Análisis de datos: Proyecto de Diseño Experimental

Arenas Tamara, Medina Nuria, Noriega Berenice, Picasso David, Ruiz Braulio, Vázquez Mariana 2022-12-05

Cargando las librerias a usar

```
Cargando tidyverse:
install.packages("tidyverse")
library(tidyverse)

Cargando pacman:
if (!require("pacman")) install.packages("pacman")
pacman::p_load(tidyverse, nortest, ggplot2,car)
```

Cargando datos en RStudio, la base de datos se llama data

```
BD <- read.csv(file = "../Data/data.csv")
str(BD)
## 'data.frame':
                   24 obs. of 15 variables:
## $ ID
                   : chr
                          "E_AM_S1_M" "E_AM_S2_NA" "E_AM_S3_H" "E_AM_S4_H" ...
## $ Sexo_Aplicador: chr
                          "M" "M" "M" "M" ...
                          "M" NA "H" "H" ...
## $ Sexo
             : chr
## $ Chiste_1
                          O NA O O NA NA NA 1 O O ...
                   : int
## $ Chiste 2
                          1 NA O O NA NA NA 1 O O ...
                   : int
##
  $ Chiste_3
                          O NA O O NA NA NA 1 O O ...
                   : int
  Chiste_4
                   : int
                          1 NA 1 1 NA NA NA 1 0 1 ...
## $ Chiste_5
                   : int
                          O NA O O NA NA NA 1 O O ...
##
   $ Veces_Risa
                   : int
                          2 NA 1 1 NA NA NA 5 0 1 ...
## $ ChG1
                          3 NA 4 2 NA NA 3 3 2 1 ...
                   : int
  $ ChG2
                          4 NA 1 3 NA NA 2 2 3 1 ...
                   : int
## $ ChG3
                          4 NA 2 2 NA NA 3 2 2 2 ...
                    : int
##
   $ ChG4
                    : int
                          4 NA 3 3 NA NA 2 2 1 2 ...
## $ ChG5
                    : int
                          3 NA 3 4 NA NA 3 3 3 3 ...
   $ ChGtot
                    : int 18 NA 13 14 NA NA 13 12 11 9 ...
Eliminamos participantes con datos faltantes (NA):
BD <- na.omit(BD)
```

###DATOS ANALIZADOS EN FUNCIÓN DEL SEXO DEL APLICADOR

Obteniendo descriptivos

Esto nos permitirá calcular las medidas de estadística descriptiva.

```
BD %>% group_by(Sexo_Aplicador) %>% summarise(
  media = mean(Veces Risa),
  mediana= median(Veces_Risa),
  ds= sd(Veces_Risa),
  varianza= var(Veces_Risa),
  minimo= min(Veces_Risa),
 maximo= max(Veces_Risa),
 muestra= n(),
  error_estandar=ds/sqrt(muestra),
  i_confianza_low= media-2*error_estandar,
  i_confianza_up= media+2*error_estandar
)
## # A tibble: 2 x 11
     Sexo_Aplic~1 media mediana
                                    ds varia~2 minimo maximo muestra error~3 i_con~4
                                                                        <dbl>
##
     <chr>>
                  <dbl>
                           <dbl> <dbl>
                                         <dbl> <int>
                                                       <int>
                                                                <int>
                                                                                <dbl>
## 1 H
                   2.62
                               3 1.30
                                          1.70
                                                           5
                                                                        0.460
                                                                                1.70
                                                    1
## 2 M
                   1.38
                               1 1.60
                                          2.55
                                                    0
                                                           5
                                                                    8
                                                                        0.565
                                                                                0.245
## # ... with 1 more variable: i_confianza_up <dbl>, and abbreviated variable
      names 1: Sexo_Aplicador, 2: varianza, 3: error_estandar, 4: i_confianza_low
Se guarda la base generada:
write.csv(BD, file = "../Output/BD.csv")
```

