

```

---
title: "Parcial Presencial Copm. y est."
author: "Daniel Beltran"
date: "12/5/2022"
output: html_document
---

```{r setup, include=FALSE}
knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
library(ape)
```

## R
Se quieren comparar tratamientos
*Factor (3 niveles)

```{r}
set.seed(1000382874)##Numero Cedula
coords <- expand.grid(x = 1:10,
                     y = 1:12)
CBD <- c(rnorm(30,60,2),
        rnorm(30,50,1.5),
        runif(30,30,40),
        rnorm(30,40,3)); CBD
Accesion <- gl(4, 30, 120, labels = c('A1','A2','A3','A4'))

df <- data.frame(x=coords$x, y= coords$y, CBD=CBD,
                 Accesion = Accesion); df
head(df)

```

##GRAFICAS DEL EJERCICIO

```{r}
xy = expand.grid(x=1:8, y=1:9)
aleat = sample(72)
library(ggplot2)
ggplot(df)+
  aes(x, y, fill=CBD)+
  geom_tile(color='black', width=0.8, height=0.8)+
  geom_text(aes(label=Accesion), color='white', size=5)
```

```{r}
ggplot(df)+
  aes(Accesion, CBD, fill=Accesion)+
  geom_boxplot()+
  geom_hline(yintercept = 8)

```

```{r}
library(dplyr)

df %>%
  group_by(Accesion)%>%

```

```

'''

***Análisis de Varianza***
```{r}
mod1 = aov(CBD ~ Accesion, data = df)
s_mod1 = summary(mod1)
p_valor=s_mod1[[1]][1,5]
ifelse(p_valor<0.05,'Rechazo Ho', 'NO Rechazo Ho')
s_mod1
```

```{r}
#Prueba de Tukey = comparacion de medias
TukeyHSD(mod1, 'Accesion')
```

```{r}
#Revisando supuesto de Normalidad

#Normalidad de residuales
shapiro.test(mod1$residuals)

'''

```{r}
#Revisando supuesto de Homocedasticidad

#Igualdad de varianzas
bartlett.test(mod1$residuals, df$Accesion)

'''

```{r}
#Revisando Dependencia espacial

#Indice de Moran
dist_matrix <- as.matrix(dist(cbind(df$x, df$y)))
dist_matrix

'''

```{r}
dist_matrix_inv <- 1 / dist_matrix
diag(dist_matrix_inv) <- 0
dist_matrix_inv
```

```{r}
Moran.I(mod1$residuals, dist_matrix_inv) # p.value < 0.05 <- Dependencia espacial
```

```{r}
library(writexl)
write_xlsx(df, 'datos_CE_Parcial1000382874.xlsx')

'''

```