R para Microbiología Industrial: análisis de datos y diseño experimental con un enfoque práctico

Fredy Ortiz, Miguel Pérez y Francisco León

2025-05-05

Table of contents

# 1. R para Microbiología Industrial: Análisis de Datos y Diseño Experimental con un Enfoque Práctico

# Prefacio (resumir - ajustar ya lo cargo fredy en docx)

En el campo de la [Microbiología Industrial](https://bucaramanga.udes.edu.co/estudia/pregrados/microbiologia-industrial) y el diseño de experimentos, la integración de herramientas estadísticas constituye un desafío pedagógico fundamental que requiere estrategias innovadoras de enseñanza-aprendizaje, y como profesores de estas áreas de aprendizaje hemos identificado que los estudiantes experimentan dificultades significativas al establecer conexiones entre los conceptos estadísticos y los resultados experimentales microbiológicos.

En respuesta a esta problemática, surge la propuesta del libro ” Aplicaciones del Software RStudio® en la Microbiología Industrial “, diseñado específicamente para articular las áreas de: Diseño de Experimentos y la Microbiología Industrial con ayuda de Rstudio®, utilizando a lo largo de contenido ejemplos concretos derivados de trabajos de grado y proyectos académicos desarrollados en la [Universidad de Santander - UDES](https://udes.edu.co/).

La obra integra además temas relacionados a: Análisis Bibliométrico, integración de Inteligencia Artificial, reconociendo de este modo que la microbiología contemporánea demanda no solo competencias técnicas, sino adaptación de nuevas habilidades en una disciplina científica en constante evolución, contribuyendo de esta forma a la formación de profesionales capaces de afrontar los desafíos emergentes del campo de microbiológico industrial, tanto para el presente como su futuro profesional.

**Fredy Alejandro Ortiz Meneses**  
*Curso Microbiologia Genera y Microbiología II*

**Miguel Oswaldo Pérez Pulido**  
*Curso Proyecto II – Microbiología Industrial*  
*Maestría en Estadística Aplicada y Analítica de Datos*

**Francisco Javier León**  
*Curso Proyecto I – Profesor de Microbiología Industrial*  
*Maestría en Estadística Aplicada y Analítica de Datos*

|  |
| --- |
| Lo que significa este libro |
| La presente obra constituye nuestra contribución a la formación integral de los Microbiólogos Industriales en su desarrollo como científicos. Esperamos que su contenido no solo fortalezca su experiencia académica, sino que además les provea de las competencias prácticas indispensables para afrontar los desafíos contemporáneos y futuros del ámbito profesional. |

# Autores

|  |
| --- |
| Tip |
| Fredy Alejandro Ortiz Meneses Microbiólogo con énfasis en Alimentos, Especialista en Pedagogía y Didácticas Específicas, y Magíster en Fitopatología. |

|  |
| --- |
| Tip |
| Miguel Oswaldo Pérez Pulido Director de Analítica Académica. Licenciado en Matemáticas y Magíster en Estadística. Actualmente se desempeña como Director de Analítica Académica, adscrito a la Vicerrectoría de Enseñanza. Está vinculado a la Universidad de Santander (UDES) desde 2011, donde ha sido docente en programas de pregrado y posgrado de la Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias. Es investigador Junior reconocido por Minciencias en la convocatoria 894 de 2021 y miembro del grupo de investigación CIBAS |

|  |
| --- |
| Tip |
| Francisco Javier León Bacteriólogo y laboratorista clínico, con formación avanzada como Magíster en Estadística Aplicada, Magíster en Ciencias Básicas Biomédicas y Especialista en Educación con Nuevas Tecnologías. Está vinculado a la Universidad de Santander (UDES) desde 2007, donde ha sido docente en la Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agropecuarias. Actualmente, se desempeña como Coordinador de Analítica Académica, adscrito a la Vicerrectoría de Enseñanza. Es investigador Junior reconocido por Minciencias en la convocatoria 894 de 2021 y miembro del grupo de investigación CIBAS |

# Agradecimientos

Queremos agradecer a Dios y nuestro más sincero reconocimiento a todos los estudiantes y profesores del programa de Microbiología que, a lo largo del tiempo, han compartido con nosotros sus inquietudes y retos al intentar conectar el análisis estadístico con la microbiología industrial.

Nuestro agradecimiento se extiende a los colegas académicos, especialmente a los profesores Christian Andrey Chacín Zambrano y Daniel Adyro Martinez; y a los estudiantes graduados que generosamente compartieron sus experiencias y bases de datos, provenientes de importantes experimentos académicos. Sus aportes han sido fundamentales para dar vida a este manual y hacerlo relevante y aplicable a situaciones reales dentro del contexto de la microbiología industrial.

Asimismo, manifestamos gratitud a Robert Gentleman y Ross Ihaka, creadores del software R, así como a todos los colaboradores de la comunidad de R y RStudio®. Gracias a su compromiso y dedicación, estas herramientas se han mantenido accesibles para la comunidad científica.

A la Universidad de Santander (UDES) y a su Departamento de Desarrollo Profesoral, por la apertura de la Convocatoria Interna de Producción de Material Profesoral (2025). Esta valiosa iniciativa nos ha brindado un espacio de apoyo institucional que reconoce y valora la creación de material educativo de calidad. Gracias a ello, nos sentimos motivados a seguir desarrollando herramientas que fortalezcan una enseñanza efectiva en los campos de la Microbiología Industrial y la Estadística Aplicada.

# 2. Introducción (Modificar, reducir a tres parrafos y dar otro enfoque)

El software R es un entorno y lenguaje de programación ampliamente utilizado para el análisis estadístico y la visualización de datos, su flexibilidad y capacidad para manejar grandes conjuntos de datos lo han convertido en una herramienta esencial en la investigación científica,  especialmente en campos como la microbiología industrial, donde el análisis de datos es crucial para la optimización de procesos y la toma de decisiones informadas; además de lo anterior, R ofrece una amplia gama de paquetes y funciones que permiten realizar análisis complejos de manera eficiente, facilitando la interpretación de resultados experimentales (R Core Team 2021).

Por otra parte, [RStudio®](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) es una Interfaz de Desarrollo Integrada (IDE) para R que mejora significativamente la experiencia del usuario, proporcionando un entorno amigable y accesible para la programación y el análisis de datos, con RStudio® los usuarios pueden escribir y ejecutar código, visualizar gráficos y gestionar proyectos de manera más eficiente, lo que facilita el aprendizaje y la aplicación de R en contextos académicos e industriales (R Core Team 2021); cabe destacar que la combinación de [R](https://www.r-project.org/) y [RStudio®](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) permite a los estudiantes y profesionales de la microbiología industrial realizar análisis estadísticos avanzados con mayor facilidad y precisión.

Una de las principales ventajas de [RStudio®](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) es su capacidad para integrar múltiples herramientas y recursos en una sola plataforma, esto incluye: (i) un editor de código avanzado, (ii) una consola interactiva, y (iii) herramientas de visualización de datos; además de que RStudio® permite la instalación y gestión de paquetes adicionales, lo que amplía sus funcionalidades y permite a los usuarios personalizar su entorno de trabajo según sus necesidades (RStudio Team, 2023) (R Core Team 2021); esta flexibilidad es especialmente útil en la microbiología industrial, donde los requisitos de análisis pueden variar ampliamente según el tipo de experimento y los objetivos de investigación.

