

Statisticky zpracujte oba soubory dat uložené v .xlsx souborech *Data_lebky* a *Data_kozni_rasy*.

Výsledky přiložte v tištěné a přehledné formě k protokolu.

Pro soubor *lebky*

- 1) Prozkoumejte míry G-OP a EU-EU na přítomnost extrémních hodnot. Pořadí případných extrémů запиšte a tyto jedince z datasetu odstraňte (uvedte zde ID těchto jedinců).

- 2) Uveďte popisnou statistiku těchto dvou rozměrů, číselnou formou (základní parametry) v rámci každého pohlaví a grafickou formou (Box-plot a histogram) pro celkový soubor.
- 3) S pomocí správného testu zhodnoťte stat. významnost rozdílu v hodnotách G-OP a EU-EU mezi pohlavími. Test zvolte podle toho, zda data splňují předpoklad normality a shody rozptylu. Výsledky uveďte v tabulkové podobě.
- 4) Rozdíly v hodnotě všech lebečních měř mezi pohlavími zhodnoťte s pomocí dopředné diskriminační analýzy (*Forward stepwise*), a to včetně ověření nezbytných předpokladů. Do protokolu uveďte Wilksovu lambdu, procento správně zařazených jedinců a vybrané proměnné.
- 5) Klasifikační rovnice použijte ke klasifikaci jednoho jedince, uvedeného ve druhém listu souboru.

Pro soubor *kozni_rasy*

- 1) Vhodným testem zhodnoťte míru korelace tloušťky jednotlivých kožních řas (po logaritmické transformaci – předpona ln) s hodnotou podílu tělesného tuku, změřenou bioimpedančním přístrojem (proměnná „bioimpedance“). Zde запиšte proměnné, které s bioimpedancí nejvíce korelují.

- 2) Vztah tloušťky kožních řas (po logaritmické transformaci) a podílu tělesného tuku (bioimpedance) zhodnoťte lineární regresní analýzou (můžete i dopřednou, ta se dá nastavit v první záložce „advanced“). V protokolu uveďte podíl rovnicí vysvětlované variability a vyjádření k normalitě rozložení reziduí.
- 3) S pomocí vytvořeného modelu odhadněte podíl tuku u jedince z listu dva (funkce *Predict dependent variable*) v dialogovém okně analýzy.