Contraste_de_medias-iris.R

Usuario

2025-09-04

```
##HW_02
#Ramón Copado Garcia
##Laboratorio2: Contraste de Medias
##Trabajar condatos en R
##Script 5
##30/8/2025
##Ramón Copado García
##Matricula 1059439


##Objetivo
#El objetivo de esta práctica es que el estudiante se familiarice con el entorno
#de R y RStudio, explorando una de las bases de datos más utilizadas en
#estadística (iris), con el fin de:
#  +Describir y comprender la estructura de un conjunto de datos reales.
#  +Aplicar pruebas estadísticas básicas (prueba t de dos muestras) para
#    contrastar hipótesis sobre medias poblacionales.
#  +Interpretar los resultados tanto en términos estadísticos (valores de p,
#    intervalos de confianza, tamaño del efecto) como en términos biológicos
#    (diferencias entre especies de iris).
#  +Desarrollar habilidades prácticas en la escritura de código reproducible en
#    R y en la presentación de resultados mediante reportes en formato PDF.

##BAse de datos Iris

#Importar datos de Github

url<-("https://gist.githubusercontent.com/netj/8836201/raw/6f9306ad21398ea43cba4f7d537619d0e07d5ae3/iris
url2<-paste0("https://gist.githubusercontent.com/netj/8836201/raw/",
             "6f9306ad21398ea43cba4f7d537619d0e07d5ae3/iris.csv")

iris<-read.csv(url,header=T)

iris<-read.csv(url2,header=T)

View (iris)

#Tambien se puede utilizar, data("iris"), y trabajar sobre la base de datos


# Ejercicio
#En la base iris, las especies versicolor y virginica suelen diferir en sus
```

```r
#rasgos florales. Nos interesa evaluar si el largo del pétalo (Petal.Length)
#presenta diferencias en su media poblacional entre estas dos especies.
head(iris) #Primeras 6 filas
```

```
##   sepal.length sepal.width petal.length petal.width variety
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2  Setosa
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2  Setosa
## 3          4.7         3.2          1.3         0.2  Setosa
## 4          4.6         3.1          1.5         0.2  Setosa
## 5          5.0         3.6          1.4         0.2  Setosa
## 6          5.4         3.9          1.7         0.4  Setosa
```

```r
summary(iris) #Resumen estadistico
```

```
##   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
##    variety
##  Length:150
##  Class :character
##  Mode  :character
##
##
##
```

```r
dim(iris) #Dimensiones de filas y columnas
```

```
## [1] 150   5
```

```r
names(iris) #Revisar los nombre de las columnas
```

```
## [1] "sepal.length" "sepal.width"  "petal.length" "petal.width"  "variety"
```

```r
str(iris) #Información sobre dimensiones, variables, el tipo de dato y valores
```

