

# Tests de hipótesis

Técnicas estadísticas avanzadas para la conservación de la biodiversidad - Universidad de Huelva

---

David García Callejas

01/2021

Una vez tenemos datos observacionales o experimentales, queremos comprobar nuestras hipótesis ecológicas:

- ¿producen los individuos fertilizados más frutos?

Una vez tenemos datos observacionales o experimentales, queremos comprobar nuestras hipótesis ecológicas:

- ¿producen los individuos fertilizados más frutos?
- ¿hay más abundancia de coleópteros en zonas abiertas o boscosas?

Una vez tenemos datos observacionales o experimentales, queremos comprobar nuestras hipótesis ecológicas:

- ¿producen los individuos fertilizados más frutos?
- ¿hay más abundancia de coleópteros en zonas abiertas o boscosas?
- ¿hay más riqueza de especies en suelos salinos o neutros?

Una vez tenemos datos observacionales o experimentales, queremos comprobar nuestras hipótesis ecológicas:

- ¿producen los individuos fertilizados más frutos?
- ¿hay más abundancia de coleópteros en zonas abiertas o boscosas?
- ¿hay más riqueza de especies en suelos salinos o neutros?

Todas estas preguntas implican contrastar dos o más muestras de diferentes poblaciones.

Cuando comparamos una serie de poblaciones a través de muestras, siempre estamos comprobando una hipótesis:

- Hipótesis nula: No hay diferencias entre las poblaciones

Cuando comparamos una serie de poblaciones a través de muestras, siempre estamos comprobando una hipótesis:

- Hipótesis nula: No hay diferencias entre las poblaciones
- Hipótesis alternativa: Hay diferencias significativas

¿Tiene sentido esta forma de pensar en ecología?

- En el mundo natural, no hay dos poblaciones exactamente iguales



¿Tiene sentido esta forma de pensar en ecología?

- En el mundo natural, no hay dos poblaciones exactamente iguales
- En vez de tests dicotómicos, en ecología tiene más sentido preguntar por la *magnitud* de las diferencias

## Are there any differences? A non-sensical question in ecology

Alejandro Martínez-Abraín

IMEDEA (CSIC-UIB), C/Miquel Marquès 21, 07190 Esporles, Majorca, Spain

---

### ARTICLE INFO

#### Article history:

Received 19 December 2006

Accepted 27 April 2007

Published online 13 June 2007

---

#### Keywords:

### ABSTRACT

One of the main questions that ecologists pose in their investigations includes the analysis of differences in some trait between two or more populations. I argue here that asking whether there are differences or not between populations is biologically irrelevant, since **no two living things are ever equal**. On the contrary **the appropriate question to pose is how large differences are between populations**. That is, **we urge a shift in interest from statistical significance to biological relevance** for proper knowledge accumulation. I empha-

Dicho esto, es necesario conocer los fundamentos de los tests de hipótesis, pues subyacen a la mayoría de análisis estadísticos que os encontraréis.

Pasos:

- Definir la hipótesis nula/alternativa

Dicho esto, es necesario conocer los fundamentos de los tests de hipótesis, pues subyacen a la mayoría de análisis estadísticos que os encontraréis.

Pasos:

- Definir la hipótesis nula/alternativa
- Exploración de los datos

Dicho esto, es necesario conocer los fundamentos de los tests de hipótesis, pues subyacen a la mayoría de análisis estadísticos que os encontraréis.

Pasos:

- Definir la hipótesis nula/alternativa
- Exploración de los datos
- Realizar el test estadístico

Dicho esto, es necesario conocer los fundamentos de los tests de hipótesis, pues subyacen a la mayoría de análisis estadísticos que os encontraréis.

Pasos:

- Definir la hipótesis nula/alternativa
- Exploración de los datos
- Realizar el test estadístico
- Estimar la significación estadística

Dicho esto, es necesario conocer los fundamentos de los tests de hipótesis, pues subyacen a la mayoría de análisis estadísticos que os encontraréis.

Pasos:

- Definir la hipótesis nula/alternativa
- Exploración de los datos
- Realizar el test estadístico
- Estimar la significación estadística
- Interpretar los resultados

- Definir la hipótesis nula/alternativa -> diseño experimental

Los números y tablas, por sí solos, no son *nunca* suficientes para entender patrones. Es **imprescindible** visualizar los datos para identificar potenciales problemas o tendencias.



