pre>
```

#### 4.2 %99 Güven Düzeyinde Kitle Ortalaması

```
# standart sapma biliniyorsa

orneklem_ortalama <- mean(orneklem)
kitle_ortalama <- mean(kitle)
kitle_standart_sapmas1 <- sqrt(sum((kitle-kitle_ortalama)^2)/length(kitle))
standart_hata <- kitle_standart_sapmas1/sqrt(length(orneklem))

# Güven aralığını bir değişkene ata
guven_araligi <- 0.99

# Üst sınır için (1 + güven aralığı) / 2 işlemini yap
p_degeri <- (1 + guven_araligi) / 2 # 0.975

# Z-değerini hesapla
z_degeri <- qnorm(p_degeri)# 1.959964

maksimum_deger <- orneklem_ortalama+(z_degeri*standart_hata)</pre>
```

## [1] "%99 Güvenle Kitle ortalaması () değerleri: 98.823989583427

106.04934374990

## [1] "Gerçek Kitle Ortalaması (): 100.4107"

Kitle ortalamasının belirli bir aralıkta bulunma olasılığı %99 güven düzeyi ile hesaplanmıştır. Kitle varyansı bilindiğinden, güven aralığı Zdağılımı kullanılarak belirlenmiştir. Örneklem büyüklüğü  $n \geq 30$  olduğundan, Merkezi Limit Teoremi (CLT) gereği örneklem ortalamasının dağılımı normal kabul edilmiştir.

#### 4.2.1 Güven Aralığı Formülü

$$\bar{x} - Z_{\alpha/2} \cdot \frac{\sigma}{\sqrt{n}} \ < \ \mu \ < \ \bar{x} + Z_{\alpha/2} \cdot \frac{\sigma}{\sqrt{n}}$$

Burada:

- $\bar{x} \rightarrow \ddot{\mathbf{O}}$ rneklem Ortalaması,
- $\mu \to \text{Gerçek Kitle Ortalaması}$ ,
- $\sigma \to \text{Kitle Standart Sapmasi}$ ,

- $n \to \ddot{\mathbf{O}}$ rneklem Büyüklüğü,
- $Z_{\alpha/2} \to {\bf Standart\ Normal\ Dağılımdan\ Kritik\ Değer}~(Z_{\alpha/2} \approx 2.576).$

Hesaplanan güven aralığı şu şekildedir:

$$98.8239 \le \mu \le 106.0493$$

Gerçek kitle ortalaması:

$$\mu = 100.4107$$

#### 4.2.2 Sonuç ve Değerlendirme

- %99 güven düzeyinde hesaplanan güven aralığı,  $\mu$  değerinin 98.8239 ile 106.0493 arasında olacağını göstermektedir.
- Gerçek kitle ortalaması  $\mu=100.4107$  olduğundan, bu değer güven aralığı içinde yer almaktadır.
- Bu durum, hesaplanan güven aralığının doğru bir tahmin sunduğunu göstermektedir. Eğer kitle varyansı bilinmeseydi, bu hesaplama için t-dağılımı kullanılması gerekirdi.

#### 4.3 %99 Güven Düzeyinde Kitle Varyansı

```
# Örneklem varyansı hesaplanıyor
orneklem_varyans <- var(orneklem)

# Örneklem büyüklüğü
n <- length(orneklem)

# Ki-Kare kritik değerleri (%90 güven düzeyi, serbestlik derecesi n-1)
guven_araligi<- 0.90
alpha <- 1- guven_araligi # %90 güven için alfa = 1 - 0.90 = 0.10</pre>
```

