

R4.R

Usuario

2025-11-27

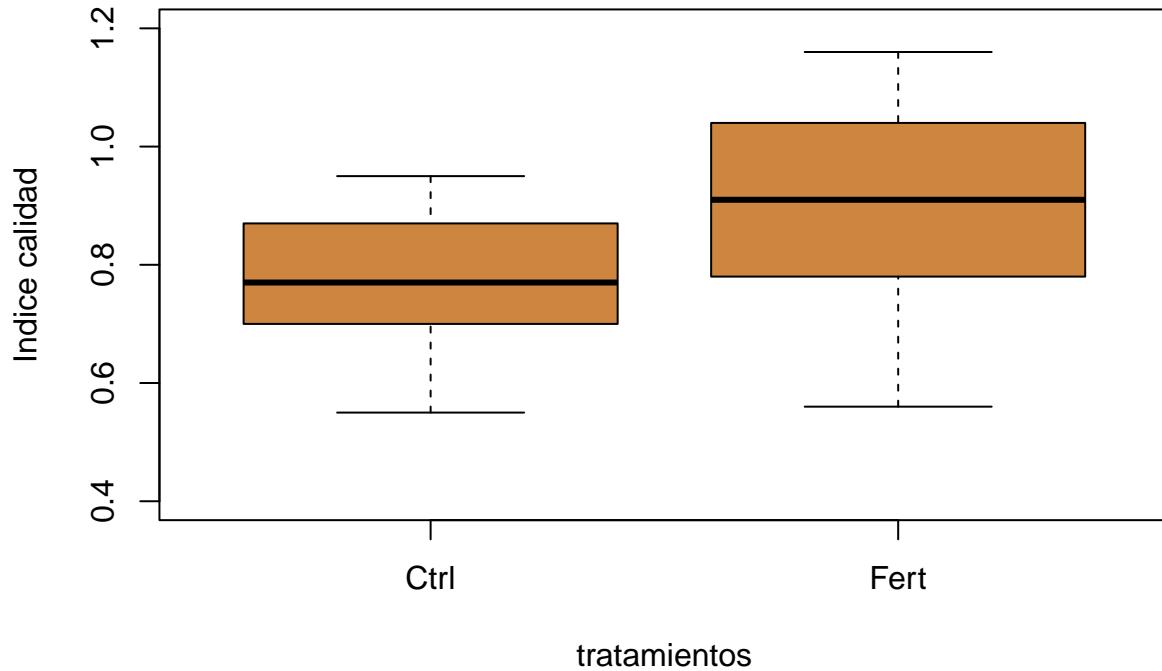
```
#Pruebas de t
##Caso de muestras independientes
#27/08/2025

#Importar datos de Indice de Calidad
Calidad.de.planta <- read.csv("C:/Users/Usuario.PC24.001/Downloads/Oliver NO BORRAR/Repositorio Oliver/")

Calidad.de.planta$Tratamiento <- as.factor(Calidad.de.planta$Tratamiento)

boxplot(Calidad.de.planta$IE ~ Calidad.de.planta$Tratamiento,
        col="peru",
        xlab="tratamientos",
        ylab="Indice calidad",
        ylim=c(0.4,1.2),
        main="Vivero Iturbide")
```

Vivero Iturbide



```
#Estadística descriptiva
```

```
planta <- Calidad.de.planta$planta
IE <- Calidad.de.planta$IE
Tratamiento <- Calidad.de.planta$Tratamiento
```

```
### tapply sirve para obtener un valor cuando contamos con varios grupos
```

```
tapply(Calidad.de.planta$IE,Calidad.de.planta$Tratamiento,mean) #Se utilizó (Calidad.de.planta$IE) para
```

```
##      Ctrl      Fert
## 0.7676190 0.9066667
```

```
tapply(IE,Tratamiento,var)
```

