

数学实验：第九次作业

计算机系 计 73 2017011620 李家昊

2020 年 5 月 15 日

1 实验目的

- 掌握数据的参数估计、假设检验的基本原理、算法，及用 MATLAB 实现的方法。
- 练习用这些方法解决实际问题。

2 问题求解

2.1 Chap12-Ex5 货物抽检（应用题）

2.1.1 问题分析

题目给出了产品承诺的合格率和置信概率，以及一次抽检的结果，需要确定该产品是否达标，这是一个 0-1 分布总体均值的假设检验问题。

2.1.2 模型假设

为了简化实际情况，模型基于以下假设，

1. 每件产品是否合格服从 0-1 分布。
2. 每批货物的数量充分大。

2.1.3 模型建立

根据中心极限定理，当样本量充分大时，样本的均值近似服从正态分布。根据假设，每批货物的数量充分大，因此可对这批货物总体的合格率 p 做正态总体均值的假设检验，记甲方承诺的合格率为 p_0 ，考虑到对合格率的检查应当采用单侧检验，则原假设 H_0 和对立假设 H_1 为，

$$H_0 : p \geq p_0, \quad H_1 : p < p_0 \quad (1)$$

对上述假设进行 z 检验，记样本容量为 n ，合格率为 \bar{x} ，显著性水平为 α ， $N(0,1)$ 的 α 分位数为 u_α ，并且，

$$z = \frac{\bar{x} - p_0}{\sqrt{p_0(1-p_0)/n}} \quad (2)$$

则当 $z \geq u_\alpha$ 时， H_0 被接受，乙方应当接受这批货物；否则， H_0 被拒绝，乙方不应当接受这批货物。

从上述理论分析可以看出，作为乙方，如果不想接受这批货物，即拒绝 H_0 ，有以下几种可能的策略。

1. 与甲方商定新的置信概率 $1 - \alpha$ 。
2. 要求甲方调节产品合格率 p_0 。
3. 若样本合格率 \bar{x} 保持不变，可调节样本容量 n 。

2.1.4 算法设计

对于 z 检验，可采用 `ztest` 命令。

2.1.5 程序

请参见附录4.1。

2.1.6 计算结果

在双方商定的 95% 置信概率下，经过 z 检测，原假设被接受，得到 p 值为 0.1729，置信区间为 $(-\infty, 0.9298]$ ，因此，乙方应当接受这批货物。

作为乙方，如果不想接受这批货物，可以采取以下其中一种策略。

1. 与甲方商定新的置信概率，不得超过 82.71%。
2. 要求甲方提高产品合格率，不得低于 92.23%。
3. 若样本合格率保持不变，可以增大抽检样本容量，不得低于 154。

2.1.7 结果的数学分析

对于置信概率的调节，可以利用已经求得的 p 值，使置信概率低于 $1 - p$ ，此时显著性水平 α 将高于 p 值，原假设将被拒绝。

对于产品合格率和抽检样本容量的调节，需要在其它变量固定不变时，求解方程 $z < u_\alpha$ 。

2.1.8 结果的实际意义

该计算结果具有一定的实际意义，可作为乙方制定采购策略的重要参考。在实际应用中，只要保证随机抽样，且样本量足够大，就应当按照商定好的置信概率行事，这样对双方都是有利的。

如果抽检样本的合格率低于产品合格率，乙方应当接受但实在不愿意接受时，应当采取第 3 种策略来进一步验证，即加大抽检量，此时一般有两种情况：第一，这批货物的总体合格率是符合承诺标准的，那么随着抽检量的增加，抽检样本的合格率应该逐步接近或高于承诺的合格率，原假设始终被接受，乙方应当接受这批货物；第二，这批货物的总体合格率不符合标准，那么随着抽检量的增加，原假设必然在某一时刻被拒绝，乙方可以不接受这批货物。

2.1.9 结论

乙方应当接受这批货物。若乙方不想接受，可以与甲方商定，将置信概率降低到 82.71% 以下，或者将合格率提高到 92.23% 以上，或者将抽检样本容量提高到 154 以上。

2.2 Chap12-Ex6 身高体重（计算题）

2.2.1 算法设计

第 (1) 问 首先检验总体分布的正态性，题目给出了 100 名学生的身高和体重数据，样本量不小，可采用 Jarque-Bera 检验和 Lilliefors 检验，对应的 MATLAB 命令分别为 `jbtest` 和 `lillietest`；然后进行数据可视化，使用 `histfit` 命令画出频率分布直方图并拟合正态曲线。

