## 1 Aufgabe 1

a)

```
H_0: \pi_0 = 0.15

H_A: \pi_A > 0.15

P_{H_0}(T \ge c) = 1 - P(T \le (c - 1))
```

> 1-pbinom(0:16, size=16, prob=0.15)

```
[1] 9.257489e-01 7.160988e-01 4.386207e-01 2.101093e-01 7.905130e-02
```

- [6] 2.354438e-02 5.586261e-03 1.059004e-03 1.602100e-04 1.922270e-05
- [11] 1.806631e-06 1.302180e-07 6.952283e-09 2.591237e-10 6.020962e-12
- [16] 6.572520e-14 0.000000e+00
- > plot(1-pbinom(0:16, size=16, prob=0.15), type='l')

Hier sieht man, dass es ab dem 6. Glied das Signifikanzniveau unterschreitet aber Achtung: R nummeriert diese Ergebnisse von 1 aus, d.h. das hier angeschriebene 6. Resultat ist eigentlich das 5.

```
> 1-pbinom(5,size=16,prob=0.15)
```

[1] 0.02354438

Da wir aber c-1 berechnen mit dem, ist es halt das (5+1). Glied, also das 6. Glied.

b)

Das Signifikanzniveau muss so gewählt werden, dass es unter dem 5. Glied unterschritten wird. Dies ist hier ca. 21% also 0.2

## 1.1 c)

Die Frage ist eigentlich "Wie gross ist die Wahrscheinlichkeit, dass wir grösser das 6. Glied sind bei einer Ansprechwahscheinlichkeit von 30%".

Um dies zu berechnen summieren wir alle Wahrscheinlichkeiten ab dem 6. Glied.

```
> sum(dbinom(6:16, size=16, prob=0.30))
```

[1] 0.3402177

## 2 Aufgabe 3

a)

```
> binom.test(x=7,n=50,p=0.5,alternative="greater",conf.level=0.95)
```

Exact binomial test