

Lección 6

Contrastes de independencia y homogeneidad

Algunos de los métodos de bondad de ajuste explicados en la lección anterior permiten comparar, en situaciones adecuadas, si dos muestras siguen una misma distribución. Esto nos permite, dadas dos variables aleatorias para las que dispongamos de una tabla de contingencia de una muestra conjunta, contrastar si estas variables son independientes (con un contraste de independencia) o si las distribuciones condicionadas de una respecto de los valores de la otra son todas iguales (con un contraste de homogeneidad).

Aunque los contrastes de independencia y homogeneidad utilizan el mismo estadístico χ^2 , tienen diseños experimentales diferentes; concretamente:

- En un *contraste de independencia* se muestrean de forma conjunta ambas variables. Es decir, se seleccionan al azar una cierta cantidad de individuos de la población, se observan las dos variables sobre cada uno de ellos, y se contrasta si las probabilidades conjuntas son iguales al producto de las probabilidades marginales de cada variable.
- En un *contraste de homogeneidad* se escoge una de las variables y se eligen al azar un cierto número de individuos para cada nivel de la variable elegida. Posteriormente, se observa para cada uno de ellos su valor en la otra variable. En esta situación contrastamos si las probabilidades (distribuciones) de la primera variable son similares en las subpoblaciones definidas por los niveles de la otra variable.

Para ilustrar esta lección, hemos generado una muestra aleatoria de cadenas formadas por las bases «a», «c», «g» y «t». En concreto, hemos generado cadenas de longitud 100 de tres tipos: «A», «B» y «C». Estos tipos se distinguen por los vectores de probabilidades que han determinado las frecuencias de las cuatro bases en las secuencias. Queremos investigar si hay relación entre el tipo de una cadena y la base de frecuencia máxima en ella.

Los datos y el método de generación se pueden descargar de <http://bioinfo.uib.es/~recerca/MAT2/datos/bases/>. Este directorio contiene:

- El fichero `LeemeGeneracionDatos.html`, que contiene el código de generación de las muestras.
- El fichero `MuestraTotalBases.txt`, que contiene una tabla de datos de 10000 observaciones de las dos variables siguientes sobre cadenas: el `tipo`, que es un factor con los niveles «A», «B» y «C», y `max.frec`, que es otro factor que indica qué base tiene mayor frecuencia en la cadena. Este fichero es de formato texto, con una primera fila con el nombre de las variables y sus columnas separadas por tabuladores.

El siguiente código carga la tabla de datos, comprueba que no ha habido problemas, y extrae tres subtablas, una para cada tipo de cadena:

```
> poblacion= read.table("http://bioinfo.uib.es/~recerca/MAT2/
  datos/bases/MuestraTotalBases.txt", sep="\t", header=TRUE)
> str(poblacion)
'data.frame': 10000 obs. of 2 variables:
 $ tipo      : Factor w/ 3 levels "A","B","C": 3 1 1 3 2 1 1 2 1 1
 ...
 $ max.frec: Factor w/ 4 levels "a","c","g","t": 4 2 2 3 1 3 3 1
 4 3 ...
> head(poblacion)
  tipo max.frec
1    C         t
2    A         c
3    A         c
4    C         g
5    B         a
6    A         g
> poblacionA=subset(poblacion, tipo=="A")
> poblacionB=subset(poblacion, tipo=="B")
> poblacionC=subset(poblacion, tipo=="C")
```

6.1. Tablas de contingencia

Ya estudiamos en la Lección 16 del primer volumen las tablas de contingencia. En esta sección vamos a repasar y ampliar algunas de las funciones de R para el manejo de esta clase de tablas.

La tabla de contingencia de frecuencias absolutas conjuntas de las dos variables del *data frame* `poblacion` se calcula de la manera siguiente:

```
> tabla=table(poblacion$tipo, poblacion$max.frec)
> tabla
```

	a	c	g	t
A	1021	1022	1060	924
B	1302	1344	186	192
C	255	628	1408	658

Sus tablas de frecuencias relativas conjuntas¹ en tantos por uno y en tantos por ciento son, respectivamente:

```
> prop.table(tabla)
      a      c      g      t
A 0.1021 0.1022 0.1060 0.0924
B 0.1302 0.1344 0.0186 0.0192
C 0.0255 0.0628 0.1408 0.0658
> prop.table(tabla)*100
      a      c      g      t
A 10.21 10.22 10.60  9.24
B 13.02 13.44  1.86  1.92
C  2.55  6.28 14.08  6.58
```

