

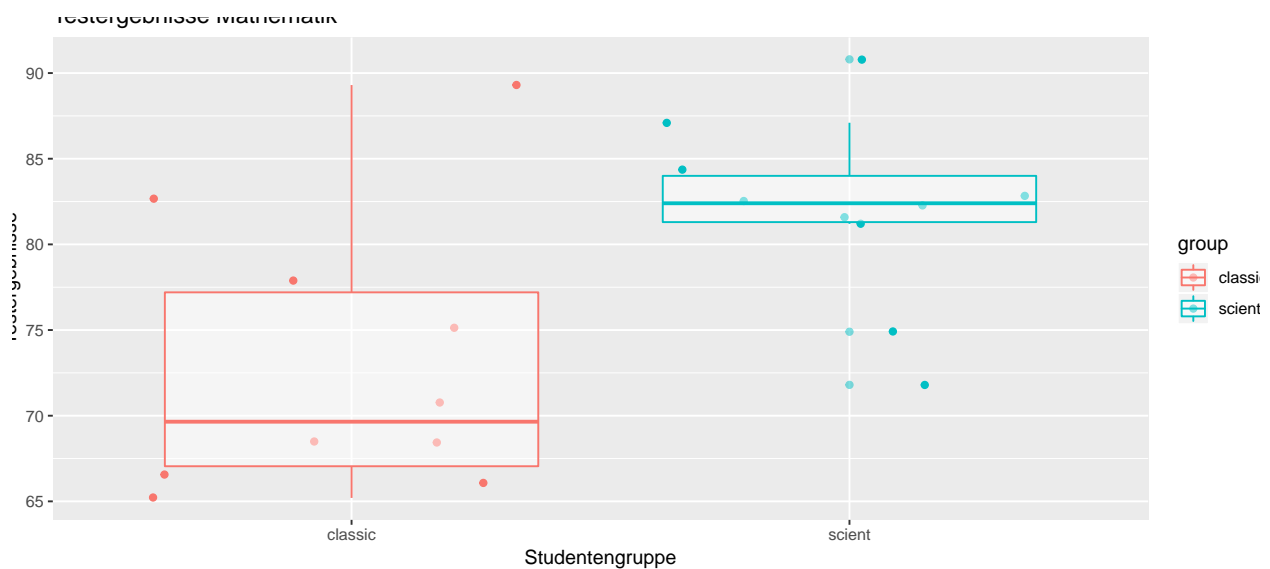
Aufgabe 1

```
load('applicants.RData')
library(tidyr)
library(ggplot2)
df = data.frame(scient, classic)
ggdata = gather(df, 'group', 'result', c(1,2))
```

a)

```
summary(scient)
#>   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#>  71.80  81.30   82.40   81.94   84.00   90.80
summary(classic)
#>   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#>  65.20  67.05   69.65   73.06   77.20   89.30
```

```
gg = ggplot(
  data = ggdata,
  mapping = aes(
    x = group,
    y = result,
    color = group
  )
)
gg = gg + geom_jitter()
gg = gg + geom_boxplot(alpha=0.5)
gg = gg + labs(
  title = "Testergebnisse Mathematik",
  x = "Studentengruppe",
  y = "Testergebnisse"
)
gg
```



Hier eignet sich ein nichtparametrischer Test aus mehrerer Hinsicht:

1. Da unsere Stichprobengröße mit $n=10$ klein ist, gibt es eine geringere Trennschärfe und eine a priori Annahme der Verteilung unserer Stichproben stellt sich schwierig dar.
2. Unsere Stichproben sind ordinalskaliert.
3. Wir möchten auf eine Verschiebung in eine bestimmte Richtung testen.

b)

```
load('applicants.RData')
df = data.frame(classic, scient)
data = gather(df, "class", "grade", c(1,2))
sorted_data = data[order(data$grade),]
sorted_data$rank = seq.int(nrow(sorted_data))
classic_ranksum = sum(sorted_data[sorted_data$class == 'classic',]$rank)
scient_ranksum = sum(sorted_data[sorted_data$class == 'scient',]$rank)
z = (classic_ranksum - 10*21/2)/(sqrt(100*21/12))
T = classic_ranksum
T
#> [1] 74
z
#> [1] -2.34338
```

Seien X_1, \dots, X_{10} iid, grades der classics. Seien Y_1, \dots, Y_{10} iid, grades der scient.