Normalidad y homocedasticidad de los datos

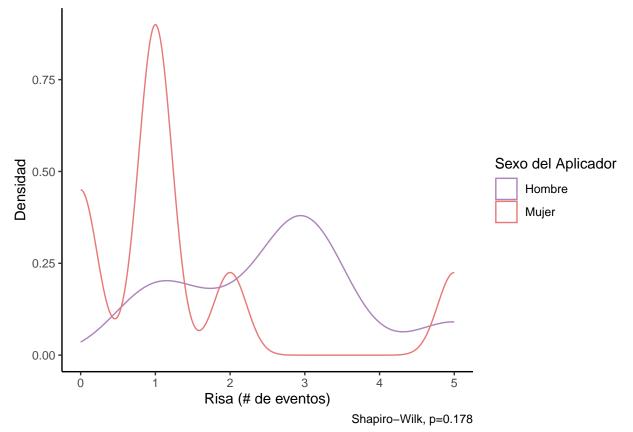
ggplot(data= BD, aes(x=Veces_Risa, color=sexo_apl_nom)) +

geom_density() +

Empleamos el test de Shapiro-Wilk ya que el tamaño de la muestra de cada grupo es menor a 50.

```
# Muestra menor a 50 participantes
shapiro.test(BD$Veces_Risa[BD$Sexo_Aplicador=="M"])
##
##
    Shapiro-Wilk normality test
##
## data: BD$Veces_Risa[BD$Sexo_Aplicador == "M"]
## W = 0.74855, p-value = 0.007872
shapiro.test(BD$Veces_Risa[BD$Sexo_Aplicador=="H"])
##
##
    Shapiro-Wilk normality test
##
## data: BD$Veces_Risa[BD$Sexo_Aplicador == "H"]
## W = 0.87745, p-value = 0.178
El grupo A (expositor mujer) tiene un p-value menor de 0.05, mientras que el grupo B (expositor hombre)
tiene un p-value mayor de 0.05, por lo cual se concluye que los datos del número de eventos de risa no cumplen
el supuesto de normalidad.
#Se cambian las abreviaciones por el nombre completo
sexo_apl_nom <- factor(BD$Sexo_Aplicador,levels=c("H","M"),labels=c("Hombre","Mujer"))</pre>
Se puede comprobar visualmente este hecho:
```

```
scale_color_manual(values = c("#AD84BC","#E97979"))+
    theme_classic()+
    labs(color = 'Sexo del Aplicador',
    x = 'Risa (# de eventos)',
    y='Densidad',
    caption="Shapiro-Wilk, p=0.178")
```



Dado que los datos no cumplen el supuesto de normalidad, se pone a prueba el supuesto de homocedasticidad con la prueba de Levene

```
car::leveneTest(y=BD$Veces_Risa, group = as.factor(BD$Sexo_Aplicador), center = median)

## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)

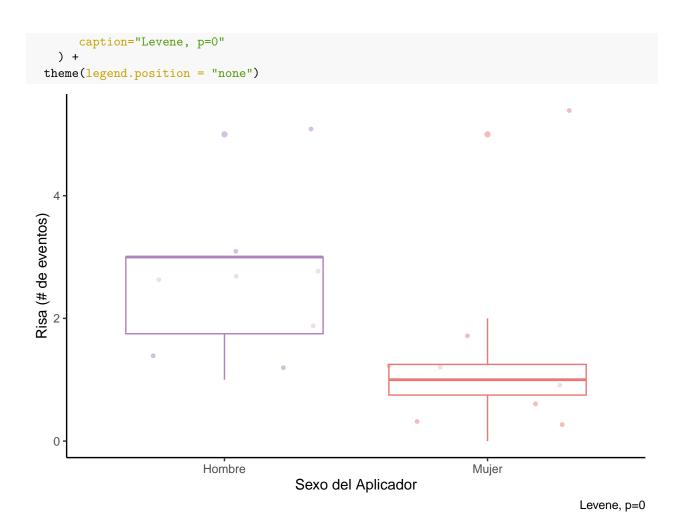
## Df F value Pr(>F)

## group 1 0 1

## 14
```

Como el p-value es un valor menor de 0.05, podemos rechazar la hipótesis nula (no rechazamos la hipotesis alternativa).

Se observa este hallazgo visualmente:



###DATOS ANALIZADOS EN FUNCION DEL SEXO DEL PARTICIPANTE

Obteniendo descriptivos

2.25

1 H

Se obtiene el análisas de los datos en función del sexo del participante.