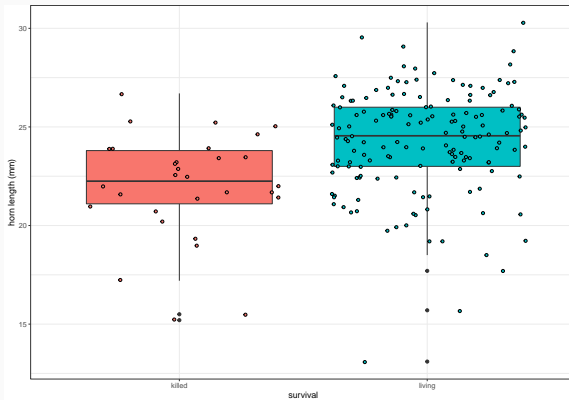
- Definir la hipótesis nula/alternativa -> diseño experimental
- Exploración de los datos

Los números y tablas, por sí solos, no son *nunca* suficientes para entender patrones. Es **imprescindible** visualizar los datos para identificar potenciales problemas o tendencias.

# Tests de hipótesis

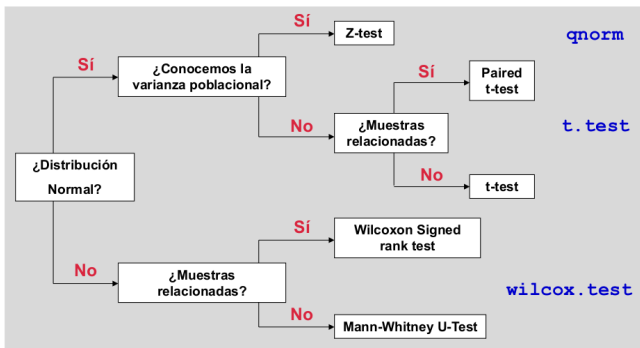
```
horned_lizards <-  
  read.csv(file = here::here("datasets",  
                              "chap12e3HornedLizards.csv"))  
  
dist.hl <- ggplot(horned_lizards, aes(x = Survival,  
                                     y = squamosalHornLength)) +  
  geom_boxplot(aes(fill = Survival)) +  
  geom_point(aes(fill = Survival), shape = 21,  
             position = position_jitter()) +  
  labs(y = "horn length (mm)", x = "survival") +  
  guides(fill = FALSE) +  
  theme_bw()
```

# Tests de hipótesis



# Tests de hipótesis

## Tipos de tests (2 muestras)

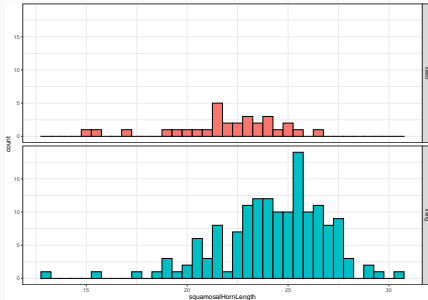


# Tests de hipótesis

## 1. ¿Datos normales?

- De nuevo: visualización

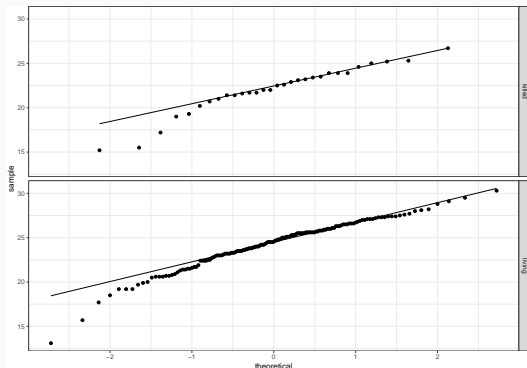
```
ggplot(horned_lizards, aes(x = squamosalHornLength)) +  
  geom_histogram(aes(fill = Survival),  
                 binwidth = .5, color = "black") +  
  facet_grid(Survival~.) +  
  guides(fill = FALSE) +  
  theme_bw()
```



# Tests de hipótesis

QQplot: datos normales deberían ajustarse a la línea recta

```
ggplot(horned_lizards, aes(sample = squamosalHornLength)) +  
  stat_qq() + stat_qq_line() +  
  facet_grid(Survival~.) +  
  theme_bw()
```



# Tests de hipótesis

Tests estadísticos para comprobar normalidad:

- Para muestras pequeñas (e.g.  $< 50$ ): `shapiro.test`
- Para muestras  $> 50$  (aprox): Kolmogorov-Smirnov

```
x <- horned_lizards$squamosalHornLength
x <- x[which(!is.na(x))]
ks.test(x, "pnorm", mean=mean(x), sd=sd(x))
```

```
## Warning in ks.test(x, "pnorm", mean = mean(x), sd = sd(x)): ties sho
## present for the Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
```

```
## One-sample Kolmogorov-Smirnov test
```

```
##
```

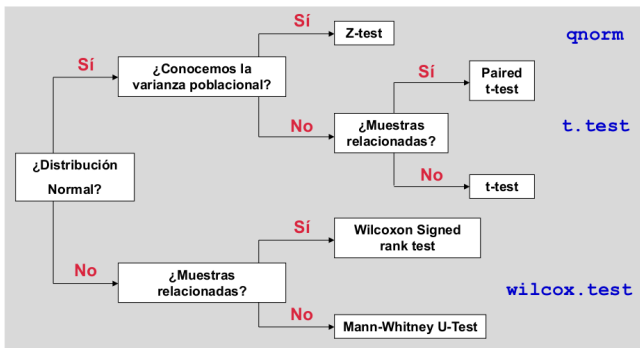
```
## data: x
```

```
## D = 0.072741, p-value = 0.2846
```

```
## alternative hypothesis: two-sided
```