Es importante destacar que el uso de R y RStudio® en la microbiología industrial también promueve la reproducibilidad y transparencia en la investigación; al utilizar un lenguaje de programación abierto y ampliamente adoptado, los investigadores pueden compartir sus scripts y métodos con la comunidad científica, lo que permite la verificación y replicación de resultados, lo cual es fundamental para el avance del conocimiento científico y la mejora continua de los procesos industriales; además, la comunidad de usuarios de [R](https://www.r-project.org/) y [RStudio](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) es muy activa, lo que significa que los estudiantes y profesionales pueden acceder a una gran cantidad de recursos y soporte en línea (Peng 2011).

En este libro, nos enfocaremos en cómo utilizar [R](https://www.r-project.org/) y [RStudio®](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) para abordar problemas específicos de la microbiología industrial; comenzaremos con una introducción a la instalación y configuración de ambos programas, seguida de una exploración de los paquetes esenciales para el análisis de datos en microbiología; a lo largo del libro, proporcionaremos ejemplos prácticos y estudios de caso que ilustran cómo aplicar estas herramientas en situaciones reales; esto permitirá a los lectores desarrollar una comprensión profunda y práctica de cómo utilizar [R](https://www.r-project.org/) y [RStudio®](https://posit.co/download/rstudio-desktop/) en su trabajo diario (Grolemund and Wickham 2017).

**Referencias**

Peng, R. D. (2011). Reproducible research in computational science. Science, 334(6060), 1226-1227. <https://doi.org/10.1126/science.1213847>

R Core Team. (2023). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org>

RStudio Team. (2023). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC. <https://posit.co/download/rstudio-desktop/>

Wickham, H., & Grolemund, G. (2017). R for Data Science: Import, Tidy, Transform, Visualize, and Model Data. O’Reilly Media. [https://r4ds.had.co.nz](https://r4ds.had.co.nz/).

# 3. Summary

Posible Reorganización:

• Prefacio • Autores • Agradecimientos • Introducción (Mantener como introducción general al tema del libro)

**Parte I: Preparación del Entorno y Herramientas** • Instalación y configuración de R y RStudio® (Lógica para comenzar con la configuración del software) • Inventario de librerías básicas de R aplicadas para análisis de datos (Después de la instalación, presentar las herramientas fundamentales) • Paquetes Esenciales para el Análisis de Datos (Extender las librerías básicas con paquetes clave)

**Parte II: Aplicaciones de R en Microbiología Industrial y Análisis de Datos** • Uso de R en Microbiología Industrial (Presentar la aplicación específica de R en tu campo) • Análisis Bibliométrico con RStudio® (Un ejemplo concreto de análisis de datos con R) • Fundamentos del Diseño Experimental (Introducir los principios del diseño experimental) • Tipos de diseños experimentales (Expandir sobre los diferentes tipos de diseños) • Diseño de experimentos en RStudio® (Aplicar los conceptos de diseño experimental en R)

**Parte III: Gestión y Presentación de la Información** • Gestión de la información con informes dinámicos (Conectar el análisis de datos con la creación de informes)

References

|  |
| --- |
| Note |
| Este manual representa nuestra contribución a su formación integral como científicos. Esperamos que no solo enriquezca su experiencia académica, sino que también les proporcione las habilidades prácticas necesarias para enfrentar los desafíos actuales y futuros del campo. |

|  |
| --- |
| Using the data without downloading it |
| This same dataset is also available in the package palmerpenguins. |

|  |
| --- |
| Título del Tip |
| Texto del contenido o recomendación. |

Tipos comunes de callouts:

callout-note → Para notas informativas.  
  
callout-tip → Para consejos o buenas prácticas.  
  
callout-warning → Para advertencias.  
  
callout-important → Para contenido crítico o destacado.  
  
callout-caution → Para precauciones.

|  |
| --- |
| Cuidado |
| Este análisis puede producir resultados erróneos si no se limpian los datos previamente. |

To learn more about Quarto books visit <https://quarto.org/docs/books>.

{r} 1 + 1}

# 4. Parte I: Preparación del Entorno y Herramientas

## 4.1 3. Introducción al software R y RStudio

### 4.1.1 3.1 Instalación y configuración

La instalación de R y RStudio® es un proceso sencillo que puede completarse en unos pocos pasos; primero, se debe descargar e instalar R desde el sitio web oficial del Proyecto R (<https://www.r-project.org>); una vez instalado R, se puede proceder a descargar e instalar RStudio® desde su sitio web (<https://posit.co/download/rstudio-desktop/>) (Figura 1); ambos programas están disponibles para múltiples sistemas operativos, incluyendo Windows, macOS y Linux (Figura 2), del mismo modo se deben descarga de diferentes directorios llamadas CRAN (Comprehensive R Archive Network o Red integral de archivo R) (Figura 3); y finalmente descargar la última compilación de R para Windows (Figura 4) [@Rcore2021](R%20Core%20Team,%202023).

Una vez instalados R y RStudio®, es importante familiarizarse con la interfaz de RStudio® (Figura 5); esta interfaz está dividida en varias secciones, incluyendo: (i) el editor de código o Script, el cual permite escribir y editar las instrucciones o Scripts; (ii) la consola: se utiliza para ejecutar comandos interactivos;  (iii) el entorno de trabajo: muestra los objetos y datos cargados en la sesión actual y las (iv) pestañas de archivos y gráficos: permiten gestionar archivos y visualizar gráficos generados por R (R Core Team 2021).

Además de la interfaz básica, RStudio® permite la instalación y gestión de paquetes adicionales que amplían sus funcionalidades; para instalar un paquete, se puede utilizar la función install.packages (“nombre\_del\_paquete”) en la consola de RStudio®; una vez instalado, el paquete se puede cargar en la sesión actual utilizando la función library (nombre\_del\_paquete).

|  |
| --- |
| Important |
| Mantener R y RStudio® actualizados es clave para aprovechar las últimas mejoras, nuevas funcionalidades y correcciones de errores. Ambos programas notifican automáticamente cuando hay versiones más recientes disponibles, por lo que se recomienda estar atento a estos avisos y actualizar oportunamente. |

Para actualizar R, se debe descargar e instalar la nueva versión desde el sitio web del Proyecto R; para actualizar RStudio®, se puede utilizar la opción de actualización en el menú de ayuda de RStudio®; mantener el software actualizado garantiza un rendimiento óptimo y acceso a las últimas funcionalidades (R Core Team 2021) (R Core Team, 2023; RStudio Team, 2023).

**Referencias**

R Core Team. (2023). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org>

RStudio Team. (2023). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC. <https://posit.co/download/rstudio-desktop/>

Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant graphics for data analysis. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>

Wickham, H., & Grolemund, G. (2017). R for Data Science: Import, Tidy, Transform, Visualize, and Model Data. O’Reilly Media. [https://r4ds.had.co.nz](https://r4ds.had.co.nz/)

### 4.1.2 3.2 Paquetes Esenciales para el análisis de datos

#### 4.1.2.1 Inventario de librerías básicas de R aplicadas para análisis de datos (Unificar con el siguiente)

En el ámbito de la microbiología industrial, el dominio de las librerías básicas de R resulta fundamental para transformar datos experimentales en información valiosa que guíe procesos industriales y decisiones científicas, tal es el caso de la [librería *readxl*](https://cran.r-project.org/web/packages/readxl/index.html), la cual fue desarrollada por (Wickham and Bryan 2015) y es indispensable para la importación de datos desde hojas de cálculo como Excel® (donde habitualmente los microbiólogos registran sus resultados), facilitando la transferencia de información para posteriormete ser tomada por el Script.

