INTRODUCCIÓN AL DISEÑO EXPERIMENTAL

NUEVA REIMPRESIÓN



UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
POTENTIOR EST
OMNIUM SAPIENTIA
FUNDADA EN 1920
QUITO

JULIO SÁNCHEZ-OTERO

Escaneado con CamScanner

Sistema Integrado de Bibliotecas
Biblioteca digital UCE
Calle Jerónimo Leyton y Gato Sobral – Cdla. Universitaria
+593 2230757 ext: 808 biblioteca.general@uce.edu.ec

BASE LEGAL PARA DIGITALIZACIÓN DE LIBROS CON DERECHOS DE AUTOR

El Sistema Integrado de Bibliotecas de la Universidad Central del Ecuador, digitalizará su acervo bibliográfico siempre y cuando sea para fines educativos y de investigación. No se permite la reproducción y distribución para la comercialización directa e indirecta del mismo.

La digitalización del material bibliográfico se lo realiza de acuerdo al Código Orgánico De La Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación Art. 212 numeral 9, Literal ii "(…) Una biblioteca o archivo podrá, además, realizar los siguientes actos (…) La reproducción electrónica y comunicación pública de obras de su colección para ser consultadas gratuita y simultáneamente hasta por un número razonable de usuarios, sólo en terminales de redes de la respectiva institución o para usuarios de esa institución bajo su control, en condiciones que garanticen que no se puedan hacer copias electrónicas de esas reproducciones" y literal vii "La reproducción, adaptación, traducción, transformación, arreglo, distribución y comunicación de una obra protegida por derechos de autor o una prestación protegida por derechos conexos, en uno o más formatos accesibles para el uso exclusivo de personas con discapacidad".

Este material se considera un producto intelectual a favor de su autor; por tanto, la titularidad de sus derechos se encuentra protegida por el Código Orgánico De La Economía Social de los Conocimientos, Creatividad e Innovación. La violación a dichos derechos constituye un delito que será responsabilidad del usuario.

Este libro está disponible físicamente en:

BIBLIOTECA	Biblioteca Facultad de Ciencias Agrícolas Tumbaco	**PISO**	
		ESTANTE	01
		BANDEJA	03
CONVENIO INTERINSTITUCIONAL		**UNIVERSIDAD**	

001.43
S194
ID: 19960

E.B. 3761

INTRODUCCIÓN AL
DISEÑO EXPERIMENTAL

JULIO SÁNCHEZ-OTERO

Profesor Principal de Bioestadística y
Biometrista de la Escuela de Ciencias Biológicas
de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador

QUITO - ECUADOR

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo D[illegible]ente Experimental
"TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

T
311.2
S211

INTRODUCCIÓN AL
DISEÑO EXPERIMENTAL

DERECHOS RESERVADOS © 2010
Reservados todos los derechos. Queda prohibida la reproducción total o parcial de esta obra, por cualquier medio o método sin autorización escrita del autor

E-mail: jsanchez@puce.edu.ec
Teléfonos: (02) 343 0312 09 970 5535
08 650 9020

ISBN-9978-42-520-9

El contenido de las pantallas tiene copyright de SPSS Inc. Para obtener más información sobre el paquete estadístico SPSS contactar con INGELSI, Av. Eloy Alfaro N32-162 y República. www.ingelsi.com Quito, Telf.: (02) 254 7850

Impreso en Ecuador - Printed in Ecuador

Escaneado con CamScanner

CONTENIDO

1 INTRODUCCIÓN 1

2 CONCEPTOS BÁSICOS 4

Experimento 4
Repetición 4
Aleatorización 4
Control local 4
Error experimental 4
Unidad experimental 5
Tratamiento 5
Factores en estudio 5
Variable 5
Clases de experimentos 5

3 INTRODUCCIÓN AL ANÁLISIS DE LA VARIANCIA 6

Modelo lineal básico del ANOVA: Componentes del modelo 6
Media y variancia de muestras 7
Desarrollo del modelo lineal aditivo del ANOVA 8
Variancia general o total 9
Variancia entre muestras 10
Variancia dentro de muestras 10
La prueba de F 12
Significación estadística 12
Planteamiento de hipótesis 13
Supuestos del ANOVA 16
Homogeneidad 16
Normalidad 16
Independencia 17
Aditividad 17
Fuentes de variación 17

4 DISEÑO COMPLETAMENTE AL AZAR - DCA 18

Modelos matemáticos del DCA 18
DCA para muestras con igual tamaño de muestras: Esquema del ANOVA 19
DCA con diferentes tamaño de muestra: Esquema del ANOVA 22
Componentes de la variancia para modelos II de ANOVA 24