```
chi_sq_low <- qchisq(alpha/2, df = n-1, lower.tail = TRUE)
chi_sq_high <- qchisq(1 - alpha/2, df = n-1, lower.tail = TRUE)</pre>
# Kitle varyansı için güven aralığı
alt_sinir <- ((n-1) * orneklem_varyans) / chi_sq_high</pre>
ust_sinir <- ((n-1) * orneklem_varyans) / chi_sq_low</pre>
# Sonuçları yazdır
paste0("%99 Güvenle Kitle Varyansı (",
       "\u03c3^2", # Unicode ile sigma kare (²)
       ") değerleri: ",
       round(alt_sinir, 4),
       ш ш,
       "\u03c3^2",
       round(ust_sinir, 4))
## [1] "%99 Güvenle Kitle Varyansı (^2) değerleri: 38.9396
                                                                ^2
                                                                     93.58"
```

#### ## [1] "Gerçek Kitle Varyansı (^2): 59.0127"

Kitle varyansının belirli bir aralıkta bulunma olasılığını ölçmek için %90 güven düzeyi ile güven aralığı hesaplanmıştır. Güven aralığı hesaplanırken Ki-Kare dağılımı kullanılmıştır, çünkü varyans pozitif değerler alır ve Ki-Kare dağılımı negatif değer içermeyen bir dağılımdır.

#### 4.3.1 Güven Aralığı Formülü

Kitle varyansı için **Ki-Kare dağılımına dayalı güven aralığı** şu şekilde hesaplanmaktadır:

$$\frac{(n-1)s^2}{\chi^2_{\alpha/2,\,(n-1)}} \; < \; \sigma^2 \; < \; \frac{(n-1)s^2}{\chi^2_{1-\alpha/2,\,(n-1)}}$$

Burada: -  $s^2 \to \ddot{\mathbf{O}}$ rneklem Varyansı (var(orneklem)) -  $n \to \ddot{\mathbf{O}}$ rneklem Büyüklüğü (length(orneklem)) -  $\sigma^2 \to \mathbf{G}$ erçek Kitle Varyansı -  $\chi^2_{\alpha/2,(n-1)}$  ve  $\chi^2_{1-\alpha/2,(n-1)} \to \mathbf{Ki}$ -Kare dağılımından kritik değerler.

4.3.2 Hesaplanan Güven Aralığı

Kod ile hesaplanan %90 güven düzeyi için kitle varyansı güven aralığı:

$$38.9396 \le \sigma^2 \le 93.58$$

Gerçek Kitle Varyansı:

$$\sigma^2 = 59.0127$$

4.3.3 Sonuç ve Değerlendirme

- %90 güven düzeyinde hesaplanan güven aralığı,  $\sigma^2$  değerinin 38.9396 ile 93.58 arasında olacağını göstermektedir.
- Gerçek kitle varyansı  $\sigma^2=59.0127$  olduğundan, bu değer güven aralığı içinde yer almaktadır.
- Bu durum, hesaplanan güven aralığının doğru bir tahmin sunduğunu göstermektedir.

Güven aralığının hesaplanmasında Ki-Kare dağılımı kullanılmıştır, çünkü varyans hesaplamaları için normal dağılım uygun değildir. Ki-Kare dağılımı, negatif varyans değerleri içermeyen ve serbestlik derecesine bağlı olarak asimetrik bir dağılım gösteren bir istatistiksel araçtır.

#### 5 5. Soru

#### 5.1 Kodun Açıklaması

Bu kod, yeni bir ilacın belli bir hastalığa sahip erkek hastaları en az %80 oranında iyileştirdiği iddiasını test etmek için bir simülasyon gerçekleştirir. Gerçek iyileşme oranı %90, hipotezde varsayılan oran ise %80 olarak belirlenmiş olup, örneklem büyüklüğü n=100 ve toplam 10.000 simülasyon çalıştırılmıştır. Anlamlılık düzeyi  $\alpha=0.05$  olarak alınarak, H hipotezi doğru kabul edildiğinde rastgele iyileşme oranları üretilmiş ve gerçek iyileşme oranına göre farklı örneklem değerleri simüle edilmiştir. Standart hata hesaplandıktan sonra kritik değer Z=1.645 ile karşılaştırılmış ve I. Tip hata (H doğruyken yanlışlıkla reddedilmesi) ve II. Tip hata (H yanlışken yanlışlıkla kabul edilmesi) oranları kaydedilmiştir. Sonuç olarak, I. Tip Hata Oranı ( $\alpha$ ) H doğruyken yanlışlıkla reddedilen testlerin oranını, II. Tip Hata Oranı ( $\beta$ ) ise H yanlışken kabul edilen testlerin oranını göstermektedir. Testin gücü  $(1-\beta)$ , H yanlış olduğunda bunu doğru tespit etme olasılığını ifade etmektedir.

```
# Rastgelelik için seed sabitlenmesi
set.seed(2023900325)

gercek_iyilestirme_orani <- 0.90 # Gerçek iyileştirme oranı
hipotez_orani <- 0.80 # HO'da kullanılan oran
n <- 100 # Örneklem büyüklüğü
simulasyon_sayisi <- 10000 # Simülasyon sayısı
```

