

Analiza danych z przykładu 1. z wykładu 11.

Dane zapisujemy w postaci macierzy.

```
> P1=matrix(c(12,5,0,32,40,26,10,21,54),
+           nrow = 3,
+           dimnames = list("Badanie1" = c("Slaba", "Średnia", "Bardzo dobra"),
+                           "Badanie2" = c("Slaba", "Średnia", "Bardzo dobra")))
> P1
```

	Badanie2		
Badanie1	Slaba	Średnia	Bardzo dobra
Slaba	12	32	10
Średnia	5	40	21
Bardzo dobra	0	26	54

1 Testowanie symetrii

Naszym zadaniem jest weryfikacja hipotezy, że dane w tabeli 3×3 podlegają modelowi symetrii. Możemy skorzystać z testu Bowkera. Test Bowkera przeprowadzimy przy użyciu funkcji *mcnemar.test* (wartość funkcji odpowiada testowi Bowkera, jeżeli tylko macierz nie jest 2×2). Przy użyciu funkcji *mcnemar.test* możemy uzyskać wyłącznie wartość poziomu krytycznego w teście Bowkera bez poprawki na ciągłość. Można sprawdzić, że wpisanie w opcjach *correct=FALSE* lub *correct=TRUE* nie powoduje zmiany zarówno wartości statystyki, jak i wartości p.

```
> mcnemar.test(P1,correct=FALSE)
```

McNemar's Chi-squared test

data: P1

McNemar's chi-squared = 30.235, df = 3, p-value = 1.232e-06

```
> mcnemar.test(P1,correct=TRUE)
```

McNemar's Chi-squared test

data: P1

McNemar's chi-squared = 30.235, df = 3, p-value = 1.232e-06

Wniosek. Korzystając z testu Bowkera, na poziomie istotności 0.05, weryfikowaną hipotezę o symetrii należy odrzucić. Wartość poziomu krytycznego w tym teście wynosi

```
> mcnemar.test(P1)$p.value
```

```
[1] 1.231798e-06
```

Hipotezę zerową, że dane podlegają modelowi symetrii możemy również zweryfikować korzystając z testu ilorazu wiarygodności, zaimplementowanego w funkcji *glm* biblioteki *gnm*. Dane należy przedstawić jako ramkę danych (nie macierz).

```
> count <- c(12,32,10,5,40,21,0,26,54)
> Badanie1<-gl(3,3,labels=c("Slaba", "Średnia", "Bardzo dobra"))
> Badanie2<-gl(3,1,labels=c("Slaba", "Średnia", "Bardzo dobra"))
> DaneP1 <- data.frame(Badanie1,Badanie2,count)
> DaneP1
```

	Badanie1	Badanie2	count
1	Slaba	Slaba	12
2	Slaba	Średnia	32
3	Slaba	Bardzo dobra	10
4	Średnia	Slaba	5
5	Średnia	Średnia	40
6	Średnia	Bardzo dobra	21
7	Bardzo dobra	Slaba	0
8	Bardzo dobra	Średnia	26
9	Bardzo dobra	Bardzo dobra	54

```
> library(gnm)
> symmetry <- glm(count ~ Symm(Badanie1, Badanie2), data=DaneP1, family = poisson)
> summary(symmetry)
```

Call:

```
glm(formula = count ~ Symm(Badanie1, Badanie2), family = poisson,
     data = DaneP1)
```

Deviance Residuals:

1	2	3	4	5	6	7	8
0.0000	2.8407	1.9654	-3.7305	0.0000	-0.5253	-3.1623	0.5069
9							
0.0000							

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value
(Intercept)	2.4849	0.2887	8.608
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Średnia	0.4329	0.3322	1.303
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Bardzo dobra	-0.8755	0.4282	-2.045
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Średnia	1.2040	0.3291	3.658
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Bardzo dobra	0.6721	0.3234	2.078
Symm(Badanie1, Badanie2)Bardzo dobra:Bardzo dobra	1.5041	0.3191	4.713

	Pr(> z)
(Intercept)	< 2e-16 ***
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Średnia	0.192574
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Bardzo dobra	0.040884 *
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Średnia	0.000254 ***
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Bardzo dobra	0.037710 *
Symm(Badanie1, Badanie2)Bardzo dobra:Bardzo dobra	2.44e-06 ***

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

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 126.365 on 8 degrees of freedom
 Residual deviance: 36.382 on 3 degrees of freedom
 AIC: 87.019

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
> x=symmetry$deviance
> x
```

```
[1] 36.38231
```

```
> #Liczba stopni swobody
> r=3
> p=1-pchisq(x,r)
> p
```



```
[1] 6.216513e-08
```

Korzystając z testu ilorazu wiarygodności (IW), na poziomie istotności 0.05, hipotezę o symetrii należy odrzucić. Wartość poziomu krytycznego w tym teście wynosi 6.216513e-08. Jest ona inna niż w teście Bowkera, bo w teście Bowkera statystyka testowa jest inna niż w teście IW.

2 Testowanie quasi-symetrii

Hipotezę zerową, że dane podlegają modelowi quasi symetrii możemy również zweryfikować, korzystając z funkcji *glm* biblioteki *gnm*.