第 (2) 问 对于正态分布的参数估计，可使用 `normfit` 命令，根据给定的显著性水平，对总体均值 μ 和方差 σ 进行点估计和区间估计。

第 (3) 问 题目给出了 10 年前的总体均值 μ_0 ，采用单总体均值的假设检验方法，记原假设 H_0 和对立假设 H_1 为，

$$H_0 : \mu = \mu_0, \quad H_1 : \mu \neq \mu_0 \quad (3)$$

由于总体方差未知，故采用 t 检验，对应的 MATLAB 命令为 `ttest`。若原假设 H_0 被接受，则 10 年来学生身高体重无明显变化，反之，则发生了显著变化。

2.2.2 程序

请参见附录4.2。

2.2.3 计算结果

第 (1) 问 在默认的显著性水平 (0.05) 下, Jarque-Bera 检验和 Lilliefors 检验均表明, 身高和体重两个总体均服从正态分布。作出频率分布直方图及拟合的正态曲线, 如图 1, 可以看出, 身高体重的频率分布基本符合正态分布曲线。

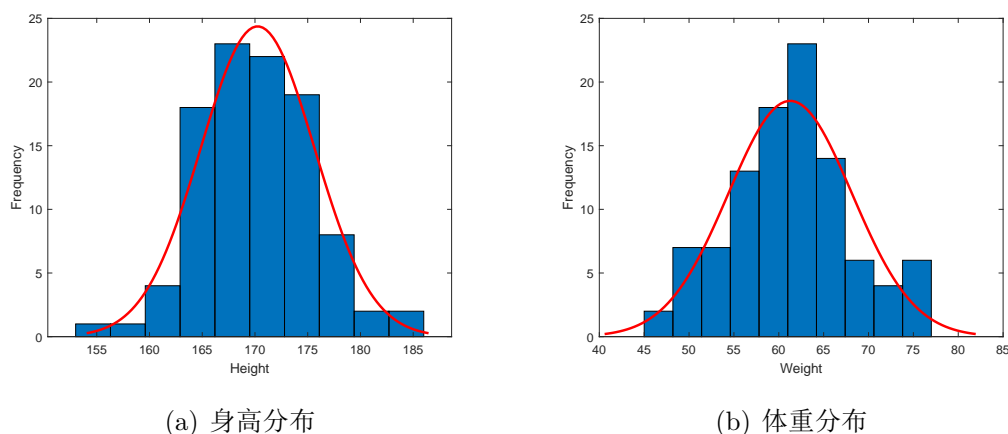


图 1: 学生身高和体重的频率分布直方图及拟合的正态曲线

第 (2) 问 在默认的显著性水平 (0.05) 下, 身高和体重两个总体的参数估计如表 1, 其中包括均值和方差点估计和区间估计。在不同的显著性水平下, 身高和体重的置信区间如图 2 和图 3。

表 1: 身高和体重分布的参数估计

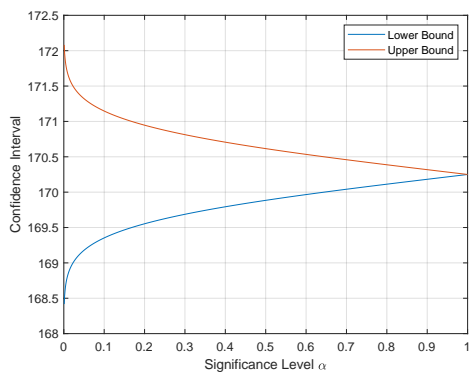
指标	均值点估计	标准差点估计	均值区间估计	标准差区间估计
身高 (cm)	170.25	5.40	[169.18, 171.32]	[4.74, 6.28]
体重 (kg)	61.27	6.89	[59.90, 62.64]	[6.05, 8.01]

第 (3) 问 在默认的显著性水平 (0.05) 下, 经过 t 检验, 身高总体的原假设不成立, 体重总体的原假设成立, 由此可以断定, 近 10 年来, 学生的平均身高发生了明显变化, 而平均体重无明显变化。

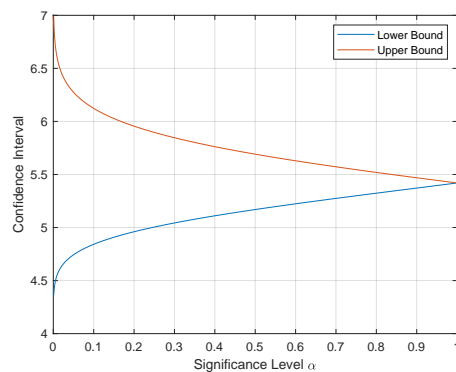
2.2.4 结果分析

从图 1 可以看出, 在较大的样本量下, 学生的身高和体重近似服从正态分布, 这与概率论的中心极限定理相吻合。

从图 2 和图 3 可以看出, 当显著性水平趋于 0 时, 置信区间长度趋于无穷; 当显著性水平趋于 1 时, 置信区间长度趋于 0, 收敛到点估计值; 随着显著性水