# Tests de hipótesis

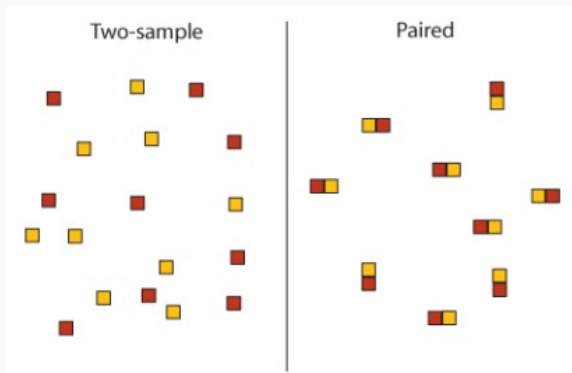
## Tipos de tests (2 muestras)





# Tests de hipótesis

- En general, desconocemos la varianza poblacional, así que la siguiente pregunta depende de si las muestras son pareadas o no.



# Tests de hipótesis

- **Prueba de la t:** diferencias entre las medias de dos muestras con distribución normal y varianzas similares

```
t.test(squamosalHornLength ~ Survival,  
       data = horned_lizards,  
       paired = FALSE)
```

```
##  
##  Welch Two Sample t-test  
##  
## data:  squamosalHornLength by Survival  
## t = -4.2634, df = 40.372, p-value = 0.0001178  
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0  
## 95 percent confidence interval:  
##  -3.381912 -1.207092  
## sample estimates:  
## mean in group killed mean in group living  
##           21.98667           24.28117
```

Otra sintaxis:

```
x <- horned_lizards$squamosalHornLength[
  horned_lizards$Survival == "living"]
y <- horned_lizards$squamosalHornLength[
  horned_lizards$Survival == "killed"]
t.test(x,y,paired = FALSE)
```

- **Prueba U de Mann-Whitney:** Cuando no se cumplen las asunciones de normalidad y similitud en varianzas

```
wilcox.test(squamosalHornLength ~ Survival,  
            data = horned_lizards,  
            paired = FALSE)
```

```
##  
## Wilcoxon rank sum test with continuity correction  
##  
## data:  squamosalHornLength by Survival  
## W = 1181.5, p-value = 2.366e-05  
## alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0
```

- En todos estos casos, el test calcula un *estadístico*, un número que evalúa cómo de compatibles son los datos con el resultado esperado bajo la hipótesis nula.

# Tests de hipótesis

- En todos estos casos, el test calcula un *estadístico*, un número que evalúa cómo de compatibles son los datos con el resultado esperado bajo la hipótesis nula.
- Lo que queremos obtener, al fin y al cabo, es la probabilidad de obtener nuestros datos *en el caso de que la hipótesis nula sea cierta*. El estadístico (t en `t.test`, W en `wilcox.test`) tiene un p-valor asociado, que cuantifica esta probabilidad.

# Tests de hipótesis

- En todos estos casos, el test calcula un *estadístico*, un número que evalúa cómo de compatibles son los datos con el resultado esperado bajo la hipótesis nula.
- Lo que queremos obtener, al fin y al cabo, es la probabilidad de obtener nuestros datos *en el caso de que la hipótesis nula sea cierta*. El estadístico (t en `t.test`, W en `wilcox.test`) tiene un p-valor asociado, que cuantifica esta probabilidad.
- **Cuidado:** el p-valor NO cuantifica la probabilidad de que la hipótesis nula sea cierta.

- Una vez calculado el p-valor asociado a nuestro test, podemos aceptar la hipótesis nula (no hay diferencias entre las dos medias muestrales) o rechazar la hipótesis nula con las muestras proporcionadas. Un p-valor bajo (cercano a cero) indica que es poco probable que nuestros datos provengan de poblaciones iguales.



