Raport nr 3

Natalia Iwańska 262270, Klaudia Janicka 262268

2023-07-02

Zadanie 1

Table 1: Tablica dwudzielcza dla zmniennych A1 i A2.

	-2	-2	0	1	2	Sum
	10	2	1	1	0	14
	0	15	1	1	0	17
	1	1	32	6	0	40
	0	0	1	96	3	100
	1	1	0	1	26	29
Sum	12	19	35	105	29	200

Test McNemary

Nie możemy skorzystać z testu McNemary, ponieważ w tablicy na odpowiadających sobie miejscach (Y_{ij} i Y_{ji}) występują zera, co "psuje" nam statystykę testową (wynika to wprost z jej definicji).

Test bazujący na ilorazie wiarogodności

Korzystając z testu bazującego na ilorazie wiarogodności na poziomie istotności $\alpha = 0.05$ otrzymana p-wartość wyniosła 0.2059752. Zatem weryfikowaną hipotezę o symetrii, która jest równoważna hipotezie o brzegowej jednorodności należy odrzucić.

Zadanie 2

Table 2: Tablica dwudzielcza dla zmniennych W1 i W2.

	-2	-1	1	2	Sum
	74	0	0	0	74
	0	19	1	0	20
	0	0	1	1	2
	0	0	0	104	104
Sum	74	19	2	105	200

Test McNemary

Podobnie jak w poprzednim zadaniu nie możemy skorzystać z testu McNemary, ponieważ w tablicy na odpowiadających sobie miejscach (Y_{ij} i Y_{ji}) występują zera, co "psuje" nam statystykę testową (wynika to wprost z jej definicji).

Test bazujący na ilorazie wiarogodności

Korzystając z testu bazującego na ilorazie wiarogodności na poziomie istotności $\alpha = 0.05$ otrzymana p-wartość wyniosła 0.8368001. Zatem nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej o symetrii, która jest równoważna hipotezie o brzegowej jednorodności.

Zadanie 3

```
##     W2  -1   1
## W1
## -1      93   1
## 1        0 106
```

```
#TEST Z
test_z <- function(tabela){
  n <- sum(rowSums(tabela))
  P <- tabela/n
  r <- rowSums(P)
  c <- colSums(P)
  D <- r[1] - c[1]
  sigma2_D <- (r[1]*(1-r[1])+c[1]*(1-c[1])-2*(P[1,1]*P[2,2]-P[1,2]*P[2,1]))/n
  Z <- D/sqrt(sigma2_D)
  p <- 2*(1 - pnorm(abs(Z)))
  return(p)
}

#TEST Z0
test_z0 <- function(tabela){
  n <- sum(rowSums(tabela))
  P <- tabela/n
  r <- rowSums(P)
  c <- colSums(P)
  D <- r[1] - c[1]
  sigma2_D0 <- (tabela[1,2]+tabela[2,1])/n^2
  Z_0 <- D/sqrt(sigma2_D0)
  p <- 2*(1 - pnorm(abs(Z_0)))
  return(p)
}
```

test	p-value
Test Z	0.3160976
Test Z0	0.3173105
McNemar test z poprawką na ciągłość	1.0000000
McNemar test bez poprawki	0.3173105

Na podstawie otrzymanych p-wartości testów przeprowadzonych na poziomie istotności $\alpha = 0.05$ stwierdzamy, że nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej o symetrii, która jest równoważna hipotezie o brzegowej jednorodności.

Zadanie 4

```
moc <- function(n, test){
  MC <- 1000
```

```
  p2 <- seq(0.01,0.99,0.01)
  p1 <- 0.5
  m <- length(p2)
  res <- rep(NA, m)
  for (i in 1:m){
    counter <- 0
    for (j in 1:MC){
    X <- factor(sample(c("1","0"), n, replace=TRUE, prob = c(p1,1-p1)), levels = 0:1)
    Y <- factor(sample(c("1","0"), n, replace=TRUE, prob = c(p2[i],1-p2[i])), levels=0:1)
    tab <- ftable(X,Y)
    if (test(tab) < 0.05){
      counter <- counter+1
      }
    }
    res[i] <- counter/MC
  }
return(data.frame( 'prob' = p2, 'results' = res))
}
```

