

HW3_Estroncio.R

Ramon

2025-10-09

```
# HW_3_Estroncio
```

```
# 19/09/2025
```

```
# Ramón Copado García
```

```
# Matricula 1059439
```

```
#Ejercicio: Comparación de concentraciones de estroncio en cuerpos de agua
```

```
#1. Descripción
```

```
#Un investigador midió la concentración de estroncio (mg/ml) en cinco cuerpos de  
#agua para evaluar si existen diferencias significativas entre ellos.
```

```
#Cada sitio tuvo 6 réplicas (n=6).
```

```
#Cuadro 1: Concentración de estroncio (mg/ml) en cinco cuerpos de agua (n = 6).
```

```
Estroncio <- read.csv("C:/Users/Ramon/Documents/Posgrado_Estadistica_2025/Varios/Estroncio10.csv", head  
View(Estroncio)  
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/Ramon/Documents/Posgrado_Estadistica_2025/2_Tareas"
```

```
summary(Estroncio)
```

```
##   Grayson_Pond   Beaver_Lake   Angler_Cove   Appletree_Lake  
## Min.   :28.20   Min.   :37.10   Min.   :40.10   Min.   :36.30  
## 1st Qu.:29.57   1st Qu.:38.33   1st Qu.:42.45   1st Qu.:39.00  
## Median :32.10   Median :40.20   Median :43.60   Median :40.60  
## Mean   :32.08   Mean   :40.23   Mean   :44.08   Mean   :41.10  
## 3rd Qu.:34.25   3rd Qu.:42.00   3rd Qu.:45.65   3rd Qu.:43.33  
## Max.   :36.40   Max.   :43.60   Max.   :48.80   Max.   :46.40  
##   Rock_River  
## Min.   :54.10  
## 1st Qu.:56.55  
## Median :58.35  
## Mean   :58.30  
## 3rd Qu.:59.85  
## Max.   :62.70
```

```
# Inspeccionar mi objeto Estroncio
head(Estroncio) # Primeras 6 filas
```

```
##   Grayson_Pond Beaver_Lake Angler_Cove Appletree_Lake Rock_River
## 1          28.2         39.6         46.3           41.0         56.3
## 2          33.2         40.8         42.1           44.1         54.1
## 3          36.4         37.9         43.5           46.4         59.4
## 4          34.6         37.1         48.8           40.2         62.7
## 5          29.1         43.6         43.7           38.6         60.0
## 6          31.0         42.4         40.1           36.3         57.3
```

```
dim(Estroncio) #Numero de filas y columnas
```

```
## [1] 6 5
```

```
names(Estroncio) #Nombres de las columnas
```

```
## [1] "Grayson_Pond" "Beaver_Lake" "Angler_Cove" "Appletree_Lake"
## [5] "Rock_River"
```

```
str(Estroncio) #Estructura del data frame
```

```
## 'data.frame': 6 obs. of 5 variables:
## $ Grayson_Pond : num 28.2 33.2 36.4 34.6 29.1 31
## $ Beaver_Lake : num 39.6 40.8 37.9 37.1 43.6 42.4
## $ Angler_Cove : num 46.3 42.1 43.5 48.8 43.7 40.1
## $ Appletree_Lake: num 41 44.1 46.4 40.2 38.6 36.3
## $ Rock_River : num 56.3 54.1 59.4 62.7 60 57.3
```

