



**МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ**  
федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение

высшего образования

**«ИРКУТСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»**  
ФГБОУ ВО «ИГУ»

**Кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики**

УТВЕРЖДАЮ

Декан биолого-почвенного факультета

А.Н. Матвеев

« 21 » марта 2025 г.

**ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ**

для проведения текущего контроля и промежуточной аттестации по дисциплине:

**Б1.О.25 «СПЕЦИАЛЬНЫЕ ГЛАВЫ МАТЕМАТИКИ»**

Специальность: 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика»

Специализация: «Биоинженерия и биоинформатика»

Квалификация выпускника: биоинженер и биоинформатик

Форма обучения: очная с элементами электронного обучения и дистанционных образовательных технологий

Согласовано с УМК биолого-почвенного факультета

Протокол № 5 от 24 марта 2025 г.

Председатель М. А.Н. Матвеев

Рекомендовано кафедрой физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

Протокол № 12 от 19 марта 2025 г.

Зав. кафедрой Б.П. Саловарова

Иркутск 2025 г.

## ФОНД ОЦЕНОЧНЫХ МАТЕРИАЛОВ

Разработан для учебной дисциплины Б1.О.25 «СПЕЦИАЛЬНЫЕ ГЛАВЫ МАТЕМАТИКИ» специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», специализация «Биоинженерия и биоинформатика». Фонд оценочных материалов (ФОМ) включает оценочные материалы для проведения текущего контроля, промежуточной аттестации в форме экзамена.

Оценочные материалы соотнесены с требуемыми результатами освоения образовательной программы 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», в соответствии с содержанием рабочей программы учебной дисциплины Б1.О.25 «Специальные главы математики» с учетом ОПОП.

Нормативные документы, регламентирующие разработку ФОМ:

- статья 2, часть 9 Федерального закона «Об образовании в Российской Федерации», ФЗ-273, от 29.12.2012 г.;
- ФГОС ВО по специальности 06.05.01 «Биоинженерия и биоинформатика», утвержденный приказом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 12 августа 2020 г. № 973.

### 1. Компетенции, формируемые в процессе изучения дисциплины (2 курс, 3 семестр)

ОПК-2: Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)

ОПК-3: Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований

Компетенция	Индикаторы компетенций	Результаты обучения	Формы и методы контроля и оценки
ОПК-2 Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	<i>ИДК ОПК-2.1</i> Демонстрирует специализированные знания в области фундаментальных разделов математики, физики, химии, биологии и перспективы междисциплинарных исследований	Знать: литературу по теме, владеть навыками, анализа информации сети «интернет» для поиска и освоения новых методов анализа данных и информационных технологий. Уметь: выбирать оптимальные методы и программы для решения задач в области анализа биологической информации по разным разделам биологических дисциплин. Владеть: методами построение анализа биологических систем с применением методов анализа функций, векторной алгебры, численных методов.	Текущий контроль: - письменная работа (решение самостоятельных заданий)  - Промежуточная аттестация: экзамен
	<i>ИДК ОПК-2.2</i> Умеет использовать навыки проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики с	Знать: базовые алгоритмы в языка программирования R программирования, процедуры и функции обработки и визуализации статистических данных и результатов моделирования, реализации численных методов.	Текущий контроль: - письменная работа (решение самостоятельных заданий)

	<p>учетом специализированных фундаментальных знаний</p>	<p>Уметь: анализировать входные и выходные данные алгоритмов и моделей описания биологических систем, обрабатывать и визуализировать статистические данные и результаты моделирования с помощью базовых средств языка программирования R. Владеть: навыками анализа сложных данных в различных отраслях биологии и биоинформатики.</p>	<p>- <b>Промежуточная аттестация:</b> экзамен</p>
	<p><i>ИДК ОПК-2.3</i> Владеет методами химии, физики и математического моделирования для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики</p>	<p>Знать: классификацию основных типов математических моделей и математических функций для описания и исследования биологических систем и биологических процессов. Уметь: осуществлять интерпретацию результатов математического моделирования и математических расчетов. Владеть: методами анализа комплексных биологических данных с использованием различных вычислительных и численных методов</p>	<p><b>Текущий контроль:</b> - письменная работа (решение самостоятельных заданий)</p> <p>- <b>Промежуточная аттестация:</b> экзамен</p>
<p>ОПК-3 Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований</p>	<p><i>ИДК ОПК-3.1</i> Проводит экспериментальную работу с организмами и клетками с использованием физико-химических методов исследования макромолекул</p>	<p>Знать: основные математические понятия и методы, применимые для анализа биологических макромолекул. Уметь: адекватно выбрать математический метод поведения биологических систем на молекулярном уровне. Владеть: основными принципами формализации сложных биологических систем в виде математических моделей клеточных и биохимических процессов</p>	<p><b>Текущий контроль:</b> - письменная работа (решение самостоятельных заданий)</p> <p>- <b>Промежуточная аттестация:</b> экзамен</p>
	<p><i>ИДК ОПК-3.2</i> Демонстрирует практические навыки математических методов обработки</p>	<p>Знать: цель, основные задачи и области применения математических методов в рамках направления подготовки.</p>	<p><b>Текущий контроль:</b></p>
			<p>- письменная работа (решение самостоятельных заданий)</p>

	результатов экспериментальных исследований	<p>систему и биологический процесс в виде математической модели, использовать биологические данные для проверки и тестирования математических моделей, кластеризации и систематизации биологических данных.</p> <p>Владеть: методами анализа и исследования разработанных математических моделей для описания различных биологических процессов и биосистем, кластеризации и систематизации биологических объектов.</p>	<p><b>- Промежуточная аттестация:</b> экзамен</p>
	<p><i>ИДК ОПК-3.3</i></p> <p>Владеет опытом применения методов для исследования макромолекул, обработки результатов биологических исследований, прогнозирования перспектив и социальных последствий своей профессиональной деятельности.</p>	<p>Знать: особенности и основные свойства биологических систем, описываемых с помощью математических методов, методов кластеризации и систематизации биологических объектов.</p> <p>Уметь: выбирать адекватные методы для анализа биологических данных систематизации и кластеризации биологических объектов.</p> <p>Владеть: навыками совершенствования своих профессиональных качеств в области построения математических моделей и анализа и систематизации биологических данных.</p>	<p><b>Текущий контроль:</b></p> <p>- письменная работа (решение самостоятельных заданий)</p> <p><b>- Промежуточная аттестация:</b> экзамен</p>

## 2. Оценочные материалы текущего контроля

В рамках дисциплины «Спецглавы математики» используются следующие формы текущего контроля - письменная работа по решению самостоятельных заданий (все формулировки заданий для самостоятельного решения с необходимыми сопроводительными материалами выложены на образовательном портале ИГУ в темах курса «Специальные главы математики»);

**Перечень письменных работ для самостоятельного выполнения по разделам – темам дисциплины.**

### Задание по теме 1:

У вас есть текстовый файл `ice_cream_sales.txt`, содержащий данные о продажах мороженого в зависимости от температуры воздуха. Файл имеет следующую структуру:

```
Temperature, Sales
20,150
22,175
25,200
28,220
30,240
32,250
35,260
```

Где:

- `Temperature` - температура воздуха в градусах Цельсия.
- `Sales` - количество проданного мороженого.

Используя язык программирования R, необходимо:

1. Загрузить данные из файла `ice_cream_sales.txt` в датафрейм.
2. Построить график зависимости продаж мороженого от температуры.
3. Добавить заголовок графика "Зависимость продаж мороженого от температуры".
4. Обозначить оси графика: "Температура (°C)" и "Продажи".

### Ответ:

```
# Укажите путь к вашему файлу
file_path <- "ice_cream_sales.txt"
```

```
# 1. Загрузка данных из файла
data <- read.csv(file_path)
```

```
# 2. Построение графика зависимости продаж от температуры
plot(data$Temperature, data$Sales,
```

```
  main = "Зависимость продаж мороженого от температуры", # Заголовок графика
  xlab = "Температура (°C)", # Подпись оси X
  ylab = "Продажи", # Подпись оси Y
  type = "p", # Тип графика - точки
  pch = 16, # Тип точек
  col = "blue" # Цвет точек
)
```

```
# Можно добавить линию тренда (по желанию)
model <- lm(Sales ~ Temperature, data = data)
abline(model, col = "red")
```

```
#Добавление легенды (по желанию)
legend("topleft",
```

```
legend = c("Данные", "Линия тренда"),
col = c("blue", "red"),
pch = c(16, NA),
lty = c(NA, 1),
cex = 0.8)
```

### Задание по теме 2:

#### Задание:

Напишите программу на языке R, которая:

1. Использует цикл `for`, чтобы перебрать числа от 1 до 10 (включительно).
2. Для каждого числа вычисляет его квадрат и куб.
3. Выводит в консоль таблицу, содержащую число, его квадрат и его куб. Таблица должна иметь заголовки столбцов: "Число", "Квадрат", "Куб".

#### Ответ:

```
# Задание: Вычисление квадратов и кубов чисел от 1 до 10
```

```
# Вывод заголовков таблицы
cat("Число Квадрат Куб\n")
```

```
# Цикл for для перебора чисел от 1 до 10
```

```
for (i in 1:10) {
  # Вычисление квадрата и куба числа
  квадрат <- i * i
  куб <- i * i * i
```

```
# Форматированный вывод строки таблицы
```

```
cat(sprintf("%5d %7d %5d\n", i, квадрат, куб))
}
```

### Задание по теме 3:

#### Задание:

Напишите функцию на языке R, которая принимает следующие аргументы:

1. `func`: Математическая функция, заданная как выражение R (например, `x^2` или `sin(x)`).
2. `from`: Нижняя граница интервала по оси X.
3. `to`: Верхняя граница интервала по оси X.
4. `title`: Заголовок графика (строка).
5. `x_label`: Подпись оси X (строка).
6. `y_label`: Подпись оси Y (строка).

Функция должна:

1. Сгенерировать вектор значений x в заданном интервале `from` до `to` с шагом 0.1.
2. Вычислить значения функции `func` для каждого значения x.
3. Построить график функции, используя полученные значения x и y.
4. Установить заголовок графика (`title`), подписи осей X (`x_label`) и Y (`y_label`).

#### Ответ:

```
# Функция для построения графика математической функции
```

```
plot_function <- function(func, from, to, title, x_label, y_label) {
```

```
  # 1. Генерация вектора значений x
```

```
  x <- seq(from, to, by = 0.1)
```

```
  # 2. Вычисление значений функции func для каждого x
```

```
  y <- eval(parse(text = func)) #Важно использовать eval и parse, потому что func передаётся
  как строка
```

```

# 3. Построение графика
plot(x, y,
      type = "l", # Тип графика - линия
      main = title, # Заголовок графика
      xlab = x_label, # Подпись оси X
      ylab = y_label, # Подпись оси Y
      col = "blue" # Цвет линии
)
}

# Пример использования функции:
plot_function("x^2", -5, 5, "График функции  $y = x^2$ ", "X", "Y")

plot_function("sin(x)", 0, 2*pi, "График функции  $y = \sin(x)$ ", "X", "Y")

plot_function("exp(-x)", -2, 5, "График функции  $y = e^{-x}$ ", "X", "Y")

# Пример использования с более сложной функцией, требующей обработки деления на
# ноль
# Создадим вектор y, заполненный NA (Not Available)
# Далее заполним вектор y значениями функции. При делении на ноль в y будет NA, что
# является допустимым.
plot_function("1/(x-1)", -2, 3, "График функции  $y = 1/(x-1)$ ", "X", "Y") # Будет проблема при
x = 1, т.к. деление на 0.

```

### **Задание по теме 3. Раздел для самостоятельного изучения.**

1. Установите пакет `ggplot2` в R (при необходимости).
2. Используя пакет `ggplot2`, постройте `boxplot` для данных `iris$Sepal.Length`, сгруппированных по виду `iris$Species`.
3. Добавьте заголовок графика: "Boxplot длины чашелистика по видам".
4. Обозначьте оси графика: "Вид" (x-axis) и "Длина чашелистика (см)" (y-axis).
5. Измените цвет boxplots на зеленый.

### **Ответ:**

```

# 1. Установка пакета ggplot2 (если он еще не установлен)
if(!require(ggplot2)){install.packages("ggplot2")}

# 2. Загрузка пакета ggplot2
library(ggplot2)

# 3. Построение Boxplot с использованием ggplot2
ggplot(iris, aes(x = Species, y = Sepal.Length, fill = Species)) + # Указываем данные и
переменные
  geom_boxplot(fill = "green") + # Добавляем boxplot с зеленым цветом
  labs(title = "Boxplot длины чашелистика по видам", # Добавляем заголовок
       x = "Вид", # Обозначаем ось x
       y = "Длина чашелистика (см)") + # Обозначаем ось y
  theme_minimal() # Добавляем минималистичную тему (по желанию)

```

### **Задание по теме 4:**

1. Сгенерируйте 100 случайных чисел, распределенных нормально, со средним значением 5 и стандартным отклонением 2. Назовите этот набор данных `data1`.

2. Сгенерируйте 100 случайных чисел, распределенных экспоненциально, с параметром `rate = 0.2` (что соответствует среднему значению 5). Назовите этот набор данных `data2`.
3. Постройте гистограммы распределения для обоих наборов данных на одной координатной плоскости. Используйте разные цвета для каждой гистограммы и добавьте легенду.
4. Протестируйте каждый набор данных на соответствие нормальному распределению, используя тест Шапиро-Уилка.
5. Сравните средние значения `data1` и `data2`, используя:
  - t-тест Стьюдента (предполагается нормальность распределения, но будет проверено).
  - U-тест Манна-Уитни (непараметрический тест, не требует нормальности распределения).
6. Интерпретируйте результаты тестов.