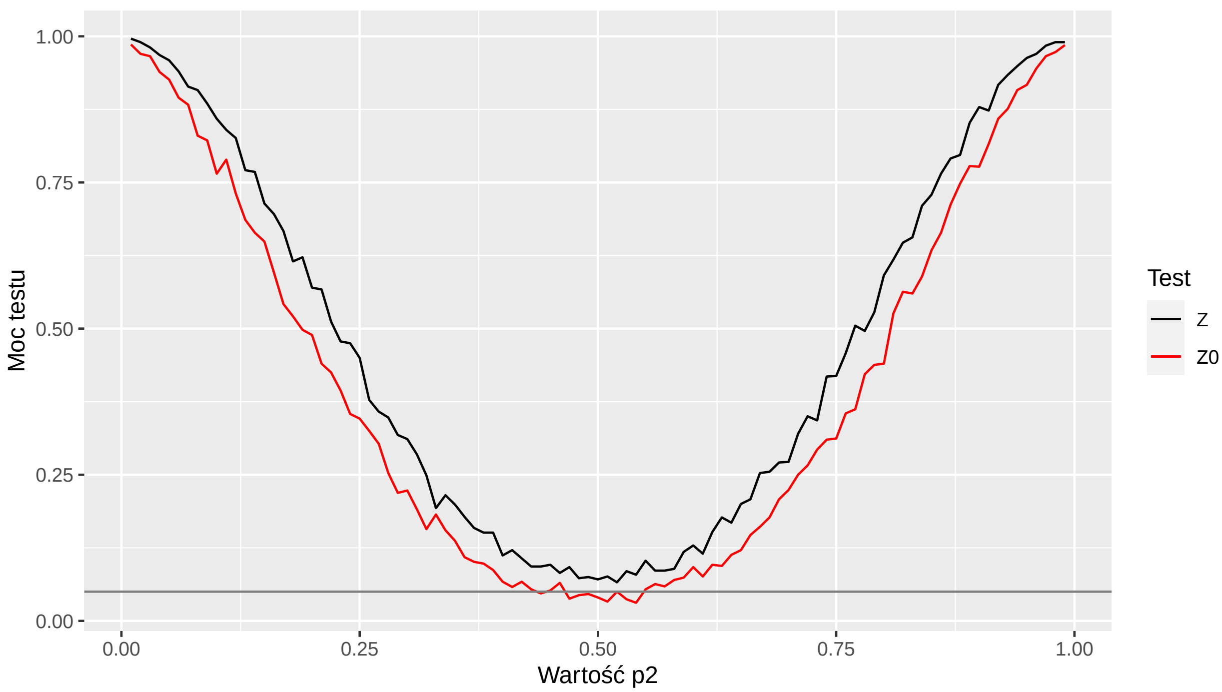


Figure 1: Wykres funkcji mocy testu Z i Z_0 dla $n = 20$

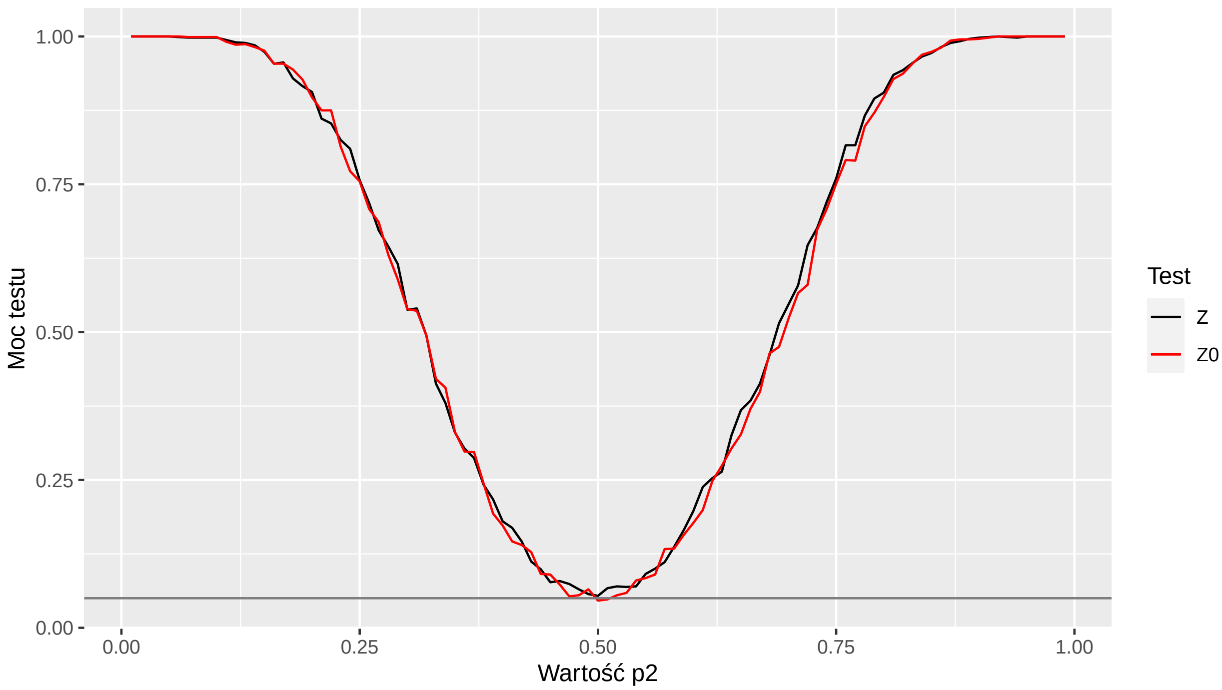


Figure 2: Wykres funkcji mocy testu Z i Z_0 dla $n = 50$

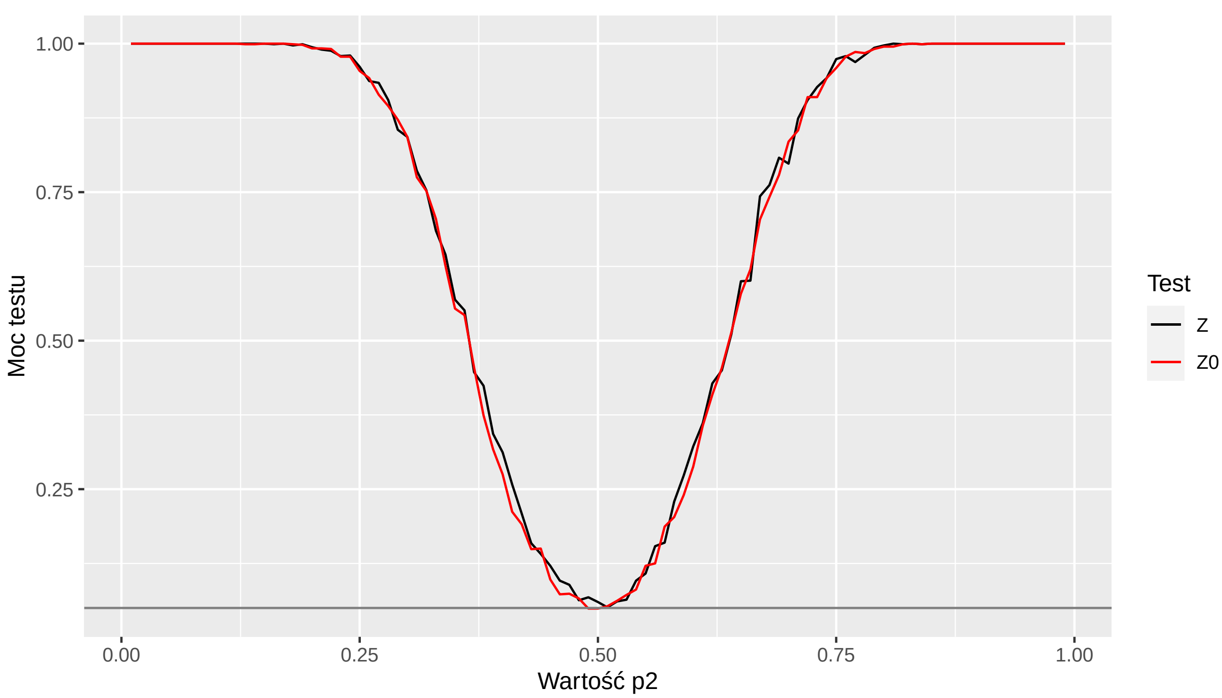
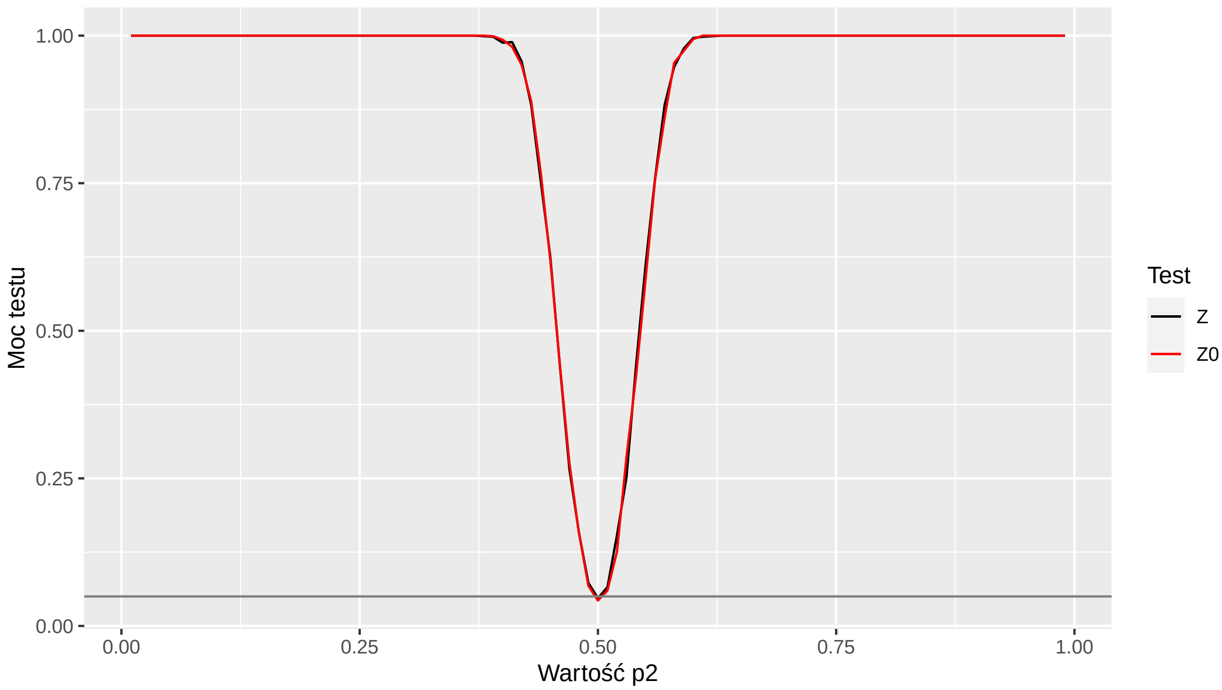


Figure 3: Wykres funkcji mocy testu Z i Z_0 dla $n = 100$



* Wnioski

Na wykresach powyżej przedstawiliśmy moce testów Z i Z_0 dla $n \in \{20, 50, 100, 1000\}$, na podstawie symulacji Monte Carlo. Szarą linią na wykresach oznaczono poziom istotności $\alpha = 0.05$. Funkcja mocy testu powinna przechodzić przez wartość poziomu istotności w puncie $p_2 = 0.5$, ponieważ jest to miejsce, w którym oba prawdopodobieństwa są takie same, a wtedy hipoteza zerowa powinna być przyjmowana z prawdopodobieństwem $1 - \alpha$. Dla $n = 20$ funkcja mocy dla testu Z jest lekko powyżej oczekiwanej wartości, ale wraz ze zwiększaniem się n, funkcja coraz bardziej zbliża się do pożądanej wartości. Można na tej podstawie wyciągnąć wniosek, że test Z jest testem asymptotycznie nieobciążonym. Dla testu Z_0 sytuacja jest podobna, jednak wartość funkcji mocy dla najmniejszego rozważanego n, dla $p_2 = 0.5$ jest trochę mniejsza niż założony poziom istotności α, ale znów, ze wzrostem wartości n, zbliża się ona do poziomu istotności, więc podobnie jak przy teście Z, można wyciągnąć wniosek, że test Z_0 jest testem asymptotycznie nieobciążonym. Natomiast obciążoność obydwu testów dla małych n nie jest duża. Dla zwiększających się wartości n widzimy, że wartości funkcji mocy są większe, dla $p_2 \neq 0.5$. Było to do przewidzenia, ponieważ wraz ze wzrastającą liczbą prób (ankietowanych), test powinien być częściej odrzucany dla $p_1 \neq p_2$, bo moc testu rośnie.

Zadanie 5