Para añadir las distribuciones marginales de la tabla de contingencia (o márgenes de la tabla), se añade una nueva fila con las sumas de cada columna y una nueva columna con las sumas de cada fila. Con R, esto se puede llevar a cabo fácilmente con la función `addmargins`. Su sintaxis básica es

```
addmargins(tabla, margin=..., FUN=...)
```

donde:

- `tabla` es una `table`.
- `margin` es un parámetro que puede tomar los valores siguientes:
 - 1 si queremos una nueva fila con las marginales de cada columna.
 - 2 si queremos una nueva columna con las marginales de cada fila.
 - `c(1,2)`, que es el valor por defecto para tablas de contingencia bidimensionales (y por lo tanto no hace falta especificarlo), si queremos las marginales por filas y por columnas.²
- `FUN` es la función que se aplica a las filas o columnas para obtener el valor marginal. Por defecto es la suma, que es la función que nos interesa en esta lección, y por tanto tampoco hace falta especificarlo.

¹ En este caso, probabilidades conjuntas, puesto que se calculan sobre el total de la población

² El valor por defecto de `margin` es el vector de todas las dimensiones de la tabla. Hay que recordar que, aunque ahora sólo tratamos con tablas bidimensionales, con `table` se pueden especificar tablas de contingencia de un número arbitrario de dimensiones.

El resultado es otro objeto de la clase `table` al que se le han añadido una o varias filas o columnas. Éstas contienen los márgenes resultantes de aplicar la función indicada por `FUN`. La etiqueta de las nuevas filas o columnas es la función que se aplica.

Por ejemplo, para obtener las tablas marginales completas en nuestro ejemplo, haríamos:

```
> addmargins(tabla) #Marginales de la tabla de frecuencias
      absolutas.
      a      c      g      t      Sum
A    1021  1022  1060   924  4027
B    1302  1344   186   192  3024
C     255   628  1408   658  2949
Sum  2578  2994  2654  1774 10000
> addmargins(prop.table(tabla)) #Marginales de la tabla de frec.
      relativas
      a      c      g      t      Sum
A  0.1021 0.1022 0.1060 0.0924 0.4027
B  0.1302 0.1344 0.0186 0.0192 0.3024
C  0.0255 0.0628 0.1408 0.0658 0.2949
Sum 0.2578 0.2994 0.2654 0.1774 1.0000
```

También podemos calcular la tabla de proporciones por filas y con su marginal comprobar que efectivamente la suma de cada fila es 1:

```
> addmargins(prop.table(tabla),margin=1,margin=2)
      a      c      g      t      Sum
A 0.25353861 0.25378694 0.26322324 0.22945120 1.00000000
B 0.43055556 0.44444444 0.06150794 0.06349206 1.00000000
C 0.08646999 0.21295354 0.47744998 0.22312648 1.00000000
```

Y viceversa, podemos calcular la tabla de proporciones por columnas y con su marginal comprobar que efectivamente la suma de cada columna es 1:

```
> addmargins(prop.table(tabla),margin=2,margin=1)
      a      c      g      t
A 0.39604344 0.34134937 0.39939714 0.52085682
B 0.50504267 0.44889780 0.07008289 0.10822999
C 0.09891389 0.20975284 0.53051997 0.37091319
Sum 1.00000000 1.00000000 1.00000000 1.00000000
```

Si sólo nos interesa la fila o la columna de marginales, podemos usar las instrucciones `colSums` y `rowSums`. Si ya hemos calculado la tabla con los márgenes, podemos extraer estos últimos con las instrucciones usuales.

```
> colSums(tabla)
      a      c      g      t
2578 2994 2654 1774
> addmargins(tabla)["Sum",-dim(addmargins(tabla))[2]]
      a      c      g      t
```

```

2578 2994 2654 1774
> rowSums(tabla)
  A      B      C
4027 3024 2949
> addmargins(tabla)[-dim(addmargins(tabla))[1], "Sum"]
  A      B      C
4027 3024 2949

```

6.2. Contraste de independencia

El contraste de independencia para tablas de contingencia bidimensionales consiste en decidir si las dos variables de la tabla tienen distribuciones independientes. Es decir si la distribución de probabilidades conjunta es igual al producto de las probabilidades marginales.

