Tarea_02

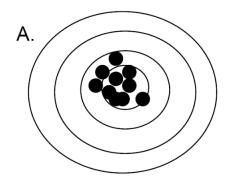
Nota: 10

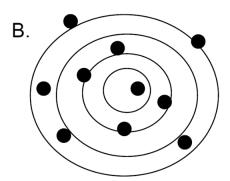
```
library(knitr)
library(rio)
library(tidyverse)
library(pescTools)
library(emmeans)
library(modelbased)
library(see)
library(sarvey)
library(survey)
library(SDaA)
library(radiant)
```

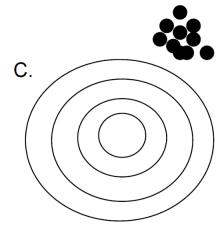
Nombre del estudiante: Randalth Cristobal Medina Flores

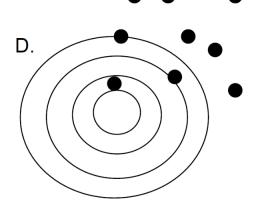
1. Identifica los conceptos de precisión, sesgo, y exactitud en los diagramas siguientes. Una pista, el diagrama B es no sesgado pero impreciso = inexacto.

```
include_graphics("figura.png")
```









A: no sesgado y preciso = exacto

B: no sesgado pero impreciso = inexacto

C: sesgado pero preciso = inexacto

D: sesgado e impreciso = inexacto

2. Un investigador esta investigando algunas características morfométricas, tales como el peso corporal (g) y la longitud del pico (mm), de 2 especies de de pinzones africanos.

Datos: PinzonesAfricanos.csv

####¿Cuál de las especies tiene el pico más largo?

- a. Analiza el resultado desde el punto de vista del valor de P.
- b. Analiza el resultado desde el punto de vista del tamaño del efecto.

pinz <- import("PinzonesAfricanos.csv")</pre>

pinz\$Especie <- factor(pinz\$Especie)</pre>

```
pinz <- na.omit(pinz)</pre>
head (pinz)
      Especie Peso LargoDePico
##
## 1 WB.SPARW
                40
                          10.6
## 2 WB.SPARW
                43
                          10.8
## 3 WB.SPARW
                37
                          10.9
## 4 WB.SPARW
                38
                          11.3
## 5 WB.SPARW
                          10.9
                43
## 6 WB.SPARW
                33
                          10.1
medias <- pinz %>%
  group_by(Especie) %>%
  summarize(medias = mean(LargoDePico))
## 'summarise()' ungrouping output (override with '.groups' argument)
medias
## # A tibble: 2 x 2
##
     Especie medias
     <fct>
               <dbl>
## 1 CRU.WAXB
               7.38
## 2 WB.SPARW 10.7
t.test(LargoDePico ~ Especie, data = pinz, var.equal = TRUE)
##
##
   Two Sample t-test
##
## data: LargoDePico by Especie
## t = -22.4, df = 28, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -3.666094 -3.051763
## sample estimates:
## mean in group CRU.WAXB mean in group WB.SPARW
                 7.378571
                                        10.737500
##
alfa = 0.05
La especie con el pico mas largo es WB.SPARW, que en promedio tiene 10.737500, a diferencia
```

La especie con el pico mas largo es WB.SPARW, que en promedio tiene 10.737500, a diferencia de CRU.WAXB, que alcanza un largo de pico en promedio de 7.378571. El valor de p < 0.05por lo que se infiere que la diferencia entre el largo del pico entre las especies es significativo.

```
MeanDiffCI(LargoDePico ~ Especie, data = pinz)

## meandiff lwr.ci upr.ci
## -3.358929 -3.667242 -3.050615
```

El el tamaño del efecto de la diferencia del largo de pico entre las especies es de 3.358929 pudiendo inferir con un 95% de confianza que la verdadera diferencia entre las especies se encuentra entre:3.667242 - 3.050615

####3. Muchas personas creen que para lograr un estimado preciso de la media poblacional es necesario muestrear una fracción sustancial de la población. Esta pregunta esta desarrollada para probar si tal aseveración es cierta o no.

a. Para una población con desvío estándar 50, encuentra el error estándar de los siguientes valores de N (tamaño de población) y n (tamaño de muestra). Coloca los errores estándares calculados en las celdas vacías de la tabla.

```
##
## Attaching package: 'data.table'
## The following objects are masked from 'package:radiant.data':
##
##
       month, wday
  The following objects are masked from 'package:lubridate':
##
##
##
       hour, isoweek, mday, minute, month, quarter, second, wday, week,
##
       yday, year
##
  The following object is masked from 'package:DescTools':
##
##
       %like%
## The following objects are masked from 'package:dplyr':
##
##
       between, first, last
## The following object is masked from 'package:purrr':
##
##
       transpose
```

| N = | 100 | 1000 | 10000 | 1000000 | 10000000 |
|------------------|----------|------|----------|---------|----------|
| n = | 10 | 100 | 1000 | 10000 | 1000000 |
| Error estándar = | 15.81139 | 5 | 1.581139 | 0.5 | 0.05 |

```
## N = 100 1000 10000 1000000 10000000
## 1: n = 10 100 1000 10000 1000000
## 2: Error estándar = 15.81139 5 1.581139 0.5 0.05
```

ee n10 <- c%>%

summarise(ee = 50/sqrt(10))

```
ee_n10
##
           ee
## 1 15.81139
ee_n100 <- c%>%
  summarise(ee = 50/sqrt(100))
ee_n100
     ee
## 1 5
ee_n1000 <- c%>%
  summarise(ee = 50/sqrt(1000))
ee_n1000
##
## 1 1.581139
ee_n10000 <- c%>%
  summarise(ee = 50/sqrt(10000))
ee_n10000
##
      ee
## 1 0.5
ee_n1000000 <- c%>%
  summarise(ee = 50/sqrt(1000000))
ee_n1000000
##
       ee
## 1 0.05
```

b. Se te ocurre alguna explicación de los resultados obtenidos.

A mayor precisión habrá un menor error estándar. En general, con tamaños de muestra grandes se logran estimados más precisos que con tamaños de muestra pequeños, y al no considearar la poblacion en el calculo del error estandar, este irá decrecienda a medida se aumunete el número de muestras.