Przyjmujemy za zmienną 1 zmienną S (zajmowane stanowisko), za zmienną 2 – zmienną $W1$ (zadowolenie z wynagrodzenia w pierwszym badanym okresie) i za zmienną 3 – zmienną Wyk.

- [1 3] zmienne „S'' i „Wyk'' mają dowolne rozkłady oraz zmienne te są niezależne, a zmienna „W1'' ma rozkład równomierny

```
model_a <- glm(Freq ~ S + Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_a <- 1-pchisq(deviance(model_a), df = df.residual(model_a))
cbind(model_a$data, fitted = fitted(model_a))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

  P-wartość 0 jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 3].

- [13] zmienne „S'' i „Wyk'' mają dowolne rozkłady oraz zmienne te nie są niezależne, a zmienna „W1''

Table 3: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	8.86625
1	-2	1	1	1.38375
0	-1	1	3	8.86625
1	-1	1	0	1.38375
0	1	1	0	8.86625
1	1	1	0	1.38375
0	2	1	18	8.86625
1	2	1	0	1.38375
0	-2	2	40	30.27500
1	-2	2	5	4.72500
0	-1	2	15	30.27500
1	-1	2	2	4.72500
0	1	2	0	30.27500
1	1	2	0	4.72500
0	2	2	68	30.27500
1	2	2	10	4.72500
0	-2	3	5	4.10875
1	-2	3	4	0.64125
0	-1	3	0	4.10875
1	-1	3	0	0.64125
0	1	3	0	4.10875
1	1	3	2	0.64125
0	2	3	5	4.10875
1	2	3	3	0.64125

Table 4: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	10.00
1	-2	1	1	0.25
0	-1	1	3	10.00
1	-1	1	0	0.25
0	1	1	0	10.00
1	1	1	0	0.25
0	2	1	18	10.00
1	2	1	0	0.25
0	-2	2	40	30.75
1	-2	2	5	4.25
0	-1	2	15	30.75
1	-1	2	2	4.25
0	1	2	0	30.75
1	1	2	0	4.25
0	2	2	68	30.75
1	2	2	10	4.25
0	-2	3	5	2.50
1	-2	3	4	2.25
0	-1	3	0	2.50
1	-1	3	0	2.25
0	1	3	0	2.50
1	1	3	2	2.25
0	2	3	5	2.50
1	2	3	3	2.25

ma rozkład równomierny

```
model_b <- glm(Freq ~ S + Wyk + S*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_b <- 1-pchisq(deviance(model_b), df = df.residual(model_b))
cbind(model_b$data, fitted = fitted(model_b))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 0 jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [13].