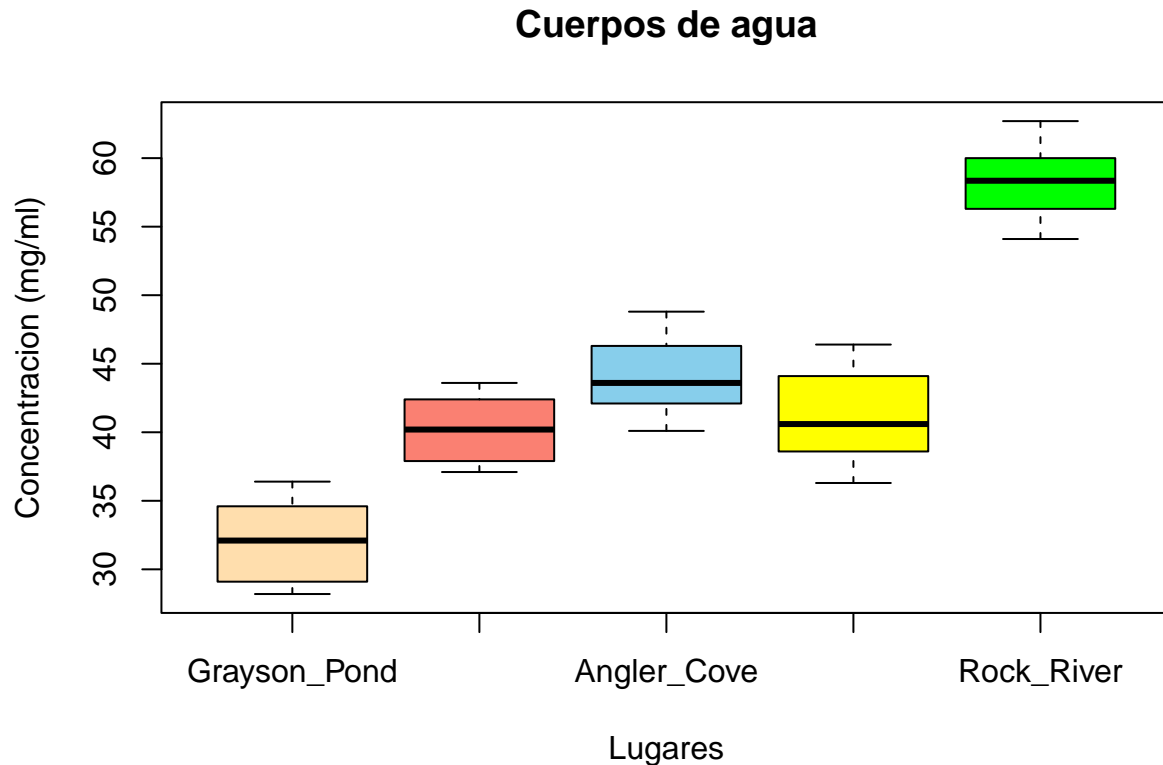
```
summary(Estroncio) # Resumen estadístico
```

```
##   Grayson_Pond   Beaver_Lake   Angler_Cove   Appletree_Lake
## Min.   :28.20   Min.   :37.10   Min.   :40.10   Min.   :36.30
## 1st Qu.:29.57   1st Qu.:38.33   1st Qu.:42.45   1st Qu.:39.00
## Median :32.10   Median :40.20   Median :43.60   Median :40.60
## Mean   :32.08   Mean   :40.23   Mean   :44.08   Mean   :41.10
## 3rd Qu.:34.25   3rd Qu.:42.00   3rd Qu.:45.65   3rd Qu.:43.33
## Max.   :36.40   Max.   :43.60   Max.   :48.80   Max.   :46.40
##   Rock_River
## Min.   :54.10
## 1st Qu.:56.55
## Median :58.35
## Mean   :58.30
## 3rd Qu.:59.85
## Max.   :62.70
```

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

```
#Crear un boxplot con las Muestras de Estroncio
```

```
boxplot(Estroncio, col = colores,
        main = "Cuerpos de agua",
        xlab = "Lugares",
        ylab = "Concentracion (mg/ml)")
```



#1.1. Planteamiento del problema

#El resumen estadístico anterior muestra las concentraciones de estroncio (mg/ml) registradas en cinco cuerpos de agua: Grayson's Pond, Beaver Lake, Angler's Cove, Appletree Lake y Rock River. Cada sitio contó con seis repeticiones independientes. Se observa que Rock River presenta las concentraciones más elevadas, con valores consistentemente superiores al resto de los sitios. En contraste, Grayson's Pond mostró los niveles más bajos, mientras que Beaver Lake, Angler's Cove y Appletree Lake presentaron valores intermedios y relativamente cercanos entre sí. Este patrón sugiere la existencia de diferencias significativas entre sitios, lo cual motiva la aplicación de un ANOVA de una vía seguido de pruebas post-hoc (LSD y Tukey HSD) para identificar con precisión qué grupos difirieron estadísticamente en sus medias.

1.2. Preguntas

Hipótesis del ANOVA: Plantee las hipótesis nula y alternativa para este análisis.

