

# Politechnika Wrocławska

## Wydział Matematyki

---

Skład grupy:	Agata Sobczak 268873 Jakub Franczak 262271 Katarzyna Kudelko 268762
Prowadząca laboratorium:	dr inż. Aleksandra Grzesiek
Prowadząca wykładu:	dr hab. Alicja Jokiel-Rokita

## Analiza Danych Ankietowych

### Raport 3.

### Lista 3.

## Spis treści

<b>1</b>	<b>Zadanie 1</b>	<b>3</b>
1.1	Cel zadania . . . . .	3
1.2	Test symetrii w przypadku małego rozmiaru próby . . . . .	3
1.3	Deklaracja funkcji . . . . .	4
<b>2</b>	<b>Zadanie 2</b>	<b>4</b>
2.1	Cel zadania . . . . .	4
2.2	Wyniki . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Zadanie 3</b>	<b>5</b>
3.1	Cel zadania . . . . .	5
3.2	Wyniki . . . . .	5
<b>4</b>	<b>Zadanie 4.</b>	<b>5</b>
4.1	Cel zadania . . . . .	5
4.2	Kody . . . . .	6
4.3	Wykresy . . . . .	7
4.4	Wnioski . . . . .	8
<b>5</b>	<b>Zadanie 5.</b>	<b>9</b>
5.1	Cel zadania . . . . .	9
5.2	Wyniki . . . . .	9
5.2.1	Test Bowkera . . . . .	9
5.2.2	Test IW . . . . .	11
<b>6</b>	<b>Zadanie 6</b>	<b>12</b>
6.1	Cel zadania . . . . .	12
6.2	Analiza . . . . .	12
<b>7</b>	<b>Zadanie 7.</b>	<b>14</b>
7.1	Cel zadania . . . . .	14
7.2	Kody . . . . .	14
7.3	Wyniki . . . . .	15
7.4	Wnioski . . . . .	15

# 1 Zadanie 1

## 1.1 Cel zadania

Celem zadania jest napisanie deklaracji funkcji, której wartością będzie wartość poziomu krytycznego (tzw.  $p$ -wartość) w warunkowym teście symetrii (dla tabel  $2 \times 2$ ), który został opisany w jednym z wykładów dr hab. Alicji Jokiel-Rokity.

## 1.2 Test symetrii w przypadku małego rozmiaru próby

Poniżej przedstawiono fragment wykładu, którego dotyczy cel zadania.

W przypadku, gdy  $n$  jest małe, do weryfikacji hipotezy  $H_0 : p_{1+} = p_{+1}$  korzysta się w praktyce z testu warunkowego, przy warunku, że  $Y_{12} + Y_{21} = n^*$ . Mamy bowiem następujące twierdzenie.

**Twierdzenie 1** *Przy założeniu, że hipoteza  $H_0 : p_{12} = p_{21}$  jest prawdziwa, rozkład warunkowy  $Y_{12}|Y_{12} + Y_{21} = n^*$  jest rozkładem dwumianowym  $\mathcal{B}(n^*, 1/2)$ .*

Dowód. Korzystając z tego, że rozkład wektora  $\mathbf{Y} = (Y_{11}, Y_{12}, Y_{21}, Y_{22})$  jest rozkładem wielomianowym  $\mathcal{M}_4(n, (p_{11}, p_{12}, p_{21}, p_{22}))$  oraz rozkład zmiennej losowej  $Y_{12} + Y_{21}$  jest rozkładem dwumianowym  $\mathcal{B}(n, p_{12} + p_{21})$  mamy

$$\begin{aligned} P(Y_{12} = y_{12} | Y_{12} + Y_{21} = n^*) &= \frac{P(Y_{12} = y_{12}, Y_{12} + Y_{21} = n^*)}{P(Y_{12} + Y_{21} = n^*)} \\ &= \frac{\frac{n!}{y_{12}!(n^* - y_{12})!(n - n^*)!} p_{12}^{y_{12}} p_{21}^{n^* - y_{12}} (1 - p_{12} - p_{21})^{n - n^*}}{\binom{n}{n^*} (p_{12} + p_{21})^{n^*} (1 - p_{12} - p_{21})^{n - n^*}}. \end{aligned}$$

Przy założeniu, że hipoteza  $H_0 : p_{12} = p_{21}$  jest prawdziwa

$$\begin{aligned} P(Y_{12} = y_{12} | Y_{12} + Y_{21} = n^*) &= \frac{n^*!}{y_{12}!(n^* - y_{12})!} \frac{p_{12}^{n^*} (1 - 2p_{12})^{n - n^*}}{(2p_{12})^{n^*} (1 - 2p_{12})^{n - n^*}} \\ &= \frac{n^*!}{y_{12}!(n^* - y_{12})!} \left(\frac{1}{2}\right)^{n^*}, \end{aligned}$$

co kończy dowód. □

Biorąc pod uwagę powyższe twierdzenie 1, wartość poziomu krytycznego definiuje się jako sumę prawdopodobieństw dwumianowych  $P(X = y)$  ( $X \sim \mathcal{B}(n^*, 1/2)$ ), gdzie  $y$  jest wartością co najmniej tak “odległą” od  $n^*/2$  jak zaobserwowana wartość  $y_{12}$ . Oznaczmy

$$y_L = \min\{y_{12}, n^* - y_{12}\}, \quad y_P = \max\{y_{12}, n^* - y_{12}\}.$$