- [1 2 3] zmienne „S“, „W1” i ‘’Wyk” są wzajemnie niezależne

```
model_c <- glm(Freq ~ S + Wyk + W1,
               data = df, family = poisson)
p_c <- 1-pchisq(deviance(model_c), df = df.residual(model_c))
cbind(model_c$data, fitted = fitted(model_c))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 6.18728×10^{-4} jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 2 3].

- [12 3] zmienna “Wyk” jest niezależna od zmiennych “S” i “W1”, ale zmienne “S” i “W1” nie są niezależne

```
model_d <- glm(Freq ~ S + Wyk + W1 + S*W1,
               data = df, family = poisson)
p_d <- 1-pchisq(deviance(model_d), df = df.residual(model_d))
cbind(model_d$data, fitted = fitted(model_d))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

Table 5: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	13.12205
1	-2	1	1	2.04795
0	-1	1	3	3.54650
1	-1	1	0	0.55350
0	1	1	0	0.35465
1	1	1	0	0.05535
0	2	1	18	18.44180
1	2	1	0	2.87820
0	-2	2	40	44.80700
1	-2	2	5	6.99300
0	-1	2	15	12.11000
1	-1	2	2	1.89000
0	1	2	0	1.21100
1	1	2	0	0.18900
0	2	2	68	62.97200
1	2	2	10	9.82800
0	-2	3	5	6.08095
1	-2	3	4	0.94905
0	-1	3	0	1.64350
1	-1	3	0	0.25650
0	1	3	0	0.16435
1	1	3	2	0.02565
0	2	3	5	8.54620
1	2	3	3	1.33380

Table 6: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	13.120
1	-2	1	1	2.050
0	-1	1	3	3.690
1	-1	1	0	0.410
0	1	1	0	0.000
1	1	1	0	0.410
0	2	1	18	18.655
1	2	1	0	2.665
0	-2	2	40	44.800
1	-2	2	5	7.000
0	-1	2	15	12.600
1	-1	2	2	1.400
0	1	2	0	0.000
1	1	2	0	1.400
0	2	2	68	63.700
1	2	2	10	9.100
0	-2	3	5	6.080
1	-2	3	4	0.950
0	-1	3	0	1.710
1	-1	3	0	0.190
0	1	3	0	0.000
1	1	3	2	0.190
0	2	3	5	8.645
1	2	3	3	1.235

Table 7: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	14.7976879
1	-2	1	1	0.3703704
0	-1	1	3	4.1618497
1	-1	1	0	0.0740741
0	1	1	0	0.0000000
1	1	1	0	0.0740741
0	2	1	18	21.0404624
1	2	1	0	0.4814815
0	-2	2	40	45.5028902
1	-2	2	5	6.2962963
0	-1	2	15	12.7976879
1	-1	2	2	1.2592593
0	1	2	0	0.0000000
1	1	2	0	1.2592593
0	2	2	68	64.6994220
1	2	2	10	8.1851852
0	-2	3	5	3.6994220
1	-2	3	4	3.3333333
0	-1	3	0	1.0404624
1	-1	3	0	0.6666667
0	1	3	0	0.0000000
1	1	3	2	0.6666667
0	2	3	5	5.2601156
1	2	3	3	4.3333333

P-wartość 0.0021231 jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [12 3].

- [12 13] przy ustalonej wartości zmiennej "S", zmienne "W1" i "Wyk" są niezależne

```
model_e <- glm(Freq ~ S + Wyk + W1 + S*W1 + S*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_e <- 1-pchisq(deviance(model_e), df = df.residual(model_e))
cbind(model_e$data, fitted = fitted(model_e))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 0.251222 jest większa niż założony poziom istotności α, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej, czyli zakładamy, że nasze dane pochodzą z modelu [12 13].

- [1 23] zmienna "S" jest niezależna od zmiennych "Wyk" i "W1", ale zmienne "Wyk" i "W1" nie są niezależne

```
model_f <- glm(Freq ~ S + Wyk + W1 + W1*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_f <- 1-pchisq(deviance(model_f), df = df.residual(model_f))
cbind(model_f$data, fitted = fitted(model_f))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 0.01286 jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 23].

Table 8: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	W1	Wyk	Freq	fitted
0	-2	1	19	17.300
1	-2	1	1	2.700
0	-1	1	3	2.595
1	-1	1	0	0.405
0	1	1	0	0.000
1	1	1	0	0.000
0	2	1	18	15.570
1	2	1	0	2.430
0	-2	2	40	38.925
1	-2	2	5	6.075
0	-1	2	15	14.705
1	-1	2	2	2.295
0	1	2	0	0.000
1	1	2	0	0.000
0	2	2	68	67.470
1	2	2	10	10.530
0	-2	3	5	7.785
1	-2	3	4	1.215
0	-1	3	0	0.000
1	-1	3	0	0.000
0	1	3	0	1.730
1	1	3	2	0.270
0	2	3	5	6.920
1	2	3	3	1.080

	Modele					
	[1 3]	[13]	[1 2 3]	[12 3]	[12 13]	[1 23]
P-wartość	0	0	6.18728×10^{-4}	0.0021231	0.251222	0.01286

Table 9: P-wartości testów statystycznych

Table 10: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	17.7325
1	K	1	0	2.7675
0	M	1	39	17.7325
1	M	1	1	2.7675
0	K	2	54	60.5500
1	K	2	4	9.4500
0	M	2	69	60.5500
1	M	2	13	9.4500
0	K	3	8	8.2175
1	K	3	4	1.2825
0	M	3	2	8.2175
1	M	3	5	1.2825

Zadanie 6

Przyjmujemy za zmienną 1 zmienną S (zajmowane stanowisko), za zmienną 2 – zmienną P (płeć) i za zmienną 3 – zmienną Wyk (wykształcenie).

