

# STK1000 - oblig 1

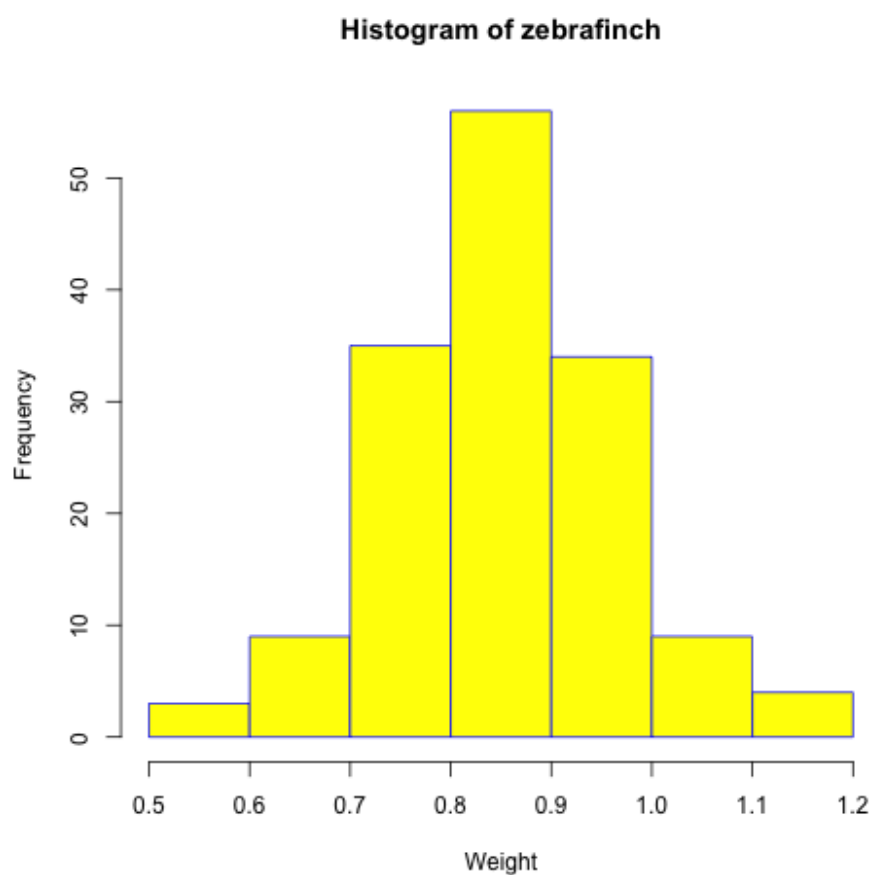
Mikael B. Kiste

20. september 2018

# 1

## a

Her er et histogram av BMR verdiene til sebrafinkene. Histogrammet ser normalfordelt ut, med en god del sebrafinker som har en BMR verdi nær gjennomsnittet og et kraftig avtagende antall finker jo lenger man går vekk fra gjennomsnittet.



Figur 1: Histogram av BMR-verdiene til 150 zebrafisker

## **b**

Ved å bruke kommandoen `mean` i R får jeg gjennomsnitt og `median` gir meg median.

$$\begin{aligned}\bar{x} &= 0.8485003 \text{mL} \frac{\text{O}_2}{\text{m}} \\ \text{mean} &= 0.8397846 \text{mL} \frac{\text{O}_2}{\text{m}}\end{aligned}$$

Gjennomsnittet tar summen av måleverdien til alle datapunktene før det deler på antall datapunkter mens median er verdien på det midterste elementet i en ordnet (numerisk økende) liste av datapunktene.

