Проверка гипотез. Задача 1

```
import numpy as np
import scipy.stats as sts
from matplotlib import pyplot as plt
%matplotlib inline
```

1. Считаем данные.

Имеем выборку из экспоненциального распределения с параметром heta, $heta \in \{0.9; 1; 1.1\}$.

```
thetas = [0.9, 1., 1.1]
sample = np.load('9_1.npy')

sample.mean()

0.9730796138659072

len(sample)

100
```

2. С помощью процедуры проверки гипотез определим истинное значение θ .

Сначала проверим гипотезу $H_0: \theta=\theta_0=0.9$ против альтернативы $H_1: \theta>0.9$ с помощью теоремы о монотонном отношении правдоподобия. Функция правдоподобия для экспоненциального распределения с параметром θ имеет вид

$$f_{ heta}(X) = heta^n e^{- heta \sum_{i=1}^n X_i} I(X_i \geq 0 \;\; orall i).$$

Тогда

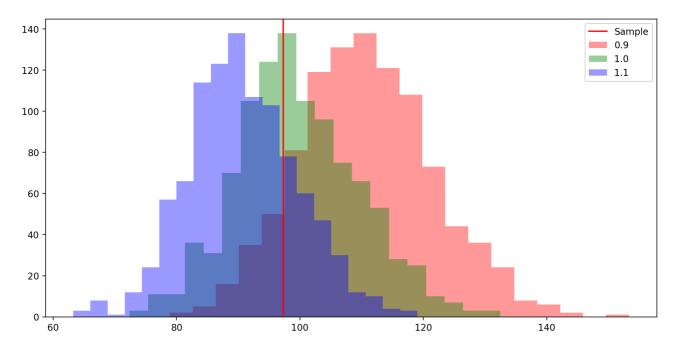
$$L_{ heta', heta''} = \left(rac{ heta'}{ heta''}
ight)^n e^{(heta''- heta')\sum_{i=1}^n X_i} I(X_i \geq 0 \;\; orall i)$$

является невозрастающей функцией по $T(X)=\sum_{i=1}^n X_i$ при $\theta''<\theta'$, и значит, если для некоторого c_1 выполнено $P_{\theta_0}(T(X)\leq c_1)=\alpha$, то $S=\{T(X)\leq c_1\}$ - РНМК уровня значимости α для проверки H_0 против H_1 . Как известно, $T(X)\sim \Gamma(n,\theta_0)$ при условии верности H_0 . Тогда $c_1=u_\alpha$ - α -квантиль $\Gamma(n,\theta_0)$.

```
T = sample.sum()
T
```

```
97.30796138659072
```

Предложенные значения параметра θ отличаются не сильно, поэтому можно предположить, что при слишком маленьком уровне значимости мы не сможем отвергнуть никакую гипотезу, т.к. если вероятностная мера критического множества будет мала для одного значения параметра, то и для другого (близкого) она, скорее всего, будет мала и наша выборка может туда не попасть. Для иллюстрации построим гистограмму распределения статистики T(X) для разных значений параметра, сгенерировав по 1000 выборок из каждого распределения.



Видим, что области значений статистики действительно сильно перекрываются, к тому же наша выборка находится на пересечении всех трех областей.

Возьмем lpha = 0.05 (максимальная допустимая вероятность отвергнуть верную гипотезу).

```
n = len(sample)
distr_0 = sts.gamma(a=n, scale=1/thetas[0])
c1 = distr_0.ppf(0.05)
c1
```

```
93.48808579812689
```

```
T <= c1
```

False

Гипотеза не отвергается. Найдем минимальный уровень значимости, при котором она отвергнется. Это произойдет при $T(X)=c1=u_{lpha}$, откуда $lpha_{min}=F_{ heta_0}(T(X))$.

```
amin = distr_0.cdf(T)
print(amin)
```

0.10309541594657372

```
c1 = distr_0.ppf(amin)
T <= c1</pre>
```

True

Видим, что гипотеза H_0 отвергается на уровне значимости немногим больше 10%. С учетом вышесказанного, этот уровень не слишком большой, поэтому исключим θ_0 из рассмотрения. Теперь тем же способом проверим $H_1: \theta=\theta_1=1$ против $H_2: \theta=\theta_2=1.1$. Сразу будем искать минимальный уровень значимости, при котором отвергнется H_1 .

```
distr_1 = sts.gamma(a=n, scale=1/thetas[1])
amin = distr_1.cdf(T)
print(amin)
```

```
0.4058468710100512
```

Это уже довольно много, при такой большой вероятности ошибки 1 рода не стоит отвергать гипотезу. Попробуем проверить H_2 против H_1 . Т.к. $\theta_2>\theta_1$, в этом случае РНМК уровня значимости α будет иметь вид $S=\{T(X)\geq c_2\}$, где $c_2=u_{1-\alpha}$ - $1-\alpha$ -квантиль $\Gamma(n,\theta_2)$

```
distr_2 = sts.gamma(a=n, scale=1/thetas[2])
amin = 1 - distr_2.cdf(T)
print(amin)
```

```
0.23540622082077511
```

Итак, на уровне значимости примерно 23.5% мы отвергаем H_2 .

3. Вывод

Методом исключения мы получили, что истинное значение параметра равно 1. При этом вероятность ошибки 1 рода можно оценить сверху как 33.6% (отвергнули две гипотезы), что немало, однако из гистограммы видно, что такая оценка вполне соответствует действительности (в область с примерно таким же значением T(X) попадали выборки и из распределений с другими значениями параметров).