Wówczas wartość  $p$  poziomu krytycznego możemy wyznaczyć ze wzoru

Wówczas wartość  $p$  poziomu krytycznego możemy wyznaczyć ze wzoru

$$p = \sum_{i=0}^{y_L} P(X = i) + \sum_{y_P}^{n^*} P(X = i),$$

gdzie  $X$  jest zmienną losową o rozkładzie dwumianowym  $\mathcal{B}(n^*, 1/2)$ .

### 1.3 Deklaracja funkcji

```
warunkowy_test_symetrii <- function(y12, n_gwiazdka) {  
  yL <- min(y12, n_gwiazdka - y12)  
  yP <- max(y12, n_gwiazdka - y12)  
  
  wartosc_krytyczna <- sum(sapply(0:yL, function(i) dbinom(i, n_gwiazdka, 0.5))) +  
    sum(sapply(yP:n_gwiazdka, function(i) dbinom(i, n_gwiazdka, 0.5)))  
  
  return(wartosc_krytyczna)  
}
```

## 2 Zadanie 2

### 2.1 Cel zadania

Celem zadania jest zweryfikowanie hipotezy, na poziomie istotności 0.05, że studenci byli tak samo przygotowani do obu kolokwium, zakładając, że poziom trudności zadań na obydwu kolokwium był taki sam.

Tablica 1: Dane do zadania 1.

Wynik z kolokwium 2	Wynik z kolokwium 1		Suma
	Negatywny	Pozytywny	
Negatywny	30	46	76
Pozytywny	24	36	60
Suma	54	82	136

Rysunek 1: Tabela z danymi do zadania

### 2.2 Wyniki

Używając zaimplementowanej funkcji w zadaniu 1, wyliczono wartość poziomu krytycznego w warunkowym teście symetrii.

```
dane <- matrix(c(30, 46, 24, 36), nrow = 2, byrow = TRUE)  
  
y12_zad2 <- dane[1,2]  
n_gwiazdka_zad2 <- dane[1,2] + dane[2,1]  
warunkowy_test_symetrii(y12_zad2, n_gwiazdka_zad2)
```

$p$  - wartość wyliczona na podstawie samodzielnie zaimplementowanej funkcji wynosi 0.01152641, co na poziomie istotności 0.05 daje podstawy do odrzucenia hipotezy o tym, że studenci byli tak samo przygotowani do obu kolokwium.

### 3 Zadanie 3

#### 3.1 Cel zadania

Celem zadania jest zweryfikowanie hipotezy, że leki są jednakowo skuteczne, na ustalonym poziomie istotności 0.05, używając do tego testu McNemary'ego oraz testu warunkowego zadeklarowanego w zadaniu 1.

Tablica 2: Dane do zadania 2.

Reakcja na lek B	Reakcja na lek A		Suma
	Negatywna	Pozytywna	
Negatywna	1	5	6
Pozytywna	2	4	6
Suma	3	9	12

Rysunek 2: Tabela z danymi do zadania

#### 3.2 Wyniki

Używając testu McNemary'ego wyliczono wartość poziomu krytycznego.

```
dane_mcnemar <- matrix(c(1, 5, 2, 4), nrow = 2, byrow = TRUE)
mcnemar.test(dane_mcnemar, y = NULL, correct = TRUE)
```

$p$  - wartość wyliczona na podstawie testu McNemary'ego wynosi 0.4497, co na poziomie istotności 0.05 nie daje podstaw do odrzucenia hipotezy o jednakowej skuteczności leków.

Używając zaimplementowanej funkcji w zadaniu 1, wyliczono wartość poziomu krytycznego w warunkowym teście symetrii.

```
dane <- matrix(c(1, 5, 2, 4), nrow = 2, byrow = TRUE)
y12_zad3 <- dane[1,2]
n_gwiazdka <- dane[1,2] + dane[2,1]
warunkowy_test_symetrii(y12_zad3, n_gwiazdka)
```

$p$  - wartość wyliczona na podstawie samodzielnie zaimplementowanej funkcji wynosi 0.453125, co na poziomie istotności 0.05 nie daje podstaw do odrzucenia hipotezy o jednakowej skuteczności leków.

Jak widać jest niewielka różnica w wielkości  $p$  - wartości dla obu tych testów, jednakże dla obydwu, na poziomie istotności 0.05, nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy o jednakowej skuteczności leków A i B, także to wskazuje na pewną zgodność w analizie podanych danych. Różnice w wynikach pomiędzy tymi testami mogą wynikać z różnic w założeniach jak i charakterystyce badania.