# Tests de hipótesis

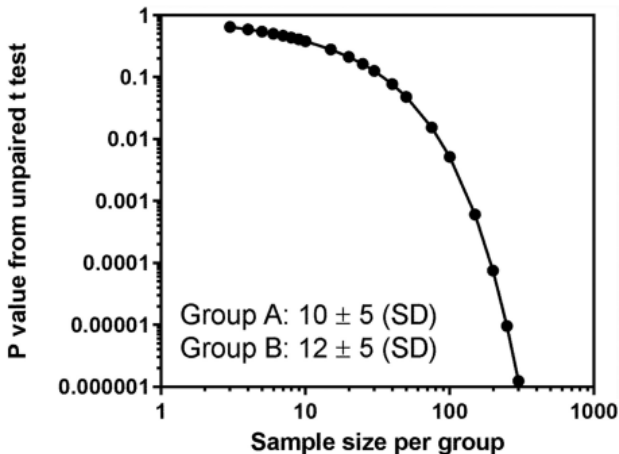
- Una vez calculado el p-valor asociado a nuestro test, podemos aceptar la hipótesis nula (no hay diferencias entre las dos medias muestrales) o rechazar la hipótesis nula con las muestras proporcionadas. Un p-valor bajo (cercano a cero) indica que es poco probable que nuestros datos provengan de poblaciones iguales.
- Pero, ¿cómo de bajo ha de ser el p-valor para aceptar o no la hipótesis nula?

# Tests de hipótesis

- Una vez calculado el p-valor asociado a nuestro test, podemos aceptar la hipótesis nula (no hay diferencias entre las dos medias muestrales) o rechazar la hipótesis nula con las muestras proporcionadas. Un p-valor bajo (cercano a cero) indica que es poco probable que nuestros datos provengan de poblaciones iguales.
- Pero, ¿cómo de bajo ha de ser el p-valor para aceptar o no la hipótesis nula?
- Tomamos un valor arbitrario, que denota el grado de significación que queremos asociar. Generalmente, usamos  $\alpha = 0.05$ . En este caso, si el p-valor es  $< 0.05$ , podemos rechazar la hipótesis nula con un 95% de confianza.

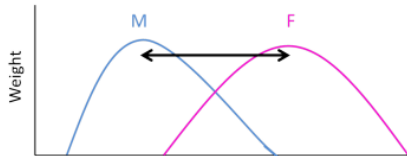
# Tests de hipótesis

- Una práctica muy común, y absolutamente errónea, es tomar el p-valor como una verdad absoluta sobre nuestras hipótesis.
  - El p-valor depende del tamaño muestral: mayores tamaños muestrales pueden generar diferencias significativas más fácilmente.

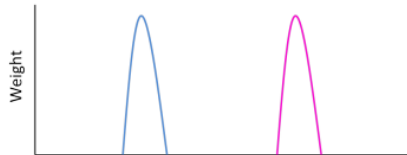


# Tests de hipótesis

- Una práctica muy común, y absolutamente errónea, es tomar el p-valor como una verdad absoluta sobre nuestras hipótesis.
  - El p-valor depende del tamaño muestral: mayores tamaños muestrales pueden generar diferencias significativas más fácilmente.
  - La significación estadística NO implica importancia biológica (y viceversa).



$P \gg 0.05$



$P \ll 0.05$

# Tests de hipótesis

¿Es significativa una diferencia de 0.1 unidades entre dos poblaciones?

```
num.muestras <- seq(from = 10, to = 10000, by = 10)

resultados <- data.frame(muestras = num.muestras,
                          p.valor = NA)

for(i in num.muestras){
  m1 <- rnorm(i, 0, 1)
  m2 <- rnorm(i, 0.1, 1)

  mi.test <- t.test(m1, m2)
  resultados$p.valor[resultados$muestras == i] <-
    mi.test$p.value
}
```

# Tests de hipótesis

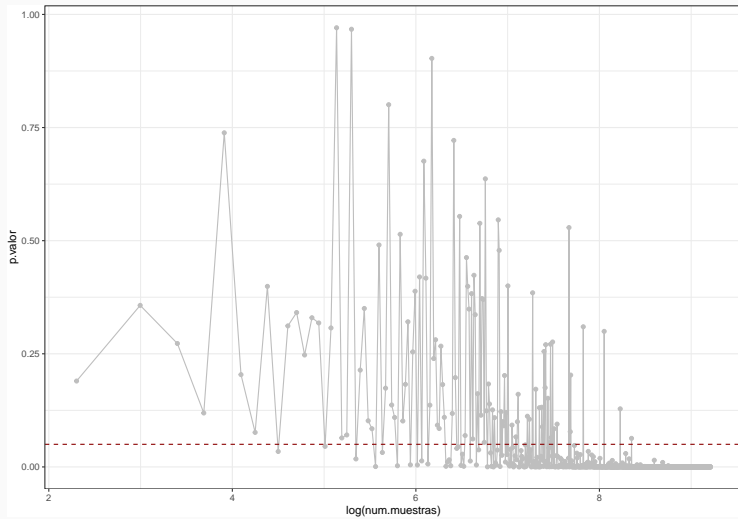
```
head(resultados)
```

```
##      muestras    p.valor  
## 1          10 0.1898242  
## 2          20 0.3570475  
## 3          30 0.2726927  
## 4          40 0.1191877  
## 5          50 0.7383706  
## 6          60 0.2039672
```

# Tests de hipótesis

```
ggplot(resultados, aes(x = log(num.muestras),  
                        y = p.valor,  
                        group = 1)) +  
  geom_point(color = "grey") +  
  geom_line(color = "grey") +  
  geom_hline(yintercept = 0.05,  
             linetype = "dashed",  
             color = "darkred") +  
  theme_bw()
```

# Tests de hipótesis





<https://doi.org/10.1080/00031305.2016.1154108>

## **The ASA Statement on *p*-Values: Context, Process, and Purpose**

Ronald L. Wasserstein & Nicole A. Lazar

- P-values do not measure the probability of hypothesis being true, or the probability that the data were produced by random chance alone.