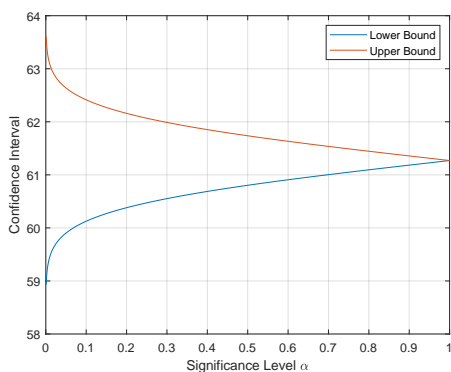


(a) 均值置信区间

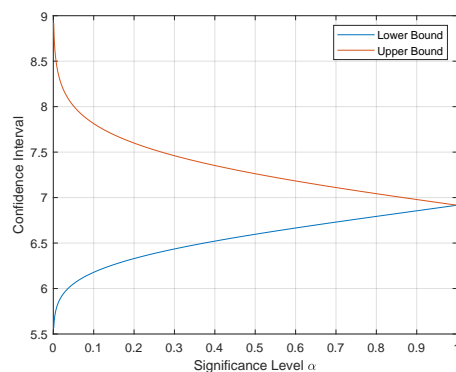


(b) 方差置信区间

图 2: 不同的显著性水平下, 身高的总体均值和方差的置信区间



(a) 均值置信区间



(b) 方差置信区间

图 3: 不同的显著性水平下, 体重的总体均值和方差的置信区间

平的增加, 即置信概率的降低, 参数的置信区间随之缩小。计算结果与理论分析相符。

2.2.5 结论

在 95% 的置信概率下, 全校学生的身高和体重均服从正态分布, 如图 1。

全校学生的平均身高为 170.25 厘米, 平均体重为 61.27 千克, 在 95% 的置信概率下, 平均身高处于置信区间 $[169.18, 171.32]$ 内, 平均体重处于置信区间 $[59.90, 62.64]$ 内。

在 95% 的置信概率下, 近 10 年来, 学生的平均身高发生了明显变化, 而平均体重无明显变化。

2.3 Chap12-Ex7 胃溃疡病理（应用题）

2.3.1 问题分析

题目设置了一个对照实验，分为胃溃疡病人和正常人两组，每组给出了 30 人的溶菌酶含量数据，需要确定病人和正常人的溶菌酶含量有无显著差别，这是一个两总体均值的假设检验问题。

2.3.2 模型假设

为了简化实际情况，模型基于以下假设，

1. 正常人和胃溃疡病人的溶菌酶含量均服从正态分布。
2. 除特别说明外，原始数据均准确无误。

2.3.3 模型建立

由于样本量较小，未能通过总体分布的正态性检验，但是根据生活经验，很多医学现象都是服从正态分布的，因此这里假设病人和正常人的溶菌酶含量两个总体均服从正态分布，病人的溶菌酶含量服从 $N(\mu_1, \sigma_1^2)$ ，正常人的溶菌酶含量服从 $N(\mu_2, \sigma_2^2)$ ，使用两总体均值的假设检验方法，记原假设 H_0 和对立假设 H_1 为，

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2, \quad H_1 : \mu_1 \neq \mu_2 \quad (4)$$

由于总体方差未知，因此采用 t 检验。若原假设 H_0 被接受，则病人与正常人的溶菌酶含量无显著差别；若被拒绝，则有显著差别。

2.3.4 算法设计

在 MATLAB 的实现中，可采用 `ttest2` 命令进行两总体均值的假设检验。

2.3.5 程序

请参见附录4.3。

2.3.6 计算结果

使用病人组的全部数据时，用点估计求得总体分布为 $N(15.33, 16.45^2)$ 。经过 t 检验，得到 p 值为 0.0251，低于默认的显著性水平 0.05，原假设被拒绝，表明病人与正常人的溶菌酶含量有显著差别。

去掉病人组的最后 5 个数据后，用点估计求得总体分布为 $N(11.51, 11.75^2)$ 。经过 t 检验，得到 p 值为 0.1558，高于默认的显著性水平 0.05，原假设被接受，表明病人与正常人的溶菌酶含量无显著差别。