**Ответ:**

# 1. Генерация данных

```
set.seed(123) # Фиксируем seed для воспроизводимости результатов
```

```
data1 <- rnorm(100, mean = 5, sd = 2)
```

```
data2 <- rexp(100, rate = 0.2) # rate = 1/mean
```

# 2. Загрузка необходимых пакетов (если еще не установлены)

```
if(!require(ggplot2)){install.packages("ggplot2")}
```

```
if(!require(gridExtra)){install.packages("gridExtra")} #Пакетик для размещения нескольких графиков на одной плоскости
```

```
library(ggplot2)
```

```
library(gridExtra)
```

# 3. Построение гистограмм

```
hist1 <- ggplot(data.frame(x = data1), aes(x = x)) +
```

```
  geom_histogram(fill = "blue", alpha = 0.5, bins = 15) + # alpha - прозрачность
```

```
  ggtitle("Нормальное распределение") +
```

```
  xlab("Значение") +
```

```
  ylab("Частота")
```

```
hist2 <- ggplot(data.frame(x = data2), aes(x = x)) +
```

```
  geom_histogram(fill = "red", alpha = 0.5, bins = 15) +
```

```
  ggtitle("Экспоненциальное распределение") +
```

```
  xlab("Значение") +
```

```
  ylab("Частота")
```

```
grid.arrange(hist1, hist2, ncol = 2) #Выводим гистограммы на одну плоскость
```

# 4. Тест Шапиро-Уилка на нормальность

```
shapiro.test(data1)
```

```
shapiro.test(data2)
```

# 5. Сравнение средних значений

# a) Т-тест Стьюдента

```
t.test(data1, data2)
```

# b) U-тест Манна-Уитни

```
wilcox.test(data1, data2)
```

```

# 6. Интерпретация результатов
# - Смотрим на p-value тестов Шапиро-Уилка. Если p-value < 0.05, то распределение
#   статистически значимо отличается от нормального.
# - Смотрим на p-value t-теста и U-теста. Если p-value < 0.05, то средние значения
#   статистически значимо различаются.

```

**Задание по теме 5:**

1. Файл df\_y.tsv содержит информацию выборке, распределённой по неизвестному закону распределения. Необходимо, путем анализа суммы квадратов отклонений, определить наиболее оптимальный вариант распределения, для описания выборки и соответствующей ей генеральной совокупности. При разбиении вариационного ряда выборки на интервалы необходимо использовать рекомендации темы 1.
2. Для тестирования необходимо использовать законы равномерного, экспоненциального, нормального, логнормального и гамма распределений.
3. В finale необходимо построить гистограмму распределения в шкале плотности вероятностей с отображением кривых плотности вероятности для всех типов тестируемых распределений.

**Ответ:**

```

#установка поддержки русского языка
Sys.setlocale("LC_ALL","Russian_Russia") #установка поддержки русского языка

#установка рабочей директории
setwd("H:\\Предметы\\Предметы\\Специальные_главы_математики\\")

#загрузка таблицы данных в виде data frame
my_data<-read.csv("df_x.tsv", header=T, sep="\t", check.names = FALSE)
my_data

///////////////////////////////
#построение гистограммы и таблицы характеристик распределения по интервалам для
#первого ряда наблюдения (ряда nolm)

val<-my_data$value
length(val)

#формирование классов для разбиения на интервалы

k<-8 #количество интервалов, (смотрим в лекции 1)

dx<-(max(val)-min(val))/k #ширина одного интервала

my_breaks <- seq(min(val), max(val), by = dx) #задание диапазона литералов в ручную

hist(val,
      breaks = my_breaks,
      main = "Гистограмма плотности распределения для ряда x",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      freq = FALSE,
      col = "lightgreen")

hist_data <- hist(val, plot = FALSE)

```

```

#получения статистики распределения по интервалам

n<-length(val)#размер выборки
m_value<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_value<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

n_interval<-length(hist_data$counts) #количество интервалов $counts - частота попадания
элементов в интервал
num_interval<-c(1:n_interval) #нумерация интервалов

in_min<-rep(0, n_interval) #вектор для хранения нижних границ интервалов
in_max<-rep(0, n_interval) #вектор для хранения верхних границ интервалов

#заполнение данных о границах интервалов
hist_data$breaks #вектор границ интервалов
#заполнение нижних границ
for(i in 1:(n_interval)){
  in_min[i]<-hist_data$breaks[i]
}
#заполнение верхних границ
for(i in 2:(n_interval+1)){
  in_max[i-1]<-hist_data$breaks[i]
}

#вектор значения плотности распределения для интервалов
den<-hist_data$density

#вектор наблюдаемой вероятности попадания элемента в интервал
P_observ<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  P_observ[i]<-den[i]*dx
}

#вектор ожидаемой вероятности (в предположении равномерного распределения)
попадания элемента в интервал
P_expected_uniform<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  P_expected_uniform[i]<-punif(in_max[i], min=min(val), max=max(val))-punif(in_min[i],
min=min(val), max=max(val))
}

#вектор ожидаемой вероятности (в предположении экспоненциального распределения)
попадания элемента в интервал
P_expected_exp<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  P_expected_exp[i]<-pexp(in_max[i], rate=1/m_value)-pexp(in_min[i], rate=1/m_value)
}

#вектор ожидаемой вероятности (в предположении нормального распределения)
попадания элемента в интервал

```

```

P_expected_normal<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  P_expected_normal[i]<-pnorm(in_max[i],   mean=m_value,   sd=sd_value)-pnorm(in_min[i],
  mean=m_value, sd=sd_value)
}

#вектор ожидаемой вероятности (в предположении логнормального распределения)
#попадания элемента в интервал
mu_log<-log(m_value^2/(sd_value^2+m_value^2)^0.5) #расчет логсреднего
sd_log<-(log(sd_value^2/m_value^2+1))^0.5      #расчет логстандартного поклонения

P_expected_lognormal<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  P_expected_lognormal[i]<-plnorm(in_max[i],      meanlog=mu_log,      sdlog=sd_log)-
  plnorm(in_min[i], meanlog=mu_log, sdlog=sd_log)
}

#получение итоговой таблицы с характеристики распределения элементов по интервалам
x_data<-data.frame(num_interval,   in_min,   in_max,   P_observ,   P_expected_uniform,
P_expected_exp, P_expected_normal, P_expected_lognormal)
x_data

#расчет SSD

#для равномерного распределения
SSum<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  SSum[i]<-(x_data$P_observ[i] - x_data$P_expected_uniform[i])^2
}

SSD_uniform<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для равномерного распределения
SSum<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  SSum[i]<-(x_data$P_observ[i] - x_data$P_expected_exp[i])^2
}

SSD_exp<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для нормального распределения
SSum<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){
  SSum[i]<-(x_data$P_observ[i] - x_data$P_expected_normal[i])^2
}

SSD_normal<-sum(SSum) #сумма квадратов для нормального распределения

#для логнормального распределения
SSum<-rep(0, n_interval)
for(i in 1:(n_interval)){

```

```

SSum[i]<-(x_data$P_observ[i] - x_data$P_expected_lognormal[i])^2
}

SSD_lognormal<-sum(SSum) #сумма квадратов для логнормального распределения

#анализ результата оценок SSD

Distribution<-c("uniform", "exp", "normal", "lognormal")
SSD<-c(SSD_uniform, SSD_exp, SSD_normal, SSD_lognormal)

df_ssd<-data.frame(Distribution, SSD)
df_ssd #вывод результата на экран

#///////////////////////////////
#построение гистограммы и функций плотности вероятности для тестируемых типов
распределений

hist(val,
  breaks = my_breaks,
  main = "Гистограмма плотности распределения для ряда x",
  xlab = "Значения",
  ylab = "Плотность вероятности",
  freq = FALSE,
  col = "lightgreen")

#добавление кривой графика ожидаемой функции плотности вероятности для
равномерного распределения
curve(dunif(x, min = min(x), max = max(x)),
  col = "blue",
  lwd = 4,
  add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции плотности вероятности для
экспоненциального распределения
curve(dexp(x, rate = 1/m_value),
  col = "goldenrod1",
  lwd = 4,
  add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции плотности вероятности для
нормального распределения
curve(dnorm(x, mean = m_value, sd = sd_value),
  col = "red",
  lwd = 4,
  add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции плотности вероятности для
логнормального распределения
curve(dlnorm(x, meanlog = mu_log, sdlog = sd_log),
  col = "black",
  lwd = 4,
  add = TRUE)

```

add = TRUE)

### **Задание по теме 6:**

Задание по исследованию внутригрупповых и межгрупповых дистанций.

Файл `human_data.tsv` содержит таблицу, строки которой представляют собой вектора многомерных статических данных, характеризующих ряды показателей людей из различных населённых пунктов.

Для анализа необходимо выбрать строки. Характеризующие женищ из городов Красноярск и Владивосток – две группы в многомерном массиве данных.

Для выбранных групп необходимо провести нормировку данных Min-Max – ранжированием от 0 до 1, и рассчитать матрицу несходства между анализируемым объектами по метрике Брея\_кертиса.

Необходимо на одной странице в пределах разбиения на эквивалентные интервалы визуализировать в виде гистограммы плотности распределения (с наложение кривой эмпирической плотности вероятности) дистанций в каждой группе и между группами.

Необходимо, путем анализа суммы квадратов отклонений, определить наиболее оптимальный вариант распределения, закона распределения дистанций в каждой группе и между группами. Анализ необходимо провести с использованием расчетов эмпирической (кумулятивной) и ожидаемой функций распределения вероятностей. Для тестирования необходимо использовать законы равномерного, экспоненциального, нормального, логнормального и гамма распределений.

В финале необходимо построить четыре графика: 1) три гистограммы распределения в шкале плотности вероятностей с отображением кривых плотности вероятности для внутригрупповых и межгрупповых дистанций; 2) график эмпирической функции распределения с наложением графиком ожидаемых функций распределения всех типов тестируемых распределений для дистанций группы 1; 3) график эмпирической функции распределения с наложением графиком ожидаемых функций распределения всех типов тестируемых распределений для дистанций группы 2; 3) график эмпирической функции распределения с наложением графиком ожидаемых функций распределения всех типов тестируемых распределений для межгрупповых дистанций.

Опираясь на центральную предельную теорему, необходимо оценить 95% доверительные интервалы для средних внутригрупповых дистанций (в каждой группе) и средних межгрупповых дистанций.

### **Ответ:**

```
install.packages("vegan")
```

```
#подключение библиотеки vegan
library(vegan)
```

```
#установка рабочей директории
setwd("E:\\Предметы\\Предметы_осень_2025\\Специальные_
главы_математики\\Занятие_8")
```

```
#установка поддержки русского языка
Sys.setlocale("LC_ALL","Russian_Russia") #установка поддержки русского языка
```

```
#установка рабочей директории
setwd("H:\\Предметы\\Предметы_осень\\Специальные_главы_математики\\")
```

```
#загрузка таблицы данных в виде data frame
my_data<-read.csv("human_data.tsv", header=T, sep="\t", check.names = FALSE)
my_data
```

```

#выбор данных по мужчинам и женщинам из города Москва
my_data<-my_data[my_data$город_проживания=="Москва", ]

rownames(my_data)<-paste0(my_data$номер, "_", my_data$пол)

Expl<-my_data[, c(2, 3)]

my_data<-my_data[, -c(1, 2, 3)]

Expl
my_data

#нормировка данных ранжированием

my_data<-decostand(my_data, method = "range")

#рассчитет дистанций
d<-vegdist(my_data, method = "euclidean")

#анализ распределения дистанций

d<-as.matrix(d)

n_male<-which(Expl$пол %in% "м") #выделение номеров строк, характеризующих мужчин

n_females<-which(Expl$пол %in% "ж") #выделение номеров строк, характеризующих женщин

#выделение дистанций, характеризующих различие внутри группы - мужчины
d_male<-d[n_male, n_male]
d_male<-as.dist(d_male)

#выделение дистанций, характеризующих различие внутри группы - жен шины
d_females<-d[n_females, n_females]
d_females<-as.dist(d_females)

#выделение дистанций межгрупповых дистанций
d_between<-d[n_male, n_females]
d_between<-as.dist(d_between)

#сравнительный анализ распределений дистанций

#формирование классов для разбиении на интервалы
(nrow(my_data)^2)/2-nrow(my_data) #размер выборки

k<-30 #количество интервалов, (смотрим в лекции 1)

dx<-(max(as.dist(d))-min(as.dist(d)))/k #ширина одного интервала

my_breaks <- seq(min(as.dist(d)), max(as.dist(d)), by = dx) #задание диапазона литералов в
ручную

```

```

#построение гистограмм распределения для дистанций внутри мужчин, женщин и
межгрупповых дистанций
par(mfrow = c(3, 1))

hist(d_male,
  breaks = my_breaks,
  main = "гистограмма распределения дистанции для мужчин",
  xlab = "Значения",
  ylab = "Плотность вероятности",
  freq = FALSE,
  col = "lightgreen")
lines(density(d_male), col = "red", lwd = 4)

hist(d_females,
  breaks = my_breaks,
  main = "гистограмма распределения дистанции для женщин",
  xlab = "Значения",
  ylab = "Плотность вероятности",
  freq = FALSE,
  col = "lightgreen")
lines(density(d_females), col = "red", lwd = 4)

hist(d_between,
  breaks = my_breaks,
  main = "гистограмма распределения межгрупповых дистанций",
  xlab = "Значения",
  ylab = "Плотность вероятности",
  freq = FALSE,
  col = "lightgreen")
lines(density(d_between), col = "red", lwd = 4)

#####
#####
#выбор наиболее оптимального типа распределения мужчин с помощью функции
распределения

val<-as.vector(d_male)
length(val)

#расчет среднего и стандартного отклонения

m_value<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_value<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

m_male<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_male<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

#формирования значений эмпирической функции кумулятивного распределения

#получение таблицы встречаемости различных значений из ряда наблюдений
x_value<-table(val)

```

```

#создание data frame - таблицы данных со списком разных значений x - x_value и их
встречаемости - count в ряде наблюдений
df_com<-data.frame(x_value=as.numeric(names(x_value)), count=as.vector(x_value))

#упорядочивание таблицы данных по увеличению значений x_value
df_com<-df_com[order(df_com$x_value, decreasing=F),]

#добавление в таблицу данных кумулятивной суммы по ряду знамений count
df_com<-cbind(df_com, cumulative_summ<-cumsum(df_com$count))

#добавление в таблицу данных расчетных значений наблюдаемой - кумулятивной
функции распределения для элементов ряда наблюдения x
df_com<-cbind(df_com, F_observ=df_com$cumulative_summ/sum(df_com$count))

#вектор ожидаемых значений функции распределения(в предположении равномерного
распределения)
F_expected_uniform<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:nrow(df_com)){
  F_expected_uniform[i]<-punif(df_com$x_value[i], min=min(df_com$x_value),
  max=max(df_com$x_value))
}

#вектор ожидаемой значений функции распределения (в предположении
экспоненциального распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_exp<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_exp[i]<-pexp(df_com$x_value[i], rate=1/m_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении нормального
распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_normal<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_normal[i]<-pnorm(df_com$x_value[i], mean=m_value, sd=sd_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении логнормального
распределения) попадания элемента в интервал
mu_log<-log(m_value^2/(sd_value^2+m_value^2)^0.5) #расчет логсреднего
sd_log<-(log(sd_value^2/m_value^2+1))^0.5      #расчет логстандартного поклонения

F_expected_lognormal<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_lognormal[i]<-plnorm(df_com$x_value[i], meanlog=mu_log, sdlog=sd_log)
}

#получение итоговой таблицы с характеристики распределения и значениями функций
распределения
df_com<-cbind(df_com, F_expected_uniform, F_expected_exp, F_expected_normal,
F_expected_lognormal)
df_com

