Комп'ютерна статистика
Шкляр Ірина, ксад 4 курс

Робота 5, варіант 4

Перевірити просту гіпотезу проти простої альтернативи за ймовірнісною моделлю:
H0: Binom(0.5, 2)
H1: Binom(0.6, 2)
n=65 – обсяг вибірки

```
> set.seed(3)
> alpha<-0.05 # стандартний рівень значущості
> n<-65      # обсяг вибірки
> B<-10000   # кількість модельованих наборів даних
> p0<-0.5    # ймовірність успіху для H0
> p1<-3/5    # ймовірність успіху для H1
> k<-1       # очікувана кількість успішних випробувань = mp для гіпотези H0
> m<-2       # кількість випробувань
>
> S_fun <- function(p0, p1){
+   # статистика тесту - логарифмічне відношення вірогідності
+   S<-log(p1*(1-p0)/(p0*(1-p1)))*k
+   return(S)
+ }
>
> s<-S_fun(p0, p1)
> # значення статистики
> s
[1] 0.4054651

> # Масив значень статистики на модельованих даних
> S0<-replicate(B, {
+   k0<-rbinom(n,m,p0)
+   log(p1*(1-p0)/(p0*(1-p1)))*k0
+   })
>
> # поріг тесту:
> quantile(S0,1-alpha)
     95%
0.8109302

> # досягнутий рівень значущості – оцінка ймовірності помилок 2го роду
> mean(S0>S)
[1] 0.2500723
```

Якщо S менше або рівне c_alpha, що є порогом тесту і дорівнює 0.8109302, то приймаємо нульову гіпотезу. Інакше – відхиляємо.

Отже, статистика нашого тесту на реальних даних дорівнює приблизно 0.4054651, поріг тесту для рівня значущості alpha=0.05 дорівнює 0.8109302. Тому приймаємо основну (нульову) гіпотезу, досягнутий рівень значущості (ймовірність помилки 2го роду) дорівнює 0.2500723.

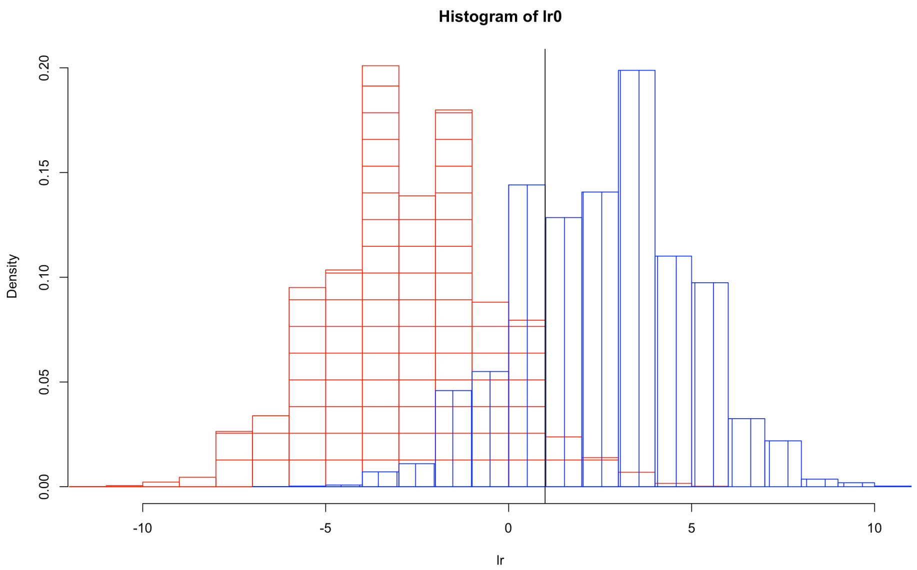
Тепер застосуємо інший варіант коду, для рисування гістограм та загальних функцій:

```
> set.seed(3)
> alpha<-0.05 # стандартний рівень значущості
> n<-65      # обсяг вибірки
> B<-10000   # кількість модельованих наборів даних
> p0<-0.5    # ймовірність успіху для H0
> p1<-3/5    # ймовірність успіху для H1
> m<-2       # кількість випробувань

> # логарифм щільності, що відповідає H0
> f0 <- function(x){log(dbinom(x, m, p0))}
>
> # логарифм щільності, що відповідає H1
> f1 <- function(x){log(dbinom(x, m, p1))}
>
> # логарифмічне відношення вірогідності, x - вибірка
> lr <- function(x){sum(sapply(x, f1) - sapply(x, f0))}
>
> # генератор однієї вибірки при H0
> gen0 <- function(n)rbinom(n, m, p0)
>
> # генератор однієї вибірки при H1
> gen1 <- function(n)rbinom(n, m, p1)

> # масив значень lr при H0
> lr0 <- replicate(B, lr(gen0(n)))
>
> # масив значень lr при H1
> lr1 <- replicate(B, lr(gen1(n)))
>
> # поріг тесту, що відповідає рівню alpha
> Ca <- quantile(lr0, 1-alpha)
>
> # досягнутий рівень значущості - оцінка ймовірності помилок 2го роду
> mean(lr1<Ca)
[1] 0.207
```

