```
#ZADANIE 1
?geom_boxplot()
cholesterol_age$AgeGroup
ploot <- ggplot( data = cholesterol_age , mapping = aes(y = Before,</pre>
                                x = AgeGroup)
ploot <- ploot + geom_boxplot() + theme_classic()</pre>
ploot <- ploot + ylab("Cholesterol before the experiment")</pre>
plot(ploot)
# granice pudelka: lewy bok: pierwszy kwartyl, prawy bok: trzeci kwartyl
# wasy: zmiennosc poza gornym i dolnym kwartylem
# pozioma linia: mediana
#ZADANIE 2
diet
          <- read.table(file = "Diet_R.csv",
                 sep = ",",
                 header = T,
                 stringsAsFactors = T)
diet$gender<- as.character(diet$gender)</pre>
diet$Diet<- as.character(diet$Diet)</pre>
na.omit(diet$Diet)
wkrs <- ggplot(na.omit(diet), aes(x=Diet, y=weight6weeks, fill=gender))
wkrs <- wkrs + geom_boxplot()+geom_jitter( size=1, width=0.3) + theme_classic()</pre>
```

```
wkrs <- wkrs + xlab("Diet type")
wkrs <- wkrs + ylab("Weight after 6 weeks")
plot(wkrs)
#ZADANIE 3
dane <- data.frame(kat = as.factor(c(4,2,2,6,2,2,4,4,6)),
           x = c(3,5,4,5,7,8,6,4,1)
sapply (dane, class)
dane$kat <- as.numeric(as.character(dane$kat))</pre>
sapply (dane, class)
dane
#ZADANIE 4
\hbox{\it \#for (INDEKS in LISTA\_WARTOSCI) \{}
# INSTRUKCJA1
#INSTRUKCJA2
#}
cholesterol_age$Before
msr <- mean(cholesterol_age$Before)</pre>
wektorBoot <- vector()</pre>
for (i in 1:1000) {
 s <- sample((cholesterol_age$Before),18, replace = TRUE)
 wektorBoot[i] <- mean(s)</pre>
}
wektorBoot
?abline
msr
kres <- hist( wektorBoot, col = 'gray', breaks = 35 )</pre>
abline( v = msr, col="red")
```

```
median50 <- vector()
median1000 <- vector()
for (i in 1:50) {
 s <- sample((cholesterol_age$Before),18, replace = TRUE)
 median50[i] <- median(s)
}
for (i in 1:1000) {
 s <- sample((cholesterol_age$Before),18, replace = TRUE)
 median1000[i] <- median(s)
}
mesr <- median(cholesterol_age$Before)</pre>
median50
median1000
 df <- data.frame(median50, median1000)</pre>
 class(df)
 wykres <- ggplot() + theme_classic() + xlab("median")</pre>
 wykres <- wykres + geom_density(data = df, aes(median50,colour="median50"),bw = 0.15)
 wykres <- wykres + geom_density(data = df, aes(median1000,colour="median1000"),bw = 0.15)
 wykres <- wykres + geom_vline(xintercept=mesr, size=1.5, color="red")</pre>
 wykres <- wykres + xlim(2,10)
 wykres
```

wierzcholek krzywej - wartosc pojawiajaca sie najczesciej jest bardziej zblizona

prawdziwej mediany dla 1000 estymatorow

krzywa dla 1000 estymatorow przyjmuje tez szerszy zakres mozliwych wartosci