```

```

#расчет SSD

#для равномерного распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_uniform[i])^2
}

SSD_uniform<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для экспоненциального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_exp[i])^2
}

SSD_exp<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для нормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_normal[i])^2
}

SSD_normal<-sum(SSum) #сумма квадратов для нормального распределения

#для логнормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_lognormal[i])^2
}

SSD_lognormal<-sum(SSum) #сумма квадратов для логнормального распределения

#анализ результата оценок SSD

Distribution<-c("uniform", "exp", "normal", "lognormal")
SSD<-c(SSD_uniform, SSD_exp, SSD_normal, SSD_lognormal)

df_ssd<-data.frame(Distribution, SSD)
df_ssd #вывод результата на экран

#построение ломаной линии наблюдаемой кумулятивной функции вероятности и
графиков ожидаемых функций вероятностей
par(mfrow = c(1, 1))

plot(df_com$x_value, df_com$F_observ,
      main = "Кумулятивной функции вероятности для ряда x",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      pch=19,
      cex=1.2,

```

```

    col="red"
)
lines(df_com$x_value, df_com$F_observ, col = "red", lwd = 2)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для равномерного
распределения
curve(punif(x, min = min(df_com$x_value), max = max(df_com$x_value)),
      col = "blue",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для экспоненциального
распределения
curve(pexp(x, rate=1/m_value),
      col = "goldenrod1",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для нормального
распределения
curve(pnorm(x, mean = m_value, sd = sd_value),
      col = "green",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для логнормального
распределения
curve(plnorm(x, meanlog = mu_log, sdlog = sd_log),
      col = "black",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#####
#####

#####
#####
#выбор наиболее оптимального типа распределения для дистанций внутри группы
мужчин с помощью функции распределения

val<-as.vector(d_females)
length(val)

#расчет среднего и стандартного отклонения

m_value<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_value<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

m_female<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_female<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

```

```

#формирования значений эмпирической функции кумулятивного распределения

#получение таблицы встречаемости различных значений из ряда наблюдений
x_value<-table(val)

#создание data frame - таблицы данных со списком разных значений x - x_value и их
встречаемости - count в ряде наблюдений
df_com<-data.frame(x_value=as.numeric(names(x_value)), count=as.vector(x_value))

#упорядочивание таблицы данных по увеличению значений x_value
df_com<-df_com[order(df_com$x_value, decreasing=F),]

#добавление в таблицу данных кумулятивной суммы по ряду знамений count
df_com<-cbind(df_com, cumulative_summ<-cumsum(df_com$count))

#добавление в таблицу данных расчетных значений наблюдаемой - кумулятивной
функции распределения для элементов ряда наблюдения x
df_com<-cbind(df_com, F_observ=df_com$cumulative_summ/sum(df_com$count))

#вектор ожидаемых значений функции распределения(в предположении равномерного
распределения)
F_expected_uniform<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:nrow(df_com)){
  F_expected_uniform[i]<-punif(df_com$x_value[i], min=min(df_com$x_value),
  max=max(df_com$x_value))
}

#вектор ожидаемой значений функции распределения (в предположении
экспоненциального распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_exp<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_exp[i]<-pexp(df_com$x_value[i], rate=1/m_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении нормального
распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_normal<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_normal[i]<-pnorm(df_com$x_value[i], mean=m_value, sd=sd_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении логнормального
распределения) попадания элемента в интервал
mu_log<-log(m_value^2/(sd_value^2+m_value^2)^0.5) #расчет логсреднего
sd_log<-(log(sd_value^2/m_value^2+1))^0.5      #расчет логстандартного поклонения

F_expected_lognormal<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_lognormal[i]<-plnorm(df_com$x_value[i], meanlog=mu_log, sdlog=sd_log)
}

```

```

#получение итоговой таблицы с характеристиками распределения и значениями функций
распределения
df_com<-cbind(df_com,      F_expected_uniform,      F_expected_exp,      F_expected_normal,
F_expected_lognormal)
df_com

#расчет SSD

#для равномерного распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_uniform[i])^2
}

SSD_uniform<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для экспоненциального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_exp[i])^2
}

SSD_exp<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для нормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_normal[i])^2
}

SSD_normal<-sum(SSum) #сумма квадратов для нормального распределения

#для логнормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_lognormal[i])^2
}

SSD_lognormal<-sum(SSum) #сумма квадратов для логнормального распределения

#анализ результата оценок SSD

Distribution<-c("uniform", "exp", "normal", "lognormal")
SSD<-c(SSD_uniform, SSD_exp, SSD_normal, SSD_lognormal)

df_ssd<-data.frame(Distribution, SSD)
df_ssd #вывод результата на экран

#построение ломаной линии наблюдаемой кумулятивной функции вероятности и
графиков ожидаемых функций вероятностей
par(mfrow = c(1, 1))

```

```

plot(df_com$x_value, df_com$F_observ,
      main = "Кумулятивной функции вероятности для ряда x",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      pch=19,
      cex=1.2,
      col="red"
    )
lines(df_com$x_value, df_com$F_observ, col = "red", lwd = 2)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для равномерного
распределения
curve(punif(x, min = min(df_com$x_value), max = max(df_com$x_value)),
      col = "blue",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для экспоненциального
распределения
curve(pexp(x, rate=1/m_value),
      col = "goldenrod1",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для нормального
распределения
curve(pnorm(x, mean = m_value, sd = sd_value),
      col = "green",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для логнормального
распределения
curve(plnorm(x, meanlog = mu_log, sdlog = sd_log),
      col = "black",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#####
#####

#####
#####
#выбор наиболее оптимального типа распределения для межгрупповых дистанций с
помощью функции распределения

val<-as.vector(d_between)
length(val)

#расчет среднего и стандартного отклонения

m_value<-mean(val)#наблюдаемое среднее

```

```

sd_value<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

m_between<-mean(val)#наблюдаемое среднее
sd_between<-sd(val)#наблюдаемое стандартное отклонение

#формирования значений эмпирической функции кумулятивного распределения

#получение таблицы встречаемости различных значений из ряда наблюдений
x_value<-table(val)

#создание data frame - таблицы данных со списком разных значений x - x_value и их
встречаемости - count в ряде наблюдений
df_com<-data.frame(x_value=as.numeric(names(x_value)), count=as.vector(x_value))

#упорядочивание таблицы данных по увеличению значений x_value
df_com<-df_com[order(df_com$x_value, decreasing=F),]

#добавление в таблицу данных кумулятивной суммы по ряду знамений count
df_com<-cbind(df_com, cumulative_summ<-cumsum(df_com$count))

#добавление в таблицу данных расчетных значений наблюдаемой - кумулятивной
функции распределения для элементов ряда наблюдения x
df_com<-cbind(df_com, F_observ=df_com$cumulative_summ/sum(df_com$count))

#вектор ожидаемых значений функции распределения(в предположении равномерного
распределения)
F_expected_uniform<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:nrow(df_com)){
  F_expected_uniform[i]<-punif(df_com$x_value[i], min=min(df_com$x_value),
  max=max(df_com$x_value))
}

#вектор ожидаемой значений функции распределения (в предположении
экспоненциального распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_exp<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_exp[i]<-pexp(df_com$x_value[i], rate=1/m_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении нормального
распределения) попадания элемента в интервал
F_expected_normal<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_normal[i]<-pnorm(df_com$x_value[i], mean=m_value, sd=sd_value)
}

#вектор ожидаемых значений функции распределения (в предположении логнормального
распределения) попадания элемента в интервал
mu_log<-log(m_value^2/(sd_value^2+m_value^2)^0.5) #расчет логсреднего
sd_log<-(log(sd_value^2/m_value^2+1))^0.5      #расчет логстандартного поклонения

F_expected_lognormal<-rep(0, nrow(df_com))

```

```

for(i in 1:(nrow(df_com))){
  F_expected_lognormal[i]<-plnorm(df_com$x_value[i], meanlog=mu_log, sdlog=sd_log)
}

#получение итоговой таблицы с характеристики распределения и значениями функций
#распределения
df_com<-cbind(df_com,      F_expected_uniform,      F_expected_exp,      F_expected_normal,
F_expected_lognormal)
df_com

#расчет SSD

#для равномерного распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_uniform[i])^2
}

SSD_uniform<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для экспоненциального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_exp[i])^2
}

SSD_exp<-sum(SSum) #сумма квадратов для равномерного распределения

#для нормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_normal[i])^2
}

SSD_normal<-sum(SSum) #сумма квадратов для нормального распределения

#для логнормального распределения
SSum<-rep(0, nrow(df_com))
for(i in 1:(nrow(df_com))){
  SSum[i]<-(df_com$F_observ[i] - df_com$F_expected_lognormal[i])^2
}

SSD_lognormal<-sum(SSum) #сумма квадратов для логнормального распределения

#анализ результата оценок SSD

Distribution<-c("uniform", "exp", "normal", "lognormal")
SSD<-c(SSD_uniform, SSD_exp, SSD_normal, SSD_lognormal)

df_ssd<-data.frame(Distribution, SSD)
df_ssd #вывод результата на экран

```

```

#построение ломаной линии наблюдаемой кумулятивной функции вероятности и
графиков ожидаемых функций вероятностей
par(mfrow = c(1, 1))

plot(df_com$x_value, df_com$F_observ,
      main = "Кумулятивной функции вероятности для ряда x",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      pch=19,
      cex=1.2,
      col="red"
)
lines(df_com$x_value, df_com$F_observ, col = "red", lwd = 2)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для равномерного
распределения
curve(punif(x, min = min(df_com$x_value), max = max(df_com$x_value)),
      col = "blue",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для экспоненциального
распределения
curve(pexp(x, rate=1/m_value),
      col = "goldenrod1",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для нормального
распределения
curve(pnorm(x, mean = m_value, sd = sd_value),
      col = "green",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

#добавление кривой графика ожидаемой функции вероятности для логнормального
распределения
curve(plnorm(x, meanlog = mu_log, sdlog = sd_log),
      col = "black",
      lwd = 3,
      add = TRUE)

```

### Задание по теме 7:

Файл `human_data.tsv` содержит таблицу, строки которой представляют собой вектора многомерных статических данных, характеризующих ряды показателей людей из различных населённых пунктов.

Для анализа необходимо выбрать строки. Характеризующие женящих из городов Красноярск и Владивосток – две группы в многомерном массиве данных.

Для выбранных групп необходимо провести нормировку данных Min-Max – ранжированием путем от 0 до 1 и логарифмированием (в шкале десятичного логарифма  $\log_{10}(x+1)$ ), получив, таким образом два массива данных с разными способами нормирования.

Для двух нормированных массивов данных необходимо провести процедуру метрического и не метрического многомерного шкалирования на основе Евклидовых дистанций. Для каждого

способа нормирования и методов многомерного шкалирования необходимо построить диаграмму рассеяния объектов в пространстве двух координат (с визуализации принадлежности к городу проживания) многомерного шкалирования, построить гистограммы распределений (с функциями плотности распределения) наблюдаемых и ожидаемых дистанций, построить графики зависимостей между наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями. Для каждого способа нормирования необходимо рассчитать значения Stress функции в относительной и абсолютной шкале максимальное - минимальное значение относительных различий между наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями, 95% интервал значений для относительных различий.

**Ответ:**

```
#подключение библиотеки vegan
library(vegan)
```

```
#установка рабочей директории
setwd("E:\\Предметы\\Предметы_осень\\Специальные_главы_математики\\")
```

  

```
#установка поддержки русского языка
Sys.setlocale("LC_ALL","Russian_Russia") #установка поддержки русского языка
```

  

```
#загрузка таблицы данных в виде data frame
my_data<-read.csv("human_data.tsv", header=T, sep="\t", check.names = FALSE)
my_data
```

  

```
#выбор данных по мужчинам и женщинам из города Москва
my_data<-my_data[my_data$город_проживания=="Москва", ]
```

  

```
rownames(my_data)<-paste0(my_data$номер, "_", my_data$пол)
```

  

```
Expl<-my_data[, c(2, 3)]
```

  

```
my_data<-my_data[, -c(1, 2, 3)]
```

  

```
Expl
my_data
```

  

```
#нормировка данных ранжированием
```

  

```
my_data<-decostand(my_data, method = "range")
```

  

```
#рассчитет дистанций
d<-vegdist(my_data, method = "euclidean")
```

  

```
#####
#####
#метрическое многомерное шкалирование
```

  

```
fit <- cmdscale(d, eig=TRUE, k=2) #процедура метрического многомерного шкалирования
x <- fit$points[,1] #выделение x координаты образцов
y <- fit$points[,2] #выделение y координаты образцов
```

```

#визуализация результатов в виде диаграммы рассеяния с отображением точек,
распределенных по фактору пола
plot(x, y, xlab="MDS1", ylab="MDS2", main="Metric MDS", typ="n")
points(x[Expl$пол=="м"], y[Expl$пол=="м"], pch=0, lwd=3.5, cex = 1.7, col="blue")
points(x[Expl$пол=="ж"], y[Expl$пол=="ж"], pch=0, lwd=3.5, cex = 1.7, col="red")
text(x, y, labels = row.names(my_data), pos=1, cex=.7) #добавление на диаграмму рассеяния
текстовых идентификаторов объектов

#оценка качества работы MDS

d_observ<-d #матрица наблюдаемых дистанций между объектами

#таблица данных координат объектов в пространстве MDS
xy<-data.frame(x, y)
rownames(xy)<-rownames(my_data)

d_expected<-vegdist(xy, method = "euclidean") #матрица ожидаемых дистанций между
объектами

#сравнительный анализ распределения дистанций

#формирование классов для разбиения на интервалы
(nrow(my_data)^2)/2-nrow(my_data) #размер выборки

k<-30 #количество интервалов, (смотрим в лекции 1)

d_max<-max(c(max(as.dist(d_observ)), max(as.dist(d_expected)))) #максимальное значение
из двух матриц дистанций

d_min<-min(c(min(as.dist(d_observ)), min(as.dist(d_expected)))) #минимальное значение из
двух матриц дистанций

dx<-(d_max-d_min)/k #ширина одного интервала

my_breaks <- seq(d_min, d_max, by = dx) #задание диапазона литералов в ручную

#построение гистограмм распределений наблюдаемых и ожидаемых дистанций
par(mfrow = c(2, 1))

hist(d_observ,
      breaks = my_breaks,
      main = "гистограмма распределения наблюдаемых дистанций",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      freq = FALSE,
      col = "lightgreen")
lines(density(d_observ), col = "red", lwd = 4)

hist(d_expected,
      breaks = my_breaks,
      main = "гистограмма распределения ожидаемых дистанций",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      freq = FALSE,
      col = "lightgreen")
lines(density(d_expected), col = "red", lwd = 4)