### 4 Zadanie 4.

#### 4.1 Cel zadania

Cel zadania polega na przeprowadzeniu symulacji, w celu porównania mocy testu  $Z$  i testu  $Z_0$  i sformułowaniu odpowiednich wniosków

## 4.2 Kody

```
Test_Z <- function(table) {
  n <- sum(table)
  D <- (table[1, 2] - table[2, 1]) / n
  p1_plus <- sum(table[1, ]) / n
  p_plus_1 <- sum(table[, 1]) / n
  p11 = table[1, 1] / n
  p12 = table[1, 2] / n
  p21 = table[2, 1] / n
  p22 = table[2, 2] / n
  sigma1_kwadrat_D <- (p1_plus * (1 - p1_plus) + p_plus_1 * (1 - p_plus_1) - 2 * (p11*p22-p12*p21)) / n
  Z <- D / sqrt(sigma1_kwadrat_D)
  p_wartosc_Z <- 2 * (1 - pnorm(abs(Z)))
  wyniki <- list(p_wartosc_Z = p_wartosc_Z, Z = Z)
  return(wyniki)
}

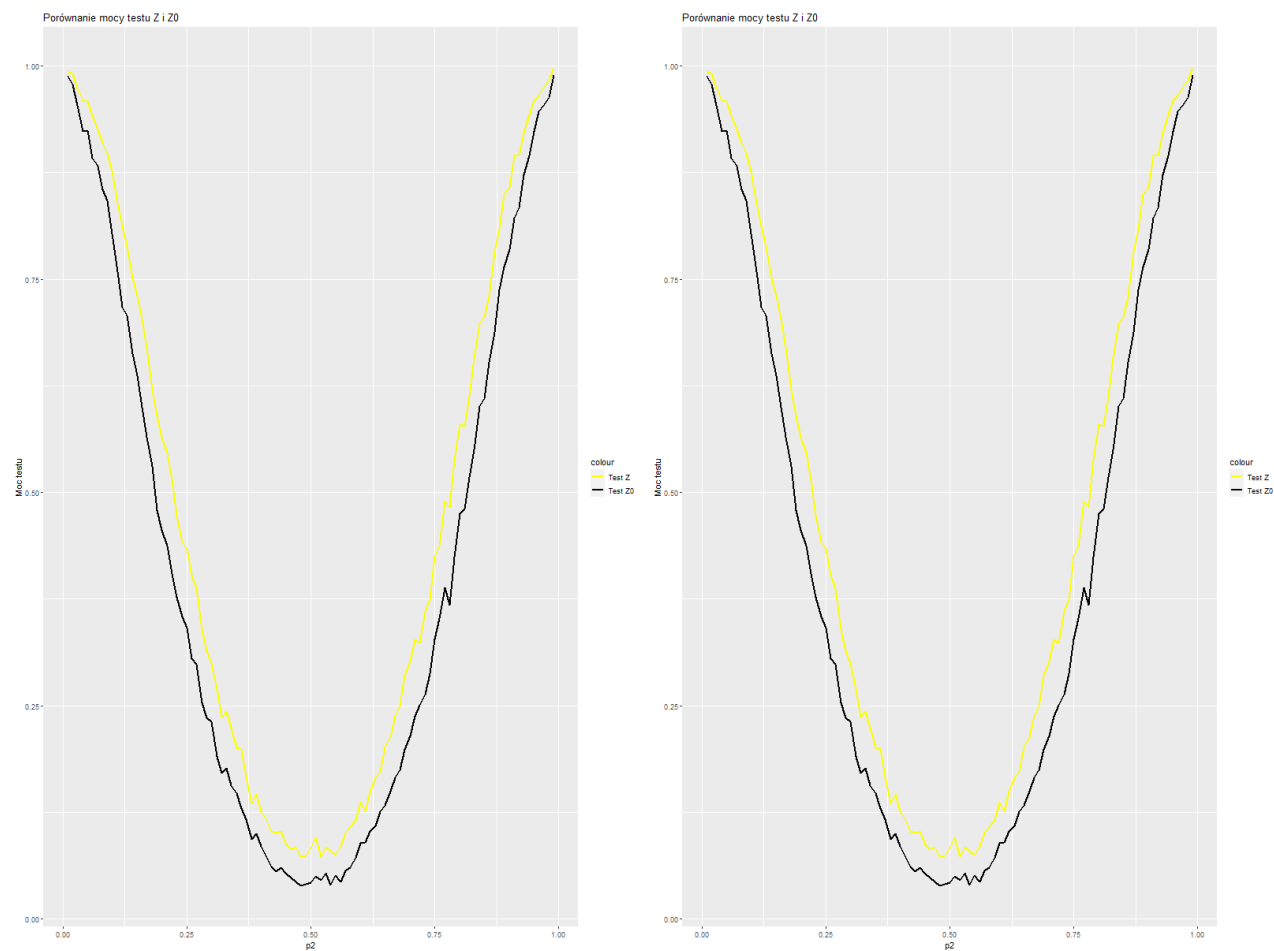
Test_Z0 <- function(table) {
  n <- sum(table)
  D <- (table[1, 2] / n) - (table[2, 1] / n)
  sigma1_kwadrat_D <- (table[1, 2] + table[2, 1]) / n^2
  Z0 <- D / sqrt(sigma1_kwadrat_D)
  p_wartosc_Z0 <- 2 * (1 - pnorm(abs(Z0)))
  wyniki <- list(p_wartosc_Z0 = p_wartosc_Z0, Z0 = Z0)
  return(wyniki)
}

run_tests <- function(p1, p2, n, M) {
  results <- data.frame(p2 = numeric(length(p2)), power_Z = numeric(length(p2)), power_Z0 = numeric(length(p2)))