- [1 3] zmienne „S'' i „Wyk'' mają dowolne rozkłady oraz zmienne te są niezależne, a zmienna „P'' ma rozkład równomierny

```
model_a <- glm(Freq ~ S + Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_a <- 1-pchisq(deviance(model_a), df = df.residual(model_a))
cbind(model_a$data, fitted = fitted(model_a))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość $1.6342483 \times 10^{-13}$ jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 3].

- [13] zmienne „S'' i „Wyk'' mają dowolne rozkłady oraz zmienne te nie są niezależne, a zmienna „P'' ma rozkład równomierny

```
model_b <- glm(Freq ~ S + Wyk + S*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_b <- 1-pchisq(deviance(model_b), df = df.residual(model_b))
cbind(model_b$data, fitted = fitted(model_b))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość $9.9507624 \times 10^{-11}$ jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [13].

- [1 2 3] zmienne „S", „P" i "Wyk" są wzajemnie niezależne

```
model_c <- glm(Freq ~ S + Wyk + P,
               data = df, family = poisson)
p_c <- 1-pchisq(deviance(model_c), df = df.residual(model_c))
cbind(model_c$data, fitted = fitted(model_c))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

Table 11: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	20.0
1	K	1	0	0.5
0	M	1	39	20.0
1	M	1	1	0.5
0	K	2	54	61.5
1	K	2	4	8.5
0	M	2	69	61.5
1	M	2	13	8.5
0	K	3	8	5.0
1	K	3	4	4.5
0	M	3	2	5.0
1	M	3	5	4.5

Table 12: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	12.590075
1	K	1	0	1.964925
0	M	1	39	22.874925
1	M	1	1	3.570075
0	K	2	54	42.990500
1	K	2	4	6.709500
0	M	2	69	78.109500
1	M	2	13	12.190500
0	K	3	8	5.834425
1	K	3	4	0.910575
0	M	3	2	10.600575
1	M	3	5	1.654425

Table 13: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	12.915
1	K	1	0	1.640
0	M	1	39	22.550
1	M	1	1	3.895
0	K	2	54	44.100
1	K	2	4	5.600
0	M	2	69	77.000
1	M	2	13	13.300
0	K	3	8	5.985
1	K	3	4	0.760
0	M	3	2	10.450
1	M	3	5	1.805

Table 14: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	14.5664740
1	K	1	0	0.2962963
0	M	1	39	25.4335260
1	M	1	1	0.7037037
0	K	2	54	44.7919075
1	K	2	4	5.0370370
0	M	2	69	78.2080925
1	M	2	13	11.9629630
0	K	3	8	3.6416185
1	K	3	4	2.6666667
0	M	3	2	6.3583815
1	M	3	5	6.3333333

P-wartość $1.2979651 \times 10^{-10}$ jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 2 3].

- [12 3] zmienna "Wyk" jest niezależna od zmiennych "S" i "P", ale zmienne "S" i "P" nie są niezależne

```
model_d <- glm(Freq ~ S + Wyk + P + S*P,
               data = df, family = poisson)
p_d <- 1-pchisq(deviance(model_d), df = df.residual(model_d))
cbind(model_d$data, fitted = fitted(model_d))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość $4.8342885 \times 10^{-11}$ jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [12 3].

- [12 13] przy ustalonej wartości zmiennej "S", zmienne "P" i "Wyk" są niezależne

```
model_e <- glm(Freq ~ S + Wyk + P + S*P + S*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_e <- 1-pchisq(deviance(model_e), df = df.residual(model_e))
cbind(model_e$data, fitted = fitted(model_e))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 3.0176519×10^{-8} jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotezę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [12 13].

Table 15: Porównanie wyznaczonych liczności na podstawie modelów z rzeczywistymi licznościami danych

S	P	Wyk	Freq	fitted
0	K	1	1	0.865
1	K	1	0	0.135
0	M	1	39	34.600
1	M	1	1	5.400
0	K	2	54	50.170
1	K	2	4	7.830
0	M	2	69	70.930
1	M	2	13	11.070
0	K	3	8	10.380
1	K	3	4	1.620
0	M	3	2	6.055
1	M	3	5	0.945

- [1 23] zmienna "S" jest niezależna od zmiennych "Wyk" i "P", ale zmienne "Wyk" i "P" nie są niezależne

```
model_f <- glm(Freq ~ S + Wyk + P + P*Wyk,
               data = df, family = poisson)
p_f <- 1-pchisq(deviance(model_f), df = df.residual(model_f))
cbind(model_f$data, fitted = fitted(model_f))%>% kable(caption = "Porównanie wyznaczonych liczności na p
```

P-wartość 1.7468073×10^{-4} jest mniejsza niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Nasze dane nie pochodzą z modelu [1 23].

	Modele					
	[1 3]	[13]	[1 2 3]	[12 3]	[12 13]	
P-wartość	$1.6342483 \times 10^{-13}$	$9.9507624 \times 10^{-11}$	$1.2979651 \times 10^{-10}$	$4.8342885 \times 10^{-11}$	3.0176519×10^{-8}	1.746

Table 16: P-wartości testów statystycznych

Zadanie 7

Do zmiennych S, $W1$ i Wyk przyjmiemy model log-liniowy [13 23] oraz [123] i na tej podstawie obliczymy prawdopodobieństwa.

- Prawdopodobieństwo, że osoba pracująca na stanowisku kierowniczym jest zdecydowanie zadowolona ze swojego wynagrodzenia.

Przykładowy kod obliczający to prawdopodobieństwo dla modelu [13 23]:

```
sum(result1$`fitted(model1)`[result1$S == 1 & result1$W1 == 2])/(sum(result1$`fitted(model1)`[result1$S
```