Sei $F_X(x)$ die Verteilungsfunktion von X_i und $F_X(x) = F_Y(x + \theta)$.

Wir formulieren als Nullhypothese, dass die scient

$$H_0 : \{\theta < 0\} \text{ vs } H_1 : \{\theta \geq 0\}$$

und Testen zu einem Signifikanzniveau von 5% sprich wir lehnen die Nullhypothese ab, wenn

$$z = \frac{T - \frac{n(n+m+1)}{2}}{\sqrt{\frac{nm(n+m+1)}{12}}} < -1.64$$

mit $T := \sum_{i=1}^1 \text{rg}(X_i)$ für $n = 10, m = 10$. Um T berechnen zu können fassen wir beide Datensätze zusammen, ordnen diese Anhand der Werte und die Ränge $\text{rg}(X_i)$ berechnen wir anschließend, indem die Werte einen aufsteigenden Rang angefangen bei 1 zugeordnet bekommen, sprich $\text{rg}(X_8) = 1$ und $\text{rg}(Y_7) = 20$.

Wir erhalten $T = 74$ und $z = -2.3433797 < -1.64$ und somit lehnen wir die Nullhypothese zu einem Signifikanzniveau von 5% ab. Die Testgruppe classic schneidet bei Mathematik Tests also signifikant schlechter ab als die Testgruppe scient.

c)

```
wilcox.test(scient,classic,alternative = 'greater', paired = FALSE)
#>
#> Wilcoxon rank sum test
#>
#> data: scient and classic
#> W = 81, p-value = 0.009272
#> alternative hypothesis: true location shift is greater than 0
```

Mit einem $\alpha = 5\%$ wird im obigen Test die Nullhypothese ($\theta < 0$) abgelehnt (p-value = 0.009272 < 0.05). Dies bedeutet, die Scores der Naturwissenschaftsstudenten sind signifikant höher als die Scores der Nicht-Naturwissenschaftsstudenten.

Wir erhalten das gleiche Testergebnis wie bei der Berechnung per Hand nur gibt der eingebaute Wilcoxon Rangsummentest eine andere Rangsumme aus $W = 81$, die mit keiner der beiden händisch berechneten Rangsummen übereinstimmt $w_X = 74, w_Y = 136$. R wird intern wohl etwas anderes rechnen.

Hier wurde die Approximation über die Normalfunktion gemacht, diese ist aber erst bei $n > 30$ zulässig.

Alternativ nehmen wir das Minimum der w also 74 und vergleichen dies in der Tabelle mit Einseitig 5% für $n = 10$ und erhalten, dass wir die Nullhypothese ablehnen, wenn $w < 78$. Dies ist der Fall also tun wir dies auch.