Por otro lado, la librería *car* (Companion to Applied Regression), creada por Fox y Weisberg (2019), ofrece herramientas esenciales para la verificación de supuestos estadísticos, especialmente a través de gráficos QQ-plot que permiten evaluar la normalidad de los datos registrados, un requisito fundamental antes de aplicar a: pruebas estadísticas paramétricas, aplicada en experimentos de optimización, evaluación de medios de medios de cultivo, comparación de cepas microbianas, entre otros.

Por su parte el paquete *tidyverse* desarrollado por Wickham et al. (2019) representa una revolución en el análisis de datos microbiológicos al integrar diversas librerías que comparten una lógica común de programación y estructura de datos; este conjunto de herramientas incluye librerías como: (i) *dplyr* para manipulación de datos, (ii) *ggplot2* para visualización, (iii) *tidyr* para ordenamiento y (iv) *readr* para importación, facilita enormemente el flujo de trabajo en análisis de datos complejos típicos de la microbiología industrial; por ejemplo, en estudios de cinética enzimática o de crecimiento microbiano, donde es necesario filtrar, transformar y visualizar datos procedentes de múltiples réplicas y condiciones experimentales.

Otra importante librería utilizada dentro del ecosistema de RStudio® es *apaTables* creada por Stanley (2021) la cual permite la generación automática de tablas con formato APA directamente desde los análisis estadísticos realizados en R, lo que facilita enormemente la documentación rigurosa de resultados experimentales para publicaciones científicas en el campo de la microbiología, ahorrando tiempo y reduciendo errores en la presentación de datos complejos.

La representación visual efectiva de datos microbiológicos resulta crucial para interpretar resultados y comunicar hallazgos, siendo la librería *gridExtra*, desarrollada por Auguie (2017) una herramienta potente que permite la organización de múltiples gráficos en una sola visualización, facilitando comparaciones entre diferentes condiciones experimentales, microorganismos o variables respuesta; asimismo la librería *lsr* (Learning Statistics with R) creada por Navarro (2015)  proporciona funciones accesibles para realizar análisis estadísticos fundamentales en investigaciones microbiológicas, como: pruebas t, ANOVA y cálculos de tamaño del efecto, facilitando la interpretación de la significancia práctica de los resultados más allá de la mera significancia estadística.

La evolución acelerada del conocimiento en Microbiología Industrial requiere herramientas que permitan mantenerse actualizado con la literatura científica, siendo la librería *bibliometrix*, desarrollada por Aria y Cuccurullo (2017) el cual facilita el análisis bibliométrico de publicaciones científicas, dicha librería permite identificar: tendencias emergentes, autores influyentes y redes de colaboración entre otras; proporcionando mapas de conocimiento que orientan nuevas investigaciones e identifican vacíos en la literatura, adicionalmente, permite a los investigadores contextualizar sus hallazgos dentro del panorama científico global, potenciando la relevancia e impacto de sus contribuciones científicas.

Al expandir nuestro arsenal analítico, encontramos librerías especializadas que abordan necesidades específicas de la investigación microbiológica industrial, como *vegan* desarrollado por Oksanen et al., (2020) la cual proporciona herramientas para análisis multivariado y de diversidad ecológica; como son:  los análisis de ordenación como PCA (Análisis de Componentes Principales), NMDS (Escalamiento Multidimensional No Métrico) y análisis de correspondencia canónica, permitiendo visualizar relaciones complejas entre especies microbianas y variables ambientales, parámetros que permiten estudiar comunidades microbianas en procesos industriales como tratamiento de aguas residuales, producción de biogás o fermentaciones alimentarias;

Por otra parte, la librería *nlme* (Pinheiro et al., 2025) ofrece capacidades para modelar datos longitudinales y con estructura jerárquica, como los generados en estudios de cinética microbiana con mediciones repetidas en el tiempo, permitiendo ajustar modelos mixtos lineales y no lineales que capturan adecuadamente la variabilidad y correlación temporal presentes en estos experimentos.

**Referencias**

Aria, M., & Cuccurullo, C. (2017). bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. Journal of Informetrics, 11(4), 959-975. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2017.08.007>

Auguie, B. (2017). gridExtra: Miscellaneous Functions for “Grid” Graphics. R package version 2.3. <https://CRAN.R-project.org/package=gridExtra>

Fox, J., & Weisberg, S. (2019). An R Companion to Applied Regression (3rd ed.). Sage Publications. <https://uk.sagepub.com/en-gb/eur/an-r-companion-to-applied-regression/book246125>

Gómez-Rubio, V. (2017). ggplot2 - Elegant Graphics for Data Analysis (2nd Edition). Journal of Statistical Software, 77(Book Review 2), 1-3. <https://doi.org/10.18637/jss.v077.b02>

Hardwicke, T. E., Mathur, M. B., MacDonald, K., Nilsonne, G., Banks, G. C., Kidwell, M. C., Hofelich Mohr, A., Clayton, E., Yoon, E. J., Henry Tessler, M., Lenne, R. L., Altman, S., Long, B., & Frank, M. C. (2018). Data availability, reusability, and analytic reproducibility: Evaluating the impact of a mandatory open data policy at the journal Cognition. Royal Society Open Science, 5(8), 180448. <https://doi.org/10.1098/rsos.180448>

Navarro, D. J. (2015). Learning Statistics with R: A tutorial for psychology students and other beginners. (Version 0.5). University of Adelaide. <https://learningstatisticswithr.com/>

Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P. R., O’Hara, R. B., Simpson, G. L., Solymos, P., Stevens, M. H. H., Szoecs, E., & Wagner, H. (2020). vegan: Community ecology package. R package version 2.5-7. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>

Pinheiro, J., Bates, D., DebRoy, S., Sarkar, D., & R Core Team. (2025). nlme: Linear and nonlinear mixed effects models. R package version 3.1-157. <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>

Stanley, D. (2021). apaTables: Create American Psychological Association (APA) Style Tables. R package version 2.0.8. <https://CRAN.R-project.org/package=apaTables>

Wickham, H., & Bryan, J. (2023). readxl: Read Excel Files. R package version 1.4.2. <https://CRAN.R-project.org/package=readxl>

Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L. D., François, R., Grolemund, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J., Kuhn, M., Pedersen, T. L., Miller, E., Bache, S. M., Müller, K., Ooms, J., Robinson, D., Seidel, D. P., Spinu, V., ... Yutani, H. (2019). Welcome to the tidyverse. Journal of Open Source Software, 4(43), 1686. <https://doi.org/10.21105/joss.01686>

#### 4.1.2.2 Paquetes Esenciales para el Análisis de Datos (Unificar con el anterior)

En el contexto de la microbiología industrial, el uso de paquetes específicos en RStudio® es fundamental para realizar análisis de datos de manera eficiente y precisa; uno de los paquetes más importantes es tidyverse, que es una colección de paquetes diseñados para la manipulación y limpieza de datos; tidyverse incluye herramientas como *dplyr* para la manipulación de datos*, tidyr* para la limpieza de datos y *readr* para la importación de datos, lo que facilita el manejo de grandes conjuntos de datos experimentales (Wickham, 2017).

