Laboratorio-2.R

Usuario

2025-09-03

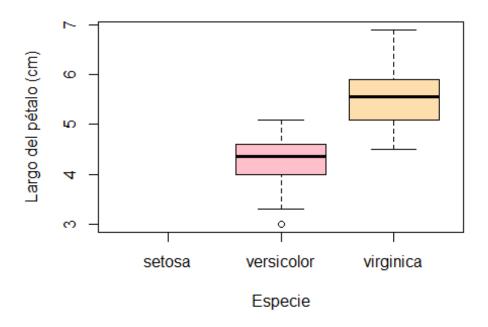
```
# Laboratorio 1 ------
# María de Jesús Ramírez Navejar
# 1965814
# cargar Base de datos Iris ------
data("iris")
View(iris)
# Explorar las primeras filas
head(iris)
##
    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
          5.1
                3.5
                           1.4
                                          0.2 setosa
           4.9
                                          0.2 setosa
## 2
                    3.0
                               1.4
## 3
          4.7
                                          0.2 setosa
                    3.2
                               1.3
                                         0.2 setosa
## 4
          4.6
                    3.1
                               1.5
## 5
          5.0
                    3.6
                               1.4
                                          0.2 setosa
                                          0.4 setosa
## 6
          5.4
                    3.9
                               1.7
# Resumen general de la base
summary(iris)
##
    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## Min. :4.300
                Min. :2.000
                             Min. :1.000
                                          Min. :0.100
## 1st Qu.:5.100 1st Qu.:2.800 1st Qu.:1.600 1st Qu.:0.300
## Median :5.800 Median :3.000 Median :4.350 Median :1.300
## Mean :5.843 Mean :3.057 Mean :3.758 Mean :1.199
## 3rd Qu.:6.400 3rd Qu.:3.300 3rd Qu.:5.100 3rd Qu.:1.800
## Max. :7.900 Max. :4.400 Max. :6.900 Max. :2.500
##
        Species
## setosa
           :50
## versicolor:50
## virginica:50
##
##
##
# Nombres de las variables
names(iris)
## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width" "Petal.Length" "Petal.Width"
"Species"
```

```
# Seleccionar especies --------
# Filtrar solo versicolor y virginica
data_sub <- subset(iris, Species %in% c("versicolor", "virginica"))</pre>
# Comprobar el subconjunto
table(data sub$Species)
##
##
      setosa versicolor virginica
##
                    50
                             50
head(data sub)
     Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 51
             7.0
                        3.2
                                   4.7
                                              1.4 versicolor
## 52
             6.4
                        3.2
                                    4.5
                                              1.5 versicolor
                       3.1
                                   4.9
## 53
            6.9
                                              1.5 versicolor
## 54
            5.5
                        2.3
                                    4.0
                                              1.3 versicolor
## 55
            6.5
                        2.8
                                    4.6
                                              1.5 versicolor
            5.7
## 56
                                              1.3 versicolor
                        2.8
                                    4.5
# Estadística descriptiva ------
# Calcular descriptivos de Petal.Length por especie
tapply(data sub$Petal.Length, data sub$Species, summary)
## $setosa
## NULL
##
## $versicolor
     Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu.
                                         Max.
     3.00 4.00 4.35
                           4.26 4.60
                                         5.10
##
##
## $virginica
##
     Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu.
                                         Max.
##
    4.500
          5.100 5.550
                          5.552
                                 5.875
                                        6.900
# Promedios por especie
aggregate(Petal.Length ~ Species, data=data_sub, mean)
##
       Species Petal.Length
## 1 versicolor
                    4.260
## 2 virginica
                    5.552
# Desviación estándar por especie
aggregate(Petal.Length ~ Species, data=data_sub, sd)
```

```
Species Petal.Length
## 1 versicolor
                  0.4699110
## 2 virginica
                  0.5518947
# Plantamiento de hipótesis -----
# Pregunta de investigación: ¿Existe diferencia significativa en la
Longitud del
# pétalo entre versicolor y virginica?
# Hipótesis:
# Hn: \mu_1 = \mu_2 (no hay diferencia en las medias de Petal.Length)
# H_1: \mu_1 \neq \mu_2 (sí hay diferencia en las medias de Petal.Length)
# Pureba de t sutudent -------
# Prueba de normalidad (Shapiro)
shapiro.test(data_sub$Petal.Length)
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: data sub$Petal.Length
## W = 0.99099, p-value = 0.7445
# Prueba de homogeneidad de varianzas (F-test)
var.test(Petal.Length ~ Species, data=data_sub)
##
## F test to compare two variances
##
## data: Petal.Length by Species
## F = 0.72497, num df = 49, denom df = 49, p-value = 0.2637
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 0.411402 1.277530
## sample estimates:
## ratio of variances
           0.7249678
##
# Para varianzas NO son iquales usamos Welch
t.test(Petal.Length ~ Species, data=data sub, var.equal = FALSE)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
## data: Petal.Length by Species
## t = -12.604, df = 95.57, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means between group
versicolor and group virginica is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -1.49549 -1.08851
## sample estimates:
## mean in group versicolor mean in group virginica
##
                      4.260
                                               5.552
# Si varianzas iquales:
t.test(Petal.Length ~ Species, data=data sub, var.equal = TRUE)
##
##
   Two Sample t-test
## data: Petal.Length by Species
## t = -12.604, df = 98, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means between group
versicolor and group virginica is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -1.495426 -1.088574
## sample estimates:
## mean in group versicolor mean in group virginica
                      4.260
# Efecto -------
# Extraer los datos por especie
versicolor <- subset(data_sub, Species=="versicolor")$Petal.Length</pre>
virginica <- subset(data sub, Species=="virginica")$Petal.Length</pre>
# Tamaños de muestra
n1 <- length(versicolor)</pre>
n2 <- length(virginica)</pre>
# Medias
m1 <- mean(versicolor)</pre>
m2 <- mean(virginica)</pre>
# Desviaciones estándar
s1 <- sd(versicolor)</pre>
s2 <- sd(virginica)
# Desviación combinada (pooled)
```

Comparación del largo de pétalo entre especies



En este análisis se comparó la longitud del pétalo (Petal.Length) entre Iris versicolor e Iris virginica. Los descriptivos iniciales mostraron que versicolor presentó una media de aproximadamente 4.26 cm, mientras que virginica alcanzó cerca de 5.55 cm, lo que sugiere una diferencia evidente entre ambas especies.

La prueba de normalidad de Shapiro-Wilk indicó cierta desviación de # La normalidad; sin embargo, debido al tamaño de muestra balanceado, la prueba t se considera adecuada. La prueba t de homogeneidad de varianzas arrojó un valor- $p \approx 0.26$, lo que permitió asumir igualdad de varianzas y aplicarla prueba t de Student para dos muestras independientes.

El resultado de la prueba t fue altamente significativo # (t \approx -12.6, gl \approx 98, p < 0.001), confirmando que existe una diferencia # en la longitud promedio de los pétalos, rechazando la hipotesis nula planteada. Además, el tamaño del efecto obtenido (Cohen's d \approx 2.5) # indica un efecto muy grande, lo que refleja una diferencia # biológicamente relevante.

En conclusión, los pétalos de Iris virginica son significativamente más # largos que los de Iris versicolor, y esta característica constituye un rasgo morfológico confiable para diferenciar ambas especies.