```
## [1] 0.5074047
```

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.4814815
Model [13 23]	0.5074047
Model [123]	0.4814815

Table 17: Oszacowane prawdopodobieństwa

Na podstawie wyników przedstawionych w tabeli możemy zauważyć, że do naszych danych lepiej niż model

[13 23] dopasował się model [123] - prawdopodobieństwo obliczone z wykorzystaniem tego modelu jest identyczne jak prawdopodobieństwo empiryczne.

- Prawdopodobieństwo, że osoba z wykształceniem zawodowym pracuje na stanowisku kierowniczym.

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.0243902
Model [13 23]	0.0243902
Model [123]	0.0243902

Table 18: Oszacowane prawdopodobieństwa

Prawdopodobieństwa obliczone z wykorzystaniem obu modeli są identyczne jak prawdopodobieństwo empiryczne. Okazuje się, że prawdopodobieństwo, że osoba z wykształceniem zawodowym pracuje na na stanowisku kierowniczym jest niezwykle małe.

- Prawdopodobieństwo, że osoba z wykształceniem wyższym nie pracuje na stanowisku kierowniczym.

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.5263158
Model [13 23]	0.5263158
Model [123]	0.5263158

Table 19: Oszacowane prawdopodobieństwa

Znów prawdopodobieństwa obliczone z wykorzystaniem modeli są identyczne jak prawdopodobieństwo empiryczne.

Zadanie 8

Do zmiennych S, P i Wyk przyjmiemy model log-liniowy [13 23] i na tej podstawie obliczymy prawdopodobieństwo.

- Prawdopodobieństwo, że osoba pracująca na stanowisku kierowniczym jest kobietą.

Przykładowe wywołanie:

```
m <- sum(result$`fitted(model)`[result$S == 1 & result$P == 'K'])/(sum(result$`fitted(model)`[result$S =
emp <- sum(result$Freq[result$S == 1 & result$P == 'K'])/(sum(result$Freq[result$S == 1]))
```

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.4722762
Model [13 23]	0.2962963

Table 20: Oszacowane prawdopodobieństwa

Prawdopodobieństwo uzyskane z wykorzystaniem modelu [13 23] dość mocno odbiegają od otrzymanego wyniku empirycznego.

- Prawdopodobieństwo, że osoba z wykształceniem zawodowym pracuje na stanowisku kierowniczym.

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.0243902
Model [13 23]	0.0243902

Table 21: Oszacowane prawdopodobieństwa

Prawdopodobieństwo otrzymane za pomocą modelu jest identyczne jak to otrzymane z wykorzystaniem modelu.

	Prawdopodobieństwo
Zadanie 7	0.0243902‘
Zadanie 8	0.0243902

Table 22: Porównanie prawdopodobieństw tego samego problemu uzyskanych w zadaniu 7. i 8.

Prawdopodobieństwa tego samego problemu z zadania 7. i 8. otrzymane za pomocą różnych modeli log-liniowych są identyczne.

- Prawdopodobieństwo, że osoba z wykształceniem wyższym jest mężczyzną.

	Prawdopodobieństwo
Wartość empiryczna	0.3684211
Model [13 23]	0.3684211

Table 23: Oszacowane prawdopodobieństwa

Prawdopodobieństwo otrzymane za pomocą modelu jest identyczne jak to otrzymane z wykorzystaniem modelu.

Zadanie 9

W tym zadaniu będziemy testować hipotezy zerowe przeciwko dwóm pewnym modelom, w których jeden jest pełny (zawieraja wszystkie interakcje) a drugi jest nadmodelem modelu z hipotezy zerowej, ale nie jest modelem pełnym. Hipotezy testujemy na poziomie istotności $\alpha = 0.05$.

- H_0: Dane pochodzą z modelu [1 2 3] przeciwko
- H_1: Dane pochodzą z modelu pełnego [123]
- H_1: Dane pochodzą z modelu [12 3]

Przykładowy kod, w którym dopasowujemy modele do naszych danych:

```
m_0 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+S*W1+Wyk*W1+S*Wyk+S*W1*Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_2 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+S*W1, data = df_W1, family = poisson)
```

Prawdopodobieństwo dla pierwszej z hipotez alternatywnych 6.18728×10^{-4} oraz dla drugiej 0.0396896 są mniejsze niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową.

- H_0: Dane pochodzą z modelu [2 13] przeciwko
- H_1: Dane pochodzą z modelu [123]
- H_1: Dane pochodzą z modelu [13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+ S*Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+S*W1+Wyk*W1+S*Wyk+S*W1*Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_2 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+Wyk*W1+S*Wyk, data = df_W1, family = poisson)

test <- anova(m_0, m_1)
p_1 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])

test <- anova(m_0, m_2)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Prawdopodobieństwo dla pierwszej z hipotez alternatywnych 0.0809632 jest większe niż założony poziom istotności, więc nie odrzucamy hipotezy zerowej. Natomiast dla drugiej 0.0055869 jest mniejszy niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową.

- H_0: Dane pochodzą z modelu [13 23] przeciwko
- H_1: Dane pochodzą z modelu [123]
- H_1: Dane pochodzą z modelu [12 13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+ S*Wyk+W1*Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+S*W1+Wyk*W1+S*Wyk+S*W1*Wyk, data = df_W1, family = poisson)
m_2 <- glm(Freq ~ S+W1+Wyk+S*W1+Wyk*W1+S*Wyk+S*W1, data = df_W1, family = poisson)

test <- anova(m_0, m_1)
p_1 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])

test <- anova(m_0, m_2)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Prawdopodobieństwo dla pierwszej z hipotez alternatywnych 0.8446445 oraz dla drugiej 0.349985 jest większe niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- H_0: Dane pochodzą z modelu [13 23] przeciwko
- H_1: Dane pochodzą z modelu [123]
- H_1: Dane pochodzą z modelu [12 13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ S+P+Wyk+S*Wyk+P*Wyk, data = df_P, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ S+P+Wyk+S*P+Wyk*P+S*Wyk+S*P*Wyk, data = df_P, family = poisson)
m_2 <- glm(Freq ~ S+P+Wyk+S*P+Wyk*P+S*Wyk+S*P, data = df_P, family = poisson)

test <- anova(m_0, m_1)
p_1 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])

test <- anova(m_0, m_2)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Prawdopodobieństwo dla drugiej z hipotez alternatywnych 0.0244872 jest mniejszy niż założony poziom istotności α, więc odrzucamy hipotę zerową. Natomiast dla pierwszej 0.1446957 jest mniejszy, zatem nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

Zadanie 10

Testy

Wybór modelu w oparciu o testy został wykonany w ten sposób, że najpierw wzięliśmy model, w którym nie występują żadne interakcje [1 2 3], wykonaliśmy test ilorazu wiarygodności, gdzie hipotezą alternatywną H_1 był nadmodel modelu z hipotezy alternatywnej. Jeśli uzyskana p-wartość była większa niż założony poziom istotności $\alpha = 0.05$, to przyjmowaliśmy że model z hipotezy zerowej H_0 lepiej opisuje nasze dane, w przeciwnym wypadku, dla następnych testów, model z hipotezy alternatywnej stawał się modelem hipotezy zerowej. Postępując w ten sposób doszliśmy do modelu, który według testów najlepiej opisuje dane.

- Model [1 2 3] przeciwko [12 3]