  for (i in 1:length(p2)) {
    p_values_Z <- numeric(M)
    p_values_Z0 <- numeric(M)
    for (j in 1:M) {
      X <- sample(c(0, 1), n, replace = TRUE, prob = c(1 - p1, p1))
      Y <- sample(c(0, 1), n, replace = TRUE, prob = c(1 - p2[i], p2[i]))
      table <- table(factor(X, levels = c("0", "1")), factor(Y, levels = c("0", "1")))
      wyniki_Z <- Test_Z(table)
      wyniki_Z0 <- Test_Z0(table)
      p_values_Z[j] <- wyniki_Z$p_wartosc_Z
      p_values_Z0[j] <- wyniki_Z0$p_wartosc_Z0
    }
    results[i, ] <- c(p2[i], mean(p_values_Z < 0.05), mean(p_values_Z0 < 0.05))
  }
  return(results)
}

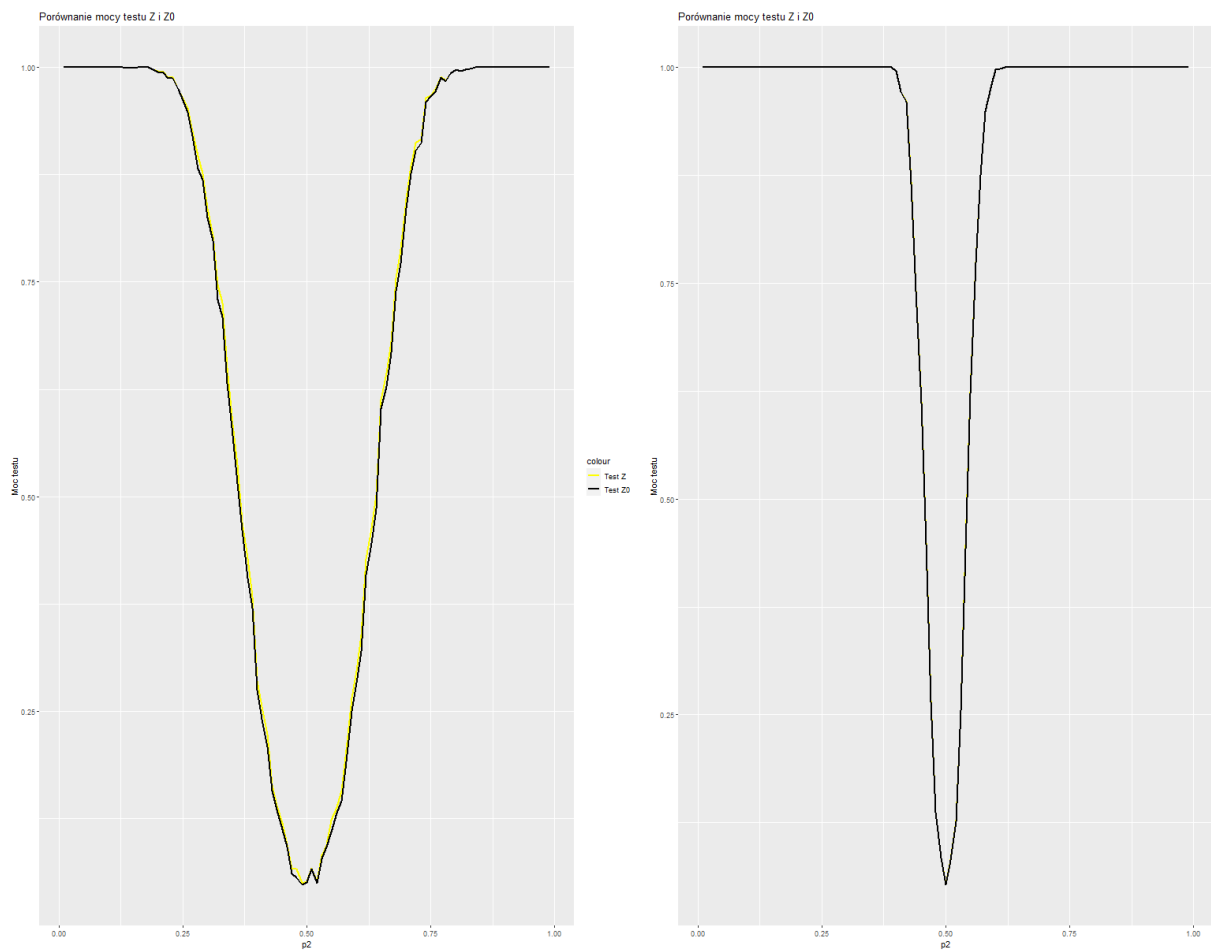
p1 <- 0.5
p2 <- seq(0.01, 0.99, by = 0.01)
n <- 100
M <- 1000
results1 <- run_tests(p1, p2, n, M)

library(ggplot2)
plot <- ggplot(results1, aes(x = p2)) +
  geom_line(aes(y = power_Z, color = "Test Z"), size = 1) +
  geom_line(aes(y = power_Z0, color = "Test Z0"), size = 1) +
  labs(x = "p2", y = "Moc testu") +
  scale_color_manual(values = c("Test Z" = "yellow", "Test Z0" = "black")) +
  ggtitle("Porównanie mocy testu Z i Z0")
print(plot)
```

