```
install.packages("tidyvere")
?table()
?prop.test()
?binom.test()
?chisq.test()
?norm.test()
#1: W pewnej populacji odłowiono losowo 90 osobników, w tym 70 samców. Czy stosunek płci
odbiega od teoretycznego 1:1?
 prop.test(70, 90, 0.5,
      alternative = c("two.sided"),
      conf.level = 0.95, correct = FALSE)
x = c(70,20)
 p = c(0.5, 0.5)
 chisq.test(x=x, p=p, correct = FALSE)
#2: W innym badaniu udało się odłowić tylko 30 osobników, w tym 20 samców. Czy stosunek płci
odbiega od teoretycznego 1:1?
 prop.test(20, 30, 0.5,
```

```
alternative = c("two.sided"),

conf.level = 0.95, correct = TRUE)

x = c(20,10)

p = c(0.5,0.5)

chisq.test(x=x, p=p, correct = FALSE)
```

#3: Na podstawie wyników badań kulturowych, niezależnych od danych demograficznych, postawiono hipotezę, że pewnym

#lokalnym społeczeństwie praktykuje się selektywną aborcję płodów żeńskich.

#W regionie do którego ta społeczność należy, przeciętna proporcja chłopców wśród urodzonych dzieci

#jest zbliżona do średniej światowej i wynosi 0.51. Jednakże, w tej społeczności wśród urodzonych w ostatnim roku

#30 dzieci było 20 chłopców. Czy wyniki te potwierdzają tę hipotezę?

#4: W wyniku krzyżówki czystych linii roślin o kwiatach czerwonych i białych, uzyskano 22 rośliny o kwiatach białych,

#60 różowych i 28 czerwonych. Czy te wyniki są zgodne z przewidywaniem stosunkiem dla #jednogenowej cechy mendlowskiej z kodominacją (1:2:1)?

```
chisq.test (x=c(22,60,28), p=c (0.25,0.5,0.25))
```

#-----

#6: W lesie niedaleko Krakowa stwierdzono, że wśród 90 osobników pewnej ćmy, 70 miało skrzydła jasne,

# a 20 ciemne. Natomiast w parku w Krakowie, wśród 30 osobników tego samego gatunku 20 miało ciemne a 15 jasne

#Czy te wyniki wspierają roboczą hipotezę, że w warunkach zanieczyszczonego miasta formy ciemne występują częściej?

#wśród 30 osobników 20 ciemne i 15 jasne???

#p-value = 0.1651

#p-value = 0.3302

```
xm <-matrix(c(70,20,20,10),nrow=2,byrow=T)
chisq.test(xm, correct = TRUE)</pre>
```

```
# p-value = 0.3302
```

```
xm <-matrix(c(70,20,20,15),nrow=2,byrow=T)
chisq.test(xm, correct = TRUE)
# p-value = 0.03705</pre>
```

# Odp: Dla 20/10 osobników zamiast 20/15 osobników w parku z treści zadania wyniki te wspierają # roboczą hipotezę, że w warunkach zanieczyszczonego miasta formy ciemne występują częściej. # Dla danych 20/15 nie.

#7: W opisanym wyżej eksperymencie, w którym badano wpływ diety na stan zdrowia myszy, #uzyskano następujące wyniki frekwencji osobników o różnej kondycji w różnych grupach pokarmowych: (...)

#Czy frekwencja osobników niskiej, przeciętnej i wysokiej sprawności motorycznej różni się między osobnikami

#karmionymi dietą normalną, wysokobiałkową i tzw. "dietą zachodnią"?

```
xm2 <-matrix(c(10,5,20,10,10,10,10,15,0),nrow=3,byrow=T)
chisq.test(xm2, correct = TRUE)
```

# p-value = 7.987e-05

# Odp wynik działania testu chi^2 pozwala na przyjęcie takiej hipotezy alternatywnej

#8: W pliku flowers.txt są wyniki z klasycznego eksperymentu genetycznego, takiego jak w zadaniu 5,
#w którym zbadano potomstwo F1 czystych linii wiesiołka o kwiatach białych i czerwonych.
#Wynikiem pomiaru w skali nominalnej jest kolor kwiatu: (...)
#Pobierz ten plik i użyj odpowiednich funkcji R do udzielenia odpowiedzi na pytanie,

#czy w pokoleniu F1 frekwencje kwiatów czerwonych (r), różowych (p) i białych (w) są zgodne z oczekiwanym stosunkiem 1:2:1.

#Uwaga: ro rozwiązania tego zadania będzie potrzebna dodatkowa, ale już Wam znana funkcja R.

```
flowers <- read.table(file = "flowers.txt",
           sep = "\t",
           header = T,
           stringsAsFactors = T)
 summary(flowers)
 flowers
 obs <- c(43,22,17)
 exp <- c(41,20.5,20.5)
 ?chisq.test
 chisq.test(obs,exp, correct = TRUE)
 #p-value = 0.2231
 #obserwowane frekwencje są zgodne z oczekiwanymi
#9: W pliku mice.txt są wyniki obserwacji płci, masy ciała i koloru sierści u myszy odłowionych w
pewnej populacji
# Pobierz ten plik i użyj odpowiednich funkcji R do udzielenia odpowiedzi na pytanie,
#czy jest związek między płcią, a kolorem sierści myszy
 mice <- read.table(file = "mice.txt",
                 sep = "\t",
                 header = T,
                  stringsAsFactors = T)
```

```
summary(mice)
mice2 <- subset(mice, S == 0)
mice3 <- subset(mice, S == 1)

summary(mice2)
summary(mice3)

obs_samice <- c(127,47,18)
obs_samce <- c(121,40,31)

chisq.test(obs_samice, obs_samce, correct = FALSE)

# p-value = 0.1991</pre>
```

# Nie ma związku między płcią i kolorem sierści myszy