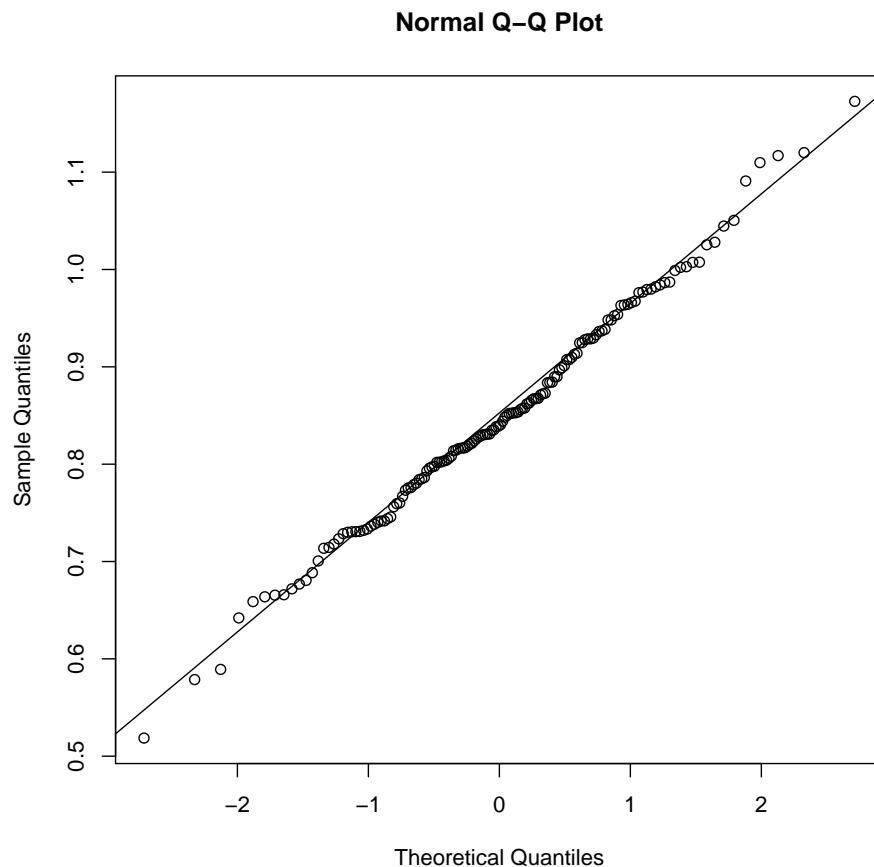
## **c**

Ved å bruke kommandoen `IQR` i R får jeg inter-kvartil og `sd` gir meg standardavvik.

$$\begin{aligned}\text{IQR} &= 0.1517731 \text{mL} \frac{\text{O}_2}{\text{m}} \\ \sigma &= 0.1134001 \text{mL} \frac{\text{O}_2}{\text{m}}\end{aligned}$$

## **d**

Ved å bruke kommandoene `qqnorm()` i R får jeg inter-kvartil og `sd()` gir meg standardavvik.



Figur 2: Figuren viser målte verdier mot standardavviket vi fikk tidligere i oppgaven

Plottet indikerer hvordan de målte verdiene har fordelt seg i forhold til standardavviket. Igjen ser man at de fleste datapunktene legger seg rundt gjennomsnittet, men i tillegg får man et inntrykk av hvordan målverdiene avviker fra den teoretiske perfekte normalfordelingen (over eller under den lineære funksjonen). Man kan se at dataen passer ganske bra til en normalfordeling.

### e

Standardiserte verdien til BMR: Den standardiserte verdien, eller 'z-score', antyder hvor mange standardavvik en målverdi er fra gjennomsnittet. Altså

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

For  $\text{BMR} = 0.8 \text{ mL O}_2/\text{min}$  gir det:

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma} = \frac{0.8 - 0.8485003}{0.1134001} \approx -0.43$$

Målværdien på  $0.8 \text{ mL } \frac{\text{O}_2}{\text{m}}$  er  $-0.43$  standardavvik unna gjennomsnittet.