```

```

ylab = "Плотность вероятности",
freq = FALSE,
col = "lightgreen")
lines(density(d_expected), col = "red", lwd = 4)

#графическая оценка зависимости между наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями
par(mfrow = c(1, 1))
plot(d_observ, d_expected, xlab="d_observ", ylab="d_expected", main="зависимость между
наблюдаемыми ожидаемыми дистанциями", typ="n")
points(d_observ, d_expected, pch=20, lwd=0.25, cex = 1.7, col="green")

#оценка абсолютного значения Stress функции

dsq<-(d_observ-d_expected)^2 #матрица разностей квадратов

Stress<-sum(dsq)^0.5 #значение функции Stress
Stress

#оценка относительного значения Stress функции

d_v_observ<-as.vector(d_observ) #вектор наблюдаемых дистанций
d_v_expected<-as.vector(d_expected) #вектор ожидаемых дистанций

d_relativ<-rep(0, length(d_v_observ)) #вектор относительных различий между
наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями

#вычисление относительных различий
for(i in 1:length(d_v_observ))
{
  dmax<-max(c(d_v_observ[i], d_v_expected[i]))
  dmin<-min(c(d_v_observ[i], d_v_expected[i]))
  d_relativ[i]<-(dmax-dmin)/dmax
}

Stress_relativ<-mean(d_relativ) #среднее значение относительных различий - относительное
значение Stress

Stress_relativ

max(d_relativ) #максимальное значение относительных различий
min(d_relativ) #минимальное значение относительных различий
quantile(d_relativ, probs = 0.025) #нижняя граница 95% интервала различий
quantile(d_relativ, probs = 0.975) #верхняя граница 95% интервала различий

#####
#####

#не метрическое многомерное шкалирование

fit <- metaMDS(my_data, distance = "euclidean") #процедура не метрического многомерного
шкалирования

```

```

x <- fit$points[,1] #выделение x координаты образцов
y <- fit$points[,2] #выделение y координаты образцов

#визуализация результатов в виде диаграммы рассеяния с отображением точек,
#распределенных по фактору пола
plot(x, y, xlab="NMDS1", ylab="NMDS2", main="Nonmetric Metric MDS", typ="n")
points(x[Expl$пол=="м"], y[Expl$пол=="м"], pch=0, lwd=3.5, cex = 1.7, col="blue")
points(x[Expl$пол=="ж"], y[Expl$пол=="ж"], pch=0, lwd=3.5, cex = 1.7, col="red")
text(x, y, labels = row.names(my_data), pos=1, cex=.7) #добавление на диаграмму рассеяния
текстовых идентификаторов объектов

#оценка качества работы MDS

d_observ<-d #матрица наблюдаемых дистанций между объектами

#таблица данных координат объектов в пространстве MDS
xy<-data.frame(x, y)
rownames(xy)<-rownames(my_data)

d_expected<-vegdist(xy, method = "euclidean") #матрица ожидаемых дистанций между
объектами

#сравнительный анализ распределения дистанций

#формирование классов для разбиения на интервалы
(nrow(my_data)^2)/2-nrow(my_data) #размер выборки

k<-30 #количество интервалов, (смотрим в лекции 1)

d_max<-max(c(max(as.dist(d_observ)), max(as.dist(d_expected)))) #максимальное значение
из двух матриц дистанций

d_min<-min(c(min(as.dist(d_observ)), min(as.dist(d_expected)))) #минимальное значение из
двух матриц дистанций

dx<-(d_max-d_min)/k #ширина одного интервала

my_breaks <- seq(d_min, d_max, by = dx) #задание диапазона литералов в ручную

#построение гистограмм распределений наблюдаемых и ожидаемых дистанций
par(mfrow = c(2, 1))

hist(d_observ,
      breaks = my_breaks,
      main = "гистограмма распределения наблюдаемых дистанций",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      freq = FALSE,
      col = "lightgreen")
lines(density(d_observ), col = "red", lwd = 4)

hist(d_expected,
      breaks = my_breaks,
      main = "гистограмма распределения ожидаемых дистанций",
      xlab = "Значения",
      ylab = "Плотность вероятности",
      freq = FALSE,
      col = "lightgreen")
lines(density(d_expected), col = "red", lwd = 4)

```

```

breaks = my_breaks,
main = "гистограмма распределения ожидаемых дистанции",
xlab = "Значения",
ylab = "Плотность вероятности",
freq = FALSE,
col = "lightgreen")
lines(density(d_expected), col = "red", lwd = 4)

#графическая оценка зависимости между наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями
par(mfrow = c(1, 1))
plot(d_observ, d_expected, xlab="d_observ", ylab="d_expected", main="зависимость между
наблюдаемыми ожидаемыми дистанциями", typ="n")
points(d_observ, d_expected, pch=20, lwd=0.25, cex = 1.7, col="green")

#оценка абсолютного значения Stress функции

fit #вывод на экран значения Stress функции

#оценка относительного значения Stress функции

d_v_observ<-as.vector(d_observ) #вектор наблюдаемых дистанций
d_v_expected<-as.vector(d_expected) #вектор ожидаемых дистанций

d_relativ<-rep(0, length(d_v_observ)) #вектор относительных различий между
наблюдаемыми и ожидаемыми дистанциями

#вычисление относительных различий
for(i in 1:length(d_v_observ))
{
  dmax<-max(c(d_v_observ[i], d_v_expected[i]))
  dmin<-min(c(d_v_observ[i], d_v_expected[i]))
  d_relativ[i]<-(dmax-dmin)/dmax
}

Stress_relativ<-mean(d_relativ) #среднее значение относительных различий - относительное
значение Stress

Stress_relativ

max(d_relativ) #максимальное значение относительных различий
min(d_relativ) #минимальное значение относительных различий
quantile(d_relativ, probs = 0.025) #нижняя граница 95% интервала различий
quantile(d_relativ, probs = 0.975) #верхняя граница 95% интервала различий

```

### Задание по теме 8:

Файл `gen_data_1.tsv` содержит таблицу встречаемости списка их 10 генов в 200 научных публикациях.

Используя средства языка программирования R и пакет `«igraph»` необходимо оставить матрицу смежности и визуализировать на ее основе ненаправленный граф межгенных связей. При визуализации необходимо использовать два способа: 1) группировка вершин по количеству связей; 2) кольцевая схема построения графа. При визуализации необходимо

раскрасить: вершины для генов с 1 по 3 в красны цвет; вершины для генов с 4 по 7 в зеленый цвет; вершины для генов с 8 по 10 в синий цвет.

Используя средства языка программирования R и пакет «igraph» необходимо оставить таблицу смежных вершин и визуализировать на ее основе ненаправленный граф межгенных связей. При визуализации необходимо использовать два способа: 1) группировка вершин по количеству связей; 2) кольцевая схема построения графа. При визуализации необходимо раскрасить: вершины для генов с 1 по 3 в красны цвет; вершины для генов с 4 по 7 в зеленый цвет; вершины для генов с 8 по 10 в синий цвет. Для всех вариантов визуализаций использовать динамическую толщину ребер графа (текущая толщина линии, деланная на 2).

**Ответ:**

```
#установка пакета igraph
install.packages("igraph")

#подключение библиотеки
library(igraph)

#установка рабочей директории
setwd("H:\\Предметы\\Предметы_осень_2025\\Специальные_
главы_математики\\Занятие_10")

#установка поддержки русского языка
Sys.setlocale("LC_ALL","Russian_Russia") #установка поддержки русского языка

#загрузка таблицы данных в виде data frame
my_data<-read.csv("gen_data_1.tsv", header=T, sep="\t", check.names = FALSE)
rownames(my_data)<-my_data[,1]
my_data<-my_data[,-1]

#способ постарения графа из матрицы смежности
#создание матрицы инцидентов - матрицы смежности
DI<-matrix(nrow=nrow(my_data), ncol=nrow(my_data)) #Incidence matrix

rownames(DI)<-rownames(my_data)
colnames(DI)<-rownames(my_data)

for(i in 1:nrow(my_data))
  for(j in 1:nrow(my_data))
  {
    dfv<-my_data[c(i,j),]
    s<-colSums(dfv)
    DI[i,j]<-length(s[s==2])
    if(i==j) DI[i,j]<-0
  }

for(i in 1:nrow(my_data))
  for(j in 1:nrow(my_data))
  {
    if(DI[i,j]>=3) DI[i,j]<-1 else DI[i,j]<-0
  }
```

```

#построение графа
network <- graph_from_adjacency_matrix(DI , mode='undirected', diag=F)
#mode='undirected' - будет создан неориентированный граф, и max(A(i,j), A(j,i)) даст
количество ребер.
#diag=F - не учитывать диагональный элементы матрицы для построения петель

#визуализация графа
plot(network)
#gруппировка вершин по количеству связей

plot(network, layout=layout_in_circle)
#layout=layout_in_circle - кольцевая схема построения графа

#визуализация с параметрами
plot(network,
      edge.width = 5, #толщина ребра
      vertex.size = 20, #размер указателя вершины
      vertex.color = "lightblue", #цвет указателя вершины
      vertex.label.color = "black", #цвет контура указателя вершины
      edge.color = "gray50", #цвет ребра
      )

#динамическое определение параметров визуализации
nrow(DI)

my_col<-c(rep("red", 5), rep("green", 5))

plot(network,
      edge.width = 2, #толщина ребра
      vertex.size = 20, #размер указателя вершины
      vertex.color = my_col, #цвет указателя вершины
      vertex.label.color = "black", #цвет контура указателя вершины
      edge.color = "gray50", #цвет ребра
      )

#####
#способ постарения графа из таблицы смежных вершин
#создание таблицы смежных вершин
links_table<-data.frame(source=character(), target=character(), width=numeric()) #таблица
смежных вершин

for(i in 1:(nrow(my_data)-1))
  for(j in (i+1):(nrow(my_data)))
  {
    dfv<-my_data[c(i,j),]
    s<-colSums(dfv)
    if(length(s[s==2])>=3)
    {
      links_tv<-data.frame(source=rownames(dfv)[1], target=rownames(dfv)[2],
width=length(s[s==2]))
      links_table<-rbind(links_table, links_tv)
    }
  }

```

```

        }

#построение графа
network <- graph_from_data_frame(links_table, directed=F)
#directed=F - создавать иле нет направленный граф.

#визуализация графа
plot(network)
#gруппировка вершин по количеству связей

plot(network, layout=layout_in_circle)
#layout=layout_in_circle - кольцевая схема построения графа

#визуализация с параметрами
plot(network,
      edge.width = 2, #толщина ребра
      vertex.size = 20, #размер указателя вершины
      vertex.color = "lightblue", #цвет указателя вершины
      vertex.label.color = "black", #цвет контура указателя вершины
      edge.color = "gray50", #цвет ребра
      )

#динамическое определение параметров визуализации

my_col<-c(rep("red", 5), rep("green", 5))

plot(network,
      edge.width = links_table$width/2, #толщина ребра
      vertex.size = 20, #размер указателя вершины
      vertex.color = my_col, #цвет указателя вершины
      vertex.label.color = "black", #цвет контура указателя вершины
      edge.color = "gray50", #цвет ребра
      )

```

**Критерий оценивания самодеятельной работы** – результаты по каждой работе оформляются по указанным требованиям (смотрите в описании задания) и загружаться на образовательный портал ИГУ (<https://educa.isu.ru/>). Преподаватель оценивает задания, если все решено верно, студент получает зачет по задания, если имеются недочеты или ошибки, задание отправляется на доработку с указанием допущенных ошибок. Отчет по переработанному заданию загружается на образовательный портал для повторного оценивания.

### 3.Оценочные средства для промежуточной аттестации

*Промежуточная аттестация* проходит в форме экзамена (3 семестр), к которому допускаются студенты, выполнившие в полном объеме аудиторную нагрузку, самостоятельную работу. Студенты, имеющие задолженность, должны выполнить все обязательные виды деятельности.

Фонд оценочных средств для промежуточной аттестации включает:

- тестовые задания для экзамена.

Назначение оценочных средств: выявить сформированность компетенций ОПК-2, ОПК-3 (см. п. III).

Тестовое задание включает два варианта по 20 вопросов по всем темам курса. К тесту допускаются студенты, задавшие все домашние заданий и получившие по каждому заданию зачет.

