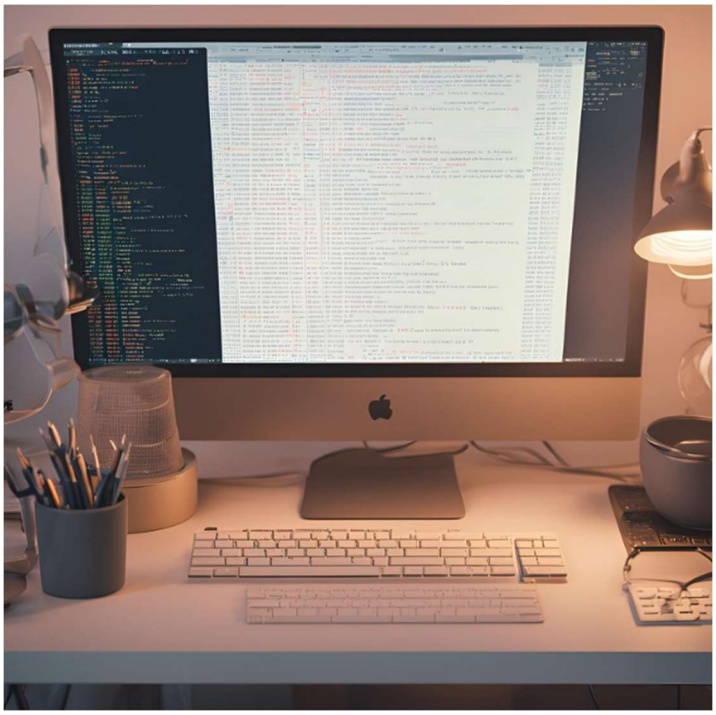
Fundusze Europejskie dla Rozwoju Społecznego
Rzeczpospolita Polska
Dofinansowane przez Unię Europejską

Ćwiczenie nr 6
Testy statystyczne w Excelu oraz języku R



POLITECHNIKA BYDGOSKA
im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich

POLITECHNIKA BYDGOSKA
Wydział Technologii i Inżynierii Chemicznej

POLITECHNIKA BYDGOSKA
Wydział Medyczny

PRACOWNIA KOMPUTEROWA

Wstęp

Współczesne analizy statystyczne mają fundamentalne znaczenie w badaniach naukowych, diagnozowaniu problemów medycznych, a także w podejmowaniu decyzji biznesowych i społecznych. Korzystanie z narzędzi takich jak Excel oraz język R pozwala na szybkie i efektywne przetwarzanie danych, umożliwiając analizowanie dużych zbiorów danych, wykonywanie obliczeń oraz przeprowadzanie testów statystycznych, które pomagają zweryfikować hipotezy badawcze.

- Excel (z włączonym pakietem Analysis ToolPak) oferuje podstawowe funkcje statystyczne oraz wizualizacje, które są proste i intuicyjne. Dodatkowo dostępny jest do instalacji pakiet Real Statistics (Xrealstats) ze strony:
  https://real-statistics.com/free-download/real-statistics-resource-pack/
  Instalacja pakietu: Plik->Opcje->Dodatki->Przejdź->Przeglądaj (znajdź pobrany ze strony pakiet)
  Problemy przy instalacji:
  - Trzeba wyłączyć Widok chroniony w Opcjach Excela (Plik->Opcje->Centrum zaufania)
  - Trzeba odblokować plik ściągnięty z Internetu we Właściwościach tego pliku
- Język R to specjalistyczne narzędzie programistyczne, które pozwala na zaawansowane analizy i większą elastyczność, co czyni go idealnym narzędziem dla badaczy oraz analityków danych. Zaletą jest brak konieczności instalacji czegokolwiek na komputerze i możliwość skorzystania z kompilatorów online. Np.:
  - https://rdrr.io/snippets/ (zaleta: brak konieczności logowania się, dużo zainstalowanych pakietów; wada: brak możliwości przesyłania plików z danymi)
  - https://www.mycompiler.io/pl/new/r (zaleta: brak konieczności logowania się; wady: mniej pakietów zainstalowanych, brak możliwości przesyłania plików z danymi)

Aby przygotować dane do analiz w języku R, pochodzące z baz danych, które często są w formacie tekstowym .csv lub .tsv, można pomóc sobie Excelem (wczytać dane za pomocą Kreatora importu tekstu), a następnie użyć konwerter dostępny online jak np.:

https://tableconvert.com/excel-to-rdataframe

Konwerter ten pomoże przygotować dane w formacie wymaganym przez język R.