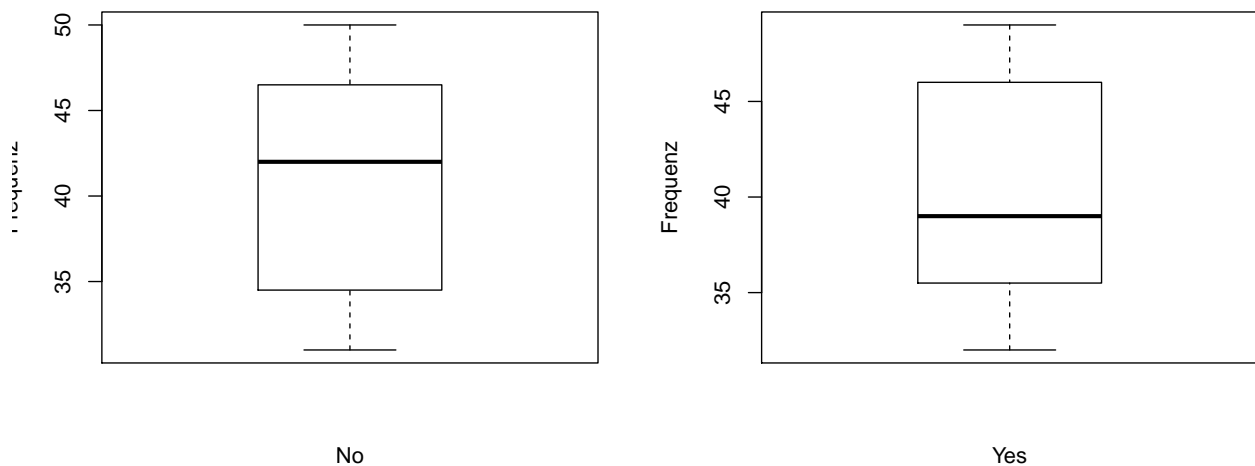
Aufgabe 2

a)

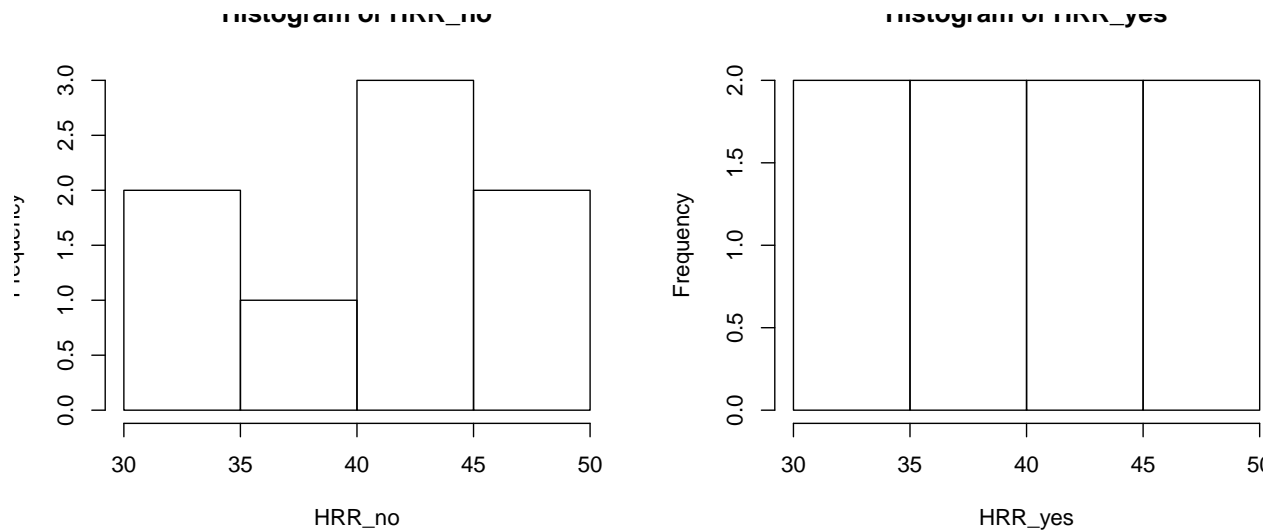
Die Fragestellung ist verbunden, da unsere Daten aus der gleichen Stichprobe kommen und symmetrisch sind.

b)

```
load("HRR.RData")
par(mfrow=c(1,2))
boxplot(HRR_no, ylab='Frequenz', xlab='No')
boxplot(HRR_yes, ylab='Frequenz', xlab='Yes')
```



```
hist(HRR_no)
hist(HRR_yes)
```



Hier eignet sich, aus den gleichen Gründen wie in Aufgabe 1, ein nichtparametrischer Test zur Überprüfung der Hypothesen.

c)

```
load('HRR.RData')
D = HRR_no - HRR_yes
df = data.frame(D)
df$rank = seq.int(nrow(df))
wp = sum(df[df$D > 0,]$rank)
wm = sum(df[df$D < 0,]$rank)
z = (wp - 8*9/4)/sqrt(8*9*17/24)
```

Wir führen einen Wilcoxon-Vorzeichen-Rangtest auf den Differenzen der Stichproben durch.