#abajo lo simplifique creando otros apartados

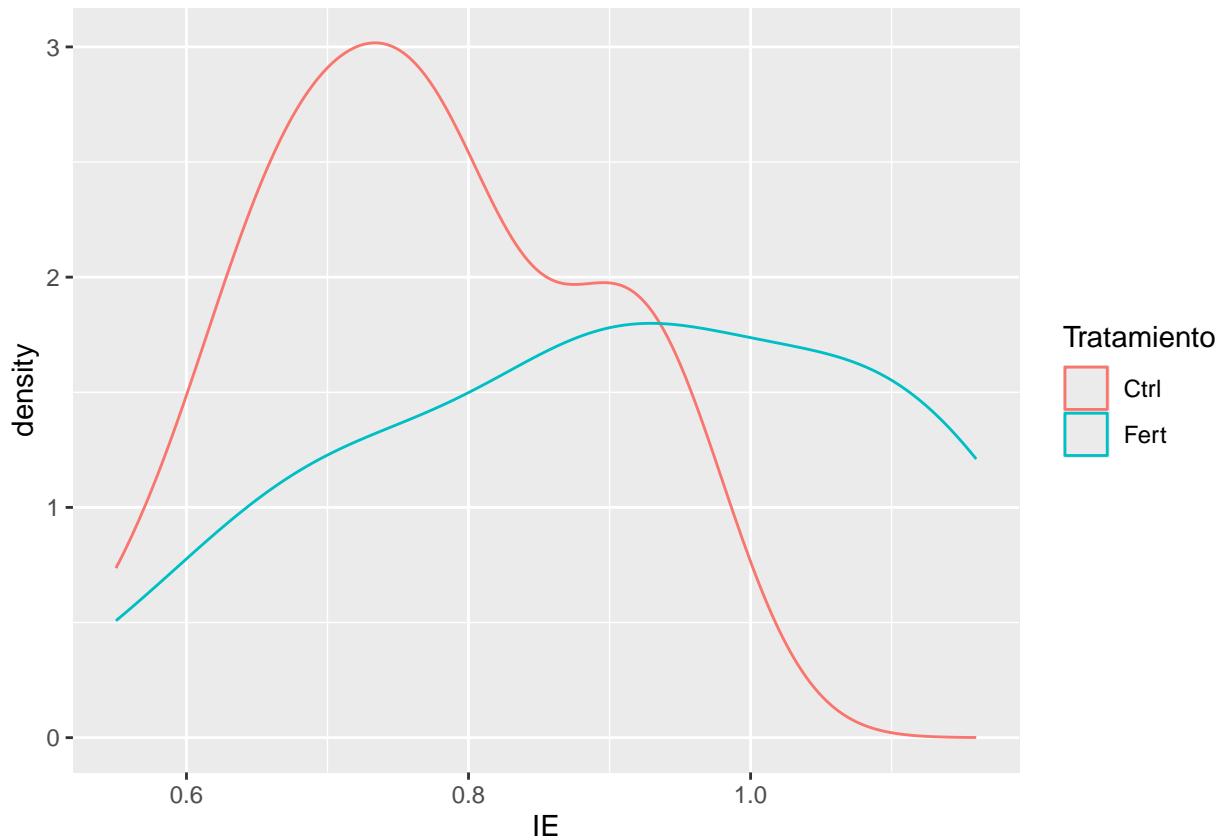
```
##      Ctrl      Fert
## 0.01329905 0.03238333
```

```
##Observamos que la varianza del grupo fert es 3 veces mas grande que el grupo control
#Se instaló ggplot2
```

```
library("ggplot2")
```

```
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 4.5.2
```

```
ggplot(Calidad.de.planta, aes(x=IE, color=Tratamiento))+  
  geom_density()
```



```
sd(IE, "na.rm"=FALSE)
```