```
## 'data.frame':    150 obs. of  5 variables:
##  $ sepal.length: num  5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
##  $ sepal.width : num  3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
##  $ petal.length: num  1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...
##  $ petal.width : num  0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
##  $ variety     : chr  "Setosa" "Setosa" "Setosa" "Setosa" ...
```

```r
df<-iris[3] #data Frame de la variable a medir

by(iris[3],iris$variety, summary) #Resumen estadistico de la Variable a trabajar
```

```
## iris$variety: Setosa
##   petal.length
##  Min.   :1.000
##  1st Qu.:1.400
##  Median :1.500
##  Mean   :1.462
##  3rd Qu.:1.575
##  Max.   :1.900
## ------------------------------------------------------------
## iris$variety: Versicolor
##   petal.length
##  Min.   :3.00
##  1st Qu.:4.00
##  Median :4.35
##  Mean   :4.26
##  3rd Qu.:4.60
##  Max.   :5.10
## ------------------------------------------------------------
## iris$variety: Virginica
##   petal.length
##  Min.   :4.500
##  1st Qu.:5.100
##  Median :5.550
##  Mean   :5.552
##  3rd Qu.:5.875
##  Max.   :6.900
```

```
###SOlo informativo y visualizar como sub ejercicio
tapply(iris$petal.length, iris$variety, mean)
```

```
##     Setosa Versicolor  Virginica
##      1.462      4.260      5.552
```

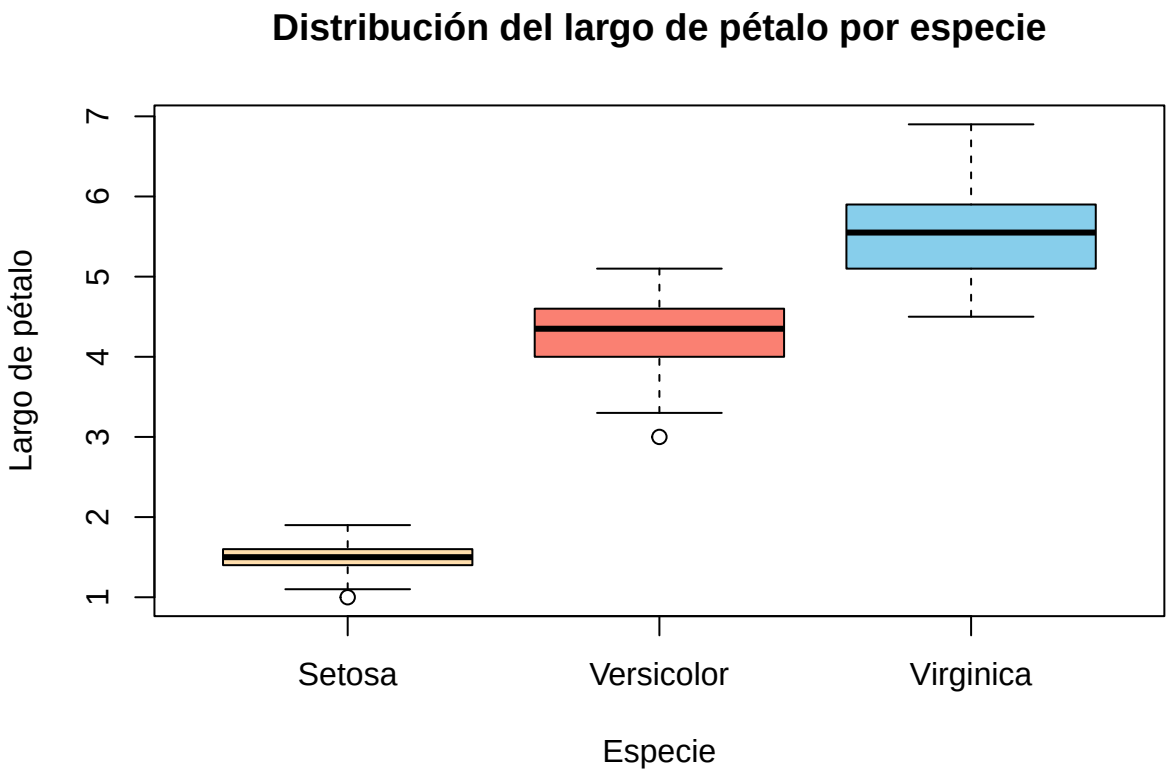
```
tapply(iris$petal.length, iris$variety, sd)
```

```
##     Setosa Versicolor  Virginica
##  0.1736640  0.4699110  0.5518947
```