Seien X_1, \dots, X_8 iid, Herzfrequenz ohne Monitoring. Seien Y_1, \dots, Y_8 iid, Herzfrequenz mit Monitoring. Sei $D_i := X_i - Y_i$.

Als Nullhypothese nehmen wir an, dass die zentrale Lage der Verteilung kleiner 0 ist (wir nehmen an, dass die Herzfrequenz ohne Monitoring nicht höher ist), also

$$H_0 : \{D_{i_{\text{med}}} < 0\} \text{ vs } H_1 : \{D_{i_{\text{med}}} \geq 0\}$$

Nun geben wir den Differenzen Ränge, angefangen bei 1 und das ohne Sortierung und bilden anschließend die Summen über die positiven und negativen Zahlen und erhalten:

$$w_+ = 21$$

$$w_- = 15$$

$$T = \min(w_+, w_-) = w_- = 15$$

Da $n = 8$ und Test zweiseitig zu $\alpha = 0.1$ muss nach Tabelle 5 unterschritten werden, damit die Nullhypothese abgelehnt werden muss. Wir haben aber $T = 15 > 5$ somit lehnen wir die Nullhypothese nicht ab. Es gibt keinen signifikanten Unterschied zwischen den Daten.

d)

```
wilcox.test(HRR_yes, HRR_no, paired=TRUE, alternative = 'less')
#> Warning in wilcox.test.default(HRR_yes, HRR_no, paired = TRUE, alternative
#> = "less"): cannot compute exact p-value with ties
#>
#> Wilcoxon signed rank test with continuity correction
#>
#> data: HRR_yes and HRR_no
#> V = 16, p-value = 0.4167
#> alternative hypothesis: true location shift is less than 0
```

Mit einem $\alpha = 5\%$ wird im obigen Test die Nullhypothese ($\theta < 0$) nicht widerlegt (p-value = 0.4167 > 0.05). Dies bedeutet, der Median von HRR_yes ist statistisch nicht signifikant kleiner als der Median von HRR_no.

Aufgabe 3

a)

Für den Permutationstest spielt die Reihenfolge welchen Wert man aus der jeweiligen Gruppe zieht keine Rolle. Folglich kann man die Anzahl an Permutationen berechnen, indem man die Anzahl Permutationen mit Wiederholung für 5 Elemente aus 2 Gruppen mit je 2 und 3 Elementen berechnet. Wir erhalten:

$$\binom{2+3}{2} = 10$$

b)

Wir haben nur 10 Permutationen, was bedeutet, dass jedes α mindestens 10% beträgt. Wir können somit die geforderten 5% nicht unterschreiten und lehnen die Nullhypothese somit nicht ab.

c)

```
library(perm)
Braeburn = c(55, 104)
Golden_Delicious = c(89, 108, 98)
permTS(Braeburn, Golden_Delicious)
#>
#> Exact Permutation Test (network algorithm)
#>
#> data: Braeburn and GROUP 2
#> p-value = 0.6
#> alternative hypothesis: true mean Braeburn - mean GROUP 2 is not equal to 0
#> sample estimates:
#> mean Braeburn - mean GROUP 2
#> -18.83333
```

Mit einem $\alpha = 5\%$ wird im obigen Test die Nullhypothese ($Z \sim Z_\pi$) nicht widerlegt (p-value = 0.6 > 0.05). Dies bedeutet, dass es keine tendenziell besser bewertete Apfelsorte gibt.