### Критерий оценивания тестового экзаменационного задания

№	Тип задания	Критерии оценки	Результат оценивания
1	Задание закрытого типа на установление соответствия	Считается верным, если правильно установлены все соответствия (позиции одного столбца верно соотнесены с позициями другого столбца)	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
2	Задание закрытого типа на установление последовательности	Считается верным, если правильно указана вся последовательность цифр	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
3	Задание комбинированного типа с выбором одного верного ответа из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указана цифра (буква) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
4	Задание комбинированного типа с выбором нескольких верных ответов из четырех предложенных и обоснованием выбора	Считается верным, если правильно указаны цифры (буквы) правильного ответа и приведены корректные аргументы, используемые при выборе ответа	Полное совпадение с верным ответом – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов
5	Задание открытого типа с развернутым ответом	Считается верным, если ответ совпадает с эталонным ответом по содержанию и полноте	Полное соответствие эталонному ответу – 1 балл Все остальные случаи – 0 баллов

### Система получения баллов за тестирование

Оценка	критерий
отлично	18 и более баллов
хорошо	16 – 17 баллов
удовлетворительно	15 – 13 баллов
неудовлетворительно	12 баллов и менее

### 3.1 Оценочные материалы для промежуточной аттестации (экзамена)

#### Тестирование (Вариант 1).

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тестовые задания для промежуточной аттестации
ОПК-2 Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	<p><i>ИДК ОПК-2.1</i> Демонстрирует специализированные знания в области фундаментальных разделов математики, физики, химии, биологии и перспективы междисциплинарных исследований</p> <p><i>ИДК ОПК-2.2</i> Умеет использовать навыки проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики с учетом специализированных фундаментальных знаний</p> <p><i>ИДК ОПК-2.3</i> Владеет методами химии, физики и математического моделирования для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики</p>	<p><b>Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из четырех предложенных с аргументацией выбора</b></p> <p><b>Вопрос 1.</b> Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа. Какой из следующих способов является наиболее рекомендуемым для установки пакета dplyr из CRAN в R? а) source("http://cran.r-project.org/package=dplyr") б) install.packages("dplyr") в) library("dplyr") г) update.packages("dplyr") Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор: Правильный ответ: б) Обоснование:<ul style="list-style-type: none"><li>• а) source() используется для выполнения R-скриптов, а не для установки пакетов.</li><li>• б) install.packages("dplyr") - это стандартный и рекомендуемый способ установки пакетов из CRAN. Он скачивает и устанавливает пакет dplyr и все необходимые зависимости.</li><li>• в) library("dplyr") - загружает установленный пакет в текущую сессию R, а не устанавливает его. Пакет должен быть установлен до использования library().</li><li>• г) update.packages("dplyr") - обновляет уже установленный пакет dplyr до последней версии.</li></ul></p> <p><b>Вопрос 2.</b> Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа. Какой фрагмент кода с циклом while в R корректно выводит числа от 1 до 5 (включительно)? а) i &lt;- 1; while (i &lt;= 5) { print(i); i &lt;- i + 1 } б) i &lt;- 1; while (i &lt; 5) { print(i); i &lt;- i + 1 } в) i &lt;- 1; while (i &lt;= 5) { print(i) } г) i &lt;- 1; while (TRUE) { print(i); i &lt;- i + 1; if (i &gt; 5) break } Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор: Правильный ответ: а) и г) Обоснование:</p>
ОПК-3 Способен проводить	<i>ИДК ОПК-3.1</i> Проводит	

<p>экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований</p>	<p>экспериментальную работу с организмами и клетками с использованием физико-химических методов исследования макромолекул</p> <p><i>ИДК ОПК-3.2</i> Демонстрирует практические навыки математических методов обработки результатов экспериментальных исследований</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный код. Цикл while (<math>i \leq 5</math>) будет выполняться, пока <math>i</math> меньше или равно 5. Внутри цикла <code>print(i)</code> выводит текущее значение <math>i</math>, а <math>i &lt;- i + 1</math> увеличивает <math>i</math> на 1.</li> <li>б) Этот код выводит числа только до 4, поскольку условие <math>i &lt; 5</math> означает, что цикл остановится, когда <math>i</math> достигнет значения 5.</li> <li>в) Этот код создает бесконечный цикл, так как значение <math>i</math> никогда не изменяется, и условие <math>i \leq 5</math> всегда будет истинным.</li> <li>г) Это тоже верный код. Здесь используется бесконечный цикл while (TRUE), но внутри цикла есть проверка <code>if (i &gt; 5) break</code>. Когда <math>i</math> становится больше 5, оператор <code>break</code> прерывает выполнение цикла.</li> </ul> <p><b>Вопрос 3.</b> Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</p> <p>Вопрос: Что делает оператор <code>break</code> внутри цикла в R?</p> <p>а) Прерывает текущую итерацию цикла и переходит к следующей. б) Завершает выполнение всего цикла. в) Возвращает значение из цикла. г) Переходит к началу текущей итерации цикла.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: б)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это описание оператора <code>next</code> (см. следующий вопрос), а не <code>break</code>.</li> <li>б) Это верное описание оператора <code>break</code>. <code>break</code> полностью завершает выполнение цикла, независимо от того, сколько итераций еще осталось.</li> <li>в) Оператор <code>break</code> не возвращает значение.</li> <li>г) Это также описание оператора <code>next</code></li> </ul>
	<p><i>ИДК ОПК-3.3</i> Владеет опытом применения методов для исследования макромолекул, обработки результатов биологических исследований, прогнозирования перспектив и социальных последствий своей профессиональной деятельности.</p>	<p><b>Вопрос 4.</b> Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</p> <p>Что произойдет, если вы попытаетесь создать вектор в R, объединив числовые и символьные значения (например, <code>c(1, "a", 2, "b")</code>)?</p> <p>а) Будет создана ошибка, так как вектор не может содержать элементы разных типов. б) Будет создан числовой вектор, в котором символьные значения будут автоматически преобразованы в числа (NA). в) Будет создан символьный вектор, в котором все числовые значения будут преобразованы в символьные строки. г) Будет создан список, содержащий как числовые, так и символьные значения.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: в)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Ошибка не возникнет. R автоматически преобразует элементы к общему типу.</li> </ul>

- б) Преобразование в NA не произойдет.
- в) Это верное утверждение. Векторы в R могут содержать только элементы одного типа. Когда вы пытаетесь объединить числовые и символьные значения, R приводит все элементы к наиболее общему типу - в данном случае, символьному (character).
- г) Создается символьный вектор, а не список.

**Вопрос 5.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*

Какой из следующих синтаксисов корректно определяет функцию в R, которая принимает два аргумента x и y, и возвращает их сумму?

- а) sum\_function(x, y) { return(x + y) }
- б) sum\_function <- function(x, y) { return( x + y ) }
- в) function sum\_function(x, y) { return x + y }
- г) sum\_function = x, y -> { return(x + y) }

Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:

Правильный ответ: б)

Обоснование:

- а) Отсутствует оператор присваивания <- или =. Это создает функцию, но она никуда не сохраняется.
- б) Это верный синтаксис. sum\_function <- function(x, y) { return( x + y ) } правильно определяет функцию с именем sum\_function, принимающую аргументы x и y, и возвращающую их сумму (последнее выражение в блоке кода функции автоматически возвращается).
- в) function sum\_function(x, y) - Неправильный порядок слов и отсутствие оператора присваивания. return x + y также не использует скобки, что не является распространенной практикой.
- г) sum\_function = x, y -> { return(x + y) } - Это синтаксис, похожий на лямбда-функции в других языках программирования (например, Python или JavaScript), но он не является корректным синтаксисом для определения функций в R.

**Вопрос 6.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*

Какие из перечисленных функций в R используются для вычисления основных показателей описательной статистики для числовых данных? (Выберите все верные ответы)

- а) mean()
- б) median()
- в) mode()
- г) sd()

Выберите все верные ответы и обоснуйте свой выбор:

Правильный ответ: а), б), г)

Обоснование:

- а) mean() - Это верная функция. Она вычисляет среднее арифметическое значение вектора числовых данных.
- б) median() - Это верная функция. Она вычисляет медиану вектора числовых данных.
- в) mode() - Эта функция в R определяет тип данных переменной (например, "numeric", "character", "logical"), а не моду (наиболее часто встречающееся значение).
- г) sd() - Это верная функция. Она вычисляет стандартное отклонение вектора числовых данных.

**Вопрос 7.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*

Какая функция в R используется для создания гистограммы?

- а) plot()
- б) hist()
- в) boxplot()
- г) density()

Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:

Правильный ответ: б)

Обоснование:

- а) plot() - plot() - это универсальная функция для построения графиков, но она не предназначена специально для гистограмм. Её можно использовать, но потребуются дополнительные параметры.
- б) hist() - Это верный ответ. hist(x) создаст гистограмму для числового вектора x.
- в) boxplot() - boxplot() используется для создания ящиков с усами (диаграмм размаха), а не гистограмм.
- г) density() - density() оценивает плотность вероятности, но сама по себе не строит гистограмму. Обычно используется с plot() для визуализации оценки плотности.

**Вопрос 8.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*

Какая функция в R используется для вычисления матрицы расстояний между строками в таблице данных?

- а) dist()
- б) distance()
- в) cor()
- г) scale()

Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:

Правильный ответ: а)

	<p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный ответ. <code>dist()</code> - функция в R, предназначенная для вычисления матрицы расстояний.</li> <li>б) <code>distance()</code> - Такой функции в базовом R нет. Она может быть доступна в каких-либо пакетах, но не является стандартной.</li> <li>в) <code>cov()</code> - Вычисляет матрицу корреляций, а не расстояний.</li> <li>г) <code>scale()</code> - Стандартизирует данные (вычитает среднее и делит на стандартное отклонение), но не вычисляет расстояния.</li> </ul> <p><b>Вопрос 9.</b>  <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Какие типы расстояний можно вычислить с помощью функции <code>dist()</code> в R? (Выберите все верные ответы)</p> <p>а) Евклидово расстояние (Euclidean distance)      б) Манхэттенское расстояние (Manhattan distance)      в) Косинусное расстояние (Cosine distance)      г) Расстояние Чебышева (Chebyshev distance)</p> <p>Выберите все верные ответы и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: а), б), г)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный ответ. Евклидово расстояние является стандартной метрикой, используемой по умолчанию функцией <code>dist()</code>.</li> <li>б) Это верный ответ. Манхэттенское расстояние (также известное как расстояние городских кварталов) можно вычислить с помощью <code>dist(method = "manhattan")</code>.</li> <li>в) Косинусное расстояние не поддерживается непосредственно функцией <code>dist()</code>. Для вычисления косинусного расстояния потребуются другие функции или пакеты (например, <code>lsa</code> или написание собственной функции).</li> <li>г) Это верный ответ. Расстояние Чебышева можно вычислить с помощью <code>dist(method = "maximum")</code>. Метод "maximum" соответствует расстоянию Чебышева.</li> </ul> <p><b>Вопрос 10.</b>  <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>В колл-центр поступают звонки. Известно, что в среднем поступает 6 звонков в течение 30-минутного интервала. Предполагается, что число звонков подчиняется распределению Пуассона. Какие из следующих утверждений о данной ситуации являются ВЕРНЫМИ?</p> <p>А) Вероятность того, что в течение следующих 30 минут поступит ровно 4 звонка, составляет приблизительно 0.1339 (или 13.39%).      Б) Среднее количество звонков, поступающих в течение ЧАСА, равно 3.</p>
--	---

	<p>C) Вероятность того, что в течение 15 минут поступит больше двух звонков, можно рассчитать, суммируя вероятности <math>P(X = 3) + P(X = 4) + P(X = 5) + \dots</math> до бесконечности, где среднее значение для 15-минутного интервала равно 1.5.</p> <p>D) Дисперсия количества звонков, поступающих в течение 30 минут, равна 36.</p> <p>Правильный ответ: A), C)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Почему вариант А верен: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Аргументация: По условию, <math>\lambda = 6</math> (среднее число звонков за 30 минут). Формула Пуассона: <math>P(X = k) = (e^{-(\lambda)} * \lambda^k) / k!</math>. Для <math>k = 4</math>, <math>P(X = 4) = (e^{(-6)} * 6^4) / 4!</math> Выполняя расчеты, получаем, что <math>P(X = 4) \approx 0.1339</math>. То есть вероятность получить ровно 4 звонка за 30 минут примерно равна 13.39%.</li> </ul> </li> <li>• Почему вариант B неверен: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Аргументация: В условии сказано, что <math>\lambda = 6</math> за 30 минут. Один час содержит два 30-минутных интервала. Таким образом, среднее число звонков в час должно быть <math>6 * 2 = 12</math>, а не 3.</li> </ul> </li> <li>• Почему вариант C верен: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Аргументация: В условии дано, что в среднем 6 звонков поступают в течении 30 минут. Значит, в течении 15 минут, в среднем, поступит <math>6 / 2 = 3</math> звонка. Утверждение о том, что среднее равно 1.5 - неверно! Вероятность того, что поступит БОЛЬШЕ двух звонков в течении 15 минут, вычисляется как сумма вероятностей всех событий, начиная с трех звонков и до бесконечности. То есть <math>P(X &gt; 2) = P(X = 3) + P(X = 4) + P(X = 5) + \dots</math> Но чтобы это вычислить, нужно правильно вычислить среднее число звонков в течении 15 минут, и оно равно 3.</li> </ul> </li> <li>• Почему вариант D неверен: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Аргументация: Для распределения Пуассона среднее значение РАВНО дисперсии. В задаче дано, что среднее значение количества звонков за 30 минут равно 6. Следовательно, дисперсия также должна быть равна 6, а не 36.</li> </ul> </li> </ul> <p><b>Вопрос 11.</b>  <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Каково основное назначение метрического многомерного шкалирования (MDS)?</p> <p>а) Уменьшение размерности данных, сохраняя при этом наиболее важные переменные.      б) Визуализация схожести (или несхожести) между объектами в низкоразмерном пространстве.      в) Кластеризация объектов на основе их сходства.      г) Прогнозирование значений одной переменной на основе значений других переменных.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: б)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• а) Уменьшение размерности данных - Это функция многих методов, включая РСА, но не является основной</li> </ul>
--	---

- целью MDS. MDS может уменьшать размерность, но в первую очередь фокусируется на визуализации схожести.
- б) Это верный ответ. MDS стремится представить объекты в низкоразмерном пространстве (обычно 2D или 3D) таким образом, чтобы расстояния между объектами в этом пространстве максимально соответствовали их исходным мерам несхожести (dissimilarity).
  - в) Кластеризация объектов - Это функция кластерного анализа, хотя результаты MDS могут быть использованы для кластеризации, это не основное назначение MDS.
  - г) Прогнозирование значений одной переменной - Это задача регрессии, а не MDS.

### **Задание закрытого типа на установление соответствия**

#### **Вопрос 12.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Установите соответствие между задачей и наиболее подходящим типом циклического оператора в R для ее решения.

Задачи:

1. Вычислить сумму элементов вектора.
2. Читать строки из файла до тех пор, пока файл не закончится.
3. Повторять попытки подключения к серверу, пока соединение не будет установлено (максимум 10 попыток).
4. Выполнять итерацию, пока не будет введено корректное значение (проверка ввода).

Операторы (могут быть использованы несколько раз):

A. for B. while C. repeat

Правильный ответ:

- 1 - А
- 2 - В
- 3 - В
- 4 - С

#### **Вопрос 13.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Сопоставьте каждый тип дистанции (колонка А) с ее наиболее точным описанием (колонка В). Запишите букву, соответствующую описанию, в колонку "Соответствие".