2.3.7 结果的数学分析

经过计算，病人组的最后 5 个数据很可能有误，因为其中包含了 2 个 3σ 之外，1 个 2σ 之外的离群点，使参数估计产生了较大误差。为了减小误差，应当尽可能降低原始数据的噪声。

2.3.8 结果的实际意义

该计算结果具有一定的实际意义，可作为分析胃溃疡病理的重要参考。然而，题目给出的样本量相对较小，得出的结论不一定准确，在实际情况下，应当增大样本量，并保证原始数据准确无误，从而得出更可靠的结论。

2.3.9 结论

使用病人组的全部数据计算得出，病人与正常人的溶菌酶含量有显著差别；去掉病人组的最后 5 个数据后计算得出，病人与正常人的溶菌酶含量无显著差别。

3 收获与建议

在本次实验中，我掌握了数据的参数估计方法，以及假设检验的基本原理和算法，用统计推断方法建立了实际问题的模型，并用 MATLAB 进行求解，在解决实际问题的过程中，我对数学方法的原理和应用有了更深刻的理解。

希望助教能对每次的实验进行详细的解答，希望老师在未来的课堂上介绍更多数学应用的前沿知识。

4 附录：程序代码

4.1 Chap12-Ex5

```
1 p = 43/50;
2 n = 50;
3 data = zeros(1,n);
4 data(1:round(n*p)) = 1;
5
6 mu = 0.9;
7 sigma = sqrt(mu*(1-mu));
8 [h,p,ci,zval] = ztest(data, mu, sigma, 'Tail', 'left', 'Alpha', 0.05)
9 ;
10 h,p,ci,zval
```

4.2 Chap12-Ex6

```
1 heights = [172 171 166 160 155 173 166 170 167 173 178 173 163 165
    170 163 172 182 171 177 169 168 168 175 176 168 161 169 171 178
    177 170 173 172 170 172 177 176 175 184 169 165 164 173 172 169
    173 173 166 163 170 160 165 177 169 176 177 172 165 166 171 169
    170 172 169 167 175 164 166 169 167 179 176 182 186 166 169 173
    169 171 167 168 165 168 176 170 158 165 172 169 169 172 162 175
    174 167 166 174 168 170];
2 weights = [75 62 62 55 57 58 55 63 53 60 60 73 47 66 60 50 57 63 59
    64 55 67 65 67 64 50 49 63 61 64 66 58 67 59 62 59 58 68 68 70 64
    52 59 74 69 52 57 61 70 57 56 65 58 66 63 60 67 56 56 49 65 62 58
    64 58 72 76 59 63 54 54 62 63 69 77 76 72 59 65 71 47 65 64 57 57
    57 51 62 53 66 58 50 52 75 66 63 50 64 62 59];
3
4 process(heights, 'Height', 167.5);
5 process(weights, 'Weight', 60.2);
6
7 function process(data, label, mu)
8     fprintf('processing %s\n', label);
9     jbtest(data)
10    lillietest(data)
11    [muHat,sigmaHat,muCI,sigmaCI] = normfit(data)
12
13    figure; histfit(data);
14    xlabel(label); ylabel('Frequency');
15
16    ttest(data, mu)
17 end
```

4.3 Chap12-Ex7

```
1 patient = [0.2 10.4 0.3 0.4 10.9 11.3 1.1 2.0 12.4 16.2 2.1 17.6 18.9
    3.3 3.8 20.7 4.5 4.8 24.0 25.4 4.9 40.0 5.0 42.2 5.3 50.0 60.0
    7.5 9.8 45.0];
2 normal = [0.2 5.4 0.3 5.7 0.4 5.8 0.7 7.5 1.2 8.7 1.5 8.8 1.5 9.1 1.9
    10.3 2.0 15.6 2.4 16.1 2.5 16.5 2.8 16.7 3.6 20.0 4.8 20.7 4.8
    33.0];
3
4 lillietest(patient)
5 lillietest(normal)
6
7 [muHat,sigmaHat,muCI,sigmaCI] = normfit(normal)
8 [muHat,sigmaHat,muCI,sigmaCI] = normfit(patient)
```



```
9  
10 [h,p,ci,stats] = ttest2(patient, normal)  
11  
12 patient = patient(1:length(patient)-5);  
13 [muHat,sigmaHat,muCI,sigmaCI] = normfit(patient)  
14 [h,p,ci,stats] = ttest2(patient, normal)
```