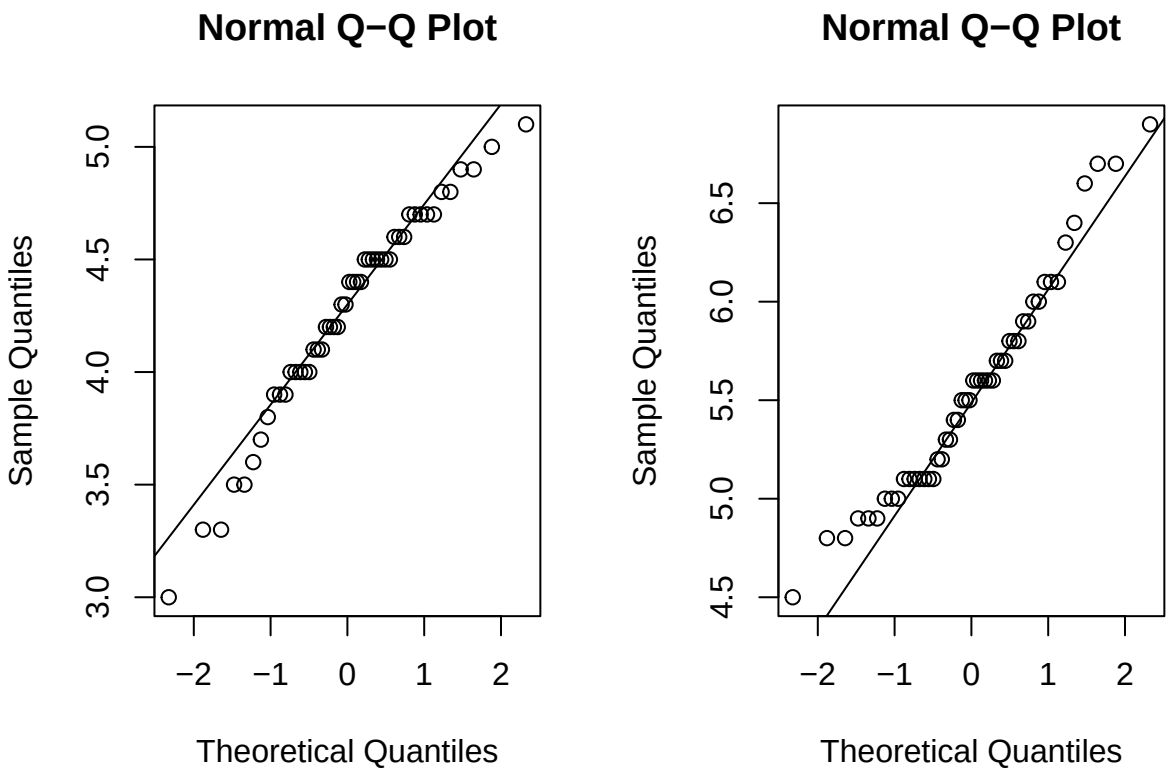
```
tapply(iris$petal.length, iris$variety, var)
```

```
##     Setosa Versicolor  Virginica
## 0.03015918 0.22081633 0.30458776
```

```
colores <-c ("navajowhite", "salmon", "skyblue")

# Crear un boxplot iris

boxplot (iris$petal.length ~ iris$variety, col = colores,
         main = "Distribución del largo de pétalo por especie",
         xlab = "Especie",
         ylab = "Largo de pétalo")
```




```r
df_Versicolor <- subset(iris, variety == "Versicolor")
df_Virginica <- subset(iris, variety == "Virginica")

par(mfrow=c(1,2))
qqnorm(df_Versicolor$petal.length); qqline(df_Versicolor$petal.length)
qqnorm(df_Virginica$petal.length); qqline(df_Virginica$petal.length)
```




```
par(mfrow=c(1,1))

#Lo anterior es solo para visualisar las 150 muestras.



##Ejercicio
  #Datos a trabajar

#A partir de la base de datos iris disponible en R, realice lo siguiente:

  #+Selección de especies: elija las especies versicolor y virginica de la base
  #+y enfoque su análisis en la variable Petal.Length.

data_sub <-subset(iris, variety %in% c("Versicolor","Virginica"))
table(data_sub$variety)
```

```
##
## Versicolor  Virginica
##         50         50
```

```
variety<-("Versicolor,Virginica")

#Vamos a introducir el operador%in% para realizar el subset. En R, el
```

```r
#operador%in% se utiliza para preguntar si un valor pertenece a un conjunto
# de valores. Devuelve un vector lógico (TRUE o FALSE) indicando si cada
#elemento de la izquierda está contenido dentro del vector de la derecha.

