

# Laboratorio4.R

Usuario

2025-08-28

```
# Script 4  
# 28/08/2025  
# Marco A González Tagle
```

```
# Importar -----  
  
calidad <- read.csv("Calidad_plantula.csv", header = T)  
calidad$Tratamiento <- as.factor(calidad$Tratamiento)  
class(calidad$Tratamiento)
```

```
## [1] "factor"
```

```
summary(calidad)
```

```
##      planta      IE      Tratamiento  
## Min.   : 1.00   Min.   :0.5500   Ctrl:21  
## 1st Qu.:11.25   1st Qu.:0.7025   Fert:21  
## Median :21.50   Median :0.7950  
## Mean   :21.50   Mean    :0.8371  
## 3rd Qu.:31.75   3rd Qu.:0.9375  
## Max.   :42.00   Max.    :1.1600
```

```
mean(calidad$IE)
```

```
## [1] 0.8371429
```

```
tapply(calidad$IE, calidad$Tratamiento, mean)
```

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

```
tapply(calidad$IE, calidad$Tratamiento, sd)
```

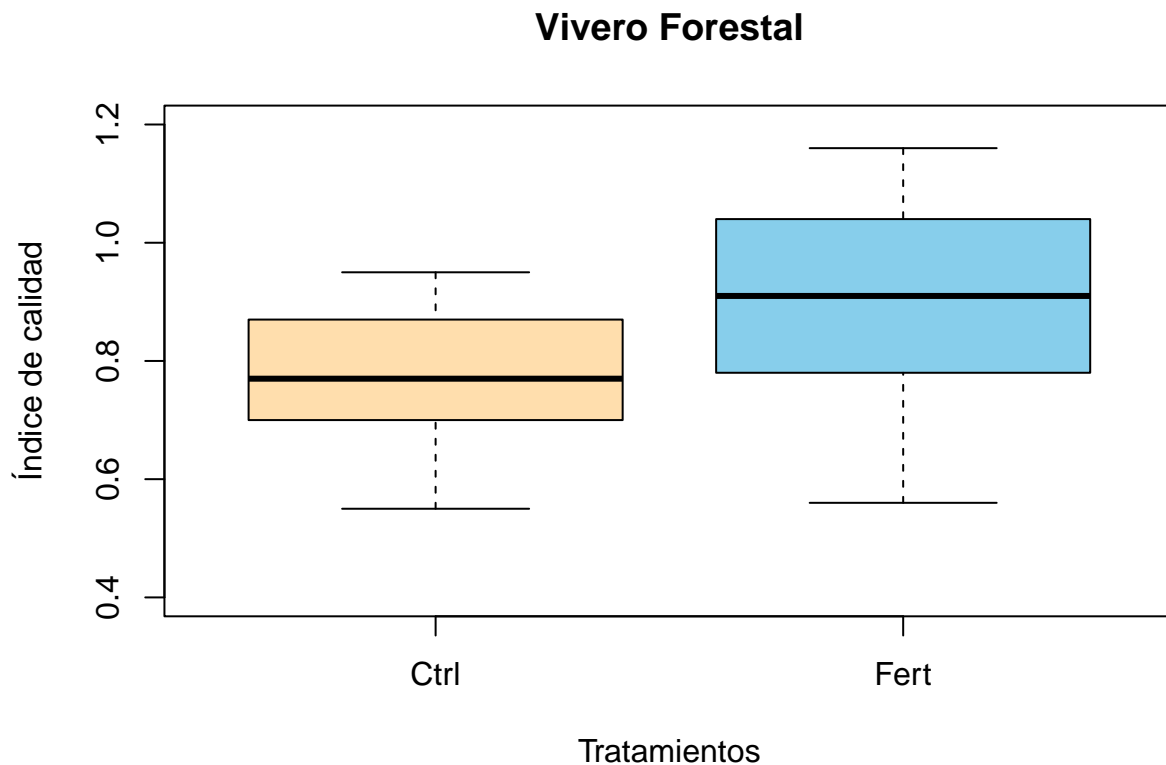
```
##      Ctrl      Fert  
## 0.1153215 0.1799537
```

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

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

```
colores <- c("navajowhite", "skyblue")
```

```
boxplot(calidad$IE~ calidad$Tratamiento,  
        col = colores,  
        xlab = "Tratamientos",  
        ylab = "Índice de calidad",  
        ylim = c(0.4,1.2),  
        main = "Vivero Forestal")
```

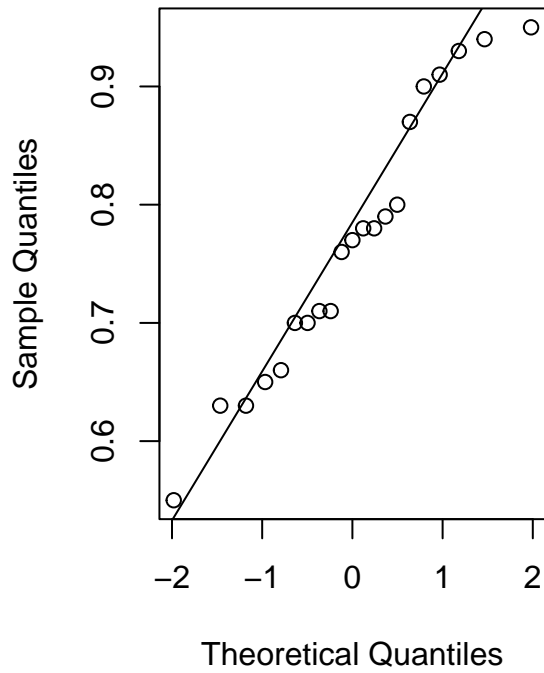


```
# Aplicar un subconjunto para cada tratamiento
```

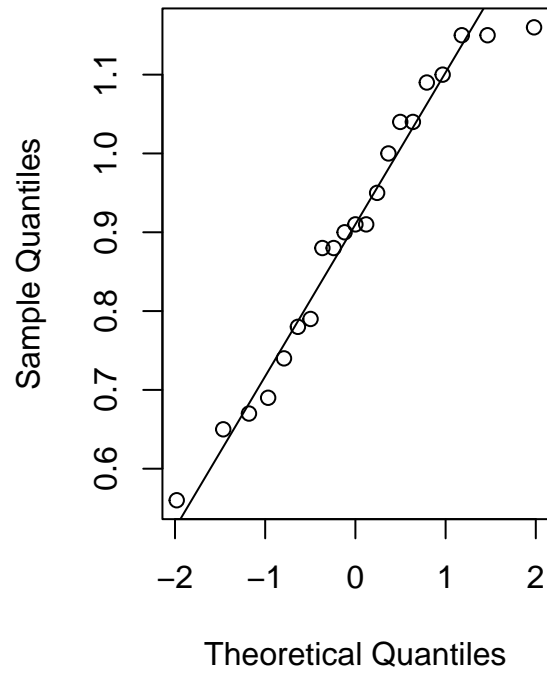
```
df_ctrl <- subset(calidad, Tratamiento == "Ctrl")  
df_fert <- subset(calidad, Tratamiento != "Ctrl")
```

```
par(mfrow=c(1,2))  
qqnorm(df_ctrl$IE); qqline(df_ctrl$IE)  
qqnorm(df_fert$IE); qqline(df_fert$IE)
```

Normal Q-Q Plot



Normal Q-Q Plot



```
par(mfrow=c(1,1))

# Crear una función para medir el efecto de Cohen
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
}

d1_cal <- cohens_efecto(df_ctrl$IE, df_fert$IE)
round(d1_cal, 2)
```

```
## [1] -0.92
```