<https://doi.org/10.1080/00031305.2016.1154108>

## **The ASA Statement on *p*-Values: Context, Process, and Purpose**

Ronald L. Wasserstein & Nicole A. Lazar

- P-values do not measure the probability of hypothesis being true, or the probability that the data were produced by random chance alone.
- Scientific conclusions or policy decisions should NOT be based only on whether a p-value passes a specific threshold.

<https://doi.org/10.1080/00031305.2016.1154108>

## **The ASA Statement on *p*-Values: Context, Process, and Purpose**

Ronald L. Wasserstein & Nicole A. Lazar

- P-values do not measure the probability of hypothesis being true, or the probability that the data were produced by random chance alone.
- Scientific conclusions or policy decisions should NOT be based only on whether a p-value passes a specific threshold.
- P-value, or statistical significance, does not measure the size of an effect or the importance of a result.

<https://doi.org/10.1080/00031305.2016.1154108>

## **The ASA Statement on *p*-Values: Context, Process, and Purpose**

Ronald L. Wasserstein & Nicole A. Lazar

- P-values do not measure the probability of hypothesis being true, or the probability that the data were produced by random chance alone.
- Scientific conclusions or policy decisions should NOT be based only on whether a p-value passes a specific threshold.
- P-value, or statistical significance, does not measure the size of an effect or the importance of a result.
- By itself, a p-value does NOT provide a good measure of evidence regarding a model or hypothesis.

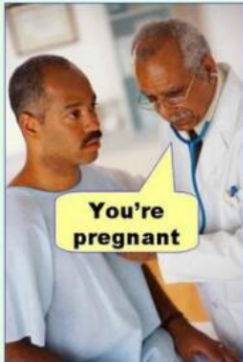
¿Qué tipos de error podemos cometer?

- Rechazar la hipótesis nula en un test estadístico no quiere decir necesariamente que ésta sea *realmente* falsa.
- Igualmente, aceptar la hipótesis nula no implica que ésta sea cierta.
  - Trabajamos con muestras sujetas a estocasticidad: errores muestrales, aleatorios, efectos no considerados, etc.

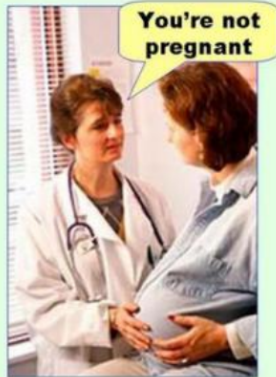
# Tests de hipótesis

¿Qué tipos de error podemos cometer?

**Type I error**  
(false positive)



**Type II error**  
(false negative)



# Tests de hipótesis

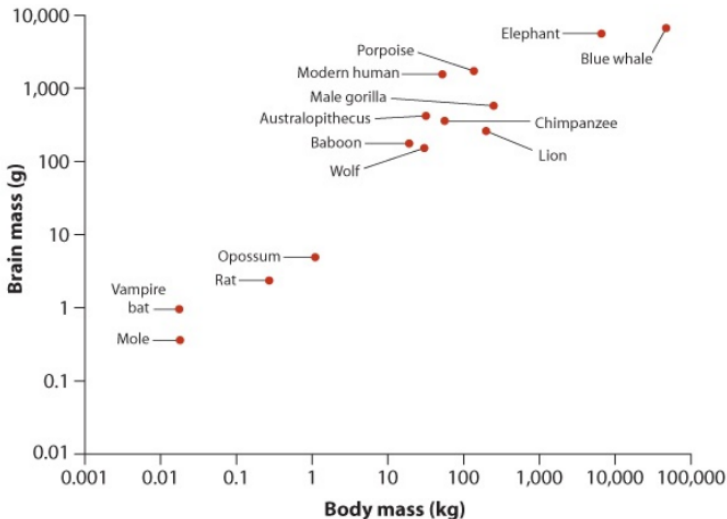
|                          |              | Truth about the population |                  |
|--------------------------|--------------|----------------------------|------------------|
|                          |              | $H_0$ true                 | $H_a$ true       |
| Decision based on sample | Reject $H_0$ | Type I error               | Correct decision |
|                          | Accept $H_0$ | Correct decision           | Type II error    |

- Otro tipo de tests nos indican si dos variables están *correlacionadas*



# Tests de hipótesis

¿Está correlacionado el tamaño corporal con la masa cerebral?