Otro paquete esencial es *ggplot2*, que se utiliza para la visualización de datos; *ggplot2* permite crear gráficos complejos y personalizados de manera sencilla, lo que es crucial para interpretar y comunicar los resultados de los experimentos microbiológicos; la capacidad de ggplot2 para generar gráficos de alta calidad ayuda a los investigadores a identificar patrones y tendencias en los datos, mejorando así la toma de decisiones en procesos industriales (Wickham, 2016).

El paquete dplyr es especialmente útil para el procesamiento de datos; *dplyr* proporciona una gramática coherente para la manipulación de datos, permitiendo realizar operaciones como la selección, filtrado, agrupamiento y resumen de datos de manera eficiente; estas funciones son esenciales para preparar los datos antes de realizar análisis estadísticos más avanzados, asegurando que los datos estén en el formato adecuado para su análisis (Wickham, 2017) (Wickham 2016).

Para el diseño de experimentos, el paquete *agricolae* es una herramienta valiosa; aunque originalmente desarrollado para ciencias agrícolas, *agricolae* ofrece funciones que son igualmente aplicables en la microbiología industrial; este paquete permite crear diseños experimentales como bloques completos aleatorizados, diseños factoriales y análisis de varianza (ANOVA), facilitando la planificación y análisis de experimentos complejos (Mendiburu, 2020).

Finalmente, el paquete *shiny* permite la creación de aplicaciones web interactivas; *shiny* es especialmente útil para desarrollar herramientas que permitan a los investigadores interactuar con sus datos de manera dinámica; estas aplicaciones pueden ser utilizadas para visualizar resultados en tiempo real, realizar análisis exploratorios y compartir hallazgos con colegas y la comunidad científica, mejorando la colaboración y la transparencia en la investigación (Chang et al., 2021).

**Referencias**

Chang, W., Cheng, J., Allaire, J., Xie, Y., & McPherson, J. (2021). shiny: Web Application Framework for R. R package version 1.6.0. <https://CRAN.R-project.org/package=shiny>

Mendiburu, F. (2020). agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.3-3. <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>

Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant graphics for data analysis. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>

Wickham, H. (2017). tidyverse: Easily Install and Load the ‘Tidyverse’. R package version 1.2.1. <https://CRAN.R-project.org/package=tidyverse>

Wickham, H., & Grolemund, G. (2017). R for Data Science: Import, Tidy, Transform, Visualize, and Model Data. O’Reilly Media. <https://r4ds.had.co.nz>

#### 4.1.2.3 Uso de R en Microbiología Industrial

El uso de R como herramienta de análisis estadístico en la microbiología industrial ha experimentado un crecimiento exponencial en la última década, según Mohammadi et al. (2019) R proporciona una plataforma versátil que permite analizar datos complejos derivados de experimentos microbiológicos, facilitando la identificación de patrones de crecimiento microbiano, optimización de condiciones de cultivo y evaluación de la producción de metabolitos secundarios, lo que resulta crucial para el desarrollo y mejora de procesos biotecnológicos en entornos industriales.

McMurdie y Holmes (2013) desarrollaron el paquete *phyloseq*, el cual ha transformado el análisis de datos de secuenciación en estudios de comunidades microbianas, permitiendo la integración de información taxonómica, filogenética y de abundancia en un solo entorno analítico; este avance ha sido fundamental para comprender la dinámica de poblaciones microbianas en procesos industriales como: el tratamiento de aguas residuales, la producción de biocombustibles y la fermentación alimentaria.

Por otra parte, el paquete microbiome, descrito por Lahti y Shetty (2017) (Reeder et al. 2021), proporciona herramientas especializadas para el análisis de datos metagenómicos, facilitando la caracterización de comunidades microbianas y sus funciones metabólicas en entornos industriales, lo que resulta esencial para la optimización de bioprocesos y el control de calidad en la industria alimentaria.

El diseño experimental en microbiología industrial se ha beneficiado significativamente de la aplicabilidad de R, permitiendo planificar y analizar experimentos de manera más rigurosa y eficiente, el paquete *agricolae*, desarrollado por de Mendiburu (2021) (Zhou et al. 2012) es utilizado para la implementación de diseños experimentales complejos como: bloques aleatorizados y diseños factoriales entre otros, al tiempo que frecuentemente son utilizados en estudios de optimización de medios de cultivo, condiciones de fermentación y producción de enzimas microbianas.

Complementariamente, Ritz y Streibig (2005) presentaron el paquete *drc* (Dose-Response Curves), que ha facilitado el análisis de Curvas dosis-respuesta en estudios de inhibición microbiana, pruebas de susceptibilidad a antimicrobianos y evaluación de compuestos bioactivos producidos por microorganismos, proporcionando herramientas estadísticas robustas para cuantificar y modelar respuestas biológicas a diferentes tratamientos, lo cual es fundamental en el desarrollo de nuevos productos biotecnológicos.

Gracias al paquete *ggplot2* desarrollado por Wickham (2016), el cual ha permitido la creación de gráficos elegantes y altamente informativos que facilitan la interpretación de resultados experimentales; en particular, la representación gráfica de cinéticas de crecimiento microbiano, producción de metabolitos y análisis multivariantes se ha vuelto más accesible e intuitiva para investigadores en el campo; de manera similar el paquete *ggtree*, creado por Yu et al. (2017), ha revolucionado la visualización de datos filogenéticos en estudios de diversidad microbiana industrial, permitiendo representar relaciones evolutivas entre microorganismos de interés biotecnológico y correlacionarlas con características fenotípicas relevantes para procesos industriales, lo que facilita la selección de cepas microbianas con potencial biotecnológico.

|  |
| --- |
| Expandir para aprender son el analis de datos ómicos |
| El análisis de datos ómicos en microbiología industrial se ha visto significativamente potenciado gracias al aporte de Love et al. (2014) quienes introdujeron *DESeq2*, un paquete que ha transformado el análisis de datos de RNA-seq en estudios transcriptómicos de microorganismos industriales, permitiendo identificar genes diferencialmente expresados bajo diversas condiciones de cultivo o modificaciones genéticas; lo que contribuye a la mejora de cepas microbianas industriales y a optimizar rutas metabólicas de interés comercial; paralelamente Rohart et al. (2017) desarrollaron el paquete mixOmics, el cual facilita la integración de múltiples conjuntos de datos ómicos, como:   1. transcriptómica, 2. proteómica y 3. metabolómica,   proporcionando una visión holística de los sistemas microbianos en contextos industriales, lo que permite desentrañar complejas redes regulatorias y metabólicas que subyacen a procesos biotecnológicos importantes como de compuestos bioactivos.. |

|  |
| --- |
| Expand to learn more about where the data was collected |
| Data were collected and made available by Dr. Kristen Gorman and the Palmer Station, Antarctica LTER, a member of the Long Term Ecological Research Network. |

**Referencias**

Zhou et al. (2012)

González-Peña, D., Dudzik, D., García, A., Legido-Quigley, C., & Barbas, C. (2021). R in LC-MS-based metabolomics: A review of packages, tutorials, and case studies. Metabolites, 11(10), 672. <https://doi.org/10.3390/metabo11100672> ***Esta referencia esta mal***

***Zhou, B., Xiao, J. F., Tuli, L., & Ressom, H. W. (2012). LC-MS-based metabolomics. Molecular BioSystems, 8(2), 470–481. https://doi.org/10.1039/c1mb05350g*** ( es esta ???)