Колонка А: Тип дистанции	Колонка В: Описание	Соответствие
1. Евклидово расстояние	А. Инвариантна к масштабированию и вращению векторов; игнорирует величину, фокусируясь на ориентации в пространстве.	
2. Манхэттенское	В. Эквивалентна прямой линии между точками; чувствительна к	

расстояние	единицам измерения, сильнее выделяет большие разности.	
3. Косинусное сходство (Distance)	C. Минимизирует влияние выбросов; использует только абсолютные разности, двигаясь "шагами" вдоль осей координат.	
4. Расстояние Махalanобиса	D. Учитывает ковариационную структуру данных; может быть использована для выявления выбросов, но требует обратимости матрицы ковариаций.	

Правильный ответ:

Колонка А: Тип дистанции	Колонка В: Описание	Соответствие
1. Евклидово расстояние	A. Инвариантна к масштабированию и вращению векторов; игнорирует величину, фокусируясь на ориентации в пространстве.	B
2. Манхэттенское расстояние	B. Эквивалентна прямой линии между точками; чувствительна к единицам измерения, сильнее выделяет большие разности.	C
3. Косинусное сходство (Distance)	C. Минимизирует влияние выбросов; использует только абсолютные разности, двигаясь "шагами" вдоль осей координат.	A
4. Расстояние Махalanобиса	D. Учитывает ковариационную структуру данных; может быть использована для выявления выбросов, но требует обратимости матрицы ковариаций.	D

**Вопрос 14.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Сопоставьте каждую графическую функцию R (колонка А) с ее наиболее точным описанием (колонка В). Запишите букву, соответствующую описанию, в колонку "Соответствие".

Колонка А: Функция R	Колонка В: Описание	Соответствие
1. plot()	A. Строит гистограмму частот для числового вектора; позволяет настраивать количество столбцов и их границы.	
2. hist()	B. Рисует ящики с усами (boxplots) для сравнения распределений одного или нескольких наборов данных; отображает медиану, квартили и выбросы.	
3. boxplot()	C. Создает диаграмму рассеяния (scatterplot) для двух переменных; является универсальной функцией для создания различных типов графиков в зависимости от типа входных данных.	
4. barplot()	D. Отображает столбчатую диаграмму для представления категориальных данных; высота столбцов соответствует частоте или	

		пропорции каждой категории.																
<b>Правильный ответ:</b>																		
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Колонка А: <b>Функция R</b></th><th>Колонка В: Описание</th><th>Соответствие</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1. plot()</td><td>А. Строит гистограмму частот для числового вектора; позволяет настраивать количество столбцов и их границы.</td><td>C</td></tr> <tr> <td>2. hist()</td><td>В. Рисует ящики с усами (boxplots) для сравнения распределений одного или нескольких наборов данных; отображает медиану, квартили и выбросы.</td><td>A</td></tr> <tr> <td>3. boxplot()</td><td>С. Создает диаграмму рассеяния (scatterplot) для двух переменных; является универсальной функцией для создания различных типов графиков в зависимости от типа входных данных.</td><td>B</td></tr> <tr> <td>4. barplot()</td><td>D. Отображает столбчатую диаграмму для представления категориальных данных; высота столбцов соответствует частоте или пропорции каждой категории.</td><td>D</td></tr> </tbody> </table>				Колонка А: <b>Функция R</b>	Колонка В: Описание	Соответствие	1. plot()	А. Строит гистограмму частот для числового вектора; позволяет настраивать количество столбцов и их границы.	C	2. hist()	В. Рисует ящики с усами (boxplots) для сравнения распределений одного или нескольких наборов данных; отображает медиану, квартили и выбросы.	A	3. boxplot()	С. Создает диаграмму рассеяния (scatterplot) для двух переменных; является универсальной функцией для создания различных типов графиков в зависимости от типа входных данных.	B	4. barplot()	D. Отображает столбчатую диаграмму для представления категориальных данных; высота столбцов соответствует частоте или пропорции каждой категории.	D
Колонка А: <b>Функция R</b>	Колонка В: Описание	Соответствие																
1. plot()	А. Строит гистограмму частот для числового вектора; позволяет настраивать количество столбцов и их границы.	C																
2. hist()	В. Рисует ящики с усами (boxplots) для сравнения распределений одного или нескольких наборов данных; отображает медиану, квартили и выбросы.	A																
3. boxplot()	С. Создает диаграмму рассеяния (scatterplot) для двух переменных; является универсальной функцией для создания различных типов графиков в зависимости от типа входных данных.	B																
4. barplot()	D. Отображает столбчатую диаграмму для представления категориальных данных; высота столбцов соответствует частоте или пропорции каждой категории.	D																
<p><b>Вопрос 15.</b>  <i>Прочтите вопрос и установите соответствие.</i>  Сопоставьте каждый тип распределения случайной величины (колонка А) с его наиболее точным описанием или характерной особенностью (колонка В). Запишите букву, соответствующую описанию, в колонку "Соответствие".</p>																		
<table border="1"> <thead> <tr> <th>Колонка А: <b>Тип распределения</b></th><th>Колонка В: Описание / Характеристика</th><th>Соответствие</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>1. Нормальное распределение</td><td>А. Моделирует количество успехов в фиксированном числе независимых испытаний Бернулли.</td><td></td></tr> <tr> <td>2. Равномерное распределение</td><td>В. Все значения в заданном интервале равновероятны; часто используется как пример "случайного" выбора.</td><td></td></tr> <tr> <td>3. Биномиальное распределение</td><td>С. Широко известно своей "колоколообразной" формой; характеризуется средним значением и стандартным отклонением.</td><td></td></tr> <tr> <td>4. Распределение Пуассона</td><td>Д. Моделирует количество событий, происходящих в фиксированный период времени или месте, при условии что эти события происходят с известной средней интенсивностью.</td><td></td></tr> </tbody> </table>				Колонка А: <b>Тип распределения</b>	Колонка В: Описание / Характеристика	Соответствие	1. Нормальное распределение	А. Моделирует количество успехов в фиксированном числе независимых испытаний Бернулли.		2. Равномерное распределение	В. Все значения в заданном интервале равновероятны; часто используется как пример "случайного" выбора.		3. Биномиальное распределение	С. Широко известно своей "колоколообразной" формой; характеризуется средним значением и стандартным отклонением.		4. Распределение Пуассона	Д. Моделирует количество событий, происходящих в фиксированный период времени или месте, при условии что эти события происходят с известной средней интенсивностью.	
Колонка А: <b>Тип распределения</b>	Колонка В: Описание / Характеристика	Соответствие																
1. Нормальное распределение	А. Моделирует количество успехов в фиксированном числе независимых испытаний Бернулли.																	
2. Равномерное распределение	В. Все значения в заданном интервале равновероятны; часто используется как пример "случайного" выбора.																	
3. Биномиальное распределение	С. Широко известно своей "колоколообразной" формой; характеризуется средним значением и стандартным отклонением.																	
4. Распределение Пуассона	Д. Моделирует количество событий, происходящих в фиксированный период времени или месте, при условии что эти события происходят с известной средней интенсивностью.																	
<p><b>Правильный ответ:</b></p>																		

Колонка А: Тип распределения	Колонка В: Описание / Характеристика	Соответствие
1. Нормальное распределение	А. Моделирует количество успехов в фиксированном числе независимых испытаний Бернулли.	C
2. Равномерное распределение	В. Все значения в заданном интервале равновероятны; часто используется как пример "случайного" выбора.	B
3. Биномиальное распределение	С. Широко известно своей "колоколообразной" формой; характеризуется средним значением и стандартным отклонением.	A
4. Распределение Пуассона	D. Моделирует количество событий, происходящих в фиксированный период времени или месте, при условии что эти события происходят с известной средней интенсивностью.	D

**Задание закрытого типа на установление последовательности**

**Вопрос 16.**  
Прочтите вопрос и установите последовательность.

Расположите шаги вычисления матрицы евклидовых расстояний между образцами (строками) в data.frame df с использованием функций пакета vegan в R в правильном порядке.

Шаг	Описание	Порядок
A. vegdist(df, method = "euclidean")	Вычисление матрицы расстояний с использованием евклидовой метрики на основе данных в df.	
B. as.matrix(dist_matrix)	Преобразование объекта класса "dist" (или "vegdist") в матрицу.	
C. library(vegan)	Загрузка пакета vegan.	
D. df <- data.frame(Ваши данные)	Создание (или загрузка) data.frame с данными. (Предполагается, что Ваши данные уже существуют или готовы к созданию).	
E. dist_matrix <- vegdist(df, method = "euclidean")	Присваивание полученной матрицы расстояний переменной dist_matrix.	

Правильный ответ:

Шаг	Описание	Порядок
A. vegdist(df, method = "euclidean")	Вычисление матрицы расстояний с использованием евклидовой метрики на основе данных в df.	4
B. as.matrix(dist_matrix)	Преобразование объекта класса "dist" (или "vegdist")	5


**Вопрос 17.**

Прочитайте вопрос и установите последовательность.

Расположите шаги выполнения метрического многомерного шкалирования (метрического MDS) в R в правильном порядке. Предположим, что у вас есть матрица расстояний distance\_matrix, полученная, например, с помощью функции dist() или vegdist().

Шаг	Описание	Порядок
A. mds_result <- cmdscale(distance_matrix, k = 2)	Применение функции cmdscale() для выполнения метрического MDS. Установите k = 2 для получения двумерной конфигурации.	
B. plot(mds_result[, 1], mds_result[, 2], ...)	Визуализация результатов MDS. mds_result[,1] и mds_result[,2] содержат координаты в двух измерениях.	
C. coords <- as.data.frame(mds_result)	Преобразование результатов MDS в data.frame для удобства работы.	
D. distance_matrix <- dist(data, method = "euclidean")	Вычисление матрицы расстояний из исходных данных (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	
E. data <- read.csv("your_data.csv")	Чтение исходных данных из CSV-файла (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	

Правильный ответ:

Шаг	Описание	Порядок
A. mds_result <- cmdscale(distance_matrix, k = 2)	Применение функции cmdscale() для выполнения метрического MDS. Установите k = 2 для получения двумерной конфигурации.	3
B. plot(mds_result[, 1], mds_result[, 2], ...)	Визуализация результатов MDS. mds_result[,1] и mds_result[,2] содержат координаты в двух измерениях.	5

		<table border="1"> <tr> <td>C. coords &lt;- as.data.frame(mds_result)</td><td>Преобразование результатов MDS в data.frame для удобства работы.</td><td>4</td></tr> <tr> <td>D. distance_matrix &lt;- dist(data, method = "euclidean")</td><td>Вычисление матрицы расстояний из исходных данных (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).</td><td>2</td></tr> <tr> <td>E. data &lt;- read.csv("your_data.csv")</td><td>Чтение исходных данных из CSV-файла (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).</td><td>1</td></tr> </table>	C. coords <- as.data.frame(mds_result)	Преобразование результатов MDS в data.frame для удобства работы.	4	D. distance_matrix <- dist(data, method = "euclidean")	Вычисление матрицы расстояний из исходных данных (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	2	E. data <- read.csv("your_data.csv")	Чтение исходных данных из CSV-файла (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	1
C. coords <- as.data.frame(mds_result)	Преобразование результатов MDS в data.frame для удобства работы.	4									
D. distance_matrix <- dist(data, method = "euclidean")	Вычисление матрицы расстояний из исходных данных (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	2									
E. data <- read.csv("your_data.csv")	Чтение исходных данных из CSV-файла (если у вас есть только исходные данные, а не матрица расстояний).	1									
<b>Вопрос 18.</b>											
<i>Прочитайте вопрос и установите последовательность.</i>											
Расположите шаги вычисления доверительного интервала для среднего значения выборки с использованием t-распределения в R в правильном порядке.											
<b>Шаг</b>	<b>Описание</b>	<b>Порядок</b>									
A. t_value <- qt(1 - alpha/2, df = n - 1)	Вычисление критического значения t-статистики для заданного уровня значимости alpha и степеней свободы $df = n - 1$ .										
B. lower_bound <- sample_mean - t_value * (sample_sd / sqrt(n))	Вычисление нижней границы доверительного интервала.										
C. sample_mean <- mean(data)	Вычисление среднего значения выборки.										
D. alpha <- 0.05	Определение уровня значимости (например, 0.05 для 95% доверительного интервала).										
E. data <- c(Ваши данные)	Создание или загрузка данных выборки. (Предполагается, что Ваши данные представляют собой числовой вектор или могут быть легко преобразованы в него).										
F. sample_sd <- sd(data)	Вычисление стандартного отклонения выборки.										
G. n <- length(data)	Определение размера выборки.										
H. upper_bound <- sample_mean + t_value * (sample_sd / sqrt(n))	Вычисление верхней границы доверительного интервала.										
I. cat("Доверительный интервал:", lower_bound, upper_bound)	Вывод результатов: нижней и верхней границ доверительного интервала.										
Правильный ответ:											
<b>Шаг</b>	<b>Описание</b>	<b>Порядок</b>									
A. t_value <- qt(1 - alpha/2, df = n - 1)	Вычисление критического значения t-статистики для заданного уровня значимости alpha и степеней	5									

			свободы $df = n - 1$ .	
		B. lower_bound <- sample_mean - t_value * (sample_sd / sqrt(n))	Вычисление нижней границы доверительного интервала.	6
		C. sample_mean <- mean(data)	Вычисление среднего значения выборки.	2
		D. alpha <- 0.05	Определение уровня значимости (например, 0.05 для 95% доверительного интервала).	1
		E. data <- c(Ваши данные)	Создание или загрузка данных выборки. (Предполагается, что Ваши данные представляют собой числовой вектор или могут быть легко преобразованы в него).	0
		F. sample_sd <- sd(data)	Вычисление стандартного отклонения выборки.	3
		G. n <- length(data)	Определение размера выборки.	4
		H. upper_bound <- sample_mean + t_value * (sample_sd / sqrt(n))	Вычисление верхней границы доверительного интервала.	7
		I. cat("Доверительный интервал:", lower_bound, upper_bound)	Вывод результатов: нижней и верхней границ доверительного интервала.	8

**Вопрос 19.**

*Прочтите вопрос и установите последовательность.*

Укажите правильную последовательность шагов для построения гистограммы с наложением эмпирической функции плотности вероятности (PDF) на основе набора числовых данных.

Исходные данные: Предположим, у вас есть набор данных, представляющий собой выборку значений некоторой случайной величины.

Шаги (перемешаны):

A. Нормировка гистограммы: Разделите частоту каждого столбца гистограммы на общее количество наблюдений (размер выборки). Это преобразует гистограмму в гистограмму относительных частот.