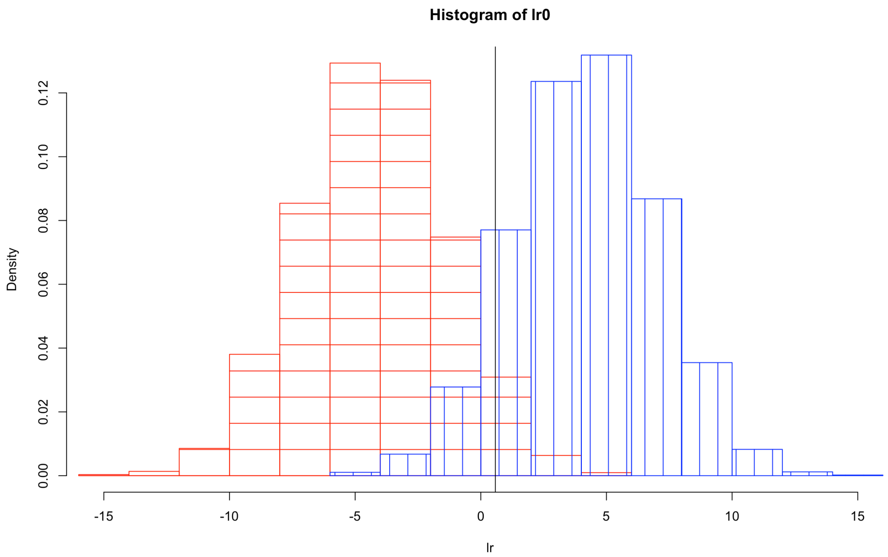
> mi <- min(c(lr0, lr1))
> mx <- max(c(lr0, lr1))
>
> hist(lr0, breaks=15, probability = T, angle=0, density=12, xlim=c(mi, mx), col="red", xlab="lr")
> hist(lr1, breaks=15, probability = T, angle=90, density=12, xlim=c(mi, mx), col="blue", add=T)
> abline(v=Ca)



Помилка 2го роду більша за 0.05 (вона дорівнює 0.207), отже спробуємо підібрати інший розмір вибірки.

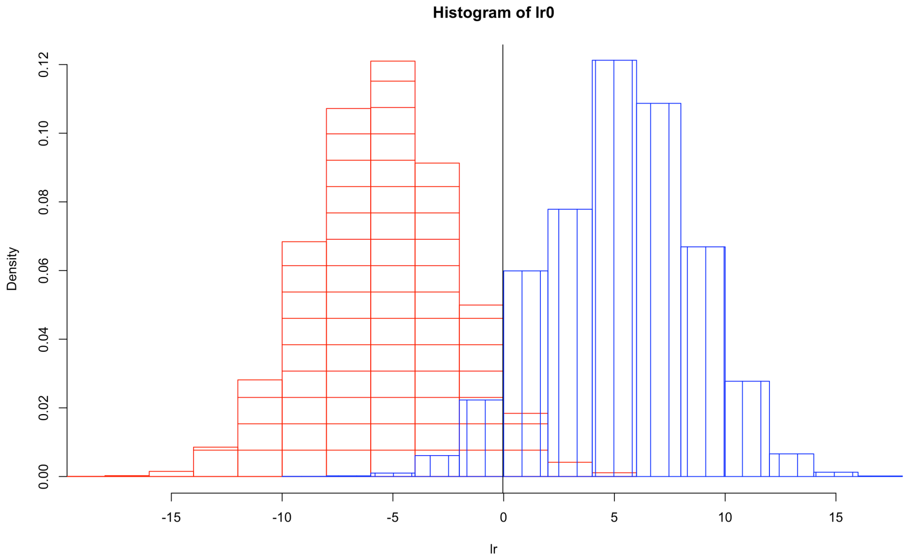
n=105

> mean(lr1<Ca)
[1] **0.0924** – все ще більша за 0.05.