Lahti, L., & Shetty, S. (2017). microbiome R package. Tools Microbiome Anal. R. <http://microbiome.github.io/microbiome> ***Cambiarla mejor por la que sigue???***

***Reeder, J., Huang, M., Kaminker, J. S., & Paulson, J. N. (2021). MicrobiomeExplorer: an R package for the analysis and visualization of microbial communities. Bioinformatics (Oxford, England), 37(9), 1317–1318. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa838*** ( es esta ???)

Love, M. I., Huber, W., & Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. Genome Biology, 15(12), 550. <https://doi.org/10.1186/s13059-014-0550-8>

McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. PLOS ONE, 8(4), e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>

Mendiburu, F. (2021). agricolae: Statistical procedures for agricultural research. R package version 1.4-0. <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>

Mohammadi, R., Ghomi, S. M. T. F., & Nazari, F. (2019). The application of R software for the assessment of microbial fermentation processes. Journal of Microbiological Methods, 156, 54-58. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2018.12.003>

Ritz, C., & Streibig, J. C. (2005). Bioassay analysis using R. Journal of Statistical Software, 12(5), 1-22. <https://doi.org/10.18637/jss.v012.i05>

Rohart, F., Gautier, B., Singh, A., & Lê Cao, K. A. (2017). mixOmics: An R package for ’omics feature selection and multiple data integration. PLOS Computational Biology, 13(11), e1005752. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005752>

Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant graphics for data analysis (2nd ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>

Yu, G., Smith, D. K., Zhu, H., Guan, Y., & Lam, T. T. Y. (2017). ggtree: An R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. Methods in Ecology and Evolution, 8(1), 28-36. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12628>

## 4.2 4. Análisis Bibliométrico con RStudio® (Un ejemplo concreto de análisis de datos con R)

# 5. Parte II: Aplicaciones de R en Microbiología Industrial y Análisis de Datos

## 5.1 2. Fundamentos del Diseño Experimental (Introducir los principios del diseño experimental OK)

### 5.1.1 2.1 Tipos de diseños experimentales (Expandir sobre los diferentes tipos de diseños OK)

### 5.1.2 2.2 Ejemplos prácticos de diseños experimentales en Microbiología Industrial OK

#### 5.1.2.1 2.2.1 Diseño Completamente al Azar OK

#### 5.1.2.2 Problema

|  |
| --- |
| Important |
| **Introducción:** La **antracnosis del banano** 🍌, causada por *Colletotrichum musae* (Berk. y M.A. Curtis) Arx, representa una problemática fitosanitaria de considerable relevancia económica en la industria bananera mundial, puesto que genera pérdidas postcosecha que oscilan entre el 10 y 80% debido al deterioro de la calidad visual del fruto, dicho patógeno desarrolla lesiones (formación de acérvulos) de coloración marrón oscuro a negro en el epicarpio del fruto, las cuales afectan la calidad visual del fruto (Vásquez-Castillo et al. 2019).  Tradicionalmente, el manejo de esta epifítia se ha fundamentado en la aplicación de fungicidas sintéticos como: tiabendazol, azoxystrobin y trifloxystrobin; no obstante, estas sustancias generan impactos ambientales adversos y residualidad ((Arias B. 2007), por ello, la búsqueda de alternativas de biocontrol sostenibles ha cobrado especial relevancia, particularmente mediante el uso de extractos fúngicos con propiedades antagónicas.  **Metodología:** El estudio se estructuró a partir de dos diseños experimentales: un **Diseño Completamente al Azar** para la evaluación de sustratos, y un **Diseño de Medidas Repetidas en el Tiempo** para la evaluación de la actividad inhibitoria. 5.1.2.3 Diseño 1: Sustratos de cultivo para *Penicillum* sp. Se empleó un **Diseño Completamente al Azar** con los siguientes tratamientos: avena en hojuelas, maíz partido, semillas de cebada y arroz blanco. Se prepararon bolsas de polipropileno con cada sustrato, se inocularon con cinco discos de micelio de *Penicillum* sp. (0.5 mm de diámetro) y se incubaron de forma aleatorizada a 22 ± 2 °C durante ocho días. El experimento se realizó por quintuplicado, considerando cada bolsa como una repetición. 5.1.2.4 Diseño 2: Evaluación de la actividad inhibitoria Se implementó un **Diseño de Medidas Repetidas en el Tiempo** para analizar el efecto de las concentraciones del extracto sobre dos variables de respuesta clave:   * **Porcentaje de Inhibición del Área de la Lesión (PIAL)**: Para evaluar la eficacia in vivo. * **Porcentaje de Inhibición del Crecimiento Micelial (PICM)**: Para evaluar la eficacia in vitro.   Las variables independientes fueron las diferentes concentraciones del extracto y los testigos correspondientes, mientras que las variables de respuesta se midieron a lo largo del tiempo para observar la evolución de la inhibición.  **Resultados:** El maíz partido constituyó el sustrato óptimo para la producción conidial de *Penicillium digitatum*, alcanzando valores de Log10 9,13 conidios/mL, seguido de la cebada Log10 8,88 conidios/mL (**Figura 1**).  **Figura 1.** Sustratos con Conidios de *Penicillium* sp.  Nota: Dilución de conidios y sustrato, en solución tween80® 0,01%: Avena (A); Arroz (B); Cebada (C); Maíz Partido (D).  Nota: Dilución de conidios y sustrato, en solución tween80® 0,01%: Avena (A); Arroz (B); Cebada (C); Maíz Partido (D).  La evaluación in vitro reveló que las concentraciones de extracto crudo de 4,0 al 6,0% generaron Porcentajes de Inhibición del Crecimiento micelial (PICM) del 40 al 50 % respectivamente al quinto día después de la inoculación (ddi) **(Figura 2)**.  **Figura 2.** Efecto de los tratamientos in vitro frente al crecmiento de *Colletotrichum musae.*  Nota: Prueba de inhibición in vitro de Colletotrichum musae, frente a diferentes tratamientos. (A) Testigo negativo; (B) Testigo positivo (Amistar a 60mg/100mL); (C) Extracto de Penicillium sp., al 4%; (D) Extracto de Penicillium sp., al 4,5%; (E) Extracto de Penicillium sp., al 5%; (F) Extracto de Penicillium sp., al 5,5%; (G) Extracto de Penicillium sp., al 6%.  Nota: Prueba de inhibición in vitro de Colletotrichum musae, frente a diferentes tratamientos. (A) Testigo negativo; (B) Testigo positivo (Amistar a 60mg/100mL); (C) Extracto de *Penicillium* sp., al 4%; (D) Extracto de *Penicillium* sp., al 4,5%; (E) Extracto de *Penicillium* sp., al 5%; (F) Extracto de *Penicillium* sp., al 5,5%; (G) Extracto de *Penicillium* sp., al 6%.  Por otro lado,  los ensayos in vivo evidenciaron una mayor eficacia del extracto crudo, donde las concentraciones de 8, 9, 10, 11, 12 y 13% generaron porcentajes de inhibición del área de la lesión (PIAL) de 60, 55, 70, 72, 77 y 80% respectivamente **(Figura 3)**, sugiriendo que Penicillium digitatum podría representar una alternativa viable para el manejo preventivo de la antracnosis del banano.  **Figura 3.** Efecto in vivo de bananos infectados con *Colletotrichum musae* en los tratamientos.  Nota: Experimento in vivo de los bananos infectados con 107 conidios de Colletotrichum musae, frente a tratamientos (A los 7 días de la inoculación). (A) Testigo negativo; (B) Azoxystrobin (Testigo positivo); Extractos de Penicillium sp. a (C) 8%; (D) 9%; (E) 10%; (F) 11%; (G) 12%; (H) 13%.  Nota: Experimento in vivo de los bananos infectados con 107 conidios de Colletotrichum musae, frente a tratamientos (A los 7 días de la inoculación). (A) Testigo negativo; (B) Azoxystrobin (Testigo positivo); Extractos de Penicillium sp. a (C) 8%; (D) 9%; (E) 10%; (F) 11%; (G) 12%; (H) 13%.  **Para mayor información puede consultar:** Mejía-Sarmiento, J. S. (2022). Evaluación de Extracto Crudo de Penicillium sp. para la Inhibición del Crecimiento in vitro e in vivo de Colletotrichum musae (Berk. y M. A. Curtis) Arx. Agente Causal de Antracnosis en Banano [Tesis de pregrado, Universidad de Santander UDES]. Repositorio Institucional UDES. <https://repositorio.udes.edu.co/handle/001/8674> |