## **f**

Ved å bruke kommandoen `pnorm()` i R får jeg prosentilen til en BMR på 0.6

$$p(x < 0.6) = 0.01421294$$

## **g**

På samme måte som i forrige oppgave bruker jeg `pnorm()`, men denne gangen tar jeg én og trekker i fra sannsynligheten for å finne ut sannsynligheten for at en fink har en BMR som er OVER dette.)

$$p(x > 1.0) = 0.09077876$$

## 2

### a

Kvantitative variabler er variabler som har en konkret tallverdi. Dette tillater at flere nyttige numeriske operasjoner kan utføres på et datasett av kvantitative variabler. Konsentrasjon av kortisol og testosteron er også kvantitative. Kvalitative variabler derimot kan være mer abstrakte. Som for eksempel øyenfarge.

Kategoriske variabler er alltid medlemmer av et gitt sett av mulige verdier. Innen vitenskap er det for eksempel fortsatt slik at nesten utelukkende alle dyr kun kan ha ett av to kjønn: han (maskulin) eller hun (feminin). Kjønn er altså et eksempel på en kategorisk variabel. I dette tilfellet er også populasjon kategorisk når den kun deler populasjonen inn i ulv som er hardt jaktet eller ikke. Legg merke til at denne også er en kvalitativ variabel. Kategoriske variabler kan være enten kvalitative eller kvantitative.

### b

Ved å bruke kommandoene `pie(table(variabel))` i R får jeg et kakediagram over de kategoriske variablene.



Figur 3: kjønnsfordelingen blandt ulvepopulasjonen er svært jevnt fordelt, hvilket nesten alltid er tilfellet pga naturlig seleksjon. Omtrent to tredeler er tungt jaktet

### c

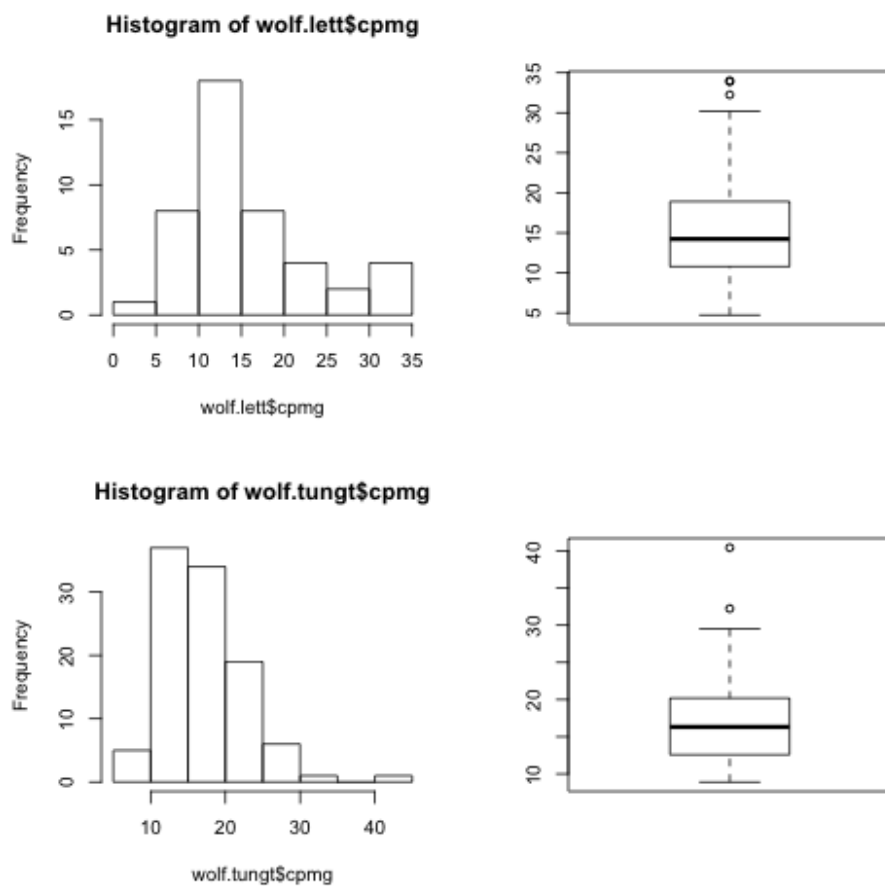
Denne oppgaven løser jeg ved å bruke kommandoene `wolf.lett <- wolf[wolf[,population]==1,]` og `wolf.tungt <- wolf[wolf[,population]==2,]`, slik jeg ble fortalt i oppgaven.