```
> quasi.symm <- glm(count ~ Badanie1+Badanie2 + Symm(Badanie1,Badanie2),data=DaneP1, family =poisson)
> summary(quasi.symm)
```

Call:

```
glm(formula = count ~ Badanie1 + Badanie2 + Symm(Badanie1, Badanie2),
     family = poisson, data = DaneP1)
```

Deviance Residuals:

```
      1      2      3      4      5      6      7      8
0.0000 -0.2013  0.3793  0.5611  0.0000 -0.2469 -1.5179  0.2293
      9
0.0000
```

Coefficients: (2 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	z value
(Intercept)	2.48491	0.28868	8.608
Badanie1Średnia	-1.15837	0.32301	-3.586
Badanie1Bardzo dobra	-0.26731	0.30552	-0.875
Badanie2Średnia	0.99518	0.32138	3.097
Badanie2Bardzo dobra	1.77139	0.30552	5.798
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Średnia	0.02102	0.33042	0.064
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Bardzo dobra	-2.07610	0.40702	-5.101
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Średnia	1.36716	0.35901	3.808
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Bardzo dobra	NA	NA	NA
Symm(Badanie1, Badanie2)Bardzo dobra:Bardzo dobra	NA	NA	NA

	Pr(> z)
(Intercept)	< 2e-16 ***
Badanie1Średnia	0.000336 ***
Badanie1Bardzo dobra	0.381613
Badanie2Średnia	0.001958 **
Badanie2Bardzo dobra	6.71e-09 ***
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Średnia	0.949287
Symm(Badanie1, Badanie2)Slaba:Bardzo dobra	3.38e-07 ***
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Średnia	0.000140 ***
Symm(Badanie1, Badanie2)Średnia:Bardzo dobra	NA
Symm(Badanie1, Badanie2)Bardzo dobra:Bardzo dobra	NA

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

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

```
Null deviance: 126.3654 on 8 degrees of freedom
Residual deviance: 2.9168 on 1 degrees of freedom
AIC: 57.554
```

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```
> x=quasi.symm$deviance
> x
```

```
[1] 2.916778
```

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

```
[1] 0.08766273
```

Korzystając z testu ilorazu wiarygodności (IW), na poziomie istotności 0.05, nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy o quasi-symetrii. Wartość poziomu krytycznego w tym teście wynosi 0.08766273.

3 Testowanie quasi-niezależności

Hipotezę zerową, że dane podlegają modelowi quasi niezależności możemy również zweryfikować, korzystając z funkcji *glm* biblioteki *gmn*.

```
> quasi.indep <- glm(count ~ Badanie1 + Badanie2 + Diag(Badanie1, Badanie2), data=DaneP1, family = poisson)
> summary(quasi.indep)
```

Call:

```
glm(formula = count ~ Badanie1 + Badanie2 + Diag(Badanie1, Badanie2),
     family = poisson, data = DaneP1)
```

Deviance Residuals:

```
      1      2      3      4      5      6      7      8
0.0000 -0.2013  0.3793  0.5611  0.0000 -0.2469 -1.5179  0.2293
      9
0.0000
```

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	0.4298	0.5378	0.799	0.424149
Badanie1Średnia	0.9177	0.3738	2.455	0.014081 *
Badanie1Bardzo dobra	-0.2883	0.2584	-1.116	0.264445
Badanie2Średnia	3.0713	0.5478	5.606	2.07e-08 ***
Badanie2Bardzo dobra	1.7504	0.4862	3.600	0.000318 ***
Diag(Badanie1, Badanie2)Slaba	2.0551	0.6104	3.367	0.000760 ***
Diag(Badanie1, Badanie2)Średnia	-0.7300	0.4326	-1.687	0.091564 .
Diag(Badanie1, Badanie2)Bardzo dobra	2.0971	0.4209	4.983	6.27e-07 ***

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

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

```

Null deviance: 126.3654 on 8 degrees of freedom
Residual deviance: 2.9168 on 1 degrees of freedom
AIC: 57.554

```

```

Number of Fisher Scoring iterations: 5

```

```

> x=quasi.indep$deviance
> x

```

```

[1] 2.916778

```

```

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

```

```

[1] 0.08766273

```

Korzystając z testu ilorazu wiarygodności (IW), na poziomie istotności 0.05, nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy o quasi-niezależności. Wartość poziomu krytycznego w tym teście wynosi 0.08766273. Wniosek i wartość poziomu krytycznego w przypadku weryfikacji hipotezy o quasi-niezależności jest taki sam jak w przypadku weryfikacji hipotezy o quasi-symetrii. Takiego wyniku oczekiwałam, bo w przypadku $I = 3$ quasi-symetria jest równoważna quasi-niezależności.

4 Testowanie brzegowej jednorodności

W przypadku, gdy zachodzi quasi-symetria, testowanie brzegowej jednorodności sprowadza się do testowania symetrii, pod warunkiem, że zachodzi quasi-symetria. Powyższą hipotezę można weryfikować korzystając z testu IW, zaimplementowanego w funkcji *anova*.

```

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

```

```

Analysis of Deviance Table

```

```

Model 1: count ~ Symm(Badanie1, Badanie2)
Model 2: count ~ Badanie1 + Badanie2 + Symm(Badanie1, Badanie2)
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance
1         3    36.382
2         1     2.917  2    33.466

```

```

> p=1-pchisq(33.466,2)
> p

```

```

[1] 5.406926e-08

```

Korzystając z testu IW, na poziomie istotności 0.05, należy odrzucić hipotezę o symetrii, pod warunkiem, że zachodzi quasi-symetria. Wartość poziomu krytycznego w tym teście wynosi 5.406926e-08. Zatem, na poziomie istotności 0.05, należy odrzucić hipotezę o jednorodności rozkładów brzegowych.