### 5.1.3 Estructura de la base de datos

La base de datos utilizada en este análisis corresponde a los resultados de un experimento agrícola que evalúa el comportamiento de cuatro cultivos diferentes bajo condiciones similares de manejo. La tabla contiene tres columnas principales:

| Variable | Descripción |
| --- | --- |
| Tratamiento | Tipo de cultivo evaluado. Incluye cuatro niveles: Arroz, Avena, Cebada y Maíz. |
| Repetición | Número de repetición del tratamiento (del 1 al 4). Permite el análisis estadístico con replicación. |
| Resultado | Valor numérico correspondiente a la variable respuesta medida (por ejemplo, rendimiento en kg/ha). |

**Pasos para trabajar con R o RStudio:**

Especificar el directorio que me interesa donde se encuentra la base de datos.

|  |
| --- |
| Antes e inciar |
| R lee / (slash o division) y no el de Windows \  En **R**, setwd() es una función que significa **“set working directory”** o “establecer el directorio de trabajo”. Se utiliza para **definir la carpeta predeterminada** en la que R buscará archivos para leer y donde guardará archivos por defecto.  Por ejemplo: setwd (“D:/OneDrive - Universidad de Santander/Material Docente 2025/CodigoR”“) |

**Lectura de datos**

library(readxl)

Warning: package 'readxl' was built under R version 4.3.3

DCA <- read\_excel("C:/Users/coordinador.analitic/OneDrive - Universidad de Santander/Material\_Profesoral\_2025/CodigoR/DCA2.xlsx")  
  
View(DCA)  
attach(DCA)  
names(DCA)

[1] "Tratamiento" "Repeticion" "Resultado"

str(DCA)

tibble [16 × 3] (S3: tbl\_df/tbl/data.frame)  
 $ Tratamiento: chr [1:16] "Arroz" "Arroz" "Arroz" "Arroz" ...  
 $ Repeticion : num [1:16] 1 2 3 4 1 2 3 4 1 2 ...  
 $ Resultado : num [1:16] 8.76 8.74 8.72 8.72 8.39 ...

summary(DCA$Resultado)

Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu. Max.   
 8.341 8.635 8.792 8.775 8.954 9.141

**Análisis de la Varianza - ANOVA**

Cuando se desea saber si varios grupos (Ej. tratamientos) presentan diferencias reales en sus promedios, una de las herramientas estadísticas más utilizadas es el Análisis de la Varianza, conocido como ANOVA. Esta técnica permite examinar si los valores medios de tres o más grupos son lo suficientemente distintos como para concluir que no se trata de simples fluctuaciones aleatorias.

El enfoque de ANOVA se basa en comparar dos tipos de variación: por un lado, l**a variabilidad que se observa entre los distintos grupos**, y por otro, **la variabilidad que existe dentro de cada grupo individual**.

Si al analizar los datos se encuentra que la variación entre los grupos supera notablemente la que ocurre dentro de ellos, es razonable pensar que las diferencias en los promedios reflejan algo más que el azar. En cambio, si la variabilidad interna es más pronunciada, entonces es posible que las diferencias observadas no sean significativas y respondan a variaciones normales del comportamiento de los datos.

**Código de R para ANOVA**

Anova<-aov(Resultado~Tratamiento, data=DCA)  
summary(Anova)

Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)   
Tratamiento 3 1.1794 0.3931 660.4 1.39e-13 \*\*\*  
Residuals 12 0.0071 0.0006   
---  
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

**Interpretación:** La prueba ANOVA muestra diferencias significativas entre los tratamientos (p < 0.001). El valor de F (660.4) indica que la variación entre tratamientos es mucho mayor que la variación dentro de los grupos, lo que sugiere que al menos uno de los tratamientos afecta significativamente el resultado.

**Modelo Lineal**

modelo=lm(Resultado~(Tratamiento))  
summary(modelo)

Call:  
lm(formula = Resultado ~ (Tratamiento))  
  
Residuals:  
 Min 1Q Median 3Q Max   
-0.038397 -0.016205 0.001983 0.012013 0.040116   
  
Coefficients:  
 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)   
(Intercept) 8.73389 0.01220 715.921 < 2e-16 \*\*\*  
TratamientoAvena -0.35848 0.01725 -20.778 8.93e-11 \*\*\*  
TratamientoCebada 0.12669 0.01725 7.343 8.94e-06 \*\*\*  
TratamientoMaiz 0.39630 0.01725 22.970 2.75e-11 \*\*\*  
---  
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1  
  
Residual standard error: 0.0244 on 12 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.994, Adjusted R-squared: 0.9925   
F-statistic: 660.4 on 3 and 12 DF, p-value: 1.393e-13

**Interpretación:** El modelo lineal confirma que el tratamiento influye significativamente en los resultados (p < 0.001). El tratamiento “Arroz” actúa como referencia, con una media estimada de 8.73. Comparado con este:

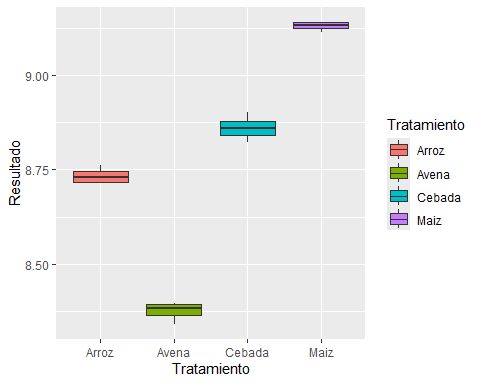
Avena presenta una media significativamente menor (–0.36, p < 0.001).  
  
Cebada muestra un aumento moderado (+0.13, p < 0.001).  
  
Maíz tiene el mayor incremento (+0.40, p < 0.001).

El modelo explica el 99.4% de la variabilidad en los datos (R² = 0.994), y el error estándar residual es bajo (0.0244), lo que indica un ajuste excelente.

**Gráfico Boxplot**

Se toma el Tratamiento para hacer un boxplot utilizando la variable “Resultado”, pero primero se transformar en factor la variable Tratamiento:

library(ggplot2)  
  
DCA$Treatamiento<-factor(DCA$Tratamiento) #transformamos una variable númerica en un factor categórico  
ggplot(DCA, aes(x = Tratamiento, y = Resultado, fill=Tratamiento)) +   
 geom\_boxplot()



**Interpretación:** Las diferencias en las medianas entre tratamientos son claras y consistentes con los resultados del ANOVA y del modelo lineal, lo que sugiere un efecto significativo del tipo de cultivo sobre la variable resultado.