data_sub <-subset(iris, variety %in% c("Versicolor","Virginica"))
table(data_sub$variety)
```

```
##
## Versicolor  Virginica
##         50         50
```

```r
variety<-("Versicolor,Virginica")

data_sub <-subset(iris, variety %in% c("Versicolor","Virginica"))
table(data_sub$variety)
```

```
##
## Versicolor  Virginica
##         50         50
```

```r
#Instrucción de tarea

#Primer contacto con R
  #Explorar la base de datos iris usando funciones como head(), Summary()
    head(data_sub)
```

```
##    sepal.length sepal.width petal.length petal.width    variety
## 51          7.0         3.2          4.7         1.4 Versicolor
## 52          6.4         3.2          4.5         1.5 Versicolor
## 53          6.9         3.1          4.9         1.5 Versicolor
## 54          5.5         2.3          4.0         1.3 Versicolor
## 55          6.5         2.8          4.6         1.5 Versicolor
## 56          5.7         2.8          4.5         1.3 Versicolor
```

```r
    summary(data_sub)
```

```
##   sepal.length    sepal.width     petal.length    petal.width
##  Min.   :4.900   Min.   :2.000   Min.   :3.000   Min.   :1.000
##  1st Qu.:5.800   1st Qu.:2.700   1st Qu.:4.375   1st Qu.:1.300
##  Median :6.300   Median :2.900   Median :4.900   Median :1.600
##  Mean   :6.262   Mean   :2.872   Mean   :4.906   Mean   :1.676
##  3rd Qu.:6.700   3rd Qu.:3.025   3rd Qu.:5.525   3rd Qu.:2.000
##  Max.   :7.900   Max.   :3.800   Max.   :6.900   Max.   :2.500
##    variety
##  Length:100
##  Class :character
##  Mode  :character
##
##
##
```

```r
      #Identificar las variables Petal.Length y determina las estadísticas descriptivas
  #para las dos especie
    tapply(data_sub$petal.length, data_sub$variety, summary) #Resumen estadistico
```

```
## $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
```

```r
    tapply(data_sub$petal.length, data_sub$variety, mean) #Solo práctica
```

```
## Versicolor  Virginica
##      4.260      5.552
```

```r
    tapply(data_sub$petal.length, data_sub$variety, sd) #Solo práctica
```

```
## Versicolor  Virginica
##  0.4699110  0.5518947
```

```r
    tapply(data_sub$petal.length, data_sub$variety, var) #Solo práctica
```

```
## Versicolor  Virginica
##  0.2208163  0.3045878
```

```r
    by(data_sub[3], data_sub$variety,summary)
```

```
## data_sub$variety: Versicolor
##   petal.length
##  Min.   :3.00
##  1st Qu.:4.00
##  Median :4.35
##  Mean   :4.26
##  3rd Qu.:4.60
##  Max.   :5.10
## ------------------------------------------------------------
## data_sub$variety: Virginica
##   petal.length
##  Min.   :4.500
##  1st Qu.:5.100
##  Median :5.550
##  Mean   :5.552
##  3rd Qu.:5.875
##  Max.   :6.900
```

```r
#Prueba estadística
  #+Defina una pregunta de invertigación sobre la variable Petal.Length

    #¿Hay diferencia significativa en la longitud de los pétalos (Petal.Length)
    # entre las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris?

  #+Plantee formalmente las hipótesis estadísticas para una prueba t de dos
   #muestras independientes (two.sided).

    # + H0 (nula): No existen diferencias significativas entre la longitud de
    #los petalos de las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris.

    # + H1 (alternativa): Existen diferencias significativas entre la longitud
    #de los petalos de las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris.

  #+Ejecute la prueba en R justificando el tipo de prueba (Welch cuando las
    #varianzas son diferentes o clásica, cuando las varainzas son iguales).

    # Revisar homogeneidad
    var.test(data_sub$petal.length ~ data_sub$variety)
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  data_sub$petal.length by data_sub$variety
## 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
```

```r
      # Observar datos
# Al utilizar F test para comparar dos varianzas, la información que nos arroja
    #son valores de P = 0.2637 siendo >0.05, estos datos nos dicen que no existen
    #diferencias significativas entre las varianzas de las dos especies; por lo
    #tanto si hay homogeneidad y se utilizará la prueba de T clásica.