H0; No hay diferencia significativa ($P < 0.05$) en los niveles de concentración (mg/ml) de estroncio entre los sitios del muestreo.

Ha; Existe diferencia significativa ($P < 0.05$) en los niveles de concentración (mg/ml)

```

#de estroncio entre los sitios de muestreo

#Cálculo del ANOVA: Con los datos proporcionados, realice el análisis de varianza
#(ANOVA de una vía) y reporte la tabla de anova.

# Crear un conjunto de datos de ejemplo
grupo <- factor(rep(c("Graysons_Pond", "Beaver_Lake", "Anglers_Cove",
                      "Appletree__Lake", "Rock_River"), each = 6)) # Cinco grupos, 6 observaciones por
mediciones <- c(28.2, 33.2, 36.4, 34.6, 29.1, 31,
               39.6, 40.8, 37.9, 37.1, 43.6, 42.4,
               46.3, 42.1, 43.5, 48.8, 43.7, 40.1,
               41, 44.1, 46.4, 40.2, 38.6, 36.3,
               56.3, 54.1, 59.4, 62.7, 60, 57.3)

# ANOVA
modelo <- aov(mediciones ~ grupo)

# Resumen
summary_anova <- summary(modelo)

# Ver tabla ANOVA
summary_anova[[1]]

```

```

##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## grupo      4 2193.44   548.36  56.155 3.948e-12 ***
## Residuals  25  244.13     9.77
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

# Forma 1: última fila
MS_residual <- summary_anova[[1]]$`Mean Sq`[nrow(summary_anova[[1]])]

# Forma 2: por nombre de fila
MS_residual <- summary_anova[[1]]["Residuals", "Mean Sq"]

# Forma 3: con tail()
MS_residual <- tail(summary_anova[[1]]$`Mean Sq`, 1)

MS_residual

```

```
## [1] 9.7652
```

```
# [1] 9.7652
```

```

# Crear el data frame
datos <- data.frame(grupo, mediciones)

# Realizar ANOVA de una vía
anova_resultado <- aov(mediciones ~ grupo, data = datos)

# Mostrar el resumen del ANOVA
summary(anova_resultado)

```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## grupo      4 2193.4   548.4   56.16 3.95e-12 ***
## Residuals  25  244.1     9.8
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
#Reporte de Tabla
#La tabla del resumen estadístico refleja que si hay diferencia significativa entre
# los sitios de muestreo con un  $P=3.95e-12 < 0.05$ 
```

```
# Se rechaza  $H_0$ 
```

```
# Prueba LSD
```

```
# Extraer los resultados del ANOVA
```

```
summary_anova <- summary(anova_resultado)
MS_residual <- summary_anova[[1]]$`Mean Sq`[9.77] # Media cuadrática residual
df_residual <- summary_anova[[1]]$Df[25] # Grados de libertad residuales
n <- 6 # Número de observaciones por grupo (suponiendo que es equilibrado)
```

```
# Valor t para un nivel de confianza del 95% y grados de libertad residuales
t_value <- qt(0.975, df_residual)
```

```
# Calcular el LSD
```

```
LSD <- t_value * sqrt(2 * MS_residual / n)
LSD # LSD determinar el valor
```

```
## [1] NA
```

```
qt(.975,25)
```

```
## [1] 2.059539
```

```
# Comparaciones entre las medias de los grupos
# Usamos la función pairwise.t.test para obtener las diferencias de medias entre pares
comparaciones <- pairwise.t.test(datos$mediciones, datos$grupo, p.adjust.method = "none")
```

```
# Mostrar las comparaciones y ver si las diferencias son mayores que el LSD
comparaciones$p.value
```

```
##           Anglers_Cove Appletree__Lake  Beaver_Lake Graysons_Pond
## Appletree__Lake 1.107197e-01           NA           NA           NA
## Beaver_Lake     4.284126e-02    6.351440e-01           NA           NA
## Graysons_Pond   5.716104e-07    3.749812e-05 1.302222e-04           NA
## Rock_River      3.092812e-08    8.335520e-10 3.118496e-10 1.0725e-13
```