En nuestro ejemplo, se trata de decidir si podemos aceptar que las variables `tipo` y `max.frec` son independientes.

Vamos a extraer una muestra aleatoria simple de la población y observar los valores de las dos variables. Seleccionaremos una muestra de 150 observaciones (filas) al azar de entre las 10000 observaciones del *data frame* `poblacion`. El código es el siguiente:

```

> set.seed(2013) #Fijamos la semilla para la reproductibilidad
  del experimento
> individuos.muestra=sample(1:10000, size=150, replace=TRUE)
> muestra.test.indep= poblacion[individuos.muestra, ] #Las filas
  de los individuos de la muestra

```

Ahora calculamos la tabla de contingencia con sus marginales, y los márgenes de la tabla.

```

> tabla.ind=table(muestra.test.indep$tipo, muestra.test.indep$
  max.frec)
> tabla.ind

      a  c  g  t
A  16 10 17 13
B  18 24  4  6
C   2 10 18 12
> tabla.ind.marg=addmargins(tabla.ind)
> tabla.ind.marg

      a  c  g  t Sum
A   16 10 17 13 56
B   18 24  4  6 52
C    2 10 18 12 42
Sum  36 44 39 31 150
> frec.abs.tipo=tabla.ind.marg[-dim(tabla.ind.marg)[1], "Sum"]

```

```

> frec.abs.tipo
  A  B  C
56 52 42
> frec.abs.max.frec=tabla.ind.marg["Sum",-dim(tabla.ind.marg)
  [2]]
> frec.abs.max.frec
  a  c  g  t
36 44 39 31
> n=sum(tabla.ind)
> n
[1] 150

```

El test de independencia usa las frecuencias absolutas esperadas bajo la hipótesis nula de independencia, que se obtienen, para cada celda i, j , multiplicando la frecuencia marginal de la fila i por la de la columna j y dividiendo por el tamaño de la muestra:

```

> frec.esperadas=frec.abs.tipo%*%t(frec.abs.max.frec)/n
> frec.esperadas
      a      c      g      t
[1,] 13.44 16.42667 14.56 11.57333
[2,] 12.48 15.25333 13.52 10.74667
[3,] 10.08 12.32000 10.92  8.68000

```

Aunque vayamos a realizar el test de independencia con una función de R, es necesario comprobar que todas estas frecuencias esperadas (o al menos la gran mayoría) no sean inferiores a 5, por lo que no podemos evitar este cálculo. En este caso vemos que se cumple esta condición.

Si queremos realizar el test χ^2 de independencia a mano, podemos calcular el estadístico de forma directa con

```

> chi2.estadistico=sum((tabla.ind-frec.esperadas)^2/frec.
  esperadas)
> chi2.estadistico
[1] 32.6177

```

y el p -valor del contraste, con

```

> p.valor=1-pchisq(chi2.estadistico,df=(4-1)*(3-1))
> p.valor
[1] 1.241966e-05

```

Con R, es suficiente aplicar la función `chisq.test` a la tabla de contingencia de frecuencias absolutas:

```

> chisq.test(tabla.ind)

Pearson's Chi-squared test

```

```
data:  tabla.ind
X-squared = 32.6177, df = 6, p-value = 1.242e-05
```

Como el p -valor es muy pequeño, podemos rechazar la hipótesis de que las variables objeto de estudio sean independientes.

Si algunas frecuencias absolutas esperadas son inferiores a 5, la aproximación del p -valor por una distribución χ^2 podría no ser adecuada. En este caso, al ser las variables cualitativas, no podemos recurrir al agrupamiento de valores consecutivos, puesto que no tienen orden. Si se da esta situación, lo mejor es recurrir a simular el p -valor entrando el parámetro `simulate.p.value=TRUE`.