```
df <- as.data.frame(ftable(personel$A1,personel$W1,personel$P))
names(df) <- c('A1', 'W1', 'P', 'Freq')

m_0 <- glm(Freq ~ A1+W1+P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ A1+W1+W1+A1*W1, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0 jest mniejsza niż założony poziom istotności, więc odrzucamy hipotezę zerową. Model [12 3] staje się modelem wyjściowym.

- Model [12 3] przeciwko [12 13]

```
m_0 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1+A1*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.8022519 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [12 3] przeciwko [12 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1+W1*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.5349822 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [12 3] przeciwko [12 13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1+W1*P+P*A1, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.775001 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [12 3] przeciwko [123]

```
m_0 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ A1+W1+P+A1*W1+W1*P+P*A1+A1*W1*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.9093978 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

Z przeprowadzonych testów wynika, że model [12 3] najepiej opisuje nasze dane.

Kryterium AIC

```
models_AIC <- c(AIC(model_), AIC(model_1), AIC(model_2), AIC(model_3),
AIC(model_1_2), AIC(model_1_3), AIC(model_2_3), AIC(model_12),
AIC(model_13), AIC(model_23), AIC(model_1_2_3), AIC(model_12_3),
AIC(model_13_2), AIC(model_1_23), AIC(model_12_23), AIC(model_13_23),
AIC(model_12_13), AIC(model_12_23_13), AIC(model_123))
```

Model	Wartość kryterium
[]	582.2529387
[1]	484.1343098
[2]	427.4253204
[3]	567.1888702
[1 2]	329.3066915
[1 3]	469.0702413
[2 3]	412.3612519
[12]	138.6563749
[13]	475.4339317
[23]	416.1766225
[1 2 3]	314.242623
[12 3]	123.5923063
[13 2]	320.6063134
[1 23]	318.0579936
[12 23]	127.4076769
[13 23]	324.421684
[12 13]	129.9559967
[12 13 23]	133.5509426
[123]	150.1855778

Table 24: Wartości obliczonych kryteriów AIC dla poszczególnych modeli

Najmniejsza wartość kryterium informacyjnego wynosi 123.5923063, a otrzymano ją dla modelu [12 3], czyli tego samego który otrzymaliśmy z wykorzystaniem testów.

Kryterium BIC

```
models_BIC <- c(BIC(model_), BIC(model_1), BIC(model_2), BIC(model_3),
BIC(model_1_2), BIC(model_1_3), BIC(model_2_3), BIC(model_12),
BIC(model_13), BIC(model_23), BIC(model_1_2_3), BIC(model_12_3),
BIC(model_13_2), BIC(model_1_23), BIC(model_12_23), BIC(model_13_23),
BIC(model_12_13), BIC(model_12_23_13), BIC(model_123))
```

Model	Wartość kryterium
[]	583.9418182
[1]	492.578707
[2]	434.1808382
[3]	570.5666291
[1 2]	342.8177271
[1 3]	479.203518
[2 3]	420.8056492
[12]	172.4339639
[13]	492.3227263
[23]	429.6876582
[1 2 3]	329.4425381
[12 3]	159.0587748
[13 2]	342.5617463
[1 23]	338.324547
[12 23]	167.9407838
[13 23]	351.4437553
[12 13]	172.1779831
[12 13 23]	180.8395673
[123]	217.740756

Table 25: Wartości obliczonych kryteriów BIC dla poszczególnych modeli

Najmniejsza wartość kryterium informacyjnego wynosi 159.0587748, a otrzymano ją dla modelu [12 3], czyli tego samego który otrzymaliśmy z wykorzystaniem testów i kryterium AIC.

Metoda krokowa

```
step(model_123)
```

```
## Start:  AIC=150.19
## Freq ~ A1 + W1 + P + A1 * W1 + A1 * P + W1 * P + A1 * W1 * P
##
##           Df Deviance    AIC
## - A1:W1:P 12   7.3654 133.55
## <none>          0.0000 150.19
##
## Step:  AIC=133.55
## Freq ~ A1 + W1 + P + A1:W1 + A1:P + W1:P
##
##         Df Deviance    AIC
## - A1:P   4    9.222 127.41
## - W1:P   3    9.770 129.96
## <none>        7.365 133.55
## - A1:W1 12  222.236 324.42
##
## Step:  AIC=127.41
## Freq ~ A1 + W1 + P + A1:W1 + W1:P
##
##         Df Deviance    AIC
## - W1:P   3   11.407 123.59
## <none>        9.222 127.41
## - A1:W1 12  223.872 318.06
```

```
##
## Step:  AIC=123.59
## Freq ~ A1 + W1 + P + A1:W1
##
##         Df Deviance    AIC
## <none>        11.407 123.59
## - P      1    28.471 138.66
## - A1:W1 12   226.057 314.24
```

```
##
## Call:  glm(formula = Freq ~ A1 + W1 + P + A1:W1, family = poisson, data = df)
##
## Coefficients:
## (Intercept)         A1-1          A10          A11          A12         W1-1
##      1.5293       0.2076       1.0986      -1.4663      -1.4663     -22.1342
##         W11          W12           PM    A1-1:W1-1    A10:W1-1    A11:W1-1
##     -2.5649     -22.1342       0.5971      -0.2076      -1.0986      23.8688
##    A12:W1-1     A1-1:W11      A10:W11      A11:W11      A12:W11     A1-1:W12
##     22.1342     -19.7769      -1.0986     -18.1029     -18.1029      19.3616
##     A10:W12      A11:W12      A12:W12
##     -1.0986      25.4176      24.1711
##
## Degrees of Freedom: 39 Total (i.e. Null);  19 Residual
## Null Deviance:       510.1
## Residual Deviance: 11.41     AIC: 123.6
```

Z wykorzystaniem metody krokowej otrzymaliśmy ten sam model, co wyżej.

