

Taller de Test de hipótesis

José A. Ruiz-Tagle

2023-10-17

Antecedentes

En estudios experimentales, la randomización es esencial para garantizar la equivalencia inicial de los grupos y, por ende, proporcionar validez a las inferencias causales resultantes del experimento. Esta técnica implica la asignación aleatoria de sujetos a diferentes condiciones o tratamientos, minimizando así cualquier sesgo o factor confusor. En este contexto, el paquete **blockrand** de R ofrece una herramienta específica para la randomización por bloques, permitiendo una asignación balanceada de tratamientos en grupos predeterminados.

El objetivo de este trabajo será utilizar test de hipótesis para determinar si existen diferencias significativas entre el grupo de tratamiento y control. Como investigadores, esperamos que los grupos no presenten diferencias significativas entre todos los factores observados.

Descripción de la base de datos La base `diabetes.csv` contiene variables basales sobre pacientes con y sin diabetes.

- Pregnancies: Número de embarazos
- Glucose: Nivel de Glucosa en sangre
- BloodPressure: Presión arterial
- SkinThickness: Indicador del grosor de la piel
- Insulin: Nivel de insulina en la sangre
- BMI: Índice de Masa Corporal(IMC)
- Age: Edad
- DiabetesPedigreeFunction: Porcentaje de diabetes
- Outcome: 1=Tiene diabetes, 2= No tiene

```
data <- read.csv("https://github.com/JoseRTM/Clases-R/raw/main/diabetes.csv")
```

Including Plots

You can also embed plots, for example:



Note that the `echo = FALSE` parameter was added to the code chunk to prevent printing of the R code that generated the plot.