### 4.3 Wykresy



Rysunek 3: Moc testów  $Z$  i  $Z_0$  dla  $n=20, 50$



Rysunek 4: Moc testów  $Z$  i  $Z_0$  dla  $n=100, 1000$

#### 4.4 Wnioski

Analizując powyższe wykresy możemy dojść do wniosku, że test  $Z$  ma większą moc, jednakże wraz ze wzrostem liczebności próby, różnica ta zanika.



## 5 Zadanie 5.

### 5.1 Cel zadania

Cel zadania polega na zastosowaniu testu Bowkera i testu IW w celu zweryfikowania hipotezy dotyczącej symetrii danych zawartych w tabeli 3. Dane te odnoszą się do oceny pracy rządu przez tę samą grupę respondentów w dwóch różnych okresach. Skala ocen jest zakodowana od  $-2$  do  $2$ , gdzie:

- $-2$  – zdecydowanie źle,
- $-1$  – raczej źle,
- $0$  – brak zdania,
- $1$  – raczej dobrze,
- $2$  – zdecydowanie dobrze.

Głównym celem jest sprawdzenie, czy rozkład odpowiedzi na to pytanie jest symetryczny w obu badanych okresach. Przy użyciu testu Bowkera i testu IW (z poziomem istotności  $\alpha = 0.05$ ) należy zbadać, czy istnieje istotna różnica między rozkładami odpowiedzi w obu okresach. Zwrócono także uwagę na problem z zastosowaniem testu Bowkera do danych.

### 5.2 Wyniki

W celu sprawdzenia hipotezy o symetrii danych wykonano dwa testy, działając na danych pochodzących z następującej tabeli:

Badanie 1 \ Badanie 2						Suma
	-2	-1	0	1	2	
-2	5	6	1	0	1	8
-1	2	3	4	10	2	13
0	1	2	5	15	5	17
1	0	2	5	18	3	48
2	0	0	2	5	2	13
Suma	13	21	28	28	9	99

Tabela 1: Tabela ocen w obu badaniach.

#### 5.2.1 Test Bowkera

Test Bowkera przeprowadzono za pomocą funkcji *mcnemar.test* - ponieważ macierz odpowiedzi nie jest wymiarów  $2 \times 2$ , wyniki tej funkcji odpowiadają wynikom z testu Bowkera.

```

oceny_bowker <- matrix(c(5, 2, 1, 0, 0,
                        6, 3, 2, 2, 0,
                        1, 4, 5, 5, 2,
                        0, 10, 15, 18, 5,
                        1, 2, 5, 3, 2),
                      nrow = 5,
                      dimnames = list("Badanie1" = c("-2", "-1", "0", "1", "2"),
                                       "Badanie2" = c("-2", "-1", "0", "1", "2")))

print(oceny_bowker)

result_bowker_true <- mcnemar.test(oceny_bowker, correct=TRUE)
print(result_bowker_true)

result_bowker_false <- mcnemar.test(oceny_bowker, correct=FALSE)
print(result_bowker_false)

```

Rysunek 5: Inicjalizacja kodu do wykonania testu.

```

> result_bowker_true <- mcnemar.test(oceny_bowker, correct=TRUE)
> print(result_bowker_true)

McNemar's Chi-squared test

data: oceny_bowker
McNemar's chi-squared = NaN, df = 10, p-value = NA

>
> result_bowker_false <- mcnemar.test(oceny_bowker, correct=FALSE)
> print(result_bowker_false)

McNemar's Chi-squared test

data: oceny_bowker
McNemar's chi-squared = NaN, df = 10, p-value = NA

```

Rysunek 6: Rezultaty testu.

