```
agr <- swiss[,2]
exam <- swiss[,3]
educ <- swiss[,4]
relig <- swiss[,5]
mort <- swiss[,6]
features <- cbind(agr, exam, educ, relig, mort)
                                                            ", "Education:
                                                                                 ", "Religion:
features_names <- c("Agriculure: ", "Examination:
#(i)
res < - rep(0,5)
for (i in (1:5)){
  spear = cor.test(features[,i], fert, method = "spearman")
  kend = cor.test(features[,i], fert, method = "kendall")
  res[i] = paste(features_names[i],
         "correlation (spearman)", toString(round(spear$estimate, 2)),
         " p-value: ", toString(round(spear$p.value, 2)),
        "correlation (kendall)", toString(round(kend$estimate, 2)),
        "p-value:", toString(round(kend$p.value, 2)))
res # Коэффициенты корреляции всех признаков c fertility
```

fert <- swiss[,1]

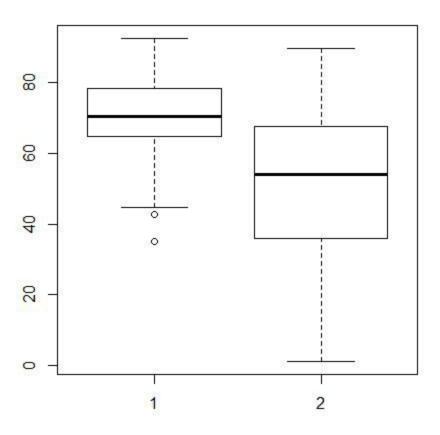
```
> res # Коэффициенты корреляции
                       correlation (spearman) 0.24 p-value: 0.1 correlation (kendall) 0.18 p-value: 0.08"
[1] "Agriculure:
                       correlation (spearman) -0.66 p-value: 0 correlation (kendall) -0.48 p-value: 0"
[2] "Examination:
[3] "Education:
                       correlation (spearman) -0.44 p-value: 0 correlation (kendall) -0.33 p-value: 0"
                       correlation (spearman) 0.41 p-value: 0 correlation (kendall) 0.25 p-value: 0.02"
 [4] "Religion:
[5] "Infant mortality: correlation (spearman) 0.44 p-value: 0 correlation (kendall) 0.32 p-value: 0"
> W = 88, p-value = 0.1175
```

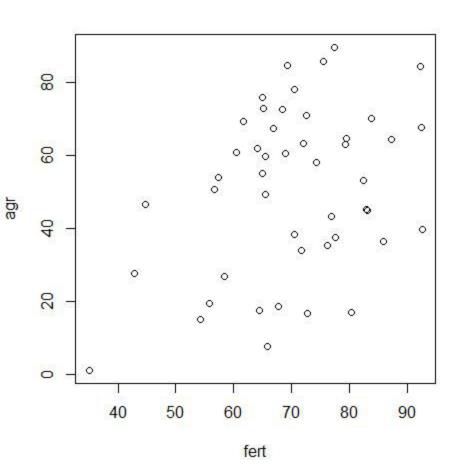
```
M <- cbind(fert, features)</pre>
q <- boxplot.stats(fert)$out</pre>
M <- M[-which(fert %in% q),] # избавляемся от выбросов
spear = cor.test(M[,2], M[,1], method = "spearman")
kend = cor.test(M[,2], M[,1], method = "kendall")
paste("Spearman correlation:", toString(round(spear$estimate, 2)),
      " p-value: ", toString(round(spear$p.value, 2)),
      "Kendall correlation:", toString(round(kendsestimate, 2)),
      "p-value: ",toString(round(kend$p.value, 2)))
plot(fert, agr)
# Хоть корреляция между признаками и есть, она невелика, к тому же
# в обоих тестах p-value больше 0.1. Поэтому полученный результат незначим.
# Как мы видим, корреляция после удаления выбросов ощутимо уменьшилась.
# Коэффициент корреляции - мера линейной зависимости двух переменных, и мы строим прямую регрессии,
# которая использует сумму квадратов расстояний от наблюдаемых точек до этой прямой.
# Так как выбросы довольно далеки от средних значений, квадраты расстояний от них до прямой
# сильно влияют на результат, поэтому когда мы их убрали, корреляция пересчиталась. Могла и вырасти.
```