1.5 1.91

```
BD %>% group_by(Sexo) %>% summarise(
 media= mean(Veces_Risa),
 mediana= median(Veces_Risa),
 ds= sd(Veces_Risa),
 varianza= var(Veces_Risa),
 minimo= min(Veces_Risa),
 maximo= max(Veces_Risa),
 muestra= n(),
 error_estandar=ds/sqrt(muestra),
 i_confianza_low= media-2*error_estandar,
  i_confianza_up= media+2*error_estandar
## # A tibble: 2 x 11
    Sexo media mediana
                            ds varianza minimo maximo muestra error_estan~1 i_con~2
                 <dbl> <dbl>
                                  <dbl> <int>
                                                <int>
                                                                               <dbl>
     <chr> <dbl>
                                                        <int>
                                                                      <dbl>
```

5

0.675

0.900

3.64

```
## 2 M 1.75 1.5 1.16 1.36 0 3 8 0.412 0.926
## # ... with 1 more variable: i_confianza_up <dbl>, and abbreviated variable
## # names 1: error_estandar, 2: i_confianza_low
```

Normalidad y homocedasticidad de los datos

Empleamos el test de Shapiro-Wilk ya que el tamaño de la muestra de cada grupo es menor a 50.

```
# Muestra menor a 50 participantes
shapiro.test(BD$Veces_Risa[BD$Sexo=="M"])

##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: BD$Veces_Risa[BD$Sexo == "M"]
## W = 0.8577, p-value = 0.1139
shapiro.test(BD$Veces_Risa[BD$Sexo=="H"])

##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: BD$Veces_Risa[BD$Sexo == "H"]
### W = 0.86525, p-value = 0.1354
```

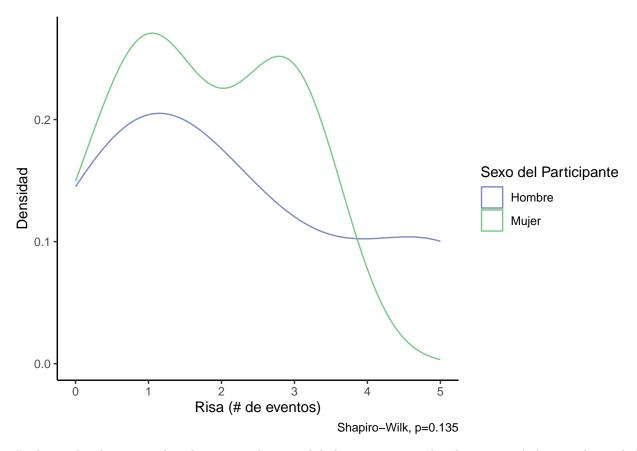
Tanto el grupo de participantes mujeres como el grupo de participantes hombres obtienen un p-value mayor de 0.05, por lo cual se concluye que los datos del número de eventos de risa cumplen el supuesto de normalidad.

#Se cambian las abreviaciones por el nombre completo

```
sexo_par_nom <- factor(BD$Sexo,levels=c("H","M"),labels=c("Hombre","Mujer"))</pre>
```

Se puede comprobar visualmente este hecho:

```
ggplot(data= BD, aes(x=Veces_Risa, color=sexo_par_nom)) +
  geom_density() +
  scale_color_manual(values = c("#7D8BC3","#75CC86"))+
    theme_classic()+
  labs(color = 'Sexo del Participante',
    x = 'Risa (# de eventos)',
    y='Densidad',
    caption="Shapiro-Wilk, p=0.135")
```



Dado que los datos cumplen el supuesto de normalidad, se pone a prueba el supuesto de homocedasticidad con la prueba de Bartlett para corroborar.

```
bartlett.test(BD$Veces_Risa ~ BD$Sexo)

##
## Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: BD$Veces_Risa by BD$Sexo
## Bartlett's K-squared = 1.5316, df = 1, p-value = 0.2159
```

Como el p-value es un valor mayor de 0.05, aceptamos la hipótesis nula (H0). Esto nos indica que nuestras dos muestras presentan varianzas iguales. Es decir: no se encuentran diferencias significativas entre las varianzas de los dos grupos.

Podemos observar esta aseveración en el siguiente gráfico:

```
ggplot(data = BD, aes(x = sexo_par_nom, y = Veces_Risa)) +
  geom_boxplot(aes(color = sexo_par_nom), alpha = 0.5) +
  geom_jitter(aes(color = sexo_par_nom), size = 1, alpha = 0.5) +
  scale_color_manual(values = c("#7D8BC3","#75CC86"))+
  theme_classic()+
  labs(x = 'Sexo del Participante',
        y = 'Risa (# de eventos)',
        caption="Bartlett, p=0.2159"
    ) +
  theme(legend.position = "none")
```