Jak widać na powyższym zrzucie ekranu, funkcja nie zwraca p-wartości. Dzieje się tak, ponieważ w badanej tablicy wyników zera znajdują się w symetrycznych względem siebie komórkach - (1,4) i (4,1). W takim wypadku dane nie spełniają założeń testu, więc nie można określić p-wartości oraz decyzji o odrzuceniu albo przyjęciu hipotezy.

### 5.2.2 Test IW

Następnie skorzystano z testu ilorazu wiarygodności (IW).

```
library(gnm)

oceny <- c(5, 2, 1, 0, 0,
          6, 3, 2, 2, 0,
          1, 4, 5, 5, 2,
          0, 10, 15, 18, 5,
          1, 2, 5, 3, 2)
bad1<-gl(5,5,labels=c("-2", "-1", "0", "1", "2"))
bad2<-gl(5,1,labels=c("-2", "-1", "0", "1", "2"))
DaneP1 <- data.frame(bad1,bad2,oceny)
DaneP1

symmetry <- glm(oceny ~ Symm(bad1, bad2), data=DaneP1, family = poisson)
summary(symmetry)

x = symmetry$deviance
x

#liczba stopni swobody
r = 10
p = 1-pchisq(x,r)
p
```

Rysunek 7: Kod potrzebny do wykonania testu.

```
Call:
glm(formula = oceny ~ Symm(bad1, bad2), family = poisson, data = DaneP1)

Coefficients:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    1.609e+00  4.472e-01   3.599  0.00032 ***
Symm(bad1, bad2)-2:-1 -2.231e-01  5.701e-01  -0.391  0.69549
Symm(bad1, bad2)-2:0  -1.609e+00  8.367e-01  -1.924  0.05440 .
Symm(bad1, bad2)-2:1  -1.991e+01  4.043e+03  -0.005  0.99607
Symm(bad1, bad2)-2:2  -2.303e+00  1.095e+00  -2.102  0.03556 *
Symm(bad1, bad2)-1:-1 -5.108e-01  7.303e-01  -0.699  0.48425
Symm(bad1, bad2)-1:0  -5.108e-01  6.055e-01  -0.844  0.39889
Symm(bad1, bad2)-1:1   1.823e-01  5.323e-01   0.343  0.73196
Symm(bad1, bad2)-1:2  -1.609e+00  8.367e-01  -1.924  0.05440 .
Symm(bad1, bad2)0:0   -1.059e-15  6.325e-01   0.000  1.00000
Symm(bad1, bad2)0:1    6.931e-01  5.000e-01   1.386  0.16566
Symm(bad1, bad2)0:2   -3.567e-01  5.855e-01  -0.609  0.54243
Symm(bad1, bad2)1:1    1.281e+00  5.055e-01   2.534  0.01128 *
Symm(bad1, bad2)1:2   -2.231e-01  5.701e-01  -0.391  0.69549
Symm(bad1, bad2)2:2   -9.163e-01  8.367e-01  -1.095  0.27344
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 101.73  on 24  degrees of freedom
Residual deviance:  19.82  on 10  degrees of freedom
AIC: 115.26

Number of Fisher Scoring iterations: 16

>
> x = symmetry$deviance
> x
[1] 19.81965
>
> #liczba stopni swobody
> r = 10
> p = 1-pchisq(x,r)
> p
[1] 0.03100543
```

Rysunek 8: Rezultaty testu.

Tym razem test zwrócił p-wartość = 0.03100543 mniejszą od ustalonego poziomu istotności  $\alpha = 0.05$ , zatem istnieją podstawy do odrzucenia hipotezy zerowej o symetrii danych.

## 6 Zadanie 6

### 6.1 Cel zadania

Zbadać hipotezę, że ocena prac rządu w dwóch badanych okresach w badanej populacji nie uległa zmianie.

### 6.2 Analiza

Korzystając z informacji z Zadania 5., przeanalizowano jednorodność rozkładów brzegowych.

Ponownie skorzystano z własności tablic o wymiarach większych niż 2x2: odrzucenie hipotezy o symetrii nie oznacza, że na danym poziomie istotności można odrzucić hipotezę o jednorodności rozkładów brzegowych.

