

Tarea_9_MelvinDeLaRosa.R

iaguilar

2021-09-27

```
#Tarea 9 Análisis de Varianza  
#Melvin Isac De La Rosa Estrada  
#matrícula 1634380
```

```
# Ejercicio 1 -----
```

```
j.1 <- c(127,166,136,182,133)  
j.2 <- c(162,156,123,136,127)  
j.3 <- c(155,140,125,115,117)  
j.4 <- c(124,95,88,97,98)  
j.5 <- c(169,147,166,157,169)  
  
y.nem <- c(j.1,j.2,j.3,j.4,j.5)  
y.nem
```

```
## [1] 127 166 136 182 133 162 156 123 136 127 155 140 125 115 117 124 95 88 97  
## [20] 98 169 147 166 157 169
```

```
suelo <- gl(5,5,25, labels = c("J=1", "J=2", "J=3", "J=4", "J=5"))  
suelo
```

```
## [1] J=1 J=1 J=1 J=1 J=1 J=2 J=2 J=2 J=2 J=2 J=3 J=3 J=3 J=3 J=3 J=4 J=4 J=4 J=4  
## [20] J=4 J=5 J=5 J=5 J=5 J=5  
## Levels: J=1 J=2 J=3 J=4 J=5
```

```
nematodos <- data.frame(y.nem, suelo)
```

```
nematodos
```

```
##      y.nem suelo  
## 1      127    J=1  
## 2      166    J=1  
## 3      136    J=1  
## 4      182    J=1  
## 5      133    J=1  
## 6      162    J=2  
## 7      156    J=2  
## 8      123    J=2  
## 9      136    J=2  
## 10     127    J=2  
## 11     155    J=3  
## 12     140    J=3  
## 13     125    J=3
```

```

## 14 115 J=3
## 15 117 J=3
## 16 124 J=4
## 17 95 J=4
## 18 88 J=4
## 19 97 J=4
## 20 98 J=4
## 21 169 J=5
## 22 147 J=5
## 23 166 J=5
## 24 157 J=5
## 25 169 J=5

tapply(nematodos$y.nem, nematodos$suelo, length)

## J=1 J=2 J=3 J=4 J=5
## 5 5 5 5 5

tapply(nematodos$y.nem, nematodos$suelo, mean)

## J=1 J=2 J=3 J=4 J=5
## 148.8 140.8 130.4 100.4 161.6

tapply(nematodos$y.nem, nematodos$suelo, var)

## J=1 J=2 J=3 J=4 J=5
## 571.7 302.7 285.8 189.3 90.8

bartlett.test(nematodos$y.nem, nematodos$suelo)

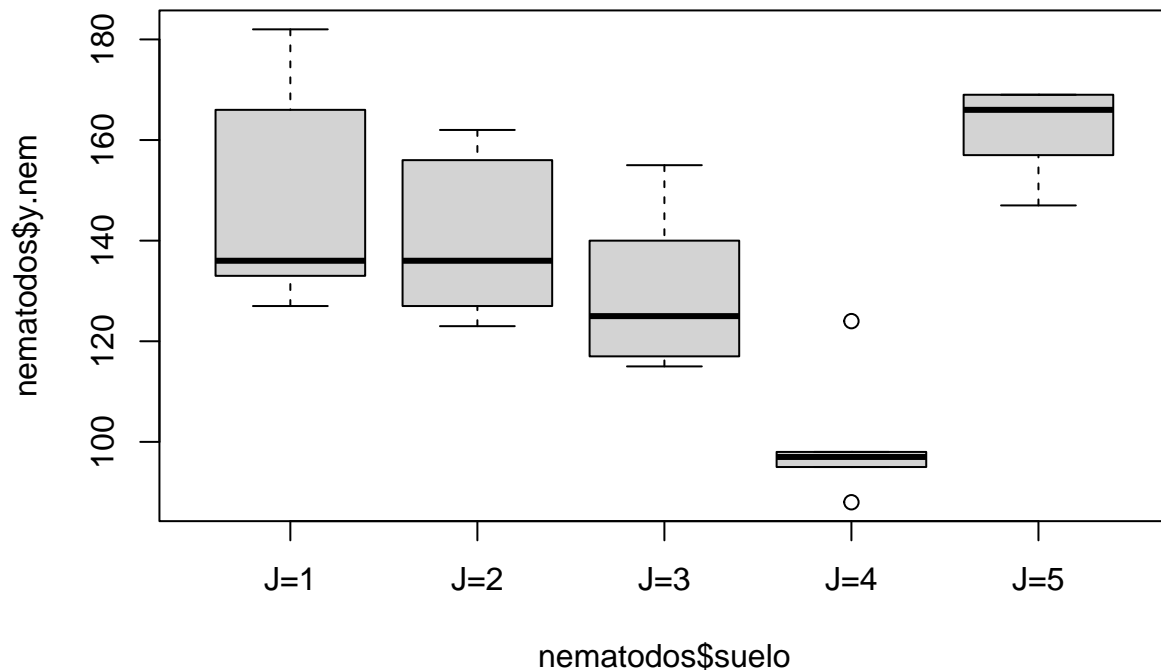
##
## Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: nematodos$y.nem and nematodos$suelo
## Bartlett's K-squared = 3.0807, df = 4, p-value = 0.5444

fligner.test(nematodos$y.nem, nematodos$suelo)

##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data: nematodos$y.nem and nematodos$suelo
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 2.4436, df = 4, p-value = 0.6548

boxplot(nematodos$y.nem ~ nematodos$suelo)