Cel

Celem ćwiczenia jest praktyczne zastosowanie wybranych testów statystycznych zarówno w Excelu, jak i w języku R. Studenci nauczą się, jak:

- Wprowadzać i zarządzać danymi w obu narzędziach.
- Wykonywać podstawowe testy statystyczne, takie jak test t-Studenta, test chi-kwadrat, aby sprawdzić zależności i różnice w zestawach danych.

- Interpretować wyniki testów statystycznych, co jest kluczowe w procesie analizy danych.
- Zrozumieć, w jaki sposób wybrane testy mogą odpowiedzieć na różne pytania badawcze, zależnie od rodzaju danych oraz stawianych hipotez.

Przebieg ćwiczenia

1. Zabawy z językiem R – ramki danych

Wejdź na stronę: https://rdrr.io/snippets/ i wykonaj pięć ćwiczeń w języku R, które pomogą Ci zrozumieć i nauczyć się pracować z obiektami data.frame. Ćwiczenia te obejmują różne operacje, które można wykonać na ramkach danych.

a) Utwórz data.frame zawierający dane o trzech osobach, ich wieku i płci. Przepisz kod:

```
# Tworzenie data.frame
imiona <- c("Anna", "Jakub", "Zofia")
wiek <- c(28, 34, 22)
plec <- c("K", "M", "K")
dane_osob <- data.frame(Imie = imiona, Wiek = wiek, Plec = plec)
print(dane_osob)
```

Uwaga 1: ciąg znaków poprzedzony znakiem # to komentarz kodu, który nie jest interpretowany przez kompilator a pozwala na robienie sobie komentarzy tłumaczących fragmenty kodu.

Uwaga 2: Nie używaj polskich literek bo kompilator ich nie rozumie. Możesz potrenować opisy w języku angielskim.

b) Nauka indeksowania i wybierania danych z data.frame: wyświetl wiek osoby o imieniu "Jakub".

```
# Wyświetlanie wieku Jakuba
wiek_jakub <- dane_osob$Wiek[dane_osob$Imię == "Jakub"]
print(wiek_jakub)
```

Uwaga 3: Możesz użyć funkcję paste(), żeby elegancko opisać wyświetlony wiek:
Zamiast print(wiek_jakub) użyj print(paste("Jakub ma" , wiek_jakub , "lat"))

c) Nauka dodawania nowych kolumn do data.frame: dodaj kolumnę, która oblicza, ile lat zostało do 40. urodzin każdej osoby:

```
# Dodawanie nowej kolumny
dane_osob$Lata_do_40 <- 40 - dane_osob$Wiek
print(dane_osob)
```

d) Nauka filtrowania danych w data.frame: wyświetl dane tylko dla osób, które mają mniej niż 30 lat.

```
# Filtrowanie danych
mlodsze_osoby <- dane_osob[dane_osob$Wiek < 30, ]
print(mlodsze_osoby)
```

Uwaga 4: Co oznacza przecinek powyżej? To sposób filtrowania ramek danych w R. Przecinek oddziela wybór wierszy od wyboru kolumn. W indeksowaniu ramek danych w R, wszystko przed przecinkiem odnosi się do wierszy, a wszystko po przecinku — do kolumn. Pierwsza część przed przecinkiem (dane_osob$Wiek < 30) definiuje, które **wiersze** mają zostać wybrane. Pusta wartość po przecinku oznacza, że zostaną wybrane wszystkie kolumny (nic nie filtrujemy). Aby sprawdzić jak odfiltrować dodatkowo kolumny (np. żeby pokazał tylko 1 i 2 kolumnę) podmień powyższą linię na:
mlodsze_osoby <- dane_osob[dane_osob$Wiek < 30, **1:2**]

e) Nauka agregacji danych w data.frame: utwórz nowy data.frame, który pokazuje średni wiek osób dla każdej płci:

```
# Obliczanie średniego wieku według płci
sredni_wiek <- aggregate(Wiek ~ Plec, data = dane_osob, FUN = mean)
print(sredni_wiek)
```