Zbadano zatem najpierw quasi-symetrię.

```
quasi.symm <- glm(oceny ~ bad1+bad2 + Symm(bad1,bad2),data=DaneP1, family =poisson)
summary(quasi.symm)

x=quasi.symm$deviance
x

#Liczba stopni swobody
r=6
p=1-pchisq(x,r)
p
```

Rysunek 9: Kod potrzebny do wykonania programu.

```

Coefficients: (4 not defined because of singularities)
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)    1.609e+00  4.472e-01   3.599  0.00032 ***
bad1-1         -9.896e-01  9.272e-01  -1.067  0.28584
bad10          6.561e-01  7.220e-01   0.909  0.36348
bad11          1.477e+00  6.891e-01   2.143  0.03209 *
bad12          6.601e-01  6.236e-01   1.058  0.28983
bad2-1         -1.790e+00  9.077e-01  -1.972  0.04864 *
bad20          -6.585e-01  6.981e-01  -0.943  0.34549
bad21          -1.025e+00  6.969e-01  -1.470  0.14150
bad22          -1.576e+00  6.236e-01  -2.528  0.01148 *
Symm(bad1, bad2)-2:-1  1.089e+00  9.331e-01   1.167  0.24339
Symm(bad1, bad2)-2:0  -1.810e+00  9.486e-01  -1.908  0.05634 .
Symm(bad1, bad2)-2:1  -2.222e+01  8.316e+03  -0.003  0.99787
Symm(bad1, bad2)-2:2  -2.371e+00  1.146e+00  -2.068  0.03862 *
Symm(bad1, bad2)-1:-1  2.269e+00  1.738e+00   1.305  0.19174
Symm(bad1, bad2)-1:0   8.473e-01  1.181e+00   0.717  0.47312
Symm(bad1, bad2)-1:1   1.021e+00  1.108e+00   0.921  0.35703
Symm(bad1, bad2)-1:2           NA           NA           NA           NA
Symm(bad1, bad2)0:0    2.381e-03  1.154e+00   0.002  0.99835
Symm(bad1, bad2)0:1    3.014e-01  9.090e-01   0.332  0.74019
Symm(bad1, bad2)0:2           NA           NA           NA           NA
Symm(bad1, bad2)1:1    8.285e-01  1.030e+00   0.804  0.42119
Symm(bad1, bad2)1:2           NA           NA           NA           NA
Symm(bad1, bad2)2:2           NA           NA           NA           NA
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

    Null deviance: 101.733  on 24  degrees of freedom
Residual deviance:   2.206  on  6  degrees of freedom
AIC: 105.65

Number of Fisher Scoring iterations: 18

>
>
> x=quasi.symm$deviance
> x
[1] 2.206043
>
> #Liczba stopni swobody
> r=6
> p=1-pchisq(x,r)
> p
[1] 0.899807

```

Rysunek 10: Rezultaty badania quasi-symetrii.

Korzystając z testu IW na poziomie istotności  $\alpha = 0.05$ , nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy o quasi-symetrii. p-wartość wyniosła 0.899807.

Ponieważ nie została odrzucona hipoteza o quasi-symetrii, brzegową jednorodność sprawdzono testując symetrię pod warunkiem zachodzenia quasi-symetrii. Skorzystano z funkcji *anova*.

```

comparison <- anova(symmetry, quasi.symm)
comparison

p=1-pchisq(17.614, 4)
p

```

Rysunek 11: Kod testujący brzegową jednorodność.

```

Analysis of Deviance Table

Model 1: oceny ~ Symm(bad1, bad2)
Model 2: oceny ~ bad1 + bad2 + Symm(bad1, bad2)
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance
1         10      19.820
2          6       2.206  4    17.614
>
>
> p=1-pchisq(17.614, 4)
> p
[1] 0.001467928

```

Rysunek 12: Wyniki testu.

Funkcja zwróciła p-wartość jako 0.001467928. Przy poziomie istotności  $\alpha = 0.05$  należy zatem odrzucić hipotezę o jednorodności rozkładów brzegowych. Można z tego wywnioskować, że ocena prac rządu w dwóch badanych okresach uległa zmianie.

## 7 Zadanie 7.

### 7.1 Cel zadania

Cel zadania polega na sprawdzeniu, czy dane w pliku Ankieta.csv mogą świadczyć o występowaniu paradoksu Simpsona. Paradoks Simpsona występuje, gdy trend obserwowany w różnych grupach danych odwraca się, gdy te grupy są łączone. Innymi słowy, trend w danych z podziałem na grupy jest przeciwny do trendu w danych zbiorczych.

### 7.2 Kody

```

data <- read.csv2(file = "Ankieta.csv", header = TRUE)

data$PIES <- as.factor(data$PIES)
data$BIEGANIE <- as.factor(data$BIEGANIE)
data$SEN <- as.factor(data$SEN)

levels(data$PIES) <- c("nie", "tak")
levels(data$BIEGANIE) <- c("nie", "tak")
levels(data$SEN) <- c("zły", "dobry")

dog_sleep_table <- table(data$SEN, data$PIES)

dog_sleep_running <- table(data$SEN, data$PIES, data$BIEGANIE == "tak")
dog_sleep_notrunning <- table(data$SEN, data$PIES, data$BIEGANIE == "nie")

dog_sleep_probab <- dog_sleep_table[2, 2] / sum(dog_sleep_table[, 2])
dogless_sleep_probab <- dog_sleep_table[2, 1] / sum(dog_sleep_table[, 1])

dog_sleep_running_probab <- dog_sleep_running[2, 2, 2] / sum(dog_sleep_running[, 2, 2])
dogless_sleep_running_probab <- dog_sleep_running[2, 1, 2] / sum(dog_sleep_running[, 1, 2])

dog_sleep_notrunning_probab <- dog_sleep_notrunning[2, 2, 2] / sum(dog_sleep_notrunning[, 2, 2])
dogless_sleep_notrunning_probab <- dog_sleep_notrunning[2, 1, 2] / sum(dog_sleep_notrunning[, 1, 2])