# Tests de hipótesis

¿Cómo se cuantifica la correlación entre dos variables numéricas?

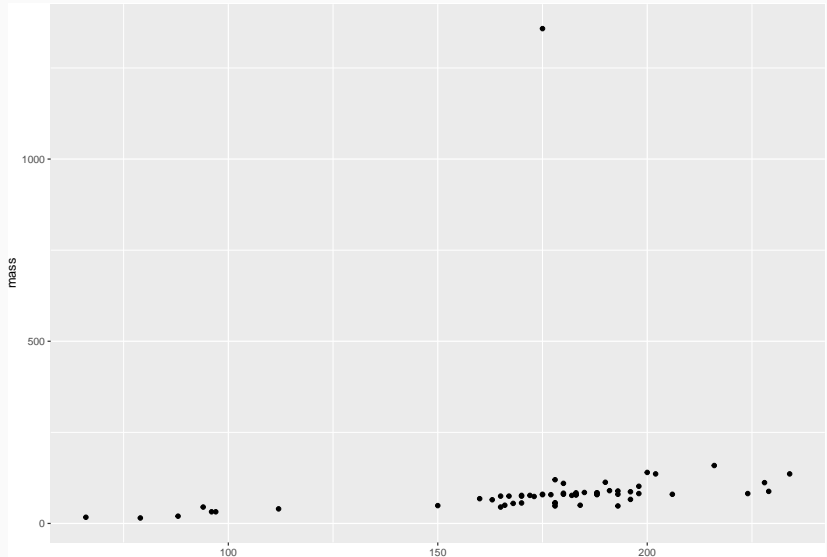
- Coeficientes de correlación: Pearson, Spearman, Kendall
- Variación entre  $[-1,1]$

```
pob <- read.csv2(here::here("datasets",  
                           "starwars_info_personajes.csv"),  
                dec=",")  
pob.clean <- subset(pob, !is.na(height) & !is.na(mass))  
  
cor(x = pob.clean$height,  
    y = pob.clean$mass,  
    method = "pearson")
```

```
## [1] 0.1338842
```

# Tests de hipótesis

```
ggplot(pob.clean, aes(x = height, y = mass)) +  
  geom_point()
```



# Tests de hipótesis

Si eliminamos el outlier...

```
pob.clean.2 <- pob.clean[-which(pob.clean$mass ==  
                                max(pob.clean$mass)),]  
  
cor(x = pob.clean.2$height,  
    y = pob.clean.2$mass,  
    method = "pearson")
```

```
## [1] 0.7612612
```

# Tests de hipótesis

Correlaciones entre múltiples variables: matriz de correlaciones

```
library(tidyverse)
dat <- mtcars %>%
  select(-vs, -am)

head(dat, 5)
```

| ##                   | mpg  | cyl | disp | hp  | drat | wt    | qsec  | gear | carb |
|----------------------|------|-----|------|-----|------|-------|-------|------|------|
| ## Mazda RX4         | 21.0 | 6   | 160  | 110 | 3.90 | 2.620 | 16.46 | 4    | 4    |
| ## Mazda RX4 Wag     | 21.0 | 6   | 160  | 110 | 3.90 | 2.875 | 17.02 | 4    | 4    |
| ## Datsun 710        | 22.8 | 4   | 108  | 93  | 3.85 | 2.320 | 18.61 | 4    | 1    |
| ## Hornet 4 Drive    | 21.4 | 6   | 258  | 110 | 3.08 | 3.215 | 19.44 | 3    | 1    |
| ## Hornet Sportabout | 18.7 | 8   | 360  | 175 | 3.15 | 3.440 | 17.02 | 3    | 2    |