```
#COMPARANDO CON OTRO PAQUETE SEGUN LA RED
```

```
# install.packages("agricolae")
library(agricolae)
#install.packages("dplyr") # Solo la primera vez
library(dplyr)
```

```
##
## Adjuntando el paquete: 'dplyr'

## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     filter, lag

## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
# Datos
grupo <- factor(rep(c("Graysons_Pond", "Beaver_Lake", "Anglers_Cove",
                      "Appletree__Lake", "Rock_River"), each = 6))
mediciones <- c(28.2, 33.2, 36.4, 34.6, 29.1, 31,
                39.6, 40.8, 37.9, 37.1, 43.6, 42.4,
                46.3, 42.1, 43.5, 48.8, 43.7, 40.1,
                41, 44.1, 46.4, 40.2, 38.6, 36.3,
                56.3, 54.1, 59.4, 62.7, 60, 57.3)

# ANOVA
modelo <- aov(mediciones ~ grupo)

# Prueba LSD
resultado_lsd <- LSD.test(modelo, "grupo", p.adj = "none")
# Mostrar resultados
print(resultado_lsd)
```

```
## $statistics
##      MSerror Df  Mean      CV  t.value      LSD
##      9.7652 25 43.16 7.240343 2.059539 3.715779
##
## $parameters
##      test p.adjusted name.t ntr alpha
##  Fisher-LSD      none grupo  5  0.05
##
## $means
##      mediciones      std r      se      LCL      UCL  Min  Max
## Anglers_Cove      44.08333 3.080530 6 1.275748 41.45588 46.71079 40.1 48.8
## Appletree__Lake      41.10000 3.666061 6 1.275748 38.47255 43.72745 36.3 46.4
## Beaver_Lake      40.23333 2.530349 6 1.275748 37.60588 42.86079 37.1 43.6
## Graysons_Pond      32.08333 3.205256 6 1.275748 29.45588 34.71079 28.2 36.4
## Rock_River      58.30000 3.036445 6 1.275748 55.67255 60.92745 54.1 62.7
##
##      Q25  Q50  Q75
## Anglers_Cove      42.450 43.60 45.650
## Appletree__Lake      39.000 40.60 43.325
## Beaver_Lake      38.325 40.20 42.000
## Graysons_Pond      29.575 32.10 34.250
## Rock_River      56.550 58.35 59.850
##
## $comparison
## NULL
##
```

```
## $groups
##           mediciones groups
## Rock_River      58.30000    a
## Anglers_Cove     44.08333    b
## Appletree__Lake  41.10000   bc
## Beaver_Lake      40.23333    c
## Graysons_Pond    32.08333    d
##
## attr(,"class")
## [1] "group"
```

```
# Medias por Sitio
medias <- tapply(mediciones, grupo, mean)
medias
```

```
##      Anglers_Cove Appletree__Lake Beaver_Lake Graysons_Pond Rock_River
##      44.08333      41.10000      40.23333      32.08333      58.30000
```

```
# Medias de los grupos
medias <- resultado_lsd$means$mediciones
names(medias) <- rownames(resultado_lsd$means)

# Calcular diferencias absolutas
dif_abs <- abs(outer(medias, medias, "-"))
colnames(dif_abs) <- rownames(dif_abs) <- names(medias)

# Extraer valor LSD
valor_lsd <- resultado_lsd$statistics$LSD

# Crear matriz booleana: TRUE si diferencia > LSD
sig_dif <- dif_abs > valor_lsd

# Pasar a data.frame
tabla_dif <- as.data.frame(as.table(dif_abs))

# Convertir Var1 y Var2 a caracteres antes de comparar
tabla_dif <- subset(tabla_dif, as.character(Var1) < as.character(Var2))

# Renombrar columnas
colnames(tabla_dif) <- c("Grupo1", "Grupo2", "Diferencia")

# Agregar columnas LSD y significancia
tabla_dif$Diferencia <- round(tabla_dif$Diferencia, 2)
tabla_dif$LSD <- round(valor_lsd, 2)
tabla_dif$Significativa <- tabla_dif$Diferencia > valor_lsd

# Mostrar tabla final
tabla_dif
```

```
##           Grupo1      Grupo2 Diferencia LSD Significativa
## 6  Anglers_Cove Appletree__Lake      2.98 3.72          FALSE
## 11 Anglers_Cove Beaver_Lake      3.85 3.72           TRUE
```