Por ejemplo, consideremos la situación siguiente:

```
> set.seed(300)
> individuos.muestra2=sample(1:10000,size=100,replace=TRUE)
> muestra.test.indep2= poblacion[individuos.muestra2,]
> tabla.ind2=table(muestra.test.indep2$tipo,muestra.test.indep2$
  max.frec)
> tabla.ind2
```

	a	c	g	t
A	11	15	7	7
B	13	12	1	2
C	3	7	16	6

Si aplicamos a esta tabla la función `chisq.test`, obtenemos:

```
> chisq.test(tabla.ind2)

Pearson's Chi-squared test

data:  tabla.ind2
X-squared = 25.9791, df = 6, p-value = 0.0002247

Warning message:
In chisq.test(tabla.ind2) : Chi-squared approximation may be
  incorrect
```

¡Vaya! Veamos la tabla de frecuencias esperadas:

```
> frec.abs.tipo2=rowSums(tabla.ind2)
> frec.abs.max.frec2=colSums(tabla.ind2)
> n2=sum(tabla.ind2)
> frec.esperadas2=frec.abs.tipo2*%t(frec.abs.max.frec2)/n2
> frec.esperadas2
```

	a	c	g	t
[1,]	10.80	13.60	9.60	6.0

```
[2,] 7.56 9.52 6.72 4.2
[3,] 8.64 10.88 7.68 4.8
```

Hay frecuencias esperadas inferiores a 5. Por lo tanto, lo recomendable es calcular el p-valor del test χ^2 de independencia mediante simulaciones. Pero ahora tenemos que ir con cuidado en una cosa: hemos fijado la semilla para generar números aleatorios para calcular nuestra muestra de manera que el experimento fuera reproducible. Lo recomendable es reiniciar esta semilla a un valor aleatorio con `set.seed(NULL)`.

```
> set.seed(NULL)
> chisq.test(tabla.ind2, simulate.p.value=TRUE, B=5000)$p.value
[1] 0.0005999
> chisq.test(tabla.ind2, simulate.p.value=TRUE, B=5000)$p.value
[1] 0.0003999
> chisq.test(tabla.ind2, simulate.p.value=TRUE, B=5000)$p.value
[1] 2e-04
> chisq.test(tabla.ind2, simulate.p.value=TRUE, B=5000)$p.value
[1] 0.00019996
```

El p-valor es pequeño, lo que nos permite rechazar la hipótesis de que las variables son independientes.

6.3. Contraste de homogeneidad

Como ya hemos dicho, la diferencia entre el contraste de homogeneidad y el de independencia está en el diseño del experimento: en cada contraste se selecciona la muestra de una manera diferente.

En nuestro caso, para contrastar que la distribución de probabilidad de la base de mayor frecuencia es la misma para cada tipo de cadena, lo que tenemos que hacer es tomar una muestra aleatoria de cadenas de cada tipo, pongamos de 50 elementos cada una, juntarlas en una sola muestra, y aplicar el test χ^2 a esta muestra. El código siguiente realiza el muestreo en cada subpoblación de tipo y guarda la muestra total en el vector `muestra.test.homo`.

```
> set.seed(2013) #fijamos la primera semilla
> individuos.muestraA=sample(1:dim(poblacionA)[1], size=50,
  replace=TRUE)
> individuos.muestraB=sample(1:dim(poblacionB)[1], size=50,
  replace=TRUE)
> individuos.muestraC=sample(1:dim(poblacionC)[1], size=50,
  replace=TRUE)
> #Extraemos las muestras.
> muestraA.50=poblacionA[individuos.muestraA,]
> muestraB.50=poblacionB[individuos.muestraB,]
> muestraC.50=poblacionC[individuos.muestraC,]
> #Combinamos las muestras en un data frame.
> muestra.test.homo=rbind(muestraA.50, muestraB.50, muestraC.50)
```



```
> str(muestra.test.homo)
'data.frame': 150 obs. of 2 variables:
 $ tipo      : Factor w/ 3 levels "A","B","C": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
   ...
 $ max.frec: Factor w/ 4 levels "a","c","g","t": 1 2 3 2 4 1 1 3
   2 1 ...
```

Calculamos la tabla de contingencia de la muestra:

```
> tabla.homo=table(muestra.test.homo$tipo,muestra.test.homo$max.frec)
> tabla.homo
      a  c  g  t
A 13 17 11  9
B 24 21  1  4
C  6 15 16 13
```