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
FUNDADA EN 1620
QUITO

Escaneado con CamScanner

5 DISEÑO COMPLETAMENTE AL AZAR CON SUBMUESTRAS 27

Modelos matemáticos para ANOVAS ENCAJADOS O ANIDADOS: 29
ANOVA Encajado a dos niveles 29
ANOVA Encajado a tres niveles 32
ANOVA Encajado a dos niveles con tamaño desigual de submuestras 34
ANOVA Encajado a tres niveles con tamaño desigual de submuestras 35
AMOVA Análisis de Variancia Molecular 29, 38

6. ANÁLISIS FUNCIONAL I 39

Pruebas de Significación:
DMS 40
DUNCAN y SNK 40
TUKEY 41
TUKEY - KRAMER 41
SCHEFFÉ 41
DUNNETT 42
Otras Pruebas de Significación 46

7 DISEÑO DE BLOQUES COMPLETOS AL AZAR - DBCA 47

Heterogeneidad de las unidades experimentales 47
Formación de bloques 47
Modelos matemáticos del DBCA 48
Flexibilidad del diseño 49
Esquema del ANOVA 49
Diseño Univariado de Medidas Repetidas 51
Cálculo de unidades experimentales faltantes en DBCA 52
Diseño de Bloques Completos al Azar con Submuestras 56
Esquema del ANOVA 56
Cálculos 57
Cuadrados medios esperados 58

8 DISEÑO EN CUADRADO LATINO - DCL 59

Formación de bloques filas y bloques columnas 59
Asignación de los tratamientos 59
Ventajas del DCL 60
Desventajas del DCL 61
Modelo matemático del DCL 61
Esquema del ANOVA 61
Cálculos 62
Cálculo de unidades experimentales faltantes en DCL 62
Serie de cuadrados latinos 6

9 TRANSFORMACIÓN DE DATOS 65

Uso de transformaciones o cambios de escala 65

Escaneado con CamScanner

Transformación logarítmica 65
Transformación de la raíz cuadrada 66
Transformación angular o de arcoseno 66
Resumen de las transformaciones 70
Otras transformaciones 70

10 EXPERIMENTOS FACTORIALES **72**

Ventajas de los experimentos factoriales 73
Desventajas de los experimentos factoriales 73
Tipos de experimentos factoriales 74
Experimentos factoriales completos 74
Modelo matemático 74
Cálculos 75

11 ANÁLISIS FUNCIONAL II **82**

Polinomios Ortogonales 82
Procedimiento 83
Cálculos 84
Efectos lineal, cuadrático, cúbico 85
Regresión lineal y cuadrática 85
Coeficiente de correlación y error de estimación 87
Comparaciones Ortogonales 88
Procedimiento 88
Cálculos 90
Factorial aumentado AxB+2 96
Esquema de ANOVA de factorial aumentado AxB+1 100

12 DISEÑOS EN PARCELAS DIVIDIDAS Y BLOQUES DIVIDIDOS **104**

DISEÑO EN PARCELAS DIVIDIDAS - DPD 104
Esquema del ANOVA 105
Cálculos 106
Errores estándar 107
Cálculo de unidades perdidas en un Diseño de Parcelas Divididas 108
Esquema del Diseño de Parcelas Sub-Divididas 109

DISEÑO EN BLOQUES DIVIDIDOS – DBD 111

13 DISEÑO DE FACTORES CRUZADOS Y ANIDADOS **113**

Modelo matemático 113
ANOVA Anidado o Encajado (dos factores) 113
Procedimiento del ANOVA Cruzado-Anidado (tres factores) 115
Cálculos 117
Cuadrados medios esperados 117
ANOVA Cruzado-Anidado de dos factores fijos con niveles anidados 119
ANOVA para medidas repetidas en el tiempo 119

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
OMNIUM SCIENTIA SAPIENTIA
FUNDADA EN 1620
QUITO

Escaneado con CamScanner

14 EXPERIMENTOS COMBINADOS Y ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD FENOTÍPICA **121**

EXPERIMENTOS COMBINADOS 121
ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD FENOTÍPICA 123

15 ANÁLISIS DE COVARIANCIA **127**

Modelo matemático y supuestos para la Covariancia 127
Esquema del Análisis de Covariancia 128
Cálculos 129
Procedimiento de ajuste de medias de tratamientos 130
Errores estándar de medias de tratamientos ajustadas 130

16 DISEÑO DE BLOQUES INCOMPLETOS **132**

Diseños balanceados de bloques incompletos 132
Recuperación de la información interbloque 136
Diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos 137
Cuadrados de Youden 140
Diseños de Látices 142

TABLAS **143**

TABLA 1 Puntos de porcentaje de la distribución t 144
TABLA 2 Puntos de la distribución F 145
TABLA 3 Valores críticos de Duncan 149
TABLA 4 Puntos porcentuales de la amplitud studentizada 150
TABLA 5 Valores