```
## 12 Appletree_Lake Beaver_Lake 0.87 3.72 FALSE
## 16 Anglers_Cove Graysons_Pond 12.00 3.72 TRUE
## 17 Appletree_Lake Graysons_Pond 9.02 3.72 TRUE
## 18 Beaver_Lake Graysons_Pond 8.15 3.72 TRUE
## 21 Anglers_Cove Rock_River 14.22 3.72 TRUE
## 22 Appletree_Lake Rock_River 17.20 3.72 TRUE
## 23 Beaver_Lake Rock_River 18.07 3.72 TRUE
## 24 Graysons_Pond Rock_River 26.22 3.72 TRUE
```

Determine cuáles pares son significativamente diferentes.

Mostrar resultados

```
list(
  medias = round(medias, 2),
  LSD = round(valor_lsd, 3),
  diferencias_absolutas = round(dif_abs, 2),
  significativas = sig_dif)
```

```
## $medias
## Anglers_Cove Appletree_Lake Beaver_Lake Graysons_Pond Rock_River
## 44.08 41.10 40.23 32.08 58.30
##
## $LSD
## [1] 3.716
##
## $diferencias_absolutas
## Anglers_Cove Appletree_Lake Beaver_Lake Graysons_Pond
## Anglers_Cove 0.00 2.98 3.85 12.00
## Appletree_Lake 2.98 0.00 0.87 9.02
## Beaver_Lake 3.85 0.87 0.00 8.15
## Graysons_Pond 12.00 9.02 8.15 0.00
## Rock_River 14.22 17.20 18.07 26.22
##
## Rock_River
## Anglers_Cove 14.22
## Appletree_Lake 17.20
## Beaver_Lake 18.07
## Graysons_Pond 26.22
## Rock_River 0.00
##
## $significativas
## Anglers_Cove Appletree_Lake Beaver_Lake Graysons_Pond
## Anglers_Cove FALSE FALSE TRUE TRUE
## Appletree_Lake FALSE FALSE FALSE TRUE
## Beaver_Lake TRUE FALSE FALSE TRUE
## Graysons_Pond TRUE TRUE TRUE FALSE
## Rock_River TRUE TRUE TRUE TRUE
##
## Rock_River
## Anglers_Cove TRUE
## Appletree_Lake TRUE
## Beaver_Lake TRUE
## Graysons_Pond TRUE
## Rock_River FALSE
```



```

# Valor LSD
valor_lsd <- resultado_lsd$statistics$LSD

# Pasar a data.frame y filtrar con subset (solo Var1 < Var2)
tabla_dif <- as.data.frame(as.table(dif_abs))

# Renombrar columnas
colnames(tabla_dif) <- c("Grupo1", "Grupo2", "Diferencia")

# Agregar columnas LSD y significancia
tabla_dif$Diferencia <- round(tabla_dif$Diferencia, 2)
tabla_dif$LSD <- round(valor_lsd, 2)
tabla_dif$Significativa <- tabla_dif$Diferencia > valor_lsd

