

Anexo 5. Análisis estadístico de la vitalidad vegetal

**PSAB Proyecto Cambios y mejoras de la Operación
Minera en el Salar de Atacama
Región de Antofagasta**

**GERENCIA DE MEDIO AMBIENTE
Nova Andino Litio SpA
Mayo 2026**

Anexo 5. Análisis estadístico de la vitalidad vegetal

Informe anual de contenido de humedad del suelo 2025

PSAB Proyecto Cambios y Mejoras de la Operación Minera en el Salar de Atacama

Área de Análisis de Gestión de la Información Ambiental		
Elaborado	Revisado	Aprueba
Evelin Quilarque	Anaysa Elgueta Ismael Aracena Martín Vatter Antonio Mamani	Ismael Aracena
Fecha: 30/04/2026	Fecha: 19/05/2026	Fecha: 25/05/2026

Índice

1	Resultados del modelo MANOVA y modelos lineales generalizados (GLM)	1
---	---	---

Índice de Figuras

Figura 1.1. Resultados del modelo MANOVA y análisis de varianza (ANOVA) por categoría de vitalidad vegetal	2
Figura 2.1. Resultados de los modelos generalizados (GLM) por categoría de vitalidad vegetal	3

1 Resultados del modelo MANOVA y modelos lineales generalizados (GLM)

En este anexo se presentan los resultados detallados de los análisis estadísticos realizados para evaluar la relación entre las variables ambientales (contenido de humedad del suelo y profundidad de la napa freática) y las categorías de vitalidad vegetal.

Se incluyen los resultados del análisis multivariado (MANOVA), los análisis de varianza (ANOVA) por categoría (Figura 1.1), así como los modelos lineales generalizados (GLM; Figura 1.2) ajustados para cada categoría de vitalidad, considerando la naturaleza proporcional de las variables respuesta.

Los modelos GLM fueron ajustados utilizando una familia quasibinomial, adecuada para variables proporcionales, permitiendo considerar posibles efectos de sobredispersión.

Figura 1.1. Resultados del modelo MANOVA y análisis de varianza (ANOVA) por categoría de vitalidad vegetal

```
> modelo_multi <- manova(
+   cbind(prop_seco, prop_muy_debil, prop_debil, prop_normal) ~ CHS_media + Napa_media,
+   data = datos_final
+ )
> summary(modelo_multi, test = "Pillai")
              Df Pillai approx F num Df den Df    Pr(>F)
CHS_media     1 0.71875   8.3058      4    13 0.001489 **
Napa_media     1 0.64522   5.9106      4    13 0.006169 **
Residuals    16
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> summary.aov(modelo_multi)
Response prop_seco :
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
CHS_media     1 0.068869 0.068869   6.6801 0.01996 *
Napa_media     1 0.018361 0.018361   1.7810 0.20071
Residuals    16 0.164953 0.010310
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Response prop_muy_debil :
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
CHS_media     1 0.040974 0.040974  11.6138 0.00360 **
Napa_media     1 0.016150 0.016150   4.5777 0.04815 *
Residuals    16 0.056448 0.003528
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Response prop_debil :
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
CHS_media     1 0.005609 0.0056086   1.4091 0.2525
Napa_media     1 0.000375 0.0003752   0.0943 0.7628
Residuals    16 0.063682 0.0039801
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Response prop_normal :
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
CHS_media     1 0.298489 0.298489 33.2413 2.896e-05 ***
Napa_media     1 0.007371 0.007371   0.8208   0.3784
Residuals    16 0.143671 0.008979
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Salida del modelo multivariado aplicado a las proporciones de individuos Secos, Muy débiles, Débiles y Crecimiento normal en función de las variables CHS_media y Napa_media. Se presentan los valores de Pillai, F y significancia estadística para cada variable explicativa.

Figura 2.1. Resultados de los modelos generalizados (GLM) por categoría de vitalidad vegetal