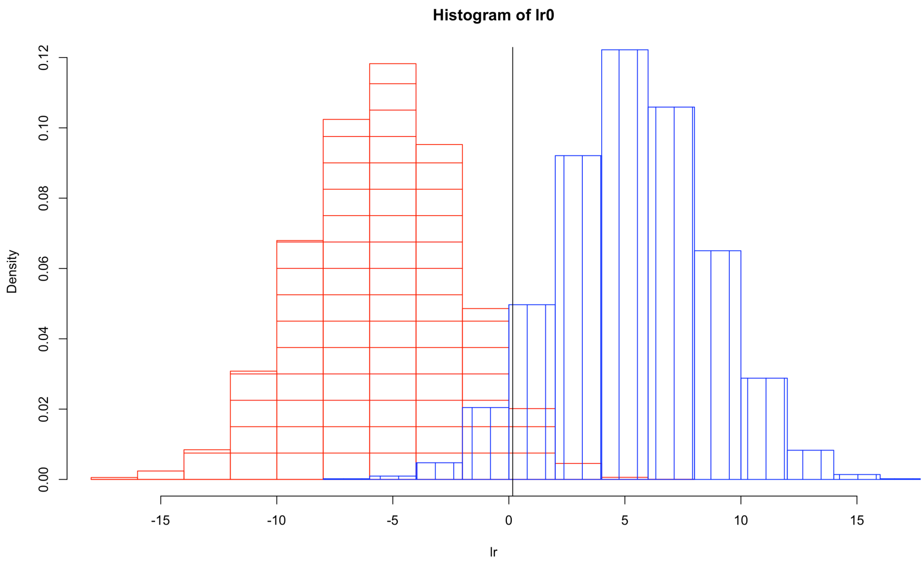
n=130

> mean(lr1<Ca)
[1] **0.0456** – трішки менша за 0.05.



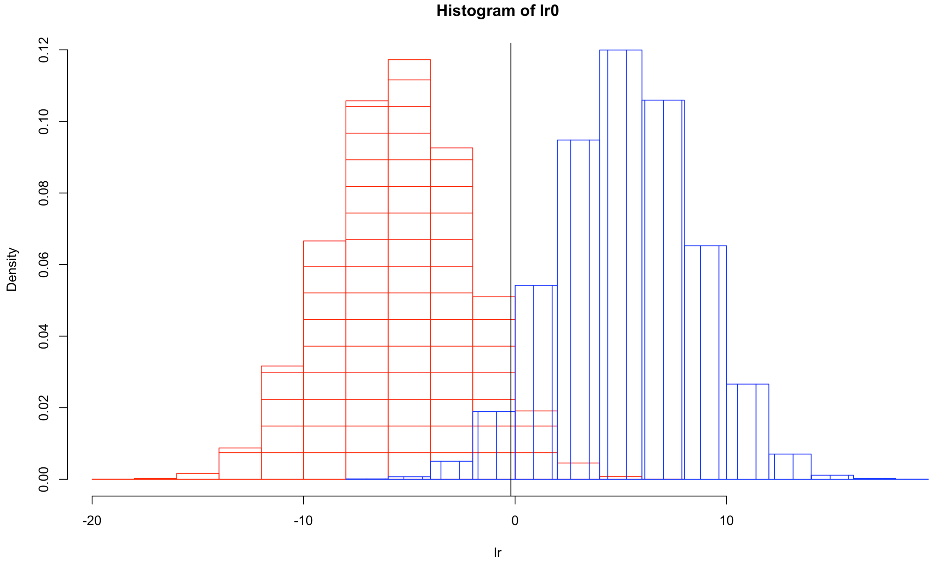
n=135

> mean(lr1<Ca)
[1] **0.0527** – трішки більша за 0.05.



n=134

> mean(lr1<Ca)
[1] **0.0385** – значення, яке менше за 0.05, але наступне (якщо збільшити вибірку на 1) буде вже більше, тобто те, що хотіли отримати



Отже, n=134 – найменший розмір вибірки, при якому ймовірності помилок першого та другого роду не перевищують 0.05.