# Mostrar tabla final
tabla_dif

```

##	Grupo1	Grupo2	Diferencia	LSD	Significativa
## 1	Anglers_Cove	Anglers_Cove	0.00	3.72	FALSE
## 2	Appletree__Lake	Anglers_Cove	2.98	3.72	FALSE
## 3	Beaver_Lake	Anglers_Cove	3.85	3.72	TRUE
## 4	Graysons_Pond	Anglers_Cove	12.00	3.72	TRUE
## 5	Rock_River	Anglers_Cove	14.22	3.72	TRUE
## 6	Anglers_Cove	Appletree__Lake	2.98	3.72	FALSE
## 7	Appletree__Lake	Appletree__Lake	0.00	3.72	FALSE
## 8	Beaver_Lake	Appletree__Lake	0.87	3.72	FALSE
## 9	Graysons_Pond	Appletree__Lake	9.02	3.72	TRUE
## 10	Rock_River	Appletree__Lake	17.20	3.72	TRUE
## 11	Anglers_Cove	Beaver_Lake	3.85	3.72	TRUE
## 12	Appletree__Lake	Beaver_Lake	0.87	3.72	FALSE
## 13	Beaver_Lake	Beaver_Lake	0.00	3.72	FALSE
## 14	Graysons_Pond	Beaver_Lake	8.15	3.72	TRUE
## 15	Rock_River	Beaver_Lake	18.07	3.72	TRUE
## 16	Anglers_Cove	Graysons_Pond	12.00	3.72	TRUE
## 17	Appletree__Lake	Graysons_Pond	9.02	3.72	TRUE
## 18	Beaver_Lake	Graysons_Pond	8.15	3.72	TRUE
## 19	Graysons_Pond	Graysons_Pond	0.00	3.72	FALSE
## 20	Rock_River	Graysons_Pond	26.22	3.72	TRUE
## 21	Anglers_Cove	Rock_River	14.22	3.72	TRUE
## 22	Appletree__Lake	Rock_River	17.20	3.72	TRUE
## 23	Beaver_Lake	Rock_River	18.07	3.72	TRUE
## 24	Graysons_Pond	Rock_River	26.22	3.72	TRUE
## 25	Rock_River	Rock_River	0.00	3.72	FALSE

```

#Prueba de Tukey HSD
tukey_res <- TukeyHSD(modelo)
# Ver resultados
print(tukey_res)

```

```

## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##

```

```
## Fit: aov(formula = mediciones ~ grupo)
##
## $grupo
##
##          diff          lwr          upr          p adj
## Appletree__Lake-Anglers_Cove -2.9833333 -8.281979  2.315312 0.4791100
## Beaver_Lake-Anglers_Cove     -3.8500000 -9.148645  1.448645 0.2376217
## Graysons_Pond-Anglers_Cove  -12.0000000 -17.298645 -6.701355 0.0000053
## Rock_River-Anglers_Cove      14.2166667  8.918021 19.515312 0.0000003
## Beaver_Lake-Appletree__Lake  -0.8666667 -6.165312  4.431979 0.9884803
## Graysons_Pond-Appletree__Lake -9.0166667 -14.315312 -3.718021 0.0003339
## Rock_River-Appletree__Lake    17.2000000 11.901355 22.498645 0.0000000
## Graysons_Pond-Beaver_Lake     -8.1500000 -13.448645 -2.851355 0.0011293
## Rock_River-Beaver_Lake        18.0666667 12.768021 23.365312 0.0000000
## Rock_River-Graysons_Pond      26.2166667 20.918021 31.515312 0.0000000
```

##diff: diferencia entre medias de los grupos.

##lwr / upr: intervalos de confianza del 95%.

##p adj: valor p ajustado por Tukey.

#Obtenga el valor crítico; q0,05(k, glerror)

Grados de libertad residuales

```
gl <- df.residual(modelo)
```

MS_residua

```
MS_res <- summary(modelo)[[1]]["Residuals", "Mean Sq"]
```

Valor crítico t

```
k <- 5
```

```
gl_error <- 25
```

Valor crítico q para alfa=0.05

```
q_crit <- qtkey(0.95, k, gl_error) # 0.95 porque es unilateral para nivel global 0.05
```

```
q_crit
```

```
## [1] 4.153363
```

```
t_crit <- qt(0.975, df = gl) # 0.975 porque es bilateral a 5%
```

```
t_crit
```

```
## [1] 2.059539
```

Calcule la diferencia mínima significativa con Tukey.

Parámetros

```
k <- length(levels(grupo)) # número de grupos = 5
```

```
n_per_group <- tapply(mediciones, grupo, length)[1] # 6
```

```
gl_error <- df.residual(modelo) # 25
```

```
MS_error <- summary(modelo)[[1]]["Residuals", "Mean Sq"]
```

Valor crítico q (studentized range)

```
q_crit <- qtkey(0.95, nmeans = k, df = gl_error)
```

```
# Error estándar usado por Tukey (para comparación de medias)
SE <- sqrt(MS_error / n_per_group)
```

```
# HSD (mínima diferencia significativa)
HSD <- q_crit * SE
```

```
# Mostrar resultados
q_crit
```

```
## [1] 4.153363
```

```
MS_error
```

```
## [1] 9.7652
```

```
SE
```

```
## Anglers_Cove
##      1.275748
```

```
HSD
```

```
## Anglers_Cove
##      5.298645
```

```
#Compare los resultados con la prueba LSD: ¿los mismos pares resultan significativos?
```