2. Zabawy z językiem R – wykresy

Wykonaj dwa ćwiczenia, które pomogą Ci nauczyć się rysowania wykresów w R za pomocą biblioteki ggplot2. Oba ćwiczenia skupiają się na różnych typach wykresów i podstawowych estetykach, które można wykorzystać w ggplot2.

a) Nauka rysowania wykresu punktowego z użyciem ggplot2: utwórz wykres punktowy przedstawiający związek między dwoma zmiennymi: wiekiem a wzrostem osób.

```
library(ggplot2)
# Tworzenie przykładowych danych
wiek <- c(20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65)
wzrost <- c(170, 175, 180, 178, 165, 162, 180, 182, 175, 172)
dane <- data.frame(Wiek = wiek, Wzrost = wzrost)

#Tworzenie wykres punktowego.
wykres_punktowy <- ggplot(dane, aes(x = Wiek, y = Wzrost)) +
  geom_point(color = "blue", size = 3) +
  labs(title = "Zwiazek miedzy wiekiem a wzrostem",
       x = "Wiek (lata)", y = "Wzrost (cm)") +
  theme_minimal()

# Wyświetlenie wykresu
print(wykres_punktowy)
```

b) Nauka rysowania wykresu słupkowego: utwórz wykres słupkowy przedstawiający liczbę osób w różnych grupach wiekowych:

```
#Tworzenie przykładowych danych
grupa_wiekowa <- c("18-25", "26-35", "36-45", "46-55", "56-65")
liczba_osob <- c(15, 30, 25, 20, 10)
dane_grupowe <- data.frame(Grupa_wiekowa = grupa_wiekowa, Liczba_osob
= liczba_osob)
print(dane_grupowe)

# Tworzenie wykresu słupkowego
wykres_slupkowy <- ggplot(dane_grupowe, aes(x = Grupa_wiekowa, y =
Liczba_osob, fill = Grupa_wiekowa)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  labs(title = "Liczba osob w grupach wiekowych",
       x = "Grupa wiekowa",
       y = "Liczba osob") +
  theme_minimal() +
  scale_fill_brewer(palette = "Pastel1")  # Użycie palety kolorów
```

```
# Wyświetlenie wykresu
print(wykres_slupkowy)
```

Uwaga 1: geom_bar(stat = "identity") ustawiamy, aby odnieść się do zmiennej na osi Y jako wartości liczbowej.

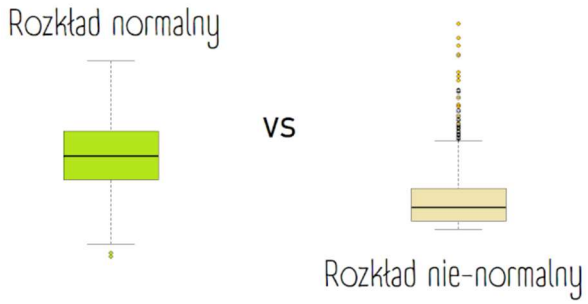
Uwaga 2: Kolory słupków można różnicować w zależności od poziomu współczynnika zmiennej osi X dlatego zmienna fill ustawiona jest tak: fill = Grupa_wiekowa. Każdy słupek będzie innego koloru. Zmień parametr fill na fill=„coral" i zobacz różnicę.