Calculamos las frecuencias esperadas bajo la hipótesis nula, para comprobar si son todas mayores o iguales que 5:

```
> frec.abs.tipo=rowSums(tabla.homo)
> frec.abs.tipo
  A  B  C
50 50 50
> frec.abs.max.frec=colSums(tabla.homo)
> frec.abs.max.frec
  a  c  g  t
43 53 28 26
> n=margin.table(tabla.homo)
> n
[1] 150
> frec.esperadas=frec.abs.tipo%*%t(frec.abs.max.frec)/n
> frec.esperadas
      a      c      g      t
[1,] 14.33333 17.66667  9.333333  8.666667
[2,] 14.33333 17.66667  9.333333  8.666667
[3,] 14.33333 17.66667  9.333333  8.666667
```

En este caso todas las frecuencias son mayores o iguales a 5. Aplicamos la función `chisq.test`:

```
> chisq.test(tabla.homo)

Pearson's Chi-squared test

data:  tabla.homo
X-squared = 29.7373, df = 6, p-value = 4.41e-05
```

El p-valor es muy pequeño, por lo que podemos rechazar que las distribuciones de los valores de las bases de máxima frecuencia sean la misma para cada valor de la variable `tipo`. En definitiva, el tipo de cadena afecta a la distribución de la base de mayor frecuencia.

6.4. Potencia de un contraste χ^2

La potencia de un contraste χ^2 , tanto de bondad de ajuste como de independencia o de homogeneidad, se puede calcular de manera similar a cómo lo hacíamos en otros tipos de contrastes de uno y dos parámetros. La instrucción para llevarlo a cabo es `pwr.chisq.test` del paquete `pwr`. Su sintaxis básica es

```
pwr.chisq.test(N=..., df=..., sig.level=..., w=..., power=...)
```

donde:

- `N` es el tamaño de la muestra.
- `df` es el número de grados de libertad del contraste.
- `sig.level` es el nivel de significación α .
- `w` es la magnitud del efecto, que en este tipo de tests se define como $\sqrt{X^2/N}$, siendo X^2 el estadístico de contraste y N el tamaño de la muestra.
- `power` es la potencia $1 - \beta$.

Si se especifican todos estos parámetros menos uno, la función da el valor del parámetro que falta.

Veamos algunos ejemplos de uso.

Ejemplo 6.1. Vamos a calcular la potencia del contraste del Ejemplo 5.4. En este caso, $N = 40$, el número de grados de libertad es 5, tomaremos $\alpha = 0.05$, y obtuvimos que $X^2 = 7.7$, por lo que la magnitud del efecto es $w = \sqrt{7.7/40}$.

```
> library("pwr")
> pwr.chisq.test(N=40, df=5, sig.level=0.05, w=sqrt(7.7/40))

Chi squared power calculation

      w = 0.4387482
      N = 40
      df = 5
sig.level = 0.05
  power = 0.545751

NOTE: N is the number of observations
```

La potencia del contraste ha sido de, aproximadamente, un 55 %.

Ejemplo 6.2. Vamos a calcular la potencia del contraste de normalidad de las longitudes de los sépalos de flores iris del Ejemplo 5.9. En ese ejemplo: $N = 150$; como usamos 7 clases, pero estimamos 2 parámetros, el número de grados de libertad es 4; obtuvimos que $X^2 = 11.0637$, por lo que $w = \sqrt{11.0637/150}$; y ahora, por variar, tomaremos $\alpha = 0.1$.

```
> pwr.chisq.test(N=150, df=4, sig.level=0.1, w=sqrt(11.0637/150))

Chi squared power calculation

      w = 0.8588248
      N = 150
      df = 4
sig.level = 0.1
  power = 1

NOTE: N is the number of observations
```

La potencia es 1: la probabilidad de no rechazar la hipótesis nula cuando la verdadera es la alternativa, es 0.

Ejemplo 6.3. En el contraste de homogeneidad de la Sección 6.3 hemos tomado tres muestras de 50 individuos cada una, en total 150 individuos. El estadístico de contraste ha valido $X^2 = 29.7373$, por lo que la magnitud del tamaño en ese test ha sido de $w = \sqrt{29.7373/150} = 0.445$, entre mediano y grande según la función `cohen.ES`:

```
> cohen.ES(test="chisq", size="medium")$effect.size
[1] 0.3
> cohen.ES(test="chisq", size=c("medium","large"))$effect.size
[1] 0.5
```

¿De qué tamaño deberíamos haber tomado las muestras para garantizar una potencia del 90 %, suponiendo que esperásemos una magnitud del efecto mediana y tomásemos un nivel de significación $\alpha = 0.05$?

```
> pwr.chisq.test(df=6, sig.level=0.05, w=0.3, power=0.9)

Chi squared power calculation

      w = 0.3
      N = 193.5425
      df = 6
sig.level = 0.05
  power = 0.95

NOTE: N is the number of observations
```

Hubiéramos necesitado como mínimo un total de unos 194 individuos: si queríamos tomar las tres muestras del mismo tamaño, esto significa tres muestras de como mínimo 65 individuos cada una.

