생명과학 데이터분석 과제5

2014150137 통계학과

박 정진

8-1.

1. 순서 통계량



P(1) = 0.009 > 1-(1-0.05)^(1/7) = 0.0073

이므로 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각할 수 없다.

1. 역카이제곱법



31.1774 > =26.11895

이므로, 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각한다.

1. 역정규법



2.85733 >

이므로, 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각한다.

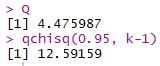
1. 로짓방법



-2.95774 <

이므로, 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각한다.

8-2.



Q = 4.47599 < =12.59159

이므로, 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각하지 못한다.

8-5



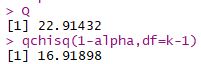
h+ = -0.024766

= -0.049535

Confidence interval of h = (-0.10141, 0.051875)

Confidence interval of = (-0.20299, 0.10377)

8-6



Q = 22.9143218 > =16.91898

이므로, 유의수준 =0.05 하에서 귀무가설을 기각한다. 즉 각 연구에서 유효 크기는 동일하지 않으며, 유효크기의 결합을 해서는 안된다.

##8-1

p <- c(0.025, 0.31, 0.009, 0.28, 0.345, 0.42, 0.06)

#order stat

min(p)

1-(1-0.05)^(1/length(p))

min(p) > 1-(1-0.05)^(1/length(p))

#inverse chi-squre

logp <- -2\*log(p)

sum(logp)

qchisq(0.975, 2\*length(p))

sum(logp)>qchisq(0.975, 2\*length(p))

#inverse normal method

invnorm <-qnorm(1-p)

Z <- sum(invnorm)/sqrt(length(p))

Z

qnorm(0.975)

Z>qnorm(0.975)

#logit

k<-length(p)

L <- sum(log(p/(1-p)))

L.st <- L\*sqrt((3\*(5\*k+4))/((pi^2)\*k\*(5\*k+2)))

L.st

-qt(0.975, 5\*k+4)

L.st < -qt(0.975, 5\*k+4)

##8-2

Q <- sum((invnorm-mean(invnorm))^2)

Q

qchisq(0.95, k-1)

Q > qchisq(0.95, k-1)

##8-5

ni <- c(90,40,36,20,22,10,10,10,39,50)

di <- c(-0.581,0.263,0.381,0.505,0.275,0.147,0.039,0.284,-0.088,-0.116)

k <- length(ni)

h1 <- function(x) sqrt(2)\*asinh(x/sqrt(8))

h2 <- function(x) sqrt(8)\*sinh(x/sqrt(2))

hp <- sum(2\*ni\*h1(di)/(2\*sum(ni)))

delta <- h2(hp)

alpha <- 0.05

lowerbound <- hp - qnorm(1-alpha/2)/sqrt(sum(2\*ni))

upperbound <- hp + qnorm(1-alpha/2)/sqrt(sum(2\*ni))

lowerbound

upperbound

lower <- h2(lowerbound)

upper <- h2(upperbound)

lower

upper

c(hp, delta, lowerbound, upperbound, lower, upper)

##8-6

Q <- 2\*sum(ni\*(h1(di)-hp)^2)

pvalue <- 1-pchisq(Q,df=k-1)

alpha <- 0.05

Q

qchisq(1-alpha,df=k-1)