Zadanie 11

Testy

Analogicznie jak w zadaniu 10.

- Model [1 2 3] przeciwko [12 3]

```r
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*A1, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.2154821 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [1 2 3] przeciwko [1 23]

```r
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+P*A1, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.8022519 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [1 2 3] przeciwko [13 2]

```r
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
```

```
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc $3.4586778 \times 10^{-12}$ jest mniejsza niż założony poziom istotności, więc odrzucamy hipotezę zerową. Model [13 2] staje się modelem wyjściowym.

- Model [13 2] przeciwko [12 13]

```
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*A1+D*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.2154821 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [13 2] przeciwko [13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P+A1*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.8022519 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [13 2] przeciwko [12 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*A1+A1*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 1 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [13 2] przeciwko [12 13 23]

```
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*A1+A1*P+D*P, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.3751853 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

- Model [13 2] przeciwko [123]

```
m_0 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*P, data = df, family = poisson)
m_1 <- glm(Freq ~ D+A1+P+D*A1+A1*P+D*P+A1*P*D, data = df, family = poisson)
test <- anova(m_0, m_1)
p_2 <- 1-pchisq(test$Deviance[2], df = test$Df[2])
```

Otrzymana p-wartośc 0.3440413 jest większa niż założony poziom istotności, więc nie mamy podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej.

Z przeprowadzonych testów wynika, że model [13 2] najepiej opisuje nasze dane.

Kryterium AIC

```
models_AIC <- c(AIC(model_), AIC(model_1), AIC(model_2), AIC(model_3),
    AIC(model_1_2), AIC(model_1_3), AIC(model_2_3), AIC(model_12),
    AIC(model_13), AIC(model_23), AIC(model_1_2_3), AIC(model_12_3),
    AIC(model_13_2), AIC(model_1_23), AIC(model_12_23), AIC(model_13_23),
    AIC(model_12_13), AIC(model_12_23_13), AIC(model_123))
```

Model	Wartość kryterium
[]	375.2883547
[1]	322.5160804
[2]	277.1697258
[3]	360.2242863
[1 2]	224.3974514
[1 3]	307.4520119
[2 3]	262.1056573
[12]	232.9025829
[13]	257.0563372
[23]	268.4693478
[1 2 3]	209.3333829
[12 3]	217.8385145
[13 2]	158.9377083
[1 23]	215.6970734
[12 23]	224.2022049
[13 23]	165.3013987
[12 13]	167.4428395
[12 13 23]	173.7756383
[123]	184.5309303

Table 26: Wartości obliczonych kryteriów AIC dla poszczególnych modeli

Najmniejsza wartość kryterium informacyjnego wynosi 158.9377083, a otrzymano ją dla modelu [13 2], czyli tego samego który otrzymaliśmy z wykorzystaniem testów.

Kryterium BIC

```
    models_BIC <- c(BIC(model_), BIC(model_1), BIC(model_2), BIC(model_3),
    BIC(model_1_2), BIC(model_1_3), BIC(model_2_3), BIC(model_12),
    BIC(model_13), BIC(model_23), BIC(model_1_2_3), BIC(model_12_3),
    BIC(model_13_2), BIC(model_1_23), BIC(model_12_23), BIC(model_13_23),
    BIC(model_12_13), BIC(model_12_23_13), BIC(model_123))
```

Model	Wartość kryterium
[]	376.9772342
[1]	329.2715982
[2]	285.6141231
[3]	363.6020452
[1 2]	237.908487
[1 3]	315.8964092
[2 3]	272.2389341
[12]	266.680172
[13]	270.5673729
[23]	285.3581423
[1 2 3]	224.533298
[12 3]	253.304983
[13 2]	179.2042617
[1 23]	237.6525063
[12 23]	266.4241913
[13 23]	192.32347
[12 13]	207.9759464
[12 13 23]	221.064263
[123]	252.0861085

Table 27: Wartości obliczonych kryteriów BIC dla poszczególnych modeli

Najmniejsza wartość kryterium informacyjnego wynosi 179.2042617, a otrzymano ją dla modelu [13 2], czyli tego samego który otrzymaliśmy z wykorzystaniem testów i kryterium AIC.

Metoda krokowa

```
step(model_123)
```

```
## Start:  AIC=184.53
## Freq ~ D + A1 + P + D * A1 + D * P + A1 * P + D * A1 * P
##
##          Df Deviance    AIC
## - D:A1:P 12   13.245 173.78
## <none>         0.000 184.53
##
## Step:  AIC=173.78
## Freq ~ D + A1 + P + D:A1 + D:P + A1:P
##
##        Df Deviance    AIC
## - D:A1 12   28.770 165.30
## - A1:P  4   14.912 167.44
## <none>      13.245 173.78
## - D:P   3   69.671 224.20
##
## Step:  AIC=165.3
## Freq ~ D + A1 + P + D:P + A1:P
##
##        Df Deviance    AIC
## - A1:P  4   30.407 158.94
## <none>      28.770 165.30
## - D:P   3   85.166 215.70
```

```
##
## Step:  AIC=158.94
## Freq ~ D + A1 + P + D:P
##
##        Df Deviance    AIC
## <none>      30.407 158.94
## - D:P   3   86.802 209.33
## - A1    4  136.525 257.06
```

```
##
## Call:  glm(formula = Freq ~ D + A1 + P + D:P, family = poisson, data = df)
##
## Coefficients:
## (Intercept)           DP           DS           DZ         A1-1          A10
##     0.47623     -0.13976      0.04256     -1.74920      0.19416      1.04982
##         A11          A12           PM        DP:PM        DS:PM        DZ:PM
##     1.96611      0.72824     -2.03688      3.39786      1.90335      3.94642
##
## Degrees of Freedom: 39 Total (i.e. Null);  28 Residual
## Null Deviance:       268.8
## Residual Deviance: 30.41     AIC: 158.9
```

Z wykorzystaniem metody krokowej otrzymaliśmy ten sam model, co z wykorzystaniem metod wyżej.