6.5. Guía rápida

- **table** calcula tablas de contingencia de frecuencias absolutas.
- **addmargins** sirve para añadir a una **table** una fila o una columna obtenida aplicando una función a todas las columnas o a todas las filas de la tabla, respectivamente. Sus parámetros principales son:
 - **margin**: igualado a 1, se aplica la función por columnas, añadiendo una nueva fila; igualado a 2, se aplica la función por filas, añadiendo una nueva columna; igualado a `c(1,2)`, que es su valor por defecto, hace ambas cosas.
 - **FUN**: la función que se aplica a las filas o columnas; su valor por defecto es **sum**

Por lo tanto, para obtener la tabla con las distribuciones marginales por filas y columnas, no hace falta especificar ninguno de los dos parámetros

- **colSums** calcula un vector con las sumas de las columnas de una matriz o una tabla.
- **rowSums** calcula un vector con las sumas de las filas de una matriz o una tabla.
- **chisq.test** sirve para realizar tests χ^2 de bondad de ajuste. Sus parámetros principales son:
 - **p**: el vector de probabilidades teóricas.
 - **rescale.p**: igualado a **TRUE**, indica que los valores de **p** no son probabilidades, sino sólo proporcionales a las probabilidades.
 - **simulate.p.value**: igualado a **TRUE**, se calcula el p-valor mediante simulaciones.
 - **B**: en este último caso, permite especificar el número de simulaciones.

El resultado es una **list** formada, entre otros, por los objetos siguientes: **statistic** (el valor del estadístico X^2), **parameter** (los grados de libertad) y **p.value** (el p-valor).

- **pwr.chisq.test**, del paquete **pwr**, sirve para calcular uno de los parámetros siguientes a partir de los otros cuatro:
 - **N**: el tamaño de la muestra.
 - **df**: el número de grados de libertad del contraste.
 - **sig.level**: el nivel de significación α .
 - **power**: la potencia $1 - \beta$.
 - **w**: la magnitud del efecto.

Modelo de test

- (1) Hemos observado dos variables cualitativas en una muestra de una población. Cada variable tiene 3 niveles. La tabla de contingencia resultante ha sido la siguiente:

	<i>X</i>	<i>Y</i>	<i>Z</i>
<i>A</i>	2	17	11
<i>B</i>	8	10	25
<i>C</i>	3	14	5

¿Es verdad que, si estas variables aleatorias fueran independientes, las frecuencias esperadas de cada combinación de niveles, uno de cada variable, serían todas ≥ 5 ? Tenéis que contestar SI, en mayúsculas y sin acento, o NO.

- (2) Hemos observado dos variables cualitativas en una muestra de una población. Una variable tiene 4 niveles y la otra 3. La tabla de contingencia resultante ha sido la siguiente:

	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>
<i>X</i>	50	19	17	21
<i>Y</i>	69	47	56	37
<i>Z</i>	33	23	18	21

Emplead la función `chisq.test` para contrastar si estas dos variables son independientes o no. Tenéis que dar el p-valor del test (redondeado a 3 cifras decimales, sin ceros innecesarios a la derecha) y decir (contestando SI o NO) si, con un nivel de significación $\alpha = 0.1$, podríamos rechazar la hipótesis nula de que estas dos variables son independientes. Dad las dos respuestas en este orden y separadas por un único espacio en blanco.

- (3) Hemos realizado un test χ^2 de independencia sobre una muestra de 200 individuos, con un nivel de significación de 0.1. Las variables objeto de estudio tenían 5 y 6 niveles, respectivamente. El estadístico de contraste ha valido 16.56. ¿Cuál es el p-valor del contraste? ¿Cuál es la potencia del contraste realizado? Tenéis que dar ambos valores en este orden, redondeados a 3 cifras decimales sin ceros innecesarios a la derecha, y separados por un único espacio en blanco.

Respuestas

- (1) NO
(2) 0.128 NO
(3) 0.681 0.777