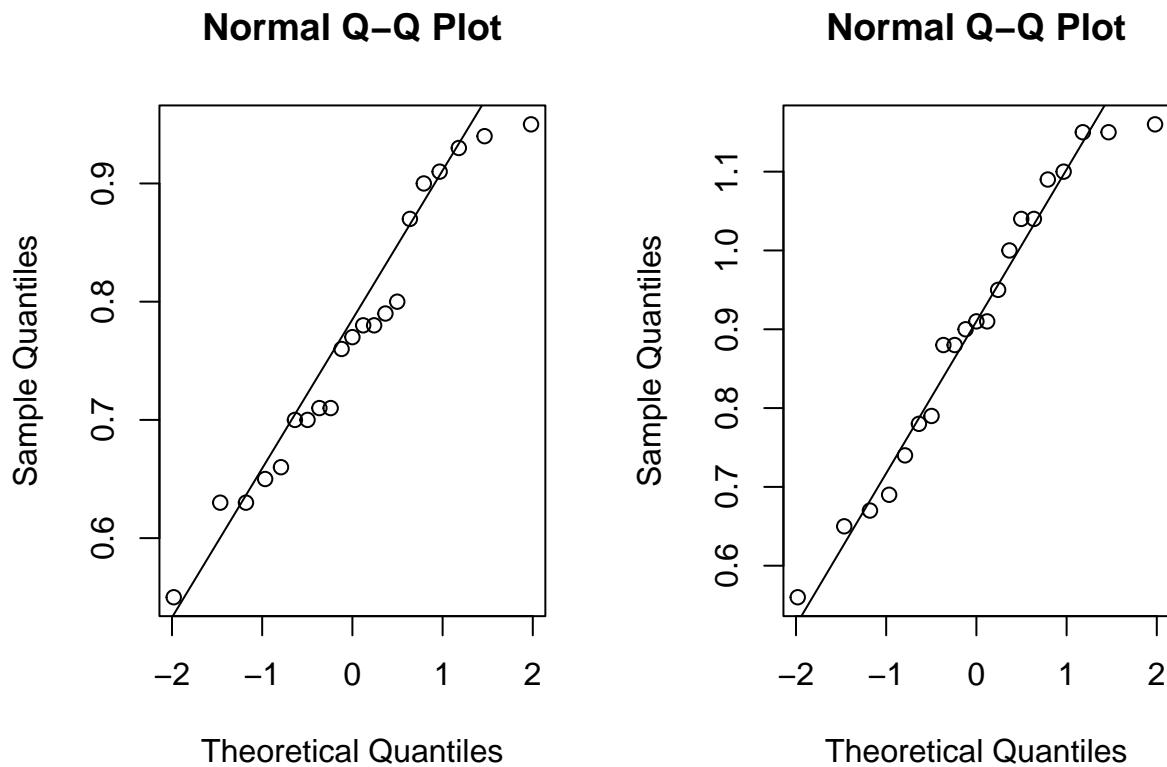
```
## [1] 0.1650319
```

```
#Vamos a separar los datos por tratamiento
```

```
df_ctlr <- subset(Calidad.de.planta, Tratamiento == "Ctrl")  
df_fert <- subset(Calidad.de.planta, Tratamiento != "Ctrl")
```

```
#Vamos a revisar la normalidad de los datos
```

```
par(mfrow=c(1,2)) #Este es para poder ver al mismo tiempo los dos graficos de abajo, le estoy diciendo  
qqnorm(df_ctlr$IE);qqline(df_ctlr$IE)  
qqnorm(df_fert$IE);qqline(df_fert$IE)
```



```

par(mfrow=c(1,1)) #Este es para volver a la normalidad, le estoy diciendo que quiero una fila y una columna

shapiro.test(df_ctlr$IE)

## 
##  Shapiro-Wilk normality test
## 
## data: df_ctlr$IE
## W = 0.9532, p-value = 0.3908

shapiro.test(df_fert$IE)

## 
##  Shapiro-Wilk normality test
## 
## data: df_fert$IE
## W = 0.95339, p-value = 0.3941

#vamos a revisar las varianzas          ##
#####var.test(IE ~ Tratamiento)      ##      ##
##
```

```

## F test to compare two variances
##
## data: IE by Tratamiento
## F = 0.41068, num df = 20, denom df = 20, p-value = 0.05304
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 0.1666376 1.0121038
## sample estimates:
## ratio of variances
## 0.4106757

var.test(df_ctlr$IE,df_fert$IE) # ##### ## Se puede de cualquiera de las dos formas

## 
## F test to compare two variances
##
## data: df_ctlr$IE and df_fert$IE
## F = 0.41068, num df = 20, denom df = 20, p-value = 0.05304
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equal to 1
## 95 percent confidence interval:
## 0.1666376 1.0121038
## sample estimates:
## ratio of variances
## 0.4106757

#####
## 

#Aplicar la prueba de t, varianzas iguales
#dos colas=two.sided

t.test(IE~Tratamiento, var.equal=TRUE,
       alternative="two.sided")

## 
## Two Sample t-test
##
## data: IE by Tratamiento
## t = -2.9813, df = 40, p-value = 0.004868
## alternative hypothesis: true difference in means between group Ctrl and group Fert is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -0.23331192 -0.04478332
## sample estimates:
## mean in group Ctrl mean in group Fert
## 0.7676190 0.90666667

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 }

d_cal <- cohens_efecto(df_ctlr$IE, df_fert$IE)

```