# Tests de hipótesis

Correlaciones entre múltiples variables: matriz de correlaciones

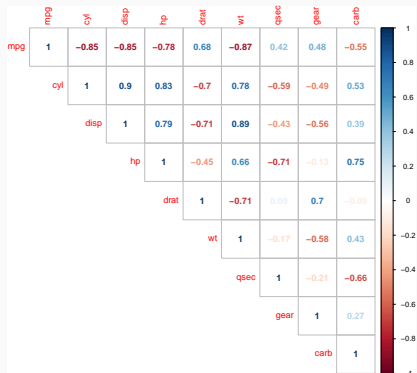
```
round(cor(dat),digits = 2)
```

| ##      | mpg   | cyl   | disp  | hp    | drat  | wt    | qsec  | gear  | carb  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| ## mpg  | 1.00  | -0.85 | -0.85 | -0.78 | 0.68  | -0.87 | 0.42  | 0.48  | -0.55 |
| ## cyl  | -0.85 | 1.00  | 0.90  | 0.83  | -0.70 | 0.78  | -0.59 | -0.49 | 0.53  |
| ## disp | -0.85 | 0.90  | 1.00  | 0.79  | -0.71 | 0.89  | -0.43 | -0.56 | 0.39  |
| ## hp   | -0.78 | 0.83  | 0.79  | 1.00  | -0.45 | 0.66  | -0.71 | -0.13 | 0.75  |
| ## drat | 0.68  | -0.70 | -0.71 | -0.45 | 1.00  | -0.71 | 0.09  | 0.70  | -0.09 |
| ## wt   | -0.87 | 0.78  | 0.89  | 0.66  | -0.71 | 1.00  | -0.17 | -0.58 | 0.43  |
| ## qsec | 0.42  | -0.59 | -0.43 | -0.71 | 0.09  | -0.17 | 1.00  | -0.21 | -0.66 |
| ## gear | 0.48  | -0.49 | -0.56 | -0.13 | 0.70  | -0.58 | -0.21 | 1.00  | 0.27  |
| ## carb | -0.55 | 0.53  | 0.39  | 0.75  | -0.09 | 0.43  | -0.66 | 0.27  | 1.00  |

# Tests de hipótesis

```
library(corrplot)

corrplot(cor(dat),
  method = "number",
  type = "upper")
```



# Tests de hipótesis

```
library(correlation)

tabla.correlaciones <- correlation::correlation(dat,
  include_factors = TRUE, method = "auto")

head(tabla.correlaciones[,c(1,2,3,8,9)])
```

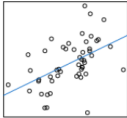
| ## Parameter1 |       | Parameter2 |  | r     |  | p      |  | Method  |
|---------------|-------|------------|--|-------|--|--------|--|---------|
| ##            | ----- |            |  |       |  |        |  |         |
| ## mpg        |       | cyl        |  | -0.85 |  | < .001 |  | Pearson |
| ## mpg        |       | disp       |  | -0.85 |  | < .001 |  | Pearson |
| ## mpg        |       | hp         |  | -0.78 |  | < .001 |  | Pearson |
| ## mpg        |       | drat       |  | 0.68  |  | < .001 |  | Pearson |
| ## mpg        |       | wt         |  | -0.87 |  | < .001 |  | Pearson |
| ## mpg        |       | qsec       |  | 0.42  |  | 0.137  |  | Pearson |