# Как можно видеть, есть несколько выбросов по fertility, по признаку agriculture выбросов нет.

#(ii)

boxplot(fert, agr) # диаграмма с "усами"

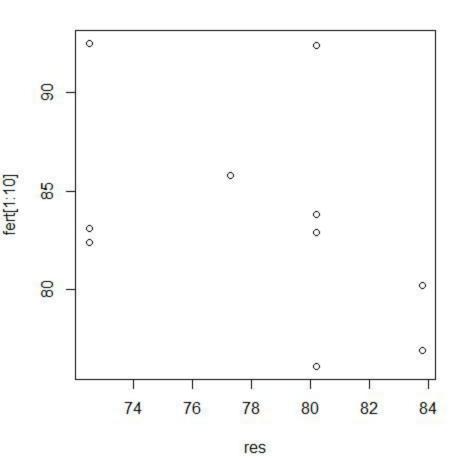




```
"p-value: ", toString(round(kend$p.value, 2)))
[1] "Spearman correlation: 0.15 p-value: 0.32 Kendall correlation: 0.12 p-value: 0.24"
> plot(fert, agr)
> # Хоть корреляция между признаками и есть, она невелика. к тому же
> # в обоих тестах p-value больше 0.1. Поэтому полученный результат незначим.
> # Как мы видим, корреляция после удаления выбросов ощутимо уменьшилась.
> # Коэффициент корреляции - мера линейной зависимости двух переменных, и мы строим прямую регрессии,
> # которая использует сумму квадратов расстояний от наблюдаемых точек до этой прямой.
> # Так как выбросы довольно далеки от средних значений, квадраты расстояний от них до прямой
> # сильно влияют на результат, поэтому когда мы их убрали, корреляция пересчиталась. Могла и вырасти.
> W = 88, p-value = 0.1175
```

```
#(iii)
scaled_feat <- scale(features)</pre>
dst \leftarrow rep(0, 37)
res <- rep(0,10)
for (i in 1:10){
   x = scaled feat[i.]
  for(j in 1:37){
     dst[i] = dist(rbind(x, scaled_feat[i+10.]))
   res[i] = fert[which.min(dst)]
 plot(res, fert[1:10])
 wilcox.test(res, fert[1:10], alternative = "two.sided", paired = TRUE)
 # p-value больше чем 0.1, то есть даже на 10%-ном уровне значимости нулевая гипотеза о том,
 # что значения fertility в 10 парах похожих провинций одинаковы, не отвергается.
```

```
> wilcox.test(res, fert[1:10], alternative = "two.sided", paired = TRUE)
        Wilcoxon signed rank test with continuity correction
data: res and fert[1:10]
V = 11.5, p-value = 0.1139
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
Warning message:
In wilcox.test.default(res, fert[1:10], alternative = "two.sided", :
  не могу подсчитать точное р-значение при наличии повторяющихся наблюдений
> # p-value больше чем 0.1, то есть даже на 10%-ном уровне значимости нулевая гипотеза о том.
> # что значения fertility в 10 парах похожих провинций одинаковы, не отвергается.
> W = 88, p-value = 0.1175
```



```
C <- swiss[which(relig > 80),]
P <- swiss[which(relia < 20).]
M <- swiss[-which(relig > 80),]
M \leftarrow M[-which(M[,5] < 20),]
kruskal.test(list(C[,1], P[,1], M[,1])) # для нескольких (>2) выборок
# Тесты Уилкоксона
wilcox.test(C[,1], P[,1]) # HO отвергаем
wilcox.test(C[,1], M[,1]) # НО отвергаем на уровне значимости 5%
wilcox.test(P[,1], M[,1]) # очень большое p-значение!!
# Посмотрим, можно ли проверить альтернативу попроще:
wilcox.test(P[,1], M[,1], alternative = 'greater') # p-value велико
wilcox.test(P[,1], M[,1], alternative = 'less') # p-value порядка 0.9
# Для этой пары нулевая гипотеза не отвергается даже для прочих альтернатив
```