```



```
nem.aov <- aov(nematodos$y.nem ~ nematodos$suelo)
summary(nem.aov)
```

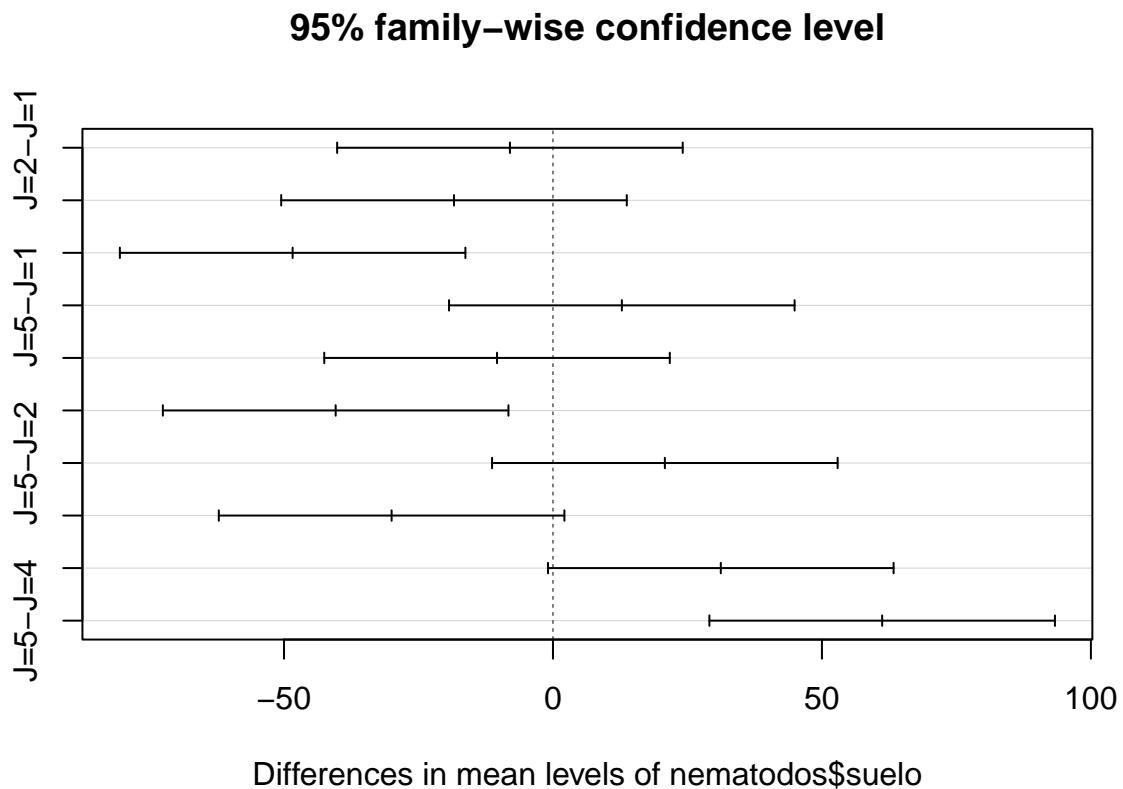
```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## nematodos$suelo  4  10701   2675.2    9.287 0.000207 ***
## Residuals      20    5761    288.1
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
TukeyHSD(nem.aov, conf.level = 0.95)
```

```
##    Tukey multiple comparisons of means
##      95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = nematodos$y.nem ~ nematodos$suelo)
##
## $`nematodos$suelo`
##           diff           lwr           upr         p adj
## J=2-J=1   -8.0 -40.1208794   24.120879 0.9429980
## J=3-J=1  -18.4 -50.5208794   13.720879 0.4481002
## J=4-J=1  -48.4 -80.5208794  -16.279121 0.0017871
## J=5-J=1   12.8 -19.3208794   44.920879 0.7555248
## J=3-J=2  -10.4 -42.5208794   21.720879 0.8658492
## J=4-J=2  -40.4 -72.5208794   -8.279121 0.0095500
## J=5-J=2   20.8 -11.3208794   52.920879 0.3307073
## J=4-J=3  -30.0 -62.1208794    2.120879 0.0743745
## J=5-J=3   31.2  -0.9208794   63.320879 0.0595156
```

```
## J=5-J=4 61.2 29.0791206 93.320879 0.0001237
```

```
plot(TukeyHSD(nem.aov))
```