**Supuestos del diseño**

**Normalidad:** Para verificar la normalidad de los residuos utilizaremos la prueba de Shapiro-Wilks cuyo script es el siguiente:

shapiro.test(residuals(Anova))

Shapiro-Wilk normality test  
  
data: residuals(Anova)  
W = 0.97944, p-value = 0.959

**Interpretación:** El test de Shapiro-Wilk aplicado a los residuos del modelo ANOVA devuelve un valor de p = 0.959, que es mucho mayor que 0.05. Esto indica que no hay evidencia estadística para rechazar la hipótesis nula de normalidad. Por lo tanto, se concluye que los residuos del modelo siguen una distribución normal, cumpliendo así uno de los supuestos fundamentales del análisis de varianza.

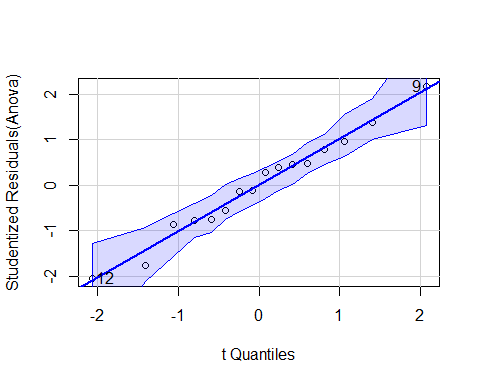
**Gráficos para evaluar la normalidad**

Para construir el gráfico QQ (QQ plot) y evaluar la normalidad de los datos, se utiliza la función correspondiente del paquete car. Si no está instalado previamente, es necesario instalar también el paquete auxiliar carData.

Instalación (si es necesario) install.packages (“car”) install.packages (“carData”) install.packages (“dplyr”) install.packages (“purrr”)

**Cargar los paquetes (librerias)**

library(car) #Grafico de QQ plot  
library(carData)  
library(dplyr)  
library(purrr)  
  
qqPlot(Anova)



[1] 9 12

**Interpretación:** El gráfico QQ muestra que los residuos estandarizados del modelo ANOVA se alinean adecuadamente con la línea diagonal, lo que indica que su distribución es aproximadamente normal. La mayoría de los puntos se ubican dentro de la banda de confianza, y no se observan desviaciones sistemáticas. Esta gráfica complementa el resultado del test de Shapiro-Wilk (p = 0.959), confirmando que se cumple el supuesto de normalidad de los residuos en el modelo.

**Homocedasticidad:** Para evaluar el supuesto de homogeneidad de varianzas entre los grupos (homocedasticidad), se aplicará la prueba de Bartlett, la cual es apropiada cuando los datos provienen de poblaciones aproximadamente normales. Esta prueba contrasta la hipótesis nula de igualdad de varianzas frente a la alternativa de varianzas diferentes. El procedimiento se implementa mediante el siguiente script:

bartlett.test(Resultado~Tratamiento, data=DCA)

Bartlett test of homogeneity of variances  
  
data: Resultado by Tratamiento  
Bartlett's K-squared = 2.2722, df = 3, p-value = 0.5179

**Interpretación:** Dado que el valor de p es mayor que 0.05 (p = 0.5179), no se rechaza la hipótesis nula. Por tanto, se asume que las varianzas entre los tratamientos son homogéneas, cumpliéndose este supuesto clave para el análisis de varianza y para la aplicación de pruebas a posteriori como LSD.

**Pruebas aposteriori** Para identificar diferencias específicas entre las medias de los tratamientos, una vez detectada significancia en el análisis de varianza, se aplicará una prueba de comparaciones múltiples a posteriori. En este caso, se empleará la técnica LSD (Least Significant Difference), que permite realizar comparaciones pareadas entre tratamientos asumiendo homogeneidad de varianzas.

La implementación de esta prueba requiere la carga del paquete agricolae, utilizando el siguiente script. Instalación si es necesario: install.packages(“agricolae”). Carga del paquete: library(agricolae).

library(agricolae)  
Grupos <- LSD.test(y = Anova, trt = "Tratamiento", group = T, console = T)

Study: Anova ~ "Tratamiento"  
  
LSD t Test for Resultado   
  
Mean Square Error: 0.0005953124   
  
Tratamiento, means and individual ( 95 %) CI  
  
 Resultado std r se LCL UCL Min Max  
Arroz 8.733890 0.02192214 4 0.01219951 8.707310 8.760471 8.715318 8.762183  
Avena 8.375414 0.02519485 4 0.01219951 8.348834 8.401995 8.341039 8.395990  
Cebada 8.860578 0.03330518 4 0.01219951 8.833998 8.887159 8.822181 8.900695  
Maiz 9.130190 0.01251613 4 0.01219951 9.103609 9.156770 9.113429 9.140539  
 Q25 Q50 Q75  
Arroz 8.717232 8.729030 8.745688  
Avena 8.364419 8.382314 8.393309  
Cebada 8.842075 8.859719 8.878222  
Maiz 9.124249 9.133395 9.139335  
  
Alpha: 0.05 ; DF Error: 12  
Critical Value of t: 2.178813   
  
least Significant Difference: 0.03759044   
  
Treatments with the same letter are not significantly different.  
  
 Resultado groups  
Maiz 9.130190 a  
Cebada 8.860578 b  
Arroz 8.733890 c  
Avena 8.375414 d

**Intrepretación:** La prueba LSD reveló que los cuatro tratamientos presentan diferencias estadísticamente significativas entre sus medias. El tratamiento Maíz obtuvo el mayor rendimiento promedio, seguido por Cebada, Arroz y Avena, en ese orden descendente.

Otra opcion cuando cambiamos el argumento “group” a F(false), se interpreta a mi parecer de forma mas sencilla la diferencia entre las medias.A continuación, se presentan las pruebas de comparaciones múltiples a posteriori aplicadas al modelo de ANOVA ajustado. Se incluyen la prueba LSD, la prueba de Tukey y el test de Scheffé, las cuales permiten identificar diferencias estadísticamente significativas entre los tratamientos evaluados:

Grupos<- LSD.test(y = Anova, trt = "Tratamiento", group = F, console = T)

Study: Anova ~ "Tratamiento"  
  
LSD t Test for Resultado   
  
Mean Square Error: 0.0005953124   
  
Tratamiento, means and individual ( 95 %) CI  
  
 Resultado std r se LCL UCL Min Max  
Arroz 8.733890 0.02192214 4 0.01219951 8.707310 8.760471 8.715318 8.762183  
Avena 8.375414 0.02519485 4 0.01219951 8.348834 8.401995 8.341039 8.395990  
Cebada 8.860578 0.03330518 4 0.01219951 8.833998 8.887159 8.822181 8.900695  
Maiz 9.130190 0.01251613 4 0.01219951 9.103609 9.156770 9.113429 9.140539  
 Q25 Q50 Q75  
Arroz 8.717232 8.729030 8.745688  
Avena 8.364419 8.382314 8.393309  
Cebada 8.842075 8.859719 8.878222  
Maiz 9.124249 9.133395 9.139335  
  