#(iv)

```
> kruskal.test(list(C[,1], P[,1], M[,1])) # для нескольких (>2) выборок
        Kruskal-Wallis rank sum test
data: list(C[, 1], P[, 1], M[, 1])
Kruskal-Wallis chi-squared = 18.948, df = 2, p-value = 7.681e-05
> # Тесты Уилкоксона
> wilcox.test(C[,1], P[,1]) # HO отвергаем
       Wilcoxon rank sum test with continuity correction
data: C[, 1] and P[, 1]
W = 372.5, p-value = 2.158e-05
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
Warning message:
In wilcox.test.default(C[, 1], P[, 1]) :
  не могу подсчитать точное р-значение при наличии повторяющихся наблюдений
> wilcox.test(C[,1], M[,1]) # НО отвергаем на уровне значимости 5%
       Wilcoxon rank sum test
data: C[, 1] and M[, 1]
W = 67, p-value = 0.02496
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

```
Wilcoxon rank sum test
data: P[, 1] and M[, 1]
W = 88, p-value = 0.235
alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
> # Посмотрим, можно ли проверить альтернативу попроще:
> wilcox.test(P[,1], M[,1], alternative = 'greater') # p-value велико
       Wilcoxon rank sum test
data: P[, 1] and M[, 1]
W = 88, p-value = 0.1175
alternative hypothesis: true location shift is greater than 0
> wilcox.test(P[,1], M[,1], alternative = 'less') # p-value порядка 0.9
       Wilcoxon rank sum test
data: P[, 1] and M[, 1]
W = 88, p-value = 0.8929
alternative hypothesis: true location shift is less than 0
> # Для этой пары нулевая гипотеза не отвергается даже для прочих альтернатив
> W = 88, p-value = 0.1175
```

> wilcox.test(P[,1], M[,1]) # очень большое p-значение!!

```
med_agr_C <- quantile(swiss[which(relig > 80), 2], 0.5)
mort_1st_quart_P <- quantile(swiss[which(relig < 20), 6], 0.25) # смотрим на 0.25-квантиль
med_agr_P <- quantile(swiss[which(relig < 20), 2], 0.5)</pre>
mort_1st_quart_M <- quantile(swiss[which((relig>=20)&(relig<=80)), 6], 0.25)
med_agr_M <- quantile(swiss[which((relig>=20)&(relig<=80)), 2], 0.5)</pre>
# Католики
C_1 \leftarrow swiss[which((relig > 80) & (agr > med_agr_C) & (mort < mort_1st_guart_C)), 1]
C_2 \leftarrow swiss[which((relig > 80) \& (agr < med_agr_C) \& (mort < mort_1st_quart_C)), 1]
C_3 \leftarrow swiss[which((relig > 80) & (agr > med_agr_C) & (mort > mort_1st_guart_C)), 1]
C_4 \leftarrow swiss[which((relig > 80) & (agr < med_agr_C) & (mort > mort_1st_guart_C)), 1]
# Протестанты
P_1 <- swiss[which((relig < 20) & (agr > med_agr_P) &
                                                          (mort < mort_1st_quart_P)), 1]</pre>
P_2 <- swiss[which((relig < 20) & (agr < med_agr_P) & (mort < mort_1st_guart_P)), 1]
P_3 <- swiss[which((relig < 20) & (agr > med_agr_P) & (mort > mort_1st_guart_P)), 1]
P_4 \leftarrow swiss[which((relig < 20) & (agr < med_agr_P) & (mort > mort_1st_guart_P)), 1]
# Нормальные люди
M_1 \leftarrow swiss[which((relig>=20)&(relig<=80) & (agr > med_agr_M)
                                                                      (mort < mort_1st_quart_M)), 1]</pre>
M_2 <- swiss[which((relig>=20)&(relig<=80) & (agr < med_agr_M) &
                                                                      (mort < mort_1st_quart_M)), 1]</pre>
M_3 \leftarrow swiss[which((relig \ge 20)\&(relig \le 80) \& (agr > med_agr_M) \& (mort > mort_1st_guart_M)), 1]
M_4 <- swiss[which((relig>=20)&(relig<=80) &
                                                 (agr < med_agr_M) &
                                                                      (mort > mort_1st_quart_M)), 1]
```

mort\_1st\_quart\_C <- quantile(swiss[which(relig > 80), 6], 0.25) # смотрим на 0.25-квантиль

#(V)

```
avg_P \leftarrow c(mean(P_1), mean(P_2), mean(P_3), mean(P_4))
avg_M \leftarrow c(mean(M_1), mean(M_2), mean(M_3), mean(M_4))
avg_C
avg_P
avg_M
friedman.test(cbind(avg_C, avg_P, avg_M))
# Это значит, что нулевую гипотезу мы не отклоняем, и медианы действительно можно считать равными
```

 $avg_C \leftarrow c(mean(C_1), mean(C_2), mean(C_3), mean(C_4))$ 