3. Testowanie statystyczne danych z BMI

Do poniższego zadania wykorzystaj obliczone BMI rozsegregowane według płci (K i M) z ćwiczenia 4 (plik źródłowy BMI_cw3.xlsx). Sprawdź, czy rozkłady BMI dla różnych płci są istotne statystycznie.

a) Wykorzystanie Excela:

i. Na podstawie obliczonych wcześniej statystyk opisowych dla BMI kobiet i mężczyzn wywnioskuj, czy te rozkłady danych są normalne (lub zbliżone do normalnych). Możesz to zrobić wizualnie na podstawie histogramu lub wykresu pudełkowego:

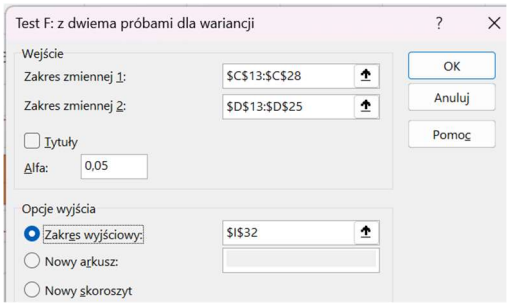


Pudełko zmiennej z rozkładu normalnego jest symetryczne. Może mieć outliery, ale nie może ich być zbyt dużo.

(Źródło: https://statystykawpsychologii.blogspot.com/2014/08/normalnie-o-normalnym-rozkadzie.html)

Dodatkowo sprawdź parametry ze statystyki opisowej:
właściwości rozkładu normalnego to jednomodalność, symetryczność (brak skośności), odpowiednia kurtoza. Sprawdź więc skośność i kurtozę: rozkład normalny ma zerową skośność i kurtozę jednakże przez losowość danych nasza skośność i kurtoza nie muszą być 0 aby uznać dane za pasujące do rozkładu normalnego. Jedną z popularniejszych reguł kciuka odnośnie skośności jest ta, która mówi, że skośność w próbie, które znajduje się między -1 a 1 to jest skośność akceptowalna. Dla kurtozy ten przedział wynosi między -2 a 2.
Po przeprowadzeniu tych obserwacji odpowiedz na pytanie: czy oba rozkłady BMI dla kobiet i mężczyzn są normalne?
Lepszy do tego celu byłby test Shapiro – Wilka lub Kołmogorowa-Smirnova ale nie ma ich standardowo w Excelu (są w Xrealstats).

ii. Sprawdź czy wariancje są homogeniczne. Możesz wykorzystać do tego „Test F z dwiema próbami dla wariancji" zawarty w dodatku Analysis ToolPak.
Kliknij Dane->Analiza danych->Test F: z dwiema próbami dla wariancji



gdzie: zakres zmiennej 1 ustaw serie danych dla kobiet, zakres zmiennej 2 ustaw zakres danych dla mężczyzn, zakres wyjściowy ustaw jedną komórkę gdzie wstawiony ma zostać wynik analizy.

Zinterpretuj wynik: Jeśli wartość statystyki F (pole: test F jednostronny) jest mniejsza niż krytyczna wartość F (pole F), oznacza to, że wariancje są homogeniczne. Możesz też zwrócić uwagę na wartość p. Jeśli jest < 0.05 to odrzucamy hipotezę zerową o homogeniczności wariancji.

Do weryfikacji, czy wariancja w badanych próbach jest równa lepszy jest test Levene'a – nie ma go standardowo w Excelu.

iii. Wykonaj test t-Studenta klikając Dane->Analiza danych-> Test t: z dwiema próbami zakładający równe wariancje (zakładając, że otrzymane w poprzednim podpunkcie wariancje są homogeniczne). Spójrz na otrzymane wartości p-value (P(T<=t) jednostronny oraz dwustronny). Czy analiza w takim przypadku jest prosta?

Uwaga 1:

Test jednostronny zakłada, że różnica jest istotna tylko w jednym określonym kierunku (np. średnia jednej grupy jest większa niż drugiej lub odwrotnie). Tutaj, *p*-value < 0,05 sugeruje, że istnieje statystycznie istotny dowód na to, że średnia jednej grupy jest większa od drugiej w założonym kierunku.