d

Her bruker jeg de følgende kommandoene:

- `par(mfrow=c(2,2))`
- `hist(wolf.lett)`
- `boxplot(wolf.lett)`
- `hist(wolf.tungt)`
- `boxplot(wolf.tungt)`

Hvordan disse fungerer er kommentert i koden



Figur 4: Her er histogram og boxplott av kortisolkonsentrasjonen til ulv som har blitt lett jaktet (øverst) og tungt jaktet (nederst)

Man kan se at ulv som har blitt tungt jaktet har høyere konsentrasjon av kortisol.

## e

I begge tilfeller er medianen mindre enn gjennomsnittet. Dette antydes også gjennom histogrammene

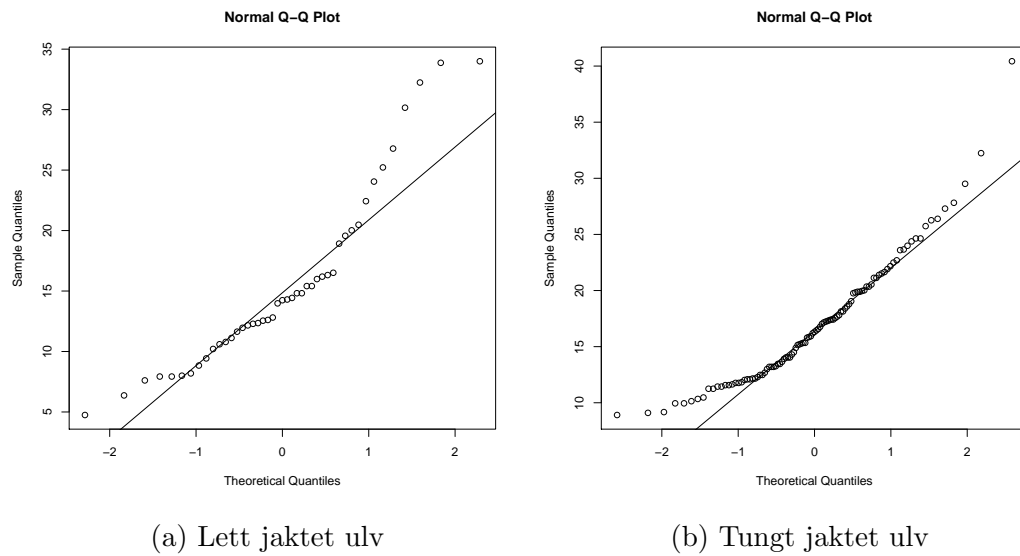
Tabell 1: Tabell over gjennomsnitt, median og standardavvik

	Mean	Median	Standard deviation
Lett	15.56222	14.24	7.298785
Tungt	17.07495	16.32	5.543389

## f

For normalfordelte datasett holder det å oppgi gjennomsnitt og standardavvik for å tilstrekkelig beskrive fordelingen. I andre tilfeller trenger man mer informasjon og da kan det være nyttig å bruke en femtallsoppsummering som i tillegg gir minimumverdi, maximumverdi og kvartiler. For å svare på spørsmålet må vi altså se på populasjon og avgjøre om de er normalfordelt eller ikke





Figur 5: QQ plot over populasjonene

Fra figur 5 ser det ut til at tungt jaktet ulv er normalfordelt mens lett jaktet ulv ikke er det. Altså kan en bruke gjennomsnitt og standardavvik for å tilstrekkelig beskrive den tungt jaktede populasjonen mens for den lett jaktede populasjonen bør man bruke femtallsoppsummering.

