

Angewandte Statistik für Biometrie

(Abgabe: Di., 11.05.2010, 13:15 Uhr, vor den Übungen)

1. Gegeben sei der Zufallsvektor $\begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix} \sim N\left(\begin{pmatrix} \mu_X \\ \mu_Y \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_X^2 & \rho\sigma_X\sigma_Y \\ \rho\sigma_X\sigma_Y & \sigma_Y^2 \end{pmatrix}\right)$, $|\rho| < 1$.
Zeige, dass $F_{X|Y=y}(x)$ die Normalverteilung $N(\mu_X + \rho\frac{\sigma_X}{\sigma_Y}(y - \mu_Y), (1 - \rho^2)\sigma_X^2)$ ist.

Hinweis: Berechne die Dichte $f_{X|Y=y}(x) = f_{(X,Y)}(x, y)/f_Y(y)$.

Bemerkung: Hieraus ergibt sich $\mathbb{E}(X|Y = y) = \mu_X + \rho\frac{\sigma_X}{\sigma_Y}(y - \mu_Y)$, vgl. Vorlesung.

(4 Punkte)

2. (a) Lade den Datensatz **Blatt3a.dat** von der Homepage der Veranstaltung herunter. Dabei handelt es sich um den Datensatz, der auf Blatt 2 simuliert wurde. Passe an diesen Datensatz nun ein Modell der Form $X_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \beta_2 t_i^2 + \beta_3 t_i^3$ an. Die Aufgabe besteht nun darin die Hypothese $H_0 : \beta_3 = 0$ gegen $H_1 : \beta_3 \neq 0$ zu testen. Als Konfidenzniveau verwenden wir $\alpha = 5\%$. Man berechne den Wert der Teststatistik $\frac{Q_{R|H_0} - Q_R}{Q_R}(n - r)$ und das 5%-Quantil der benötigten $F(1, n - r)$ -Verteilung. Was ergibt der Test? Der P -Wert für den Test wird in R mit `summary` ebenfalls ausgegeben. Zu welchem Ergebnis führt dieser Test?
- (b) Lade zusätzlich den Datensatz **Blatt3b.dat** von der Veranstaltungshomepage herunter. Hier wurde das Modell von Blatt 2 ein weiteres mal realisiert. Wir passen nun auf den ersten Datensatz das Modell $X_i = \beta_0^{(1)} + \beta_1^{(1)} t_i$ und auf den zweiten Datensatz das Modell $X_i = \beta_0^{(2)} + \beta_1^{(2)} t_i$ an. Wir wollen die Hypothese $H_0 : \vec{\beta}^{(1)} = \vec{\beta}^{(2)}$ gegen $H_1 : \vec{\beta}^{(1)} \neq \vec{\beta}^{(2)}$ testen (Niveau: 5%). Berechne die benötigte Testgröße $\frac{Q_{R|H_0} - Q_R}{Q_R} \frac{(n-4)}{2}$ und das benötigte Quantil der $F(2, n - 4)$ -Verteilung und führe den Test durch. Welche Bedeutung hat die Zahl 2 im Nenner der Teststatistik?

Hinweis: Der Befehl `rbind` kann benutzt werden, um gegebene Matrizen zeilenweise zu einer gemeinsamen Matrix zu verbinden. Die F -Verteilung kann in R mit den Befehlen `df`, `pf`, `qf`, `rf` aufgerufen werden. Außerdem können die Werte `sigma` von `summary.lm` und `df` von `lm` benutzt werden.

(8 Punkte)

<http://www.uni-ulm.de/mawi/zawa/lehre/sommer2010/asb2010.html>