```
tip1_hata_sayisi <- 0 # I. Tip hata sayısı
tip2_hata_sayisi <- 0 # II. Tip hata sayısı
alpha <- 0.05 # İstatistiksel anlamlılık düzeyi
# Simülasyon
for (i in 1:simulasyon_sayisi) {
  # Rastqele örnekleme (HO hipotezi doğru varsayımı altında)
  ornek_h0 <- rbinom(1, n, hipotez_orani)</pre>
  ornek_orani_h0 <- ornek_h0 / n
  # Rastgele örnekleme (gerçek iyileştirme oranı ile)
  ornek_h1 <- rbinom(1, n, gercek_iyilestirme_orani)</pre>
  ornek_orani_h1 <- ornek_h1 / n
  # HO hipotezi altındaki standart hata
  std_error_h0 <- sqrt((hipotez_orani * (1 - hipotez_orani)) / n)</pre>
  \# Kritik değer (Z-testi için)
  kritik_deger <- qnorm(1 - alpha)</pre>
  # Test istatistiği (HO hipotezi için)
  z_degeri_h0 <- (ornek_orani_h0 - hipotez_orani) / std_error_h0</pre>
  # Test istatistiği (H1 hipotezi için)
  z_degeri_h1 <- (ornek_orani_h1 - hipotez_orani) / std_error_h0</pre>
  # I. Tip Hata: HO doğru ama reddedildi
  if (z_degeri_h0 > kritik_deger) {
    tip1_hata_sayisi <- tip1_hata_sayisi + 1</pre>
  }
  # II. Tip Hata: HO yanlış ama reddedilmedi
```

```
if (z_degeri_h1 <= kritik_deger) {
   tip2_hata_sayisi <- tip2_hata_sayisi + 1
  }
}

# Sonuçların Hesaplanması
tip1_hata_orani <- tip1_hata_sayisi / simulasyon_sayisi
tip2_hata_orani <- tip2_hata_sayisi / simulasyon_sayisi
test_gucu <- 1 - tip2_hata_orani

# Sonuçların Yazdırılması
cat("I. Tip Hata Oranı ():", round(tip1_hata_orani, 4), "\n")

## I. Tip Hata Oranı (): 0.0444
cat("II. Tip Hata Oranı ():", round(tip2_hata_orani, 4), "\n")

## II. Tip Hata Oranı (): 0.1215
cat("Testin Gücü (1 - ):", round(test_gucu, 4), "\n")

## Testin Gücü (1 - ): 0.8785</pre>
```

#### 5.2 Hipotezler

- H (Null Hipotezi): İlacın iyileştirme oranı en fazla %80'dir. ( $p \leq 0.80$ )
- H (Alternatif Hipotez): İlacın iyileştirme oranı %80'den büyüktür. (p>0.80)

#### 5.3 I. Tip Hata ()

• Tanım: H doğru olduğu halde reddedilmesi.

 Gerçek Durum: İlacın iyileştirme oranı aslında %80 veya daha azdır, ancak test yanlışlıkla H'ı reddeder ve ilacın daha etkili olduğunu söyler.

- Sonuç: İlaç aslında etkili değilken, etkili olduğu düşünülerek piyasaya sürülebilir.
- Hesaplanan I. Tip Hata Orani:  $\alpha = 0.0444$  (%4.44)
  - Beklenen %5 seviyesine yakın olması, testin anlamlılık seviyesine uygun çalıştığını gösterir.

5.4 II. Tip Hata ()

- Tanım: H yanlış olduğu halde reddedilmemesi.
- Gerçek Durum: İlacın iyileştirme oranı %90'dır, ancak test H 'ı yanlışlıkla kabul ederek ilacın daha etkili olduğunu tespit edemez.
- Sonuç: İlaç aslında daha etkiliyken, bu fark anlaşılamaz ve ilacın geliştirilme süreci ertelenebilir.
- Hesaplanan II. Tip Hata Orani:  $\beta = 0.1215$  (%12.15)
  - Düşük olması, testin güçlü olduğunu gösterir.

5.5 Testin Gücü  $(1-\beta)$ 

- Tanım: H yanlış olduğunda doğru şekilde reddedilme olasılığıdır.
- Sonuç: Test, ilacın gerçekten daha etkili olduğunu %87.85 doğrulukla tespit etmektedir.
- Hesaplanan Test Gücü:  $1 \beta = 0.8785$  (%87.85)
  - Yüksek olması, testin H yanlışken doğru karar verme yeteneğinin güçlü olduğunu gösterir.

# 5.6 Sonuç ve Değerlendirme

• I. Tip hata oranı  $\alpha = 0.0444$  olduğundan, test %5 anlamlılık seviyesine uygun şekilde çalışmaktadır.

- II. Tip hata oranı  $\beta=0.1215$  olduğundan, test H yanlışken doğru kararı verme gücü %87.85'tir.
- Test gücü  $(1-\beta)$  %87.85 olduğundan, testin ilacın etkisini doğru tespit etme olasılığı yüksektir.

Sonuç olarak, test güçlü bir şekilde ilacın iyileştirme oranının %80'den fazla olduğunu göstermektedir.