B. Построение графика эмпирической PDF: Используйте оценку плотности ядра (Kernel Density Estimation - KDE) для аппроксимации эмпирической функции плотности вероятности на основе данных. Наложите график PDF на гистограмму.

C. Определение интервалов (бинов): Разбейте диапазон значений данных на несколько неперекрывающихся интервалов (бинов). Количество интервалов должно быть выбрано разумно, чтобы не потерять детали распределения (слишком мало интервалов) и не создать шум (слишком много интервалов).

D. Подсчет частот: Определите, сколько значений данных попадает в каждый интервал. Это и есть частота для каждого интервала.

E. Построение гистограммы: Создайте столбчатую диаграмму, где горизонтальная ось представляет интервалы, а высота каждого столбца пропорциональна частоте значений в этом интервале (или относительной частоте после нормировки).

Правильный ответ:  
 $C \rightarrow D \rightarrow E \rightarrow A \rightarrow B$

### **Задание открытого типа с развернутым ответом**

#### **Вопрос 20.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Опишите циклический оператор for в языке программирования?

Ответ:

Циклический оператор for в R – это основной инструмент для повторения блока кода заданное количество раз. Он позволяет эффективно обрабатывать массивы, списки и другие структуры данных, выполняя одни и те же операции над каждым элементом. Синтаксис for цикла в R достаточно прост и понятен: `for (переменная in последовательность) { действия }`. Здесь переменная принимает значение каждого элемента из последовательности на каждой итерации цикла, а действия – это блок кода, который будет выполнен.

#### **Вопрос 21.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Определение понятия Евклидово расстояние?

Ответ:

Евклидово расстояние (также известное как "расстояние по прямой") – это наиболее интуитивно понятная и часто используемая мера расстояния между двумя точками в Евклидовом пространстве. Оно представляет собой длину отрезка прямой, соединяющего эти две точки.

Определение:

Формально, евклидово расстояние между двумя точками  $P = (p_1, p_2, \dots, p_n)$  и  $Q = (q_1, q_2, \dots, q_n)$  в  $n$ -мерном

Евклидовом пространстве определяется как:

$$d(P, Q) = \sqrt{(q_1 - p_1)^2 + (q_2 - p_2)^2 + \dots + (q_n - p_n)^2}$$

#### **Вопрос 22.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Дайте определение понятия маршрут в математическом графе?

Ответ:

В теории графов, маршрут (или путь) — это последовательность вершин в графе, соединенных ребрами.

Определение: Маршрутом в графе  $G = (V, E)$  называется последовательность вершин  $v_1, v_2, \dots, v_k$ , где для каждого  $i$  от 1 до  $k-1$ ,  $(v_i, v_{i+1}) \in E$  (т.е. существует ребро между вершинами  $v_i$  и  $v_{i+1}$ ).

#### **Вопрос 23.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Дайте описание гистограмме как способу визуализации распределена элементов в выборках статистических

		<p>данных?</p> <p>Ответ:</p> <p>Гистограмма распределения – это графическое представление распределения частот числовых данных. Она представляет собой столбчатую диаграмму, где:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Горизонтальная ось (ось X):</b> Разделена на интервалы (или "бины," "классы") равной или переменной ширины, охватывающие диапазон значений данных.</li> <li>• <b>Вертикальная ось (ось Y):</b> Показывает частоту (количество) значений, попадающих в каждый интервал. Обычно используется частота (количество наблюдений), но также можно использовать относительную частоту (процент наблюдений) или плотность вероятности (для нормализации по площади).</li> <li>• <b>Столбцы:</b> Высота каждого столбца пропорциональна частоте (или относительной частоте/плотности) значений в соответствующем интервале. Столбцы гистограммы примыкают друг к другу (если только в данных нет разрывов).</li> </ul>
--	--	--

### Тестирование (Вариант 2).

Индекс и содержание формируемой компетенции	Индикаторы компетенций	Тестовые задания для промежуточной аттестации
ОПК-2 Способен использовать специализированные знания фундаментальных разделов математики, физики, химии и биологии для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики и смежных дисциплин (модулей)	<p><i>ИДК ОПК-2.1</i> Демонстрирует специализированные знания в области фундаментальных разделов математики, физики, химии, биологии и перспективы междисциплинарных исследований</p>	<p><b>Задание комбинированного типа с выбором одного или нескольких верных ответов из четырех предложенных и аргументацией выбора</b></p> <p><b>Вопрос 1.</b> Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа. Что произойдет, если при использовании <code>install.packages()</code> в R, пакет, который вы пытаетесь установить, имеет неустановленные зависимости?</p> <p>а) Установка пакета завершится с ошибкой, и R предложит установить зависимости вручную. б) <code>install.packages()</code> автоматически попытается установить все необходимые зависимости из CRAN. в) <code>install.packages()</code> проигнорирует неустановленные зависимости и установит только запрошенный пакет. г) R запросит подтверждение на установку зависимостей перед продолжением установки основного пакета.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: б)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• а) Хотя ошибки могут возникнуть при проблемах с доступом к репозиториям, <code>install.packages()</code> автоматически разрешает и устанавливает зависимости, если они доступны в репозитории (например, CRAN).</li> <li>• б) Это верное описание поведения <code>install.packages()</code>. По умолчанию, функция автоматически загружает и</li> </ul>
	<p><i>ИДК ОПК-2.2</i> Умеет использовать навыки проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики с</p>	

<p>учетом специализированных фундаментальных знаний</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>устанавливает все необходимые зависимости для выбранного пакета.</li> <li>в) <code>install.packages()</code> не игнорирует зависимости. Пакет может работать неправильно или вообще не работать, если его зависимости не установлены.</li> <li>г) <code>install.packages()</code> по умолчанию не запрашивает подтверждение на установку зависимостей, а делает это автоматически.</li> </ul>
<p><i>ИДК ОПК-2.3</i> Владеет методами химии, физики и математического моделирования для проведения исследований в области биоинженерии, биоинформатики</p>	<p><b>Вопрос 2.</b> <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i> Какой из следующих вариантов кода корректно использует цикл <code>for</code> в R для вывода квадратов чисел от 1 до 5 (включительно)?</p> <p>а) <code>for (i in 1:5) { print(i^2) }</code> б) <code>for (i = 1, i &lt;= 5, i++) { print(i^2) }</code> в) <code>for (i in range(1, 6)) { print(i^2) }</code> г) <code>for i = 1 to 5 { print(i^2) }</code></p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: а)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный код. Цикл <code>for (i in 1:5)</code> корректно итерируется по последовательности чисел от 1 до 5, и <code>print(i^2)</code> выводит квадрат каждого числа.</li> <li>б) Синтаксис <code>for (i = 1, i &lt;= 5, i++)</code> не является корректным синтаксисом цикла <code>for</code> в R. Это больше похоже на синтаксис C-подобных языков.</li> <li>в) Функция <code>range()</code> не существует в базовом R для создания последовательности чисел. В R для этого используется оператор <code>:</code>.</li> <li>г) Синтаксис <code>for i = 1 to 5</code> не является корректным синтаксисом цикла <code>for</code> в R. Это синтаксис, используемый в некоторых других языках программирования, но не в R.</li> </ul>
<p>ОПК-3 Способен проводить экспериментальную работу с организмами и клетками, использовать физико-химические методы исследования макромолекул, математические методы обработки результатов биологических исследований</p>	<p><b>Вопрос 3.</b> <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i> Что делает оператор <code>next</code> внутри цикла в R?</p> <p>а) Завершает выполнение всего цикла. б) Прерывает текущую итерацию цикла и переходит к следующей. в) Возвращает значение из цикла. г) Выполняет следующую итерацию цикла, пропуская оставшуюся часть текущей итерации.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: б) и г)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это описание оператора <code>break</code>.</li> <li>б) и г) Оба варианта по сути говорят об одном и том же, просто разными словами. Оператор <code>next</code> пропускает оставшуюся часть кода в текущей итерации цикла и сразу переходит к следующей итерации. Поэтому можно сказать, что он "прерывает текущую итерацию и переходит к следующей".</li> </ul>
<p><i>ИДК ОПК-3.2</i> Демонстрирует практические навыки математических методов обработки результатов экспериментальных</p>	

<p>исследований</p> <p><b>ИДК ОПК-3.3</b></p> <p>Владеет опытом применения методов для исследования макромолекул, обработки результатов биологических исследований, прогнозирования перспектив и социальных последствий своей профессиональной деятельности.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>в) Оператор next не возвращает значение.</li> </ul> <p><b>Вопрос 4.</b></p> <p><i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Какой из следующих способов корректно создает числовой вектор в R, содержащий элементы 1, 2, 3, 4 и 5?</p> <p>а) vector &lt;- c(1, 2, 3, 4, 5) б) vector = list(1, 2, 3, 4, 5) в) vector &lt;- 1:5 г) vector = seq(1, 5)</p> <p>Выберите все верные ответы и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: а), в), г)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) vector &lt;- c(1, 2, 3, 4, 5) - Это верный способ. Функция c() используется для объединения элементов в вектор.</li> <li>б) vector = list(1, 2, 3, 4, 5) - Это неверный способ. list() создает список, а не вектор. Списки могут содержать элементы разных типов, в то время как векторы обычно содержат элементы одного типа.</li> <li>в) vector &lt;- 1:5 - Это верный способ. Оператор : создает последовательность чисел от 1 до 5 с шагом 1.</li> <li>г) vector = seq(1, 5) - Это верный способ. Функция seq() создает последовательность чисел от 1 до 5 (по умолчанию с шагом 1).</li> </ul> <p><b>Вопрос 5.</b></p> <p><i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Как определить функцию в R, которая принимает аргумент x и необязательный аргумент y со значением по умолчанию равным 10?</p> <p>а) my_function &lt;- function(x, y = 10) { ... } б) my_function &lt;- function(x, optional y = 10) { ... } в) my_function &lt;- function(x, y = NULL) { if(is.null(y)) y &lt;- 10; ... } г) my_function &lt;- function(x = 10, y) { ... }</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: а)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный способ. my_function &lt;- function(x, y = 10) { ... } задает значение по умолчанию для аргумента y равным 10. Если при вызове функции аргумент y не будет указан, он автоматически примет значение 10.</li> <li>б) optional y = 10 - Некорректный синтаксис. Слово optional не используется в R для определения аргументов по умолчанию.</li> <li>в) y = NULL и проверка на is.null(y) - Это рабочий способ, но он более громоздкий, чем использование аргумента по умолчанию напрямую. y = 10 при определении функции - более лаконичный и предпочтительный вариант.</li> <li>г) x = 10, y - Нельзя, чтобы аргумент без значения по умолчанию шел после аргумента со значением по умолчанию. Порядок имеет значение. В R сначала должны идти обязательные аргументы, а затем - аргументы со значениями по умолчанию.</li> </ul> <p><b>Вопрос 6.</b></p>
--	--

	<p><i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Как в R можно обработать пропущенные значения (NA) при вычислении среднего значения с помощью функции mean()?</p> <p>а) Функция mean() автоматически игнорирует NA значения. б) Необходимо удалить NA значения из данных перед вычислением среднего значения. в) Нужно установить аргумент na.rm = TRUE в функции mean(). г) Нужно заменить NA значения нулями перед вычислением среднего значения.</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: в)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Функция mean() по умолчанию возвращает NA, если в данных есть пропущенные значения.</li> <li>б) Удаление NA значений может быть необходимо в некоторых случаях, но не является единственным или всегда лучшим решением. Удаление данных может привести к потере информации.</li> <li>в) Это верный способ. Установка аргумента na.rm = TRUE указывает функции mean() игнорировать NA значения при вычислении среднего значения.</li> <li>г) Замена NA нулями может исказить результаты, особенно если NA представляют собой отсутствие данных, а не реальные нулевые значения.</li> </ul> <p><b>Вопрос 7.</b></p> <p><i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Какая функция в R используется для создания диаграммы размаха (боксплота)?</p> <p>а) hist() б) plot() в) boxplot() г) pie()</p> <p>Выберите один верный ответ и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Ваш ответ: в)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) hist() - Используется для создания гистограмм.</li> <li>б) plot() - Можно использовать, но требует дополнительных параметров для создания боксплота.</li> <li>в) Это верный ответ. Функция boxplot() создает диаграмму размаха.</li> <li>г) pie() - Используется для создания круговых диаграмм.</li> </ul> <p><b>Вопрос 8.</b></p> <p><i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i></p> <p>Какие утверждения о параметре lambda функции gpois() в R являются верными?</p> <p>А) lambda должен быть целым числом.</p> <p>Б) lambda должен быть неотрицательным числом.</p> <p>С) lambda определяет среднее значение и дисперсию распределения Пуассона.</p> <p>Д) Если lambda равно нулю, функция gpois() всегда возвращает вектор, состоящий только из нулей.</p> <p>Ответ: В, С, Д Аргументация:</p>
--	---

- B: lambda должен быть неотрицательным, поскольку это среднее значение числа событий, и отрицательным оно быть не может.
- C: lambda является параметром, определяющим среднее значение и дисперсию распределения Пуассона (они равны lambda).
- D: Если lambda равно 0, ожидаемое количество событий равно нулю. Значит каждое сгенерированное число будет равно нулю, что и вернет функция.
- A: lambda не обязательно должно быть целым числом, оно может быть и дробным (вещественным) числом.

**Вопрос 9.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*  
В каких случаях рекомендуется нормализовать данные перед вычислением расстояний (например, евклидова расстояния)? (Выберите все верные ответы)

- а) Когда переменные имеют разные единицы измерения. б) Когда переменные имеют сильно различающиеся масштабы. в) Когда все переменные имеют одинаковые единицы измерения и масштабы. г) Нормализация всегда необходима перед вычислением расстояний.

Выберите все верные ответы и обоснуйте свой выбор:

Правильный ответ: а), б)

Обоснование:

- а) Это верный ответ. Если переменные измерены в разных единицах (например, метры и килограммы), нормализация необходима, чтобы одна переменная не доминировала при вычислении расстояния.
- б) Это верный ответ. Если переменные имеют сильно различающиеся масштабы (например, возраст от 0 до 100 и доход от 0 до 1,000,000), переменная с большим масштабом будет оказывать непропорционально большое влияние на вычисление расстояния.
- в) Когда переменные имеют одинаковые единицы измерения и масштабы, нормализация не всегда необходима, но может быть полезна в некоторых случаях.
- г) Нормализация не всегда необходима. Если переменные имеют сопоставимые масштабы и единицы измерения, можно вычислять расстояния без нормализации. Однако, нормализация может улучшить результаты в некоторых случаях, даже если масштабы похожи.