      # Prueba de T
        t.test(data_sub$petal.length ~ data_sub$variety, alternative = "two.sided",
               var.equal = T)
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  data_sub$petal.length by data_sub$variety
## t = -12.604, df = 98, p-value < 2.2e-16
## alternative hypothesis: true difference in means between group Versicolor and group Virginica is not
## 95 percent confidence interval:
##  -1.495426 -1.088574
## sample estimates:
## mean in group Versicolor  mean in group Virginica
```

```
##                    4.260                    5.552
```

```
        t.test(data_sub$petal.length ~ data_sub$variety, alternative = "two.sided",
               var.equal = F)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  data_sub$petal.length by data_sub$variety
## 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
## 95 percent confidence interval:
##  -1.49549 -1.08851
## sample estimates:
## mean in group Versicolor  mean in group Virginica
##                    4.260                    5.552
```

```
  #Con esta prueba de T podemos dicer que el valor de p   (p=<2.2e-16) es < que
        #0.05, rechazamos la hipótesis nula y decimos que si hay diferencia
        #significativa entre las variedades Virginica y Versicolor en la variable
        #petal.length de la base de daros iris.

  #+Calcule e interprete el tamaño del efecto (Cohen's d)


            # Medir el efecto del efecto

            cohens_efecto <- function(x,y) {
              n1 <- length(x); n2 <- length(y)
              s1 <- sd(x); s2<-sd(y)
              sp <- sqrt(((n1 - 1) * s1^2 + (n2 - 1) * s2^2) / (n1 + n2 - 2))
              (mean (x) - mean (y)) / sp
            }

            d1_cal <- cohens_efecto(df_Versicolor$petal.length, df_Virginica$petal.length)
            d1_cal
```

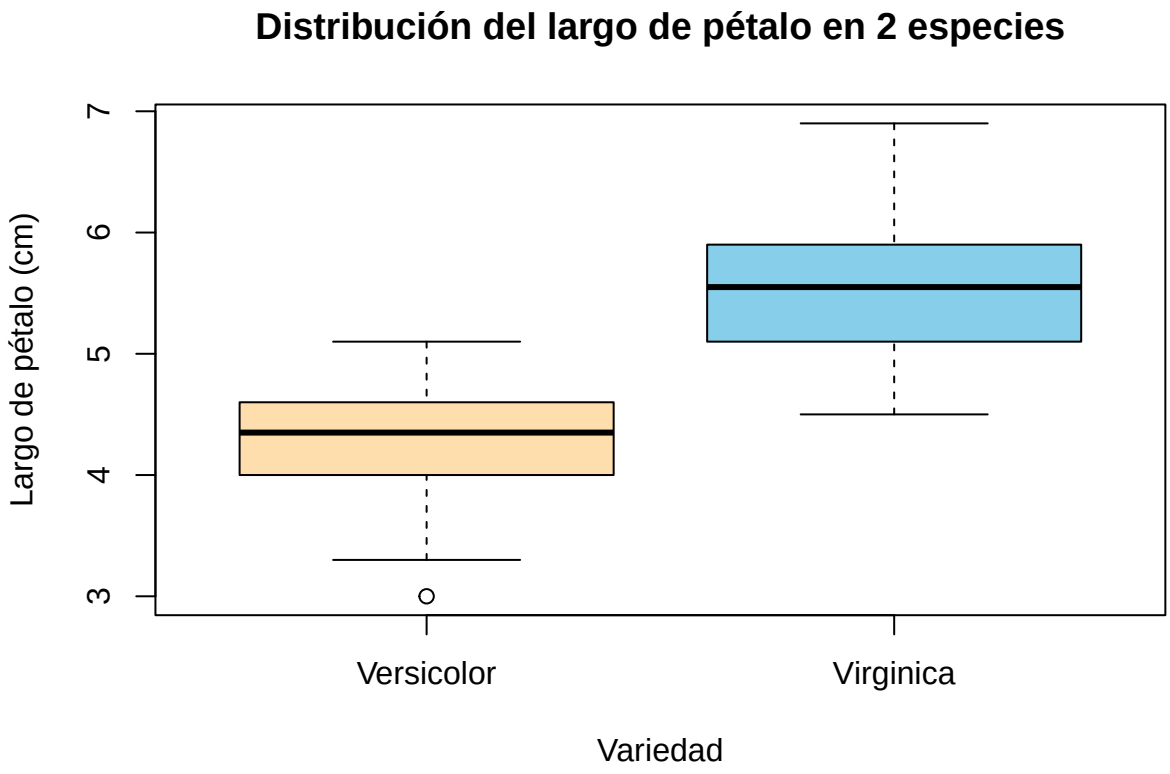
```
## [1] -2.520756
```

```
            abs(d1_cal)
```

```
## [1] 2.520756
```

```
            #Este valor de  cohens no dice que hay un diferencia enorme en la
            #variable petal.length y esto nos lleva al inicio en objeticos que
            #podemos decir que tanto en términos estadisticos como en biologicos
            #si hay diferencia entre las variedades y el largo del petalo.


