Musterlösung zu Serie 7

- **1. a)** Test durchführen: Modellannahme: X_i : *i*-te Ammoniumbestimmung. X_i i.i.d. $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ mit $\sigma = 10$. X_i i.i.d. $\mathcal{N}(\mu_0, \sigma^2)$ mit $\mu_0 = 200, \sigma = 10$ Nullhypothese H_0 : X_i i.i.d. $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ mit $\mu > 200, \sigma = 10$ (einseitig) Alternative H_A : Verwerfungsbereich: Aus der Normalverteilungstabelle: $\mathcal{K} = \{ z : \Phi(z) > 0.95 \} =]1.64, \infty].$ (Dies entspricht dem Verwerfungsbereich $[204.1,\infty]$ für \overline{X} .) $z = \frac{\overline{x} - \mu_0}{\sigma / \sqrt{n}} = \frac{204.2 - 200}{\sigma / \sqrt{16}} = 1.68$ Wert der Teststatistik: Testentscheid: $1.68 \in \mathcal{K}$, also wird die Nullhypothese verworfen.
 - Eine Grenzwertüberschreitung ist statistisch gesichert.b) Aus a) folgt: Die Nullhypothese kann verworfen werden, falls der Mittelwert aller Messungen grösser als 204.1 ist,

 $\overline{X} > 204.1.$

Um die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, dass eine Grenzwertüberschreitung nachgewiesen werden kann (H_0 verworfen werden kann), geht man wieder zu einer standardisierten normalverteilten Zufallsvariable über. Mit $\mu_A = 205$ und $\sigma = 10$ erhält man

$$P[\overline{X} > 204.1] = P[\frac{\overline{X} - \mu_A}{\sigma/\sqrt{n}} > \frac{204.1 - \mu_A}{\sigma/\sqrt{n}}]$$
$$= P[\frac{\overline{X} - \mu_A}{\sigma/\sqrt{n}} > -0.36]$$
$$= P[Z > -0.36]$$

Dies enspricht also der Wahrscheinlichkeit, dass eine normalverteilte Zufallsvariable ${\cal Z}$ mit Varianz 1,

$$Z \sim \mathcal{N}(0,1),$$

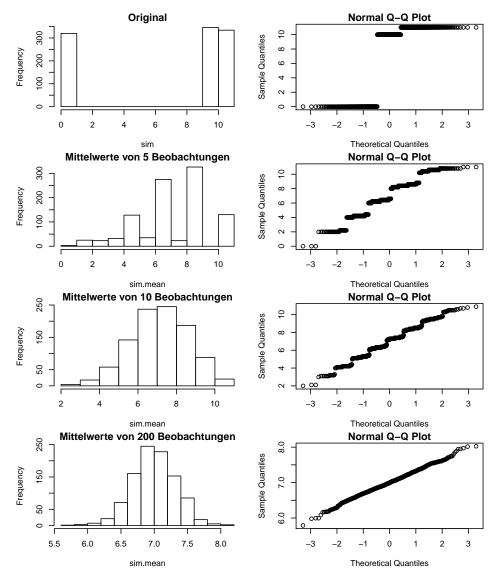
einen Wert grösser als -0.36annimmt. Diese Wahrscheinlichkeit ist wegen der Symmetrie der Normalverteilung gleich zu

$$P[Z \le 0.36] = 0.6406$$

wie aus der Tabelle entnommen werden kann. Die gesuchte Wahrscheinlichkeit (die Macht des Testes) ist also ungefähr 64%.

c) Dies ist genau das Niveau des Testes und war als 5% vorgegeben.

2. Die untenstehenden Grafiken zeigen, dass die Form der Verteilung des Mittelwerts von unabhängigen Zufallsvariablen auch dann der Normalverteilung immer ähnlicher wird, wenn die Variablen selber überhaupt nicht normalverteilt sind. An der x-Achse sieht man auch, dass die Varianz immer kleiner wird.



Die Grafiken wurden mit folgendem R Code generiert:

```
> set.seed(1)
                                               # fuer Reproduzierbarkeit
> par(mfrow=c(4,2), mar=c(4.1,5.1,1.4,0.5))
                                                Settings fuer Grafiken
                                               #
> werte <- c(0,10,11)
                                                moegliche Werte von X
                                               #
> sim <- sample(werte, 1000, replace=TRUE)</pre>
                                                X simulieren
                                               #
> hist(sim, main = "Original")
                                               #
                                                Histogramm erstellen
> qqnorm(sim)
                                               #
                                                Q-Q Plot erstellen
> for (n in c(5, 10, 200)) {
                                               #
                                                Anzahl Beobachtungen die
                                               #
                                                gemittelt werden
   sim.mean <- rep(0, 1000)
                                                Anzahl Replikate
                                               #
   for(i in 1:1000){
     sim.mean[i] <-</pre>
       mean(sample(werte, n, replace=TRUE))
                                              # X simulieren und mitteln
   }
   hist(sim.mean, main =
        paste("Mittelwerte von", n,
                                               # Histogramm erstellen
              "Beobachtungen"))
   qqnorm(sim.mean)
                                               # Q-Q Plot erstellen
}
```