**Вопрос 10.**

*Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.*  
Какие из следующих утверждений о манхэттенском расстоянии в контексте анализа многомерных данных являются верными?

- А) Манхэттенское расстояние всегда меньше или равно евклидову расстоянию между двумя точками.  
Б) Манхэттенское расстояние менее чувствительно к выбросам, чем евклидово расстояние.  
С) Манхэттенское расстояние инвариантно к поворотам системы координат.  
Д) Манхэттенское расстояние вычисляется как сумма абсолютных разностей координат между двумя точками.

Правильный ответ: D)

	<p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Выбор D: Манхэттенское расстояние, по определению, вычисляется как сумма абсолютных разностей координат между двумя точками. Это прямо следует из формулы: <math>d(x, y) =  x_1 - y_1  +  x_2 - y_2  + \dots +  x_n - y_n </math>.</li> <li>Отклонение A: Манхэттенское расстояние, как правило, больше Евклидова, но, если точки лежат на одной прямой, параллельной оси координат, расстояния будут равны.</li> <li>Отклонение B: Манхэттенское расстояние более чувствительно к выбросам, чем Евклидово. Евклидово расстояние возводит разность координат в квадрат, таким образом, расстояние более сильно подвержено сильным отклонениям.</li> <li>Отклонение C: Манхэттенское расстояние зависит от системы координат и не инвариантно к поворотам. Поворот системы координат изменит разность между значениями координат, соответственно, изменит манхэттенское расстояние.</li> </ul> <p><b>Вопрос 11.</b>  <i>Прочтите вопрос, выберите правильный вариант ответа и запишите аргументы, обосновывающие выбор ответа.</i>      Какие типы многомерного шкалирования существуют? (Выберите все верные ответы)</p> <p>а) Метрическое MDS (Metric MDS) б) Неметрическое MDS (Non-metric MDS) в) Линейное MDS (Linear MDS) г) Полиномиальное MDS (Polynomial MDS)</p> <p>Выберите все верные ответы и обоснуйте свой выбор:</p> <p>Правильный ответ: а), б)</p> <p>Обоснование:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>а) Это верный ответ. Метрическое MDS (Metric MDS) предполагает, что исходные меры несходства являются метрическими (т.е. удовлетворяют аксиомам метрики) и стремится сохранить точные расстояния в низкоразмерном пространстве.</li> <li>б) Это верный ответ. Неметрическое MDS (Non-metric MDS) предполагает, что важен только ранг (порядок) мер несходства, а не их точные значения. Он стремится сохранить порядок расстояний в низкоразмерном пространстве.</li> <li>в) Линейное MDS (Linear MDS) - Такого общепринятого типа MDS не существует. MDS может быть реализован с использованием линейных алгебраических методов, но сама классификация не является "линейным MDS".</li> <li>г) Полиномиальное MDS (Polynomial MDS) - Такого общепринятого типа MDS не существует.</li> </ul> <p><b>Задание закрытого типа на установление соответствия</b></p> <p><b>Вопрос 12.</b>  <i>Прочтите вопрос и установите соответствие.</i>      Установите соответствие между циклическим оператором в R и его описанием.      Операторы:</p>
--	--

- for
- while
- repeat
- break

Описания:

- A. Выполняет блок кода до тех пор, пока условие истинно. Проверяет условие *перед* каждой итерацией.
- B. Немедленно прекращает выполнение цикла и переходит к следующей строке кода после цикла.
- C. Выполняет блок кода заданное количество раз.
- D. Выполняет блок кода бесконечно, пока не будет прерван оператором break.

Правильный ответ:

- 1 - C
- 2 - A
- 3 - D
- 4 - B

### **Вопрос 13.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Установите соответствие между функцией для генерации случайных чисел в R (Список А) и типом данных, которые она генерирует (Список Б). Например, если функция генерирует только целые числа, ей соответствует вариант "целые числа", если вещественные - то "вещественные числа" и т.д. Запишите букву, соответствующую типу данных, рядом с каждой функцией.

Список А: Функции

- rnorm()
- sample()
- rbinom()
- round()
- runif()

Список Б: Типы генерируемых данных

- A) Вещественные числа (с плавающей точкой) с нормальным распределением. B) Случайные элементы из заданного вектора (тип данных зависит от элементов вектора) C) Целые числа, представляющие количество успехов в биномиальном распределении. D) Вещественные числа (с плавающей точкой) с равномерным распределением. E) Округленные значения (тип данных зависит от аргументов функции и исходных данных).

Задание:

Укажите соответствие:

- rnorm():
- sample():
- rbinom():

- round():
- runif():

Правильный ответ:

- rnorm(): A
- sample(): B
- rbinom(): C
- round(): E
- runif(): D

**Вопрос 14.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Сопоставьте описание типа расстояния, используемого в многомерной статистике (Список А), с соответствующей функцией или аргументом функции vegdist в пакете vegan языка R (Список В). Укажите букву, соответствующую правильной функции/аргументу, рядом с каждым описанием.

- Расстояние, учитывающее только наличие/отсутствие видов (бинарные данные) и игнорирующее информацию об их обилии.
- Расстояние, чувствительное к различиям в видовом составе и обилии, пропорциональное общему количеству видов, которые не встречаются одновременно в двух сравниваемых сообществах.
- Расстояние, менее чувствительное к различиям в видовом составе и обилии, особенно в случае доминирования нескольких видов (редкие виды имеют меньшее влияние)
- Расстояние, представляющее собой корень суммы квадратов разностей между значениями соответствующих переменных.

Список В: Функции/Аргументы vegdist

- A) "bray"
- B) "euclidean"
- C) "jaccard" (или любой другой бинарный индекс, например, "binary")
- D) "manhattan"

Правильный ответ:

- 1: C
- 2: D
- 3: A
- 4: B

**Вопрос 15.**

*Прочтите вопрос и установите соответствие.*

Сопоставьте описание действия или типа графика (Список А) с соответствующей базовой графической функцией в R (Список В). Укажите букву, обозначающую правильную функцию, рядом с каждым описанием.

Список А: Описание действия/типа графика

- Создание базового графика рассеяния (scatter plot) для визуализации взаимосвязи между двумя переменными.
- Добавление линии регрессии на уже существующий график.
- Создание гистограммы для отображения распределения одной переменной.
- Создание графика "ящик с усами" (boxplot) для сравнения распределений одной или нескольких переменных.

Список В: Графические функции

A) hist()

B) plot(x, y)

C) boxplot()

D) abline(lm\_object)

Задание:

Укажите соответствие:

Правильный ответ:

• 1: B

• 2: D

• 3: A

• 4: В

**Задание закрытого типа на установление последовательности**

**Вопрос 16.**

Прочтите вопрос и установите последовательность.

Расположите следующие этапы вычисления доверительного интервала для среднего значения, используя нормальное распределение, в правильной последовательности. В таблице напротив каждого шага укажите его порядковый номер. (Т.е. в столбце "Порядок" укажите число от 1 до 5)

Шаг	Порядок
A) Рассчитайте стандартную ошибку среднего (SE).	
B) Определите уровень значимости ( $\alpha$ ) и соответствующий z-критический коэффициент.	
C) Вычислите нижнюю и верхнюю границы доверительного интервала.	
D) Определите набор данных (вектор числовых значений).	
E) Рассчитайте среднее значение выборки.	
F) Рассчитайте стандартное отклонение S	

Правильный ответ:

Шаг	Порядок
-----	---------

A) Рассчитайте стандартную ошибку среднего (SE).	5
В) Определите уровень значимости (alpha) и соответствующий z-критический коэффициент.	4
С) Вычислите нижнюю и верхнюю границы доверительного интервала.	6
Д) Определите набор данных (вектор числовых значений).	1
Е) Рассчитайте среднее значение выборки.	2
Ф) Рассчитайте стандартное отклонение S	3

### **Вопрос 17.**

*Прочтите вопрос и установите последовательность.*

Предположим, у вас есть матрица диссимилярностей `dist_matrix`, представляющая различия между объектами. Какова правильная последовательность шагов для применения метрического многомерного шкалирования (Metric Multidimensional Scaling - MDS) с использованием функции `cmdscale()` в R для визуализации данных в двумерном пространстве?

- Создать матрицу диссимилярностей -> Применить `cmdscale(dist_matrix, k = 2)` -> Визуализировать точки с помощью `plot()`
  - Визуализировать точки с помощью `plot()` -> Создать матрицу диссимилярностей -> Применить `cmdscale(dist_matrix, k = 2)`
  - Применить `cmdscale(dist_matrix, k = 2)` -> Создать матрицу диссимилярностей -> Визуализировать точки с помощью `plot()`
  - Применить `cmdscale(dist_matrix, k = 2)` -> Визуализировать точки с помощью `plot()` -> Создать матрицу диссимилярностей
- Правильный ответ: a)

### **Вопрос 18.**

*Прочтите вопрос и установите последовательность.*

Расположите следующие шаги в правильной последовательности для вычисления матрицы расстояний Брея-Кертиса между образцами в датафрейме `community_data` с использованием пакета `vegan` в R.

- Убедитесь, что датафрейм содержит только числовые значения (данные о численности видов/обилие).
  - Вызовите функцию `vegdist()` из пакета `vegan`, указав датафрейм `community_data` и метод "bray".
  - Установите и загрузите пакет `vegan`, если он еще не установлен.
  - Сохраните результат, возвращенный функцией `vegdist()`, в переменную, например, `bray_curtis_dist`.
  - Проверьте структуру и первые несколько строк датафрейма `community_data`, чтобы убедиться в правильности формата данных. В ответе укажите только последовательность букв (например, "A, B, C, D")
- Правильный ответ:
- C, E, A, B, D

### **Вопрос 19.**

*Прочтите вопрос и установите последовательность.*

Расположите следующие шаги в правильной последовательности для построения графика боксплот в R. В таблице напротив каждого шага укажите его порядковый номер.

Шаг	Порядок
A) Добавьте заголовок к графику с помощью функции title().	
B) Импортируйте данные в R (например, из CSV файла).	
C) Выберите переменные для построения боксплота.	
D) Используйте функцию boxplot() для создания графика боксплот.	
E) Установите и загрузите необходимые пакеты (например, ggplot2, если будете использовать его).	

Правильный ответ:

Шаг	Порядок
A) Добавьте заголовок к графику с помощью функции title().	5
B) Импортируйте данные в R (например, из CSV файла).	2
C) Выберите переменные для построения боксплота.	3
D) Используйте функцию boxplot() для создания графика боксплот.	4
E) Установите и загрузите необходимые пакеты (например, ggplot2, если будете использовать его).	1

### **Задание открытого типа с развернутым ответом**

#### **Вопрос 20.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Опишите циклический оператор while в языке программирования R.

Ответ:

Циклический оператор while в языке программирования R представляет собой фундаментальную конструкцию для организации повторяющихся вычислений, пока определенное условие остается истинным. Он позволяет выполнять блок кода многократно, что незаменимо в ситуациях, когда количество итераций заранее неизвестно и зависит от динамически изменяющихся данных или состояний программы. Синтаксис оператора while: сначала указывается ключевое слово while, за которым в круглых скобках следует логическое выражение, выступающее в качестве условия продолжения цикла. В фигурных скобках заключен блок кода, который будет выполняться на каждой итерации цикла, пока условие истинно.

#### **Вопрос 21.**

*Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.*

Определения понятия расстояние Брея-Кертиса?

	<p><b>Ответ:</b>      Расстояние Брея-Кертиса (Bray-Curtis Dissimilarity) - это мера различия между двумя образцами (обычно экологическими сообществами), основанная на количественных данных. Оно показывает, насколько отличаются относительные значения признаков (например, видов) в двух образцах. Главное отличие от евклидового расстояния в том, что величина учитывает только разницу между двумя выборками, не принимая во внимание обилие видов, общих для обеих выборок.  <b>Формула:</b>  <math display="block">BC = \frac{\sum  x_i - y_i }{\sum (x_i + y_i)}</math> <b>где:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <math>x_i</math> - значение признака <math>i</math> (например, количество особей вида <math>i</math>) в образце <math>X</math></li> <li>• <math>y_i</math> - значение признака <math>i</math> в образце <math>Y</math></li> <li>• <math>\Sigma</math> - сумма по всем признакам</li> </ul> <p><b>Вопрос 22.</b>  <i>Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.</i>      Дайте математическое определение понятия графу?</p> <p><b>Ответ:</b>      Граф представляет собой структуру, состоящую из множества объектов (узлов или вершин), между которыми существуют связи (ребра или дуги).</p> <p><b>Определение.</b>      Простым графом <math>G(V, E)</math> называется совокупность двух множеств – непустого множества <math>V</math> и множества <math>E</math> неупорядоченных пар различных элементов множества <math>V</math>.      Множество <math>V</math> называется множеством вершин, множество <math>E</math> называется множеством ребер.</p> <p><b>Вопрос 23.</b>  <i>Прочтите вопрос и запишите развернутый обоснованный ответ.</i>      Дайте описание способу визуализации Боксплоту (ящики с усами) как инструменту для визуализации распределений элементов в статистических выборках?</p> <p><b>Ответ:</b>  <b>Определение:</b>      Боксплот (box plot), или "ящик с усами" – это стандартизованный способ графического отображения распределения данных на основе пяти ключевых значений:     <ul style="list-style-type: none"> <li>• Минимум (Minimum): Наименьшее значение в данных, не являющееся выбросом.</li> <li>• Первый квартиль (Q1): 25-й процентиль данных. 25% данных лежат ниже этого значения.</li> <li>• Медиана (Q2/Median): 50-й процентиль данных. Разделяет данные на две равные части.</li> </ul> </p> </p>
--	---

- |  |  |
|--|--|
|  | <ul style="list-style-type: none"><li>• Третий квартиль (Q3): 75-й процентиль данных. 75% данных лежат ниже этого значения.</li><li>• Максимум (Maximum): Наибольшее значение в данных, не являющееся выбросом.</li></ul> <p>Элементы боксплота:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Ящик (Box): Ограничен первым (Q1) и третьим (Q3) квартилями. Длина ящика представляет межквартильный размах (<math>IQR = Q3 - Q1</math>), который содержит центральные 50% данных.</li><li>• Медиана (линия внутри ящика): Отмечает медиану (Q2) распределения.</li><li>• Усы (Whiskers): Линии, идущие от ящика до наименьшего и наибольшего значений.</li></ul> |
|--|--|

Разработчик:

Букин доцент Букин Ю.С.  
(подпись)