```

```

cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem:", dog_sleep_probab, "\n")
cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa:", dogless_sleep_probab, "\n")

cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem (bieganie):", dog_sleep_running_probab, "\n")
cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa (bieganie):", dogless_sleep_running_probab, "\n")

cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem (niebieganie):", dog_sleep_notrunning_probab, "\n")
cat("Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa (niebieganie):", dogless_sleep_notrunning_probab, "\n")

# Test proporcji dla grupy z psem i grupy bez psa
test_prop <- prop.test(c(dog_sleep_table[2, 2], dog_sleep_table[2, 1]),
                      c(sum(dog_sleep_table[, 2]), sum(dog_sleep_table[, 1]))), alternative = "greater")
cat("wynik testu proporcji dla grupy z psem i grupy bez psa:", test_prop$p.value, "\n")

# Test proporcji dla grupy z psem i biegających oraz grupy bez psa i biegających
test_prop_bieganie <- prop.test(c(dog_sleep_running[2, 2], dog_sleep_running[2, 1, 2]),
                              c(sum(dog_sleep_running[, 2, 2]), sum(dog_sleep_running[, 1, 2])), alternative = "greater")
cat("wynik testu proporcji dla grupy z psem i biegających oraz grupy bez psa i biegających:", test_prop_bieganie$p.value, "\n")

# Test proporcji dla grupy z psem i niebiegających oraz grupy bez psa i niebiegających
test_prop_niebieganie <- prop.test(c(dog_sleep_notrunning[2, 2, 2],
                                   dog_sleep_notrunning[2, 1, 2]), c(sum(dog_sleep_notrunning[, 2, 2]),
                                   sum(dog_sleep_notrunning[, 1, 2])), alternative = "greater")
cat("wynik testu proporcji dla grupy z psem i niebiegających oraz grupy bez psa i niebiegających:", test_prop_niebieganie$p.value, "\n")

```

## 7.3 Wyniki

```

Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem: 0.826087
Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa: 0.5882353
Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem (bieganie): 0.875
Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa (bieganie): 0.8333333
Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie z psem (niebieganie): 0.875
Prawdopodobieństwo dobrego snu w grupie bez psa (niebieganie): 0.4545455
Wynik testu proporcji dla grupy z psem i grupy bez psa: 0.09555855
Wynik testu proporcji dla grupy z psem i biegających oraz grupy bez psa i biegających: 0.5
Wynik testu proporcji dla grupy z psem i niebiegających oraz grupy bez psa i niebiegających: 0.2760492

```

Rysunek 13: Wyniki wykonanych testów.

Wynik testu proporcji dla grupy z psem i grupy bez psa wynosi 0.09555855, więc hipotezę zerową należy odrzucić, co oznacza znaczącą różnicę w prawdopodobieństwie dobrego snu między grupą z psem, a grupą bez psa.

Wynik testu proporcji dla grupy z psem i biegających oraz grupy bez psa i biegających wynosi 0.5, więc nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej dla osób biegających, co oznacza brak istotnej różnicy w prawdopodobieństwie dobrego snu między grupą z psem a grupą bez psa.

Wynik testu proporcji dla grupy z psem i niebiegających oraz grupy bez psa i niebiegających wynosi 0.2760492, więc nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej dla osób niebiegających, co oznacza brak istotnej różnicy w prawdopodobieństwie dobrego snu między grupą z psem, a grupą bez psa.

## 7.4 Wnioski

Badając całokształt badanej grupy, osoby z psem mają większe prawdopodobieństwo na dobry sen (0.826087), niż osoby bez psa (0.5882353).

Patrząc na wyniki z podziałem na osoby biegające i niebiegające można zauważyć brak znaczących różnic w prawdopodobieństwie dobrego snu w zależności ze względu na posiadanie lub brak psa (wartości testu proporcji odpowiednio 0.5 i 0.2760492). Jednakże wartość testu proporcji dla całej grupy wynosi 0.09555855, co na

poziomie istotności wynoszącym 0.1 może świadczyć o znaczącej różnicy w prawdopodobieństwie dobrego snu między grupą z psem, a grupą bez psa.

Mamy w takim razie do czynienia z paradoksem Simpsona, biorąc pod uwagę zmianę w analizowanym trendzie między całą badaną grupą, a jej podziałem na mniejsze grupy.