### 3

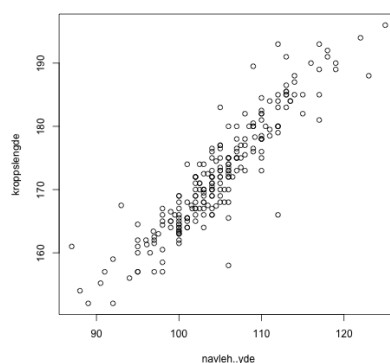
#### a

150 kvinner og 73 menn deltok i forsøket!

Tabell 2: Tabellen viser en oversikt over femtallsoppsummeringen til de fire målingene i datasettet.

	min	$Q_1$	$\mu$	$Q_3$	max
kroppslengde	152.0	166.0	172.3	178.0	196.0
fot.navle	87.0	101.0	104.8	109.0	125.0
navle.isse	52.00	65.00	67.34	70.00	81.00
favn	146.0	165.0	172.4	180.0	202.0

#### b



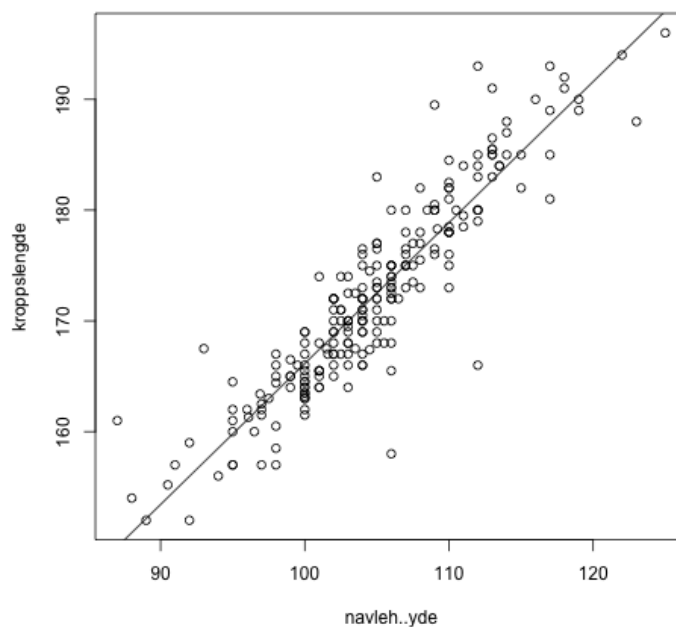
Figur 6: Figuren viser kroppshøyde som funksjon av navlelengde. En skulle nesten tro at det var en høy korrelasjon mellom disse to variablene.

#### c

Ooooo, ser man det! Det var en høy korrelasjon mellom de. cor funksjonen gir 0.9140397. Det vil si at høyden til et menneske er høyt avhengig av høyden til navlen for det mennesket.

#### d

Jeg tok meg friheten til å skifte på koden gitt i obliken, slik at programmet mitt kjørte.



Figur 7: Dette ser jo bra ut.

**e**

Summary funket dårlig. Jeg brukte `print(fit)` for å fastslå koeffisientene til modellen. Hvis navlehighen øker med en cm øker høyden med 1.273 cm.

Tabell 3: Coefficients for the linear model

Coefficients	a	b
	38.897	1.273

**f**

Kroppshøyden til en person med navlehigh på 121 cm vil med modellen min bli predikert til 192.93 cm.