```
> modelo_seco <- glm(prop_seco ~ CHS_media + Napa_media,
+                   family = quasibinomial, data = datos_final)
> modelo_muy_debil <- glm(prop_muy_debil ~ CHS_media + Napa_media,
+                   family = quasibinomial, data = datos_final)
> modelo_debil <- glm(prop_debil ~ CHS_media + Napa_media,
+                   family = quasibinomial, data = datos_final)
> modelo_normal <- glm(prop_normal ~ CHS_media + Napa_media,
+                   family = quasibinomial, data = datos_final)
> modelo_vigoroso <- glm(prop_vigoroso ~ CHS_media + Napa_media,
+                   family = quasibinomial, data = datos_final)
> summary(modelo_seco)
```

Call:
 glm(formula = prop_seco ~ CHS_media + Napa_media, family = quasibinomial,
 data = datos_final)

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-6.802	6.437	-1.057	0.3064
CHS_media	-4.824	2.606	-1.851	0.0827 .
Napa_media	2.600	1.961	1.326	0.2035

 Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.04200957)

Null deviance: 1.03069 on 18 degrees of freedom
 Residual deviance: 0.67908 on 16 degrees of freedom
 AIC: NA

Number of Fisher Scoring iterations: 3

```
> summary(modelo_muy_debil)
```

```
Call:
```

```
glm(formula = prop_muy_debil ~ CHS_media + Napa_media, family = quasibinomial,
     data = datos_final)
```

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	26.999	17.999	1.500	0.15307
CHS_media	-19.557	5.869	-3.333	0.00422 **
Napa_media	-7.882	5.664	-1.392	0.18309

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.07182974)
```

```
Null deviance: 1.8458  on 18  degrees of freedom
Residual deviance: 1.0430  on 16  degrees of freedom
AIC: NA
```

```
Number of Fisher scoring iterations: 6
```

```
> summary(modelo_debil)
```

```
Call:
```

```
glm(formula = prop_debil ~ CHS_media + Napa_media, family = quasibinomial,
     data = datos_final)
```

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-4.866	10.371	-0.469	0.645
CHS_media	-4.048	3.991	-1.014	0.326
Napa_media	1.215	3.191	0.381	0.708

```
(Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.04118578)
```

```
Null deviance: 0.70429  on 18  degrees of freedom
Residual deviance: 0.63940  on 16  degrees of freedom
AIC: NA
```

```
Number of Fisher scoring iterations: 5
```

```
> summary(modelo_normal)
```

```
Call:
```

```
glm(formula = prop_normal ~ CHS_media + Napa_media, family = quasibinomial,
     data = datos_final)
```

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-3.2678	7.2282	-0.452	0.657269
CHS_media	16.4364	3.3885	4.851	0.000177 ***
Napa_media	-0.6713	2.1436	-0.313	0.758196

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.03922493)
```

```
Null deviance: 2.19642 on 18 degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 0.68165 on 16 degrees of freedom
```

```
AIC: NA
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

```
> summary(modelo_vigorouso)
```

```
Call:
```

```
glm(formula = prop_vigorouso ~ CHS_media + Napa_media, family = quasibinomial,
     data = datos_final)
```

```
Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	-59.510	23.704	-2.511	0.0232 *
CHS_media	5.009	9.033	0.555	0.5869
Napa_media	17.254	7.243	2.382	0.0300 *

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
(Dispersion parameter for quasibinomial family taken to be 0.02677544)
```

```
Null deviance: 0.62767 on 18 degrees of freedom
```

```
Residual deviance: 0.43248 on 16 degrees of freedom
```

```
AIC: NA
```

```
Number of Fisher Scoring iterations: 7
```

Los modelos lineales generalizados (GLM) fueron ajustados para las proporciones de individuos en cada categoría de vitalidad (Seco, Muy débil, Débil y Crecimiento normal) en función de las variables CHS_media y Napa_media. Se presentan los coeficientes estimados, errores estándar, valores t y niveles de significancia.