Ejercicio 2 -----

```
bajo <- c(9,11,6,7,6,5)
```

```
medio <- c(14,17,19,14,17,15)
```

```
alto <- c(28,31,32,44,38,37)
```

```
y.rie <- c(bajo,medio,alto)
```

```
riego <- gl(3,6,18, labels = c("Bajo", "Medio", "Alto"))
```

```
crecimiento <- data.frame(y.rie, riego)
```

```
crecimiento
```

```
## y.rie riego
```

```
## 1 9 Bajo
```

```
## 2 11 Bajo
```

```
## 3 6 Bajo
```

```
## 4 7 Bajo
```

```
## 5 6 Bajo
```

```
## 6 5 Bajo
```

```
## 7 14 Medio
```

```
## 8 17 Medio
```

```
## 9 19 Medio
```

```

## 10    14 Medio
## 11    17 Medio
## 12    15 Medio
## 13    28 Alto
## 14    31 Alto
## 15    32 Alto
## 16    44 Alto
## 17    38 Alto
## 18    37 Alto

tapply(crecimiento$y.rie, crecimiento$riego, length)

## Bajo Medio Alto
##      6      6      6

tapply(crecimiento$y.rie, crecimiento$riego, mean)

##      Bajo      Medio      Alto
## 7.333333 16.000000 35.000000

tapply(crecimiento$y.rie, crecimiento$riego, var)

##      Bajo      Medio      Alto
## 5.066667  4.000000 33.600000

bartlett.test(crecimiento$y.rie, crecimiento$riego)

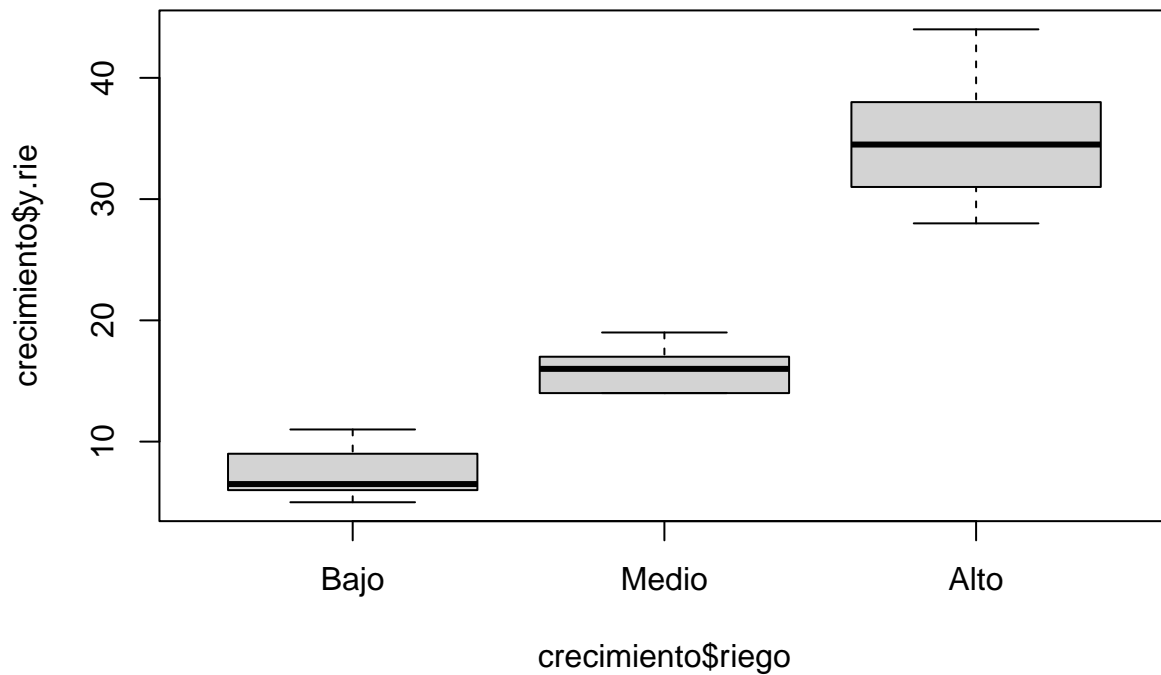
##
## Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  crecimiento$y.rie and crecimiento$riego
## Bartlett's K-squared = 6.6164, df = 2, p-value = 0.03658

fligner.test(crecimiento$y.rie, crecimiento$riego)

##
## Fligner-Killeen test of homogeneity of variances
##
## data:  crecimiento$y.rie and crecimiento$riego
## Fligner-Killeen:med chi-squared = 7.5305, df = 2, p-value = 0.02316

boxplot(crecimiento$y.rie ~ crecimiento$riego)

```



```
crec.aov <- aov(crecimiento$y.rie ~ crecimiento$riego)
summary(crec.aov)
```

```
##               Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## crecimiento$riego  2 2403.1  1201.6   84.48 6.84e-09 ***
## Residuals       15   213.3    14.2
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
TukeyHSD(crec.aov, conf.level = 0.95)
```

```
##    Tukey multiple comparisons of means
##    95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = crecimiento$y.rie ~ crecimiento$riego)
##
## $`crecimiento$riego`
##           diff       lwr       upr     p adj
## Medio-Bajo  8.666667  3.011132 14.32220 0.0032510
## Alto-Bajo  27.666667 22.011132 33.32220 0.0000000
## Alto-Medio 19.000000 13.344465 24.65553 0.0000008
```

```
plot(TukeyHSD(crec.aov))
```

