

N. matricola : 960021

COGNOME - NOME: Iliceto Camilla

<1> Utilizzando la funzione integrate calcolare l'interale di probabilita' sotto la curva della distribuzione normale tra i valori -1 e 0, dal risultato estrarre il valore calcolato e salvarlo in una variabile x, utilizzando un'unica istruzione R. Suggerimento: leggere il manuale della funzione integrate().

<2> Data una variabile casuale discreta X che puo' assumere valori pari a 0 (probabilita' = 0.1), 1 (probabilita' = 0.05), 2 (probabilita' = 0.3), 3 (probabilita' = 0.24), 4 (probabilita' = 0.31), indicare a quale delle seguenti combinazioni di valori corrisponda il valore atteso e la deviazione standard della variabile (i valori arrotondati alla seconda cifra decimale sono riportati nell'ordine: valore atteso, deviazione standard). "A") 2.61, 1.25; "B") 3.01, 1.25; "C") 2.61, 0.14; "D") 3.01, 0.87.

<3> Ipotizzando che il valore medio di una popolazione sia pari a $\mu=8$ (ipotesi nulla) effettuare un test t, calcolare il p value (a 2 code) a partire dal set di dati (campione singolo) contenuto in OGGETTO_007_b, e salvare il p value in una variabile x, utilizzando un'unica istruzione R.

<4> L'altezza delle piante di una determinata varieta' e' caratterizzata da un certo grado di variabilita'. Si suppone tuttavia che l'altezza media delle piante di tale varieta' sia di 37.31 cm. Al fine di verificare tale ipotesi sono stati raccolti dati relativi all'altezza di un campione di 8 piante: l'altezza media delle piante appartenenti al campione e' risultata pari a 38.11 cm con deviazione standard di 1.1 cm. Applicando il test t per un campione e facendo riferimento alla tavola statistica della distribuzione t (tavola_statistica_distribuzione_t.jpg), l'evidenza derivante dai dati e' sufficientemente forte da poter rifiutare l'ipotesi nulla (H_0 : "l'altezza media e' di 37.31 cm"; H_A : "l'altezza media non e' di 37.31 cm") assumendo un livello di significativita' $\alpha = 0.05$? "A") si'; "B") no.

<5> OGGETTO_013_b contiene le misurazioni di una variabile riferita ad un test ematologico in due gruppi di soggetti portatori e non portatori di una mutazione genetica X. Testare l'ipotesi che la media nelle due popolazioni sia uguale e salvare il valore assoluto della differenza della stima dei valori medi nelle due popolazioni in una variabile x utilizzando un'unica istruzione R. Suggerimento: indagate la struttura dell'oggetto restituito dal test statistico prima di costruire la soluzione da sottomettere.

<6> Il test esatto di Fisher e' stato applicato al fine di verificare se le variabili X ed Y siano indipendenti (H_0 : "le variabili sono indipendenti"; H_A : "le variabili non sono indipendenti"). Basandosi sul p-value ottenuto (p-value = 0.034), se assumessi un livello di significativita' $\alpha = 0.0001$ incorrerei in errore nel prendere la decisione riguardo H_0 sapendo che le due variabili non sono indipendenti (realta': H_0 falsa)? "A") Si'; "B") No.

<7> OGGETTO_014_c contiene dati relativi a 18 valori distribuiti su tre gruppi. Applicare un test ANOVA ad una via. Costruite una lista x contenente un data frame contenente le colonne 2 e 3 della tabella dei risultati restituiti dal test. Attribuite a questo elemento della lista il nome SommeEMedieSq. Il tutto utilizzando un'unica istruzione R.

<8> Quale tra i valori di odds ratio stimati su dati raccolti nel contesto di quattro studi sperimentali indipendenti (studio 1: OR = 0.99, studio 2: OR = 3.19, studio 3: OR = 1.5, studio 4: OR = 9.18) indicherebbe evidenza piu' forte in merito all'efficacia di una tecnica chirurgica innovativa (valori variabile tecnica chirurgica: innovativa, standard) sulla guarigione da una determinata patologia (valori variabile guarigione: guarito, non guarito), considerando come successo l'evento "guarito" (gruppo di trattamento mediante tecnica chirurgica innovativa rispetto al gruppo di trattamento mediante tecnica chirurgica standard)? "A") OR = 0.99 (studio 1); "B") OR = 3.19 (studio 2); "C") OR = 1.5 (studio 3); "D") OR = 9.18 (studio 4).