```
resultado_lsd <- LSD.test(modelo, "grupo", p.adj = "none")
medias <- resultado_lsd$means$mediciones
names(medias) <- rownames(resultado_lsd$means)
```

```
# Diferencias absolutas
dif_abs <- abs(outer(medias, medias, "-"))
colnames(dif_abs) <- rownames(dif_abs) <- names(medias)
```

```
# Valor LSD
valor_lsd <- resultado_lsd$statistics$LSD
```

```
# Tabla LSD con pares en orden alfabético
tabla_lsd <- as.data.frame(as.table(dif_abs))
tabla_lsd <- subset(tabla_lsd, as.character(Var1) < as.character(Var2))
colnames(tabla_lsd) <- c("Grupo1", "Grupo2", "Diferencia")
tabla_lsd$Par <- paste(tabla_lsd$Grupo1, tabla_lsd$Grupo2, sep = "-")
tabla_lsd$Signif_LSD <- tabla_lsd$Diferencia > valor_lsd
```

```
tukey_res <- TukeyHSD(modelo)
tabla_tukey <- as.data.frame(tukey_res$grupo)
tabla_tukey$Par <- gsub(" ", "", rownames(tabla_tukey)) # pares como "B-A"
# Reordenar pares alfabéticamente (A-B, no B-A)
tabla_tukey$Par <- sapply(strsplit(tabla_tukey$Par, "-"),
                          function(x) paste(sort(x), collapse = "-"))
tabla_tukey <- aggregate(`p adj` ~ Par, data = tabla_tukey, FUN = mean)
tabla_tukey$Signif_Tukey <- tabla_tukey`p adj` < 0.05
```

```
comparacion <- merge(tabla_ksd[, c("Par", "Signif_LSD")],
                     tabla_tukey[, c("Par", "Signif_Tukey")],
                     by = "Par", all = TRUE)
```

```
comparacion
```

##	Par	Signif_LSD	Signif_Tukey
## 1	Anglers_Cove-Appletree_Lake	FALSE	FALSE
## 2	Anglers_Cove-Beaver_Lake	TRUE	FALSE
## 3	Anglers_Cove-Graysons_Pond	TRUE	TRUE
## 4	Anglers_Cove-Rock_River	TRUE	TRUE
## 5	Appletree_Lake-Beaver_Lake	FALSE	FALSE
## 6	Appletree_Lake-Graysons_Pond	TRUE	TRUE
## 7	Appletree_Lake-Rock_River	TRUE	TRUE
## 8	Beaver_Lake-Graysons_Pond	TRUE	TRUE
## 9	Beaver_Lake-Rock_River	TRUE	TRUE
## 10	Graysons_Pond-Rock_River	TRUE	TRUE

#R= Sí hay diferencia en los pares

Interpretación

¿Qué cuerpo de agua presenta las concentraciones más altas?

#El resultado mostró que tanto por LSD ó por Tukey si hay diferencia significativa

¿Qué sitios no difieren entre sí?

*# El resultado de ese análisis muestra que cuando hablamos de los pares de
sitios, Anglers_Cove y Appletree_Lake asi como Appletree_Lake y Beaver_Lake,
que No hay significancia estadística $P < 0.025$ entre ellos y que el par de Sitios:
Anglers_Cove y Beaver_Lake no tienen diferencia significativa $P < 0.05$ entre ellos*

*# Desde el punto de vista ambiental, ¿qué implicaciones podrían tener estas diferencias en la
#calidad del agua?*

*#Estas diferencias entre las comparaciones no hay un efecto grave en toma de decisiones
#ya que es solo agua en diferentes partes, pero cabe destacar que si fuera agua ya
#lista para hacer algun tipo de medicina o algo en el cuerpo humano si se tendria que
#especificar el $P < 0.025$, si esos cuerpos de agua fueran rios o se utilizaria para
#los animales o de agua normal para uso diario el $p < 0.01$, esto no lleva a que solo
#posiblemente rock_River seria el más contaminado y hay que hacer otro analisis
#estadistico cambiando el valor de P.*