Alpha: 0.05 ; DF Error: 12  
Critical Value of t: 2.178813   
  
Comparison between treatments means  
  
 difference pvalue signif. LCL UCL  
Arroz - Avena 0.3584760 0 \*\*\* 0.3208855 0.39606642  
Arroz - Cebada -0.1266884 0 \*\*\* -0.1642788 -0.08909794  
Arroz - Maiz -0.3962994 0 \*\*\* -0.4338899 -0.35870901  
Avena - Cebada -0.4851644 0 \*\*\* -0.5227548 -0.44757392  
Avena - Maiz -0.7547754 0 \*\*\* -0.7923659 -0.71718499  
Cebada - Maiz -0.2696111 0 \*\*\* -0.3072015 -0.23202064

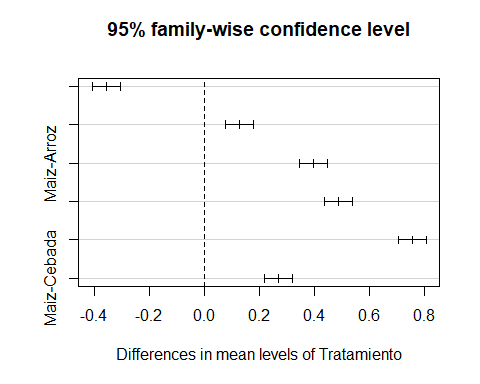
**Interpretación:** todas las diferencias entre tratamientos son altamente significativas (p < 0.001). Esto confirma que ninguno de los tratamientos comparte una media similar.

TukeyHSD(Anova)

Tukey multiple comparisons of means  
 95% family-wise confidence level  
  
Fit: aov(formula = Resultado ~ Tratamiento, data = DCA)  
  
$Tratamiento  
 diff lwr upr p adj  
Avena-Arroz -0.3584760 -0.40969759 -0.3072544 0.0e+00  
Cebada-Arroz 0.1266884 0.07546677 0.1779100 4.6e-05  
Maiz-Arroz 0.3962994 0.34507784 0.4475211 0.0e+00  
Cebada-Avena 0.4851644 0.43394275 0.5363860 0.0e+00  
Maiz-Avena 0.7547754 0.70355383 0.8059970 0.0e+00  
Maiz-Cebada 0.2696111 0.21838947 0.3208327 0.0e+00

**Interpretación:** La prueba de Tukey también confirma diferencias estadísticamente significativas en todas las comparaciones, manteniendo control del error familiar. El gráfico generado muestra intervalos de confianza del 95% que no se solapan, lo que respalda visualmente los resultados.

plot(TukeyHSD(Anova))



**Interpretación:** El gráfico muestra los intervalos de confianza del 95 % para las diferencias de medias entre los tratamientos, ajustados por comparaciones múltiples (family-wise). Ninguno de los intervalos cruza la línea vertical en cero, lo cual indica que todas las comparaciones entre pares de tratamientos son estadísticamente significativas. La diferencia más grande se observa entre Maíz y Avena, mientras que la más pequeña, aunque significativa, es entre Cebada y Arroz. Este resultado es coherente con los análisis previos (ANOVA, LSD y Scheffé), y respalda que cada tratamiento tiene un efecto significativamente distinto sobre la variable “Resultado”.

scheffe.test(Anova, "Tratamiento",console=TRUE)

Study: Anova ~ "Tratamiento"  
  
Scheffe Test for Resultado   
  
Mean Square Error : 0.0005953124   
  
Tratamiento, means  
  
 Resultado std r se Min Max Q25 Q50  
Arroz 8.733890 0.02192214 4 0.01219951 8.715318 8.762183 8.717232 8.729030  
Avena 8.375414 0.02519485 4 0.01219951 8.341039 8.395990 8.364419 8.382314  
Cebada 8.860578 0.03330518 4 0.01219951 8.822181 8.900695 8.842075 8.859719  
Maiz 9.130190 0.01251613 4 0.01219951 9.113429 9.140539 9.124249 9.133395  
 Q75  
Arroz 8.745688  
Avena 8.393309  
Cebada 8.878222  
Maiz 9.139335  
  
Alpha: 0.05 ; DF Error: 12   
Critical Value of F: 3.490295   
  
Minimum Significant Difference: 0.05582762   
  
Means with the same letter are not significantly different.  
  
 Resultado groups  
Maiz 9.130190 a  
Cebada 8.860578 b  
Arroz 8.733890 c  
Avena 8.375414 d

**Interpretación:** A pesar de ser una prueba más conservadora, el test de Scheffé también encontró diferencias significativas entre todos los tratamientos. El análisis agrupó los tratamientos en distintos niveles.Mínima diferencia significativa (Scheffé): 0.0558. Valor crítico de F: 3.4903

**Conclusión general** Las tres pruebas aplicadas (LSD, Tukey y Scheffé) coinciden en que todos los tratamientos difieren significativamente entre sí. El tratamiento con mayor rendimiento fue Maíz, seguido por Cebada, Arroz y Avena, en orden descendente. Esto respalda la conclusión de que el tipo de tratamiento influye de manera significativa sobre la variable respuesta.

#### 5.1.3.1 2.2.2 Diseño de bloques completamente al azar OK

#### 5.1.3.2 2.2.3 Diseño longitudinal (ANOVA de medidas repetidas) OK

### 5.1.4 Problema

|  |
| --- |
| Important |
| **Metodología:** Se realizó un diseño de medidas repetidas en el tiempo, donde la variable independiente fue cada una de las concentraciones del extracto y los testigos; y la variable respuesta fueron: Porcentaje de Inhibición del Área de la Lesió (PIAL) y Porcentaje de Inhibición del Crecimiento Micelial (PICM). |

# 6. Parte III: Uso de Inteligencia Artificial para la simulación de datos

## 6.1 Uso de Inteligencia Artificial para la simulación de datos.

### 6.1.1

# References

Arias B., C. L. 2007. “Control Químico de La Antracnosis Del Mango (Mangifera Indica l.) En Pre y Postcosecha.” *Bioagro* 19 (1): 19–25. <http://www.ucla.edu.ve/bioagro/Rev19(1)/3.%20Control%20qu%C3%ADmico%20de%20la%20antracnosis.pdf>.

Grolemund, Garrett, and Hadley Wickham. 2017. *R for Data Science*. O’Reilly Media.

Peng, Roger D. 2011. “Reproducible Research in Computational Science.” *Science* 334 (6060): 1226–27. <https://doi.org/10.1126/science.1213847>.

R Core Team. 2021. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.

Reeder, Janina, Mo Huang, Joshua S Kaminker, and Joseph N Paulson. 2021. “MicrobiomeExplorer: an R package for the analysis and visualization of microbial communities.” *Bioinformatics (Oxford, England)* 37 (9): 1317–18. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa838>.

Vásquez-Castillo, W., M. Racines-Oliva, P. Moncayo, W. Viera, and M. Seraquive. 2019. “Calidad Del Fruto y Pérdidas Postcosecha de Banano Orgánico (Musa Acuminata) En El Ecuador.” *Enfoque UTE* 10 (4): 57–66. <https://doi.org/10.29019/enfoque.v10n4.545>.

Wickham, Hadley. 2016. *Ggplot2*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>.

Wickham, Hadley, and Jennifer Bryan. 2015. “Readxl: Read Excel Files.” The R Foundation. <https://doi.org/10.32614/cran.package.readxl>.

Zhou, Bin, Jun Feng Xiao, Leepika Tuli, and Habtom W Ressom. 2012. “LC-MS-based metabolomics.” *Molecular bioSystems* 8 (2): 470–81. <https://doi.org/10.1039/c1mb05350g>.