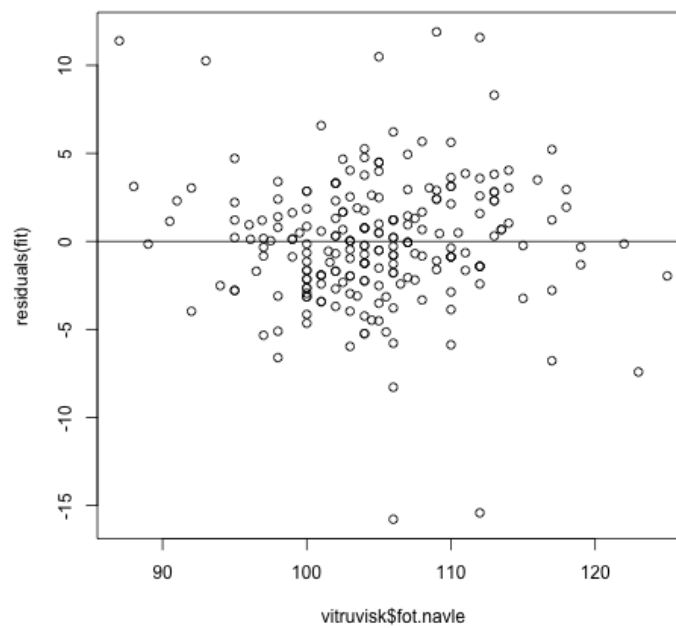
$$f(121) = a + b * x = 192.93$$

g

Tabell 4: ...

	min	$Q_1$	$\mu$	$Q_3$	max
kroppslengde	152.0	166.0	172.3	178.0	196.0
fot.navle	87.0	101.0	104.8	109.0	125.0
navle.isse	52.00	65.00	67.34	70.00	81.00
favn	146.0	165.0	172.4	180.0	202.0

h



Figur 8: ...

## Appendix

```
#OPPGAVE 1
from matplotlib.pyplot import * #import av shit
from numpy import * #import av shit
import scipy.integrate as integrate #import av shit

infile = open("data.txt","r") #aapne fil
infile.readline() #aapne fil

x = [] #tomme lister
hist_list = [] #tomme lister
for line in infile.readlines(): #leser fil
    words = line.split(" ") #leser fil
    hist_list.append(float(words[1])) #leser fil
    x.append(int(eval(words[0]))) #leser fil

s = std(hist_list) #standard deviation
m = mean(hist_list) #gjennomsnitt

def gaussian(x,s=s,m=m): #gaussian funksjon
    return (1/(sqrt(2*pi)*s))*exp(-0.5*((x-m)/s)**2) #formelen

def integral(fra=0,til=100,func = gaussian): #funksjon
    return integrate.quad(func,fra,til)[0] #numpy sin integrat

if __name__ == '__main__':
    print(integral(0,0.6)) #INTEGRAL
    print(integral(1,100)) #INTEGRAL
    print(integral(0,100)) #INTEGRAL
```

```

#OPPGAVE 1
# data = "http://www.uio.no/studier/emner/matnat/math/STK1000/data/
# zebrafinch <- read.table(data,header=TRUE)

# Create data for the graph.
zebrafinch <- c(0.7562718,0.7841234,0.8535867,0.82394,0.7804905,0.9

#sum(zebrafinch/150)
mean(zebrafinch)           #AVERAGE = 0.8485003
sd(zebrafinch)             #Standard deviation
IQR(zebrafinch)            #Interquartile
median(zebrafinch)         #MEDIAN

# Standardiserte verdien til 0.8 er lik:
print((0.8-mean(zebrafinch))/sd(zebrafinch))
#-0.4276918 standardavvik til normalfordelingen

# Give the chart file a name.
png(file = "zebrafish.pdf")
# Create the histogram.
hist(zebrafinch,xlab = "Weight",col = "yellow",border = "blue")

# Save the file.
dev.off()

qqnorm(zebrafinch) #lager qq plot
qqline(zebrafinch) #lager qq plot
# pnorm(zebrafinch) #NEI TAKK

```

[illegible]

[illegible]

```
#GGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG  
qqnorm(wolf.tungt$cpmg)      #QQ plot  
qqline(wolf.tungt$cpmg)     #QQ plot  
qqnorm(wolf.lett$cpmg)      #QQ plot  
qqline(wolf.lett$cpmg)     #QQ plot
```





```
png(file = "3H.pdf")
plot(vitruvisk$fot.navle, residuals(fit))
abline(h=0)
# Save the file.
dev.off()
```