#Visualización
    # Genere una gráfica comparativa (boxplot, violinplot, etc.) que muestre
```

```r
#las diferencias entre especies.
        colores <-c ("navajowhite", "skyblue")

        # Crear un boxplot data_sub



        boxplot (data_sub$petal.length~ data_sub$variety, col = colores,
                 main = "Distribución del largo de pétalo en 2 especies",
                 xlab = "Variedad",
                 ylab = "Largo de pétalo (cm)")
```




```r
#Se realizó una prueba t para muestras independientes ( Versicolor vs Virginica),
#comprobando varianzas iguales. Se encontró una diferencia, t(98) = -12.604,
#p =< 2.2e-16. El grupo Virginica mostró una media mayor (5.552) que el grupo
#Versicolor (4.26). La diferencia de medias fue de 1.292 y el IC 95% =
#[-0.23, -0.04]. El tamaño del efecto fue grande (d=-2.520756) lo que indica
#que la variedad tuvo un efecto sustancial sobre el largo del petalo.
```

```
# Informe Escrito ------------------------------------------------------------

                        #Informe escrito:
    #Redacte una síntesis (máx. 1 cuartilla) que incluya:
      #• Planteamiento del problema y de las hipótesis.
      #• Resultados numéricos y gráficos.
      #• Interpretación estadística y biológica.

            #• Planteamiento del problema y de las hipótesis.

#De la base de datos iris saber si hay diferencia del el largo de petalo entre
#las variedades Versicolor y Virginica.De aqui la pregunta que me realice fue:
    #¿Hay diferencia significativa en la longitud de los pétalos (Petal.Length)
    # entre las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris?
 #Plantee formalmente las hipótesis estadísticas para una prueba t de dos
  #muestras independientes (two.sided).
     # + H0 (nula): No existen diferencias significativas entre la longitud de
      #los petalos de las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris.
     # + H1 (alternativa): Existen diferencias significativas entre la longitud
      #de los petalos de las variedades Versicolor y Virginica de la base de datos iris.

            #• Resultados numéricos y gráficos.
      #Los resultados numéricos fueron:
  #Se realizó una prueba t para muestras independientes ( Versicolor vs Virginica),
  #comprobando varianzas iguales. Se encontró una diferencia, t(98) = -12.604,
  #p =< 2.2e-16. El grupo Virginica mostró una media mayor (5.552) que el grupo
  #Versicolor (4.26). La diferencia de medias fue de 1.292 y el IC 95% =
  #[-0.23, -0.04]. El tamaño del efecto fue grande (d=-2.520756) lo que indica
  #que la variedad tuvo un efecto sustancial sobre el largo del petalo.

                  #Los resultados gráficos mostraron
# Las gráficas tanto la de inicio (practica) como la de resultados muestran
# claramente que si hay una muy significante diferencia entre las variedades cuando
# las evaluamos por el largo de petalo, aunque se puede observar que pudiera haber
# algo de valores iguales en tanto que pudieramos decir que la variedades versicolor
# y virginica puede haber erros en cuanto a la clasificación de variedades ya que
# los valores máximos de versicolor pueden confundir con los valores mínimos de
# virginica y es por eso que se uso la prueba de T clásica para estas dos variedades

            #• Interpretación estadística y biológica.

#Estadisticamente determinamos que si hay diferencia enorme con el valor del largo
 #de petalo entre as variedades versicolor y virginica ya que el valor del efecto
 #del efecto evaluado por el método Cohen´s no dio un valor por arriba del criterio
 #de efecto grande.
#Hablando biologicamente el largo del petalo de la especie iris es fundamental para
  #detefrminar a la variedad que corresponde y estadisticamente esta respaldado.
```