Test dwustronny sprawdza, czy istnieje jakakolwiek różnica między grupami, niezależnie od kierunku. Jeśli *p*-value jest większe niż 0,05 w teście dwustronnym, sugeruje to brak istotnej różnicy ogólnej między grupami na poziomie istotności 0,05.

Wnioski:

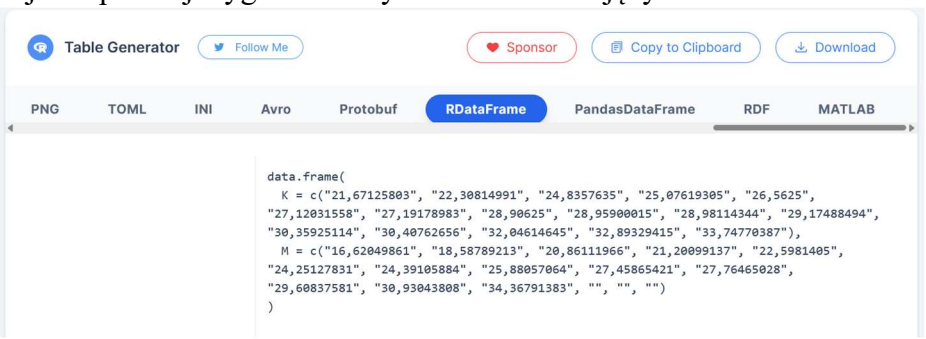
- Należy ostrożnie interpretować wynik jednostronny i stosować go tylko wtedy, gdy istnieją silne przesłanki teoretyczne lub praktyczne, uzasadniające analizę różnicy w konkretnym kierunku.
- W większości przypadków naukowych zaleca się stosowanie testów dwustronnych, ponieważ są one bardziej neutralne i pozwalają wykryć różnice w obu kierunkach.

b) Wykorzystanie języka R:

i. Przygotuj dane do użycia w języku R. Wykorzystaj do tego stronę https://tableconvert.com/excel-to-rdataframe gdzie za pomocą opcji Kopiuj/Wklej przekopiuj w czarne pole tabelkę z BMI kobiet i mężczyzn z Excela:

K	M
21,67125803	16,62049861
22,30814991	18,58789213
24,8357635	20,86111966
25,07619305	21,20099137
26,5625	22,5981405
27,12031558	24,25127831
27,19178983	24,39105884
28,90625	25,88057064
28,95900015	27,45865421
28,98114344	27,76465028
29,17488494	29,60837581
30,35925114	30,93043808
30,40762656	34,36791383
32,04614645	
32,89329415	
33,74770387	

Po wklejeniu poniżej wygenerowany zostanie kod w języku R:



Przekopiuj wygenerowane wektory K i M do kompilatora online (https://rdrr.io/snippets/) i skasuj puste pola "" na końcu wektora M oraz skasuj przecinek na końcu linii wektora K:

K = c("21,67125803", "22,30814991", "24,8357635", "25,07619305", "26,5625", "27,12031558", "27,19178983", "28,90625", "28,95900015", "28,98114344", "29,17488494", "30,35925114", "30,40762656", "32,04614645", "32,89329415", "33,74770387")

M = c("16,62049861", "18,58789213", "20,86111966", "21,20099137", "22,5981405", "24,25127831", "24,39105884", "25,88057064", "27,45865421", "27,76465028", "29,60837581", "30,93043808", "34,36791383")

Zauważ, że wszystkie liczby są w cudzysłowiu a więc traktowane są jako tekst. Dodatkowo w Polsce do oddzielenia cyfr dziesiętnych stosuje się przecinek a nie kropkę. Pozbędziemy się tego problemu używając:

K<- as.numeric(gsub(",", ".", K))

M<- as.numeric(gsub(",", ".", M))

Tym sposobem przecinki zostaną zamienione na kropki a następnie całość zostanie rzutowana na zmienną numeryczną.

Stwórz ramkę danych odpowiedniego formatu do testu Levene'a:

```
dane <- data.frame(
  BMI = c(K, M),
  plec = factor(rep(c("kobiety", "mezczyzni"), times = c(length(K), length(M))))
)
print(dane)
```

ii. Sprawdź normalność rozkładu testem Shapiro – Wilka:

```
# Test Shapiro-Wilka
shapiro.test(K)
shapiro.test(M)
```

iii. Sprawdź homogeniczność wariancji:

```
#Test homogenicznosci wariancji Levene
library(car)
wynik_levene <- leveneTest(BMI ~ plec, data = dane)
print(wynik_levene)
```

iv. W zależności od wyniku testu Levene'a wykonaj odpowiedni test t-Studenta:

- Jeśli p-value w teście Levene >= 0.05 to:

```
# Równość wariancji - klasyczny test t-Studenta
wynik_t <- t.test(K, M, var.equal = TRUE)
```

- Jeśli p-value w teście Levene < 0.05 to:

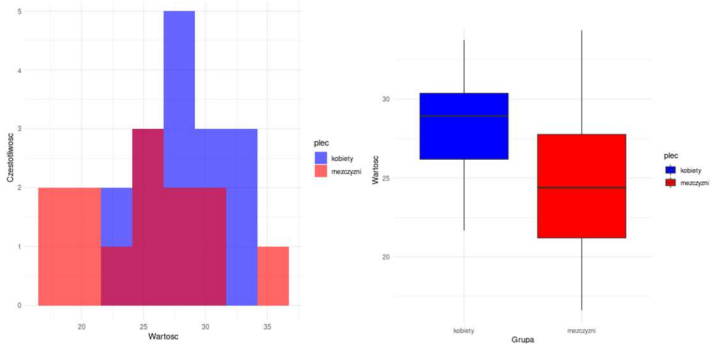
```
# Różne wariancje - test t-Studenta z korekcją Welcha
wynik_t <- t.test(K, M, var.equal = FALSE)
```

Uwaga 2: linia odpowiedzi funkcji t.test: „alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0" znaczy, że test został przeprowadzony w wersji dwustronnej, czyli testował hipotezę alternatywną mówiącą, że średnie obu porównywanych grup różnią się od siebie.

v. Narysuj histogram K i M oraz wykres pudełkowy:

```
library(ggplot2)
#Rysowanie histogramu
ggplot(dane, aes(x = BMI, fill = plec)) +
  geom_histogram(position = "identity", alpha = 0.6, bins = 8) +
  labs(title = "Histogram dla grup K i M", x = "Wartosc", y = "Czestotliwosc") +
  scale_fill_manual(values = c("kobiety" = "blue", "mezczyzni" = "red")) +
  theme_minimal()
# Rysowanie wykresu pudełkowego
ggplot(dane, aes(x = plec, y = BMI, fill = plec)) +
  geom_boxplot() +
  labs(title = "Wykres pudelkowy dla grup K i M", x = "Grupa", y = "Wartosc")+
  scale_fill_manual(values = c("kobiety" = "blue", "mezczyzni" = "red")) +
  theme_minimal()
```

Poprawne wykresy:



Jeżeli potrzebne są wykresy z większą czcionką można dodać na samym końcu za theme_minimal() w tej samej linii:

```
+  theme( plot.title = element_text(size = 20, face = "bold"),
     axis.title = element_text(size = 16),
     axis.text = element_text(size = 14))
```

vi. Porównaj wyniki i wykresy uzyskane w Excelu oraz języku R. Czy są takie same?

vii. Sprawdź moc testu:

```
library(effsize)
coh <- cohen.d(K, M)
print(coh)
library(pwr)
# Ustalanie parametrów
wielkosc_efektu <- coh$estimate # Wielkość efektu
alpha <- 0.05          # Poziom istotności
n1 <- length(K)        # Liczebność grupy 1
n2 <- length(M)        # Liczebność grupy 2
# Obliczenie mocy testu t-Studenta z różnymi wielkościami próbek
moc <- pwr.t2n.test(n1 = n1, n2 = n2, d = wielkosc_efektu, sig.level = alpha)
print(moc)
```

Czy moc testu jest wystarczająca?