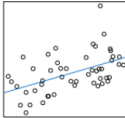
# Tests de hipótesis

All correlations:  $r(50) = 0.5$

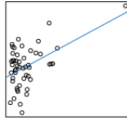
(1) Normal x, normal residuals



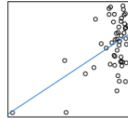
(2) Uniform x, normal residuals



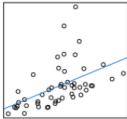
(3) ++skewed x, normal residuals



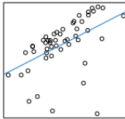
(4) --skewed x, normal residuals



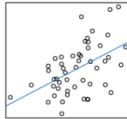
(5) Normal x, ++skewed residuals



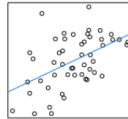
(6) Normal x, --skewed residuals



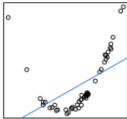
(7) Increasing spread



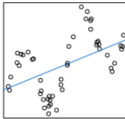
(8) Decreasing spread



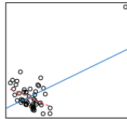
(9) Quadratic trend



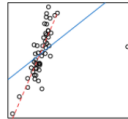
(10) Sinusoid relationship



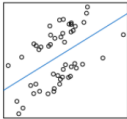
(11) A single positive outlier



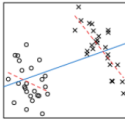
(12) A single negative outlier



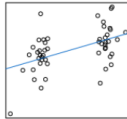
(13) Bimodal residuals



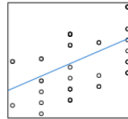
(14) Two groups



(15) Sampling at the extremes



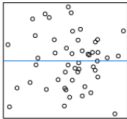
(16) Coarse data



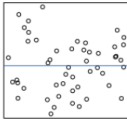
# Tests de hipótesis

All correlations:  $r(50) = 0$

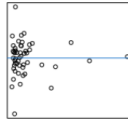
(1) Normal x, normal residuals



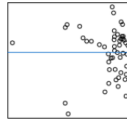
(2) Uniform x, normal residuals



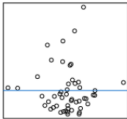
(3) +skewed x, normal residuals



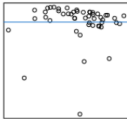
(4) -skewed x, normal residuals



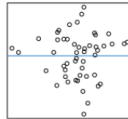
(5) Normal x, +skewed residuals



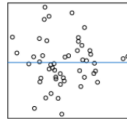
(6) Normal x, -skewed residuals



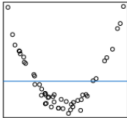
(7) Increasing spread



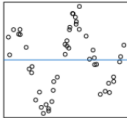
(8) Decreasing spread



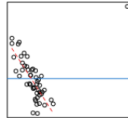
(9) Quadratic trend



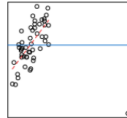
(10) Sinusoid relationship



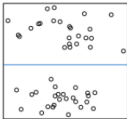
(11) A single positive outlier



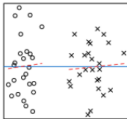
(12) A single negative outlier



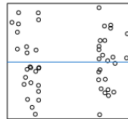
(13) Bimodal residuals



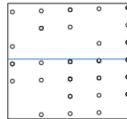
(14) Two groups



(15) Sampling at the extremes



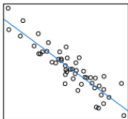
(16) Coarse data



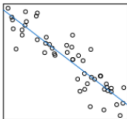
# Tests de hipótesis

All correlations:  $r(50) = -0.9$

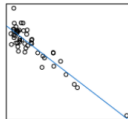
(1) Normal x, normal residuals



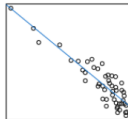
(2) Uniform x, normal residuals



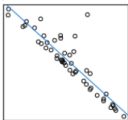
(3) +skewed x, normal residuals



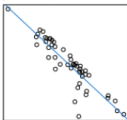
(4) -skewed x, normal residuals



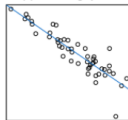
(5) Normal x, +skewed residuals



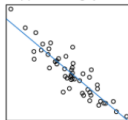
(6) Normal x, -skewed residuals



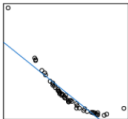
(7) Increasing spread



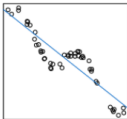
(8) Decreasing spread



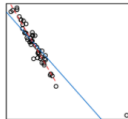
(9) Quadratic trend



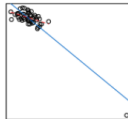
(10) Sinusoid relationship



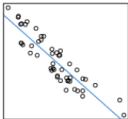
(11) A single positive outlier



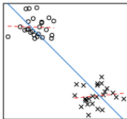
(12) A single negative outlier



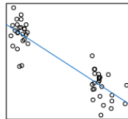
(13) Bimodal residuals



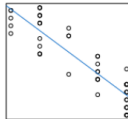
(14) Two groups



(15) Sampling at the extremes



(16) Coarse data



<https://rpsychologist.com/correlation/>

## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes

## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes
- Se basan en testar una hipótesis nula (no hay diferencias entre medias) frente a la alternativa (sí hay diferencias)

## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes
- Se basan en testar una hipótesis nula (no hay diferencias entre medias) frente a la alternativa (sí hay diferencias)
- Existen tests para datos que provienen de distribuciones normales (t-test) o no normales (U Mann-Whitney)

## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes
- Se basan en testar una hipótesis nula (no hay diferencias entre medias) frente a la alternativa (sí hay diferencias)
- Existen tests para datos que provienen de distribuciones normales (t-test) o no normales (U Mann-Whitney)
- La significación *estadística* viene dada por un parámetro llamado p-valor



## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes
- Se basan en testar una hipótesis nula (no hay diferencias entre medias) frente a la alternativa (sí hay diferencias)
- Existen tests para datos que provienen de distribuciones normales (t-test) o no normales (U Mann-Whitney)
- La significación *estadística* viene dada por un parámetro llamado p-valor
- El p-valor, por sí solo, no nos dice nada de la relevancia *biológica* de las diferencias entre poblaciones

## Resumen

- Los tests de hipótesis nos permiten cuantificar diferencias entre dos muestras de poblaciones diferentes
- Se basan en testar una hipótesis nula (no hay diferencias entre medias) frente a la alternativa (sí hay diferencias)
- Existen tests para datos que provienen de distribuciones normales (t-test) o no normales (U Mann-Whitney)
- La significación *estadística* viene dada por un parámetro llamado p-valor
- El p-valor, por sí solo, no nos dice nada de la relevancia *biológica* de las diferencias entre poblaciones
- Los tests para evaluar correlaciones nos indican la relación observada entre dos variables numéricas

## Recetario de R

```
# normalidad de una muestra
shapiro.test(pob.clean)

# test de hipótesis para la igualdad de medias
# de dos muestras normales
t.test(squamosalHornLength ~ Survival,
       data = horned_lizards)

# test de hipótesis para la igualdad de medias
# de dos muestras no normales
wilcox.test(squamosalHornLength ~ Survival,
            data = horned_lizards)
```

## Recetario de R

```
# correlación entre dos muestras
cor(dat$mpg, dat$cyl)

# correlación entre múltiples variables
correlation::correlation(dat,
  include_factors = TRUE,
  method = "auto")

# resumen gráfico de la matriz
# de correlaciones
corrplot(cor(dat),
  method = "number",
  type = "upper")
```