

# Laboratorium 8

## 1. Test Kolmogorowa-Smirnowa i Anderosna-Darlinga

Pacjenci u których zdiagnozowano pewną chorobę są leczeni jedną z dwóch terapii. Zmierzono czas życia od momentu rozpoczęcia terapii dla 58 pacjentów leczonych terapią 1 oraz dla 52 pacjentów leczonych terapią 2. Przetestować czy terapia 1 jest lepsza bez zakładania typu rozkładów oraz przesunięcia dystrybuant (Dane są w pliku **Baza 6.1**).

Najpierw obliczymy wartości statystyk  $KS_+$ ,  $KS_-$ ,  $AD_+$  oraz  $AD_-$

```
library(readxl)

Baza<- read_excel("Baza 6.1.xlsx")

Z<-Baza$"Czas"

G<- Baza$"Leczenie"

N<-length(Z)

X<-c()

Y<-c()

T<-c()

k<-1

for (i in 1:N)

{

  if(G[i]==1)

  {

    X[k]=Z[i]

    k=k+1

  }

}

k<-1

for (i in 1:N)

{

  if(G[i]==2)

  {

    Y[k]=Z[i]

    k=k+1

  }

}

m<-length(X)

n<-length(Y)

plot(ecdf(X))

lines(ecdf(Y),col="blue")
```

```

for (i in 1:N)

{

  if(G[i]==1)

  {

    T[i]=-1/m

  }

  if(G[i]==2)

  {

    T[i]=1/n

  }

}

V<-cbind(Z,T)

V=V[order(V[,1],decreasing=FALSE),]

SP<-c()

SN<-c()

T=V[,2]

SP[1]=T[1]

SN[1]=-T[1]

for (i in 2:N)

{

  SP[i]=SP[i-1]+T[i]

  SN[i]=SN[i-1]-T[i]

}

KSP<-max(SP)

KSN<-max(SN)

ADP<-0

ADN<-0

for (k in 1:(N-1))

{

  if(SP[k]>0){ADP=ADP+(SP[k]^2*log((k+1)*(m+n-k+1)/(k*(m+n-k))))}

  if(SN[k]>0){ADN=ADN+(SN[k]^2*log((k+1)*(m+n-k+1)/(k*(m+n-k))))}

}

KSP

KSN

ADP

ADN

```

Teraz obliczymy p-wartość powyższych statystyk metodą MC

```
MC<-100000
```

```
KSPMC<-c()
```

```
KSNMC<-c()
```

```
ADPMC<-c()
```

```
ADNMC<-c()
```

```
for (j in 1:MC)
```

```
{
```

```
  ZMC <- runif(N,0,1)
```

```
  TMC<-c()
```

```
  for (i in 1:N)
```

```
  {
```

```
    if(i<=m){TMC[i]=1/m}
```

```
    else{ TMC[i]=1/n }
```

```
  }
```

```
  VMC<-cbind(ZMC,TMC)
```

```
  VMC=VMC[order(VMC[,1],decreasing=FALSE),]
```

```
  SPMC<-c()
```

```
  SNMC<-c()
```

```
  TMC=VMC[,2]
```

```
  SPMC[1]=TMC[1]
```

```
  SNMC[1]=-TMC[1]
```

```
  for (i in 2:N)
```

```
  {
```

```
    SPMC[i]=SPMC[i-1]+TMC[i]
```

```
    SNMC[i]=SNMC[i-1]-TMC[i]
```

```
  }
```

```
  KSPMC[j]<-max(SPMC)
```

```
  KSNMC[j]<-max(SNMC)
```

```
  ADPMC[j]<-0
```

```
  ADNMC[j]<-0
```

```
  for (k in 1:(N-1))
```

```
  {
```

```
    if(SPMC[k]>0){ADPMC[j]=ADPMC[j]+(SPMC[k])^2*log((k+1)*(m+n-k+1)/(k*(m+n-k)))}
```

```
    if(SNMC[k]>0){ADNMC[j]=ADNMC[j]+(SNMC[k])^2*log((k+1)*(m+n-k+1)/(k*(m+n-k)))}
```

```
  }
```

```

}

pKSP<-0

pKSN<-0

pADP<-0

pADN<-0

for (j in 1:MC)

{

  if(KSPMC[j]>KSP){ pKSP = pKSP +1}

  if(KSNMC[j]>KSN){ pKSN = pKSN +1}

  if(ADPMC[j]>ADP){ pADP = pADP +1}

  if(ADNMC[j]>ADN){ pADN = pADN +1}

}

pKSP= pKSP/MC

pKSN= pKSN/MC

pADP= pADP/MC

pADN= pADN/MC

pKSP

pKSN

pADP

pADN

```

**Gotowiec dla KS:**

```
ks.test(Y, X, alternative="greater")
```

```
ks.test(Y, X, alternative="less")
```