Uwaga 3: cohen.d(K, M) oblicza wielkość efektu między danymi K i M potrzebną do wykonania testu mocy. Wielkość efektu d Cohena to miara, która opisuje siłę różnicy między średnimi dwóch grup. Jest jednym z najczęściej stosowanych wskaźników wielkości efektu w badaniach z dwiema różnymi grupami, gdy interesuje nas bezpośrednie porównanie między grupami

4. Wykorzystanie testu chi-kwadrat

Studium przypadku: Związek między paleniem papierosów a występowaniem chorób układu oddechowego

Celem tego studium przypadku jest zbadanie, czy istnieje związek między paleniem papierosów a występowaniem chorób układu oddechowego w grupie pacjentów. W badaniu weźmie udział 200 pacjentów, z czego część z nich pali papierosy, a część nie.

Na podstawie następujących danych jakościowych przeprowadź test chi-kwadrat:

Stan zdrowia	Palący	Niepalący
Zdrowy	50	90
Astma	30	10
Przewlekła obturacyjna choroba płuc (POChP)	20	5
Inne choroby układu oddechowego	10	5
Suma	110	110

a) Zapisz dane w formacie tabeli, gdzie wiersze będą reprezentować stan zdrowia, a kolumny będą reprezentować pacjentów palących i niepalących.

```
#Przygotowanie danych
stan_zdrowia <- c("Zdrowy", "Astma", "POChP", "Inne")
palacy <- c(50, 30, 20, 10)
```

```
niepalacy <- c(90, 10, 5, 5)
# Utworzenie ramki danych do wizualizacji
tabela <- data.frame(
  Stan_zdrowia = stan_zdrowia,
  Palacy = palacy,
  Niepalacy = niepalacy)
print(tabela)
```

b) Użyj tabeli kontyngencji do zorganizowania danych, co pozwoli na łatwiejsze obliczenie testu chi-kwadrat.

```
# Tabela kontyngencji
tabela_kontyngencji <- matrix(c(palacy, niepalacy), nrow = 4, byrow = TRUE)
rownames(tabela_kontyngencji) <- stan_zdrowia
colnames(tabela_kontyngencji) <- c("Palacy", "Niepalacy")
print(tabela_kontyngencji)
```

c) Wykonaj test chi-kwadrat dla niezależności, aby sprawdzić, czy istnieje związek między paleniem papierosów a występowaniem chorób układu oddechowego.

```
# Test chi-kwadrat
test_chi_kwadrat <- chisq.test(tabela_kontyngencji)
print(test_chi_kwadrat)
```

d) Zinterpretuj wyniki testu, zwracając uwagę na wartość p oraz statystykę chi-kwadrat. Czy istnieje istotna różnica w występowaniu chorób układu oddechowego między palaczami a niepalaczami?

Uwaga 1:

- Statystyka chi-kwadrat: Wartość, która wskazuje, jak bardzo obserwowane wartości różnią się od wartości oczekiwanych.
- p-value: Jeśli p-value jest mniejsze niż 0.05, odrzucamy hipotezę zerową, co sugeruje, że palenie papierosów ma wpływ na występowanie chorób układu oddechowego.

Uwaga 2: Dla naszego przykładu pojawia się ostrzeżenie: Chi-squared approximation may be incorrect. Jest to spowodowane małą liczbą danych. Dla takich mało licznych danych można zastosować test Fishera. Dodaj linię kodu:

fisher.test(tabela_kontyngencji)

Zinterpretuj wynik podobnie jak powyżej. Jest jakaś różnica?

e) Narysuj wykres słupkowy, który przedstawia częstość występowania różnych stanów zdrowia w grupach palących i niepalących.

```
library(ggplot2)
# Przekształcenie danych do formatu długiego
tabela_dluga <- reshape2::melt(tabela)
print(tabela_dluga)
# Wykres słupkowy
ggplot(tabela_dluga, aes(x = Stan_zdrowia, y = value, fill = variable)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = "dodge") +
  labs(title = "Czestosc wystepowania chorob u palaczy i niepalacych",
     x = "Stan zdrowia",
     y = "Liczba pacjentow")  +  theme_minimal()
```