```
> avg_P < -c(mean(P_1), mean(P_2), mean(P_3), mean(P_4))
> avg_M <- c(mean(M_1), mean(M_2), mean(M_3), mean(M_4))
> avg_C
[1] 77.56667 79.30000 78.66000 83.35714
> avg_P
[1] 62.68333 54.30000 67.75714 68.88333
> avg_M
[1] NaN 35.0 68.3 42.8
> friedman.test(cbind(avg_C, avg_P, avg_M))
        Friedman rank sum test
data: cbind(avg_C, avg_P, avg_M)
Friedman chi-squared = 4.6667, df = 2, p-value = 0.09697
> # Это значит, что нулевую гипотезу мы не отклоняем, и медианы действительно можно считать равн
ыми
> W = 88, p-value = 0.1175
```

> avg\_C <- c(mean(C\_1), mean(C\_2), mean(C\_3), mean(C\_4))</pre>

Новиков Лев. HA-03 7 11. Вычислить точное распределение для д при условии, сто переменные независимы, для  $\hat{z} = \frac{K}{C_4^2}$ ,  $2ge \quad K = \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^{n} Q((X_i, Y_i), (X_j, Y_j))$ . 3 gec6 Q((a,b), (c,d)) = \$ sgn ((c-a)(d-b)). I {(ca)(d-b)+0} T.e. 1161 uneen naper (X, Y,), (X, Y,), (X3, Y3), (X4, Y4). Упорядочим их по возрастанию Х: (X(1), Y1), (X(2), Y2), (X(3), Y3), (X(4), Y4) Рассмотрим все возможные варианты: T T 41 42 43 44 K Ja de 82 84 Mony raem, 3124 1/3 1234 6 3142 0 1243 43 4TO B OGHOM 3214 0 1324 3/3 cnyrae 2 = 1, 3241 +1/3 1342 1/3 3412 в одном - -1, - 1/3 1423 3 4 2 1 B TDEX 2 = 3/3, -43 1432 4123 в еще трех - - 43, 0 0 2134 4/3 4132 No 5 chyraeb -1/3 2143 1/3 4213 -1/3 Ha T= 1/3 4 T=-1/3, 1/3 2314 u 6 crytael T=0. 4231 2341 Поскольку все эти варианты равновероятны и независимы, полугаем, что распре:

T2 (X, Y2), (X2, Y2) - i.i.d. P(x,y) (x,y) = = 2 y2 e-x-y - I{x>0 & y>0} i) Bo-nepboix, P(x,y)(x,y) = = y2e3. I{y>03. e. I{x>0}= Commente Begg = Px(x). Px(y) => Хи У независимы Проверяем условие нормировки: Приху ахах = Sexdx · Sty2e dy = 1(1) · 2.1(3) = 1.2.2=1 Аналогично с условиями кормировки для мархинальных плоткостей:  $\int e^{-x} dx = \Gamma(1) = 1$ , Sty2e dy = 1. P(3) = 1.2 = 1. Еще от функции плотности Р(х,х)(х,у) >0 Ух,у, здесь это выполнено. Спедовательно, Р(х,х) (х, у) — действительно р.а.f. іі) Как мы уже выяснили, Хи У независимы B From engrae T = 2P((x2-X1)(Y2-Y1)>0)-1= =2.(P(X2-X1>0).P(Y2-Y1>0)+P(X2-X1<0).P(Y2-Y1<0))-1= = 2.(1.1+1.1)-1=2.1-1=0 OTBET: I = 0.

ТЗ. (5, , 5, ) - вектор рангов, распределенный равномерно над п! перестановнами {1, , п}. i)  $ES_i = \frac{1}{n} \cdot (1 + ... + n) = \frac{1}{n} \cdot \frac{n(n+1)}{2} = \frac{n+1}{2}$ , gokazahoii)  $Var S_i = ES_i^2 - (ES_i)^2 = \frac{1}{n} \cdot (I_{+..+n^2}^2) - \frac{(n+1)^2}{4} =$  $= \frac{1}{n} \cdot \frac{n(n+1)(2n+1)}{6} \cdot \frac{(n+1)^2}{4} \cdot \frac{(n+1)(4n+2-3n-3)}{12} =$  $=\frac{(n+1)(n-1)}{12} = \frac{n^2-1}{12}$  Dokazano iii) cov(Si, Si) = E(SiSi) - E(Si). E(Si) Haxogun E(S;S;). Bee BoznoxHbie napbi (S;S;) равновероятиы (P(S;=u, S;=v) = (n-1). Спедовательно,  $E(S;S;) = \overline{n(n-1)} \cdot \sum_{u \neq v} uv$ .

Находим  $\sum_{u \neq v} uv : \sum_{u \neq v} uv = \sum_{u=1}^{\infty} \sum_{v=1}^{\infty} uv - \sum_{u=1}^{\infty} \overline{u}^2 = \sum_{u=1}^{\infty} \overline{u}^2 = \overline{u}^2$  $= \sum_{n=1}^{\infty} u \cdot \sum_{n=1}^{\infty} v - \sum_{n=1}^{\infty} w^{2} = \left(\frac{n(n+1)}{2}\right)^{2} \frac{n(n+1)(2n+1)}{6} =$  $= \frac{n^2(n+1)^2}{4} - \frac{n(n+1)(2n+1)}{6} - \frac{3n(n+1)-2\cdot(2n+1)}{12}$  $n(n+1) = \frac{n(n+1)}{12} \cdot (3n^2 - n - 2) = \frac{n(n+1)(n-1)(3n+2)}{12}$ 

74. {Xi}i=, {Yj}i=, W=ZSj і) И минимально => ранги У минимальны — ранги 1,...,  $n \Rightarrow W = \sum_{j=1}^{n} j = \frac{n(n+1)}{2}$ W максимально => ранги У максимальны  $\frac{-panru}{n(2m+n+1)} = \frac{n(n+1)}{2} + mn^{-\frac{1}{2}} = \frac{n(n+1)}{2} + mn^{-\frac{1}{2}}$ OTBET:  $W_{MIN} = \frac{n(n+1)}{2}$ ,  $W_{MAX} = \frac{n(2m+n+1)}{2}$ и) Для начала рассмотрим x=0: P(W = n(n+1)) = P(S1 < min Ri, ..., Sn < min Ri)=  $= P(S_1 < R_1, ..., S_1 < R_m) \cdot ... \cdot P(S_n < R_1, ..., S_n < R_m) = \prod_{i=1}^{m} \prod_{j=1}^{n} P(S_j < R_i) = (\frac{1}{2})^{mn} = 2^{-mn}$  $P(W = \frac{n(2m+n+1)}{2}) = P(S_1 > \max_{1 \le i \le m} R_i, ..., S_n > \max_{1 \le i \le m} R_i) = \frac{n(2m+n+1)}{2} = \frac{n(2m+n+1)}{2}$ => P(W=Wmin) = P(W=Wmax) = 1/2mn x = 1: P(W=Wmin+1) = Petro = P(S, < min R; < max S; < R;) = 2 -2-(m-1) (n-1) = 2-mn 15 jsn g 1 -2-(m-1)(n-1) = 2-mn 15 jsn g 1 AHANOTUYHO P(W=WMAX-1) = 2mn

DONYCTUM, 4TO W OTALZACTER OT WHIN на г. Тогда есть несколько вариантов полугить такую сумму рангов. Пример gns m = 4, n = 5, x = 3,470061 06100YYYYXXXYX, YYYXYXXX, CAYYAAXX YYXYYXXXX. BO BCEX TUX  $W - cymma pantob Y_i = \frac{n(n+1)}{2} + 3.$ Рассмотрим симметричные спухаи с X YXXX YYYY , XXY XYXYYY, XXX YYYXYY. Достаточно огевидно, сто если для какой-TO PACETAHOBKU W= Wmin + 20, TO gra симметричной з W= Wmax-х. Причем  $\forall m, n, \infty$ . Строгое док-во: Пусть есть ранги R,,, Rm, S,,,, Sn, u W = 5'S; = Wmin+ x Тогда для симметричной расстановки рангов Ri, Rm, Si, Si, Si W= \$155 =  $=\frac{\sum(n+m+1-S_j)}{n+m+1}-\frac{\sum S_j}{\sum j}=$ 

$$= n(n+m+1) - W = n(n+m+1) - W_{min} - X = n(n+m+1) - W_{min} - X = n(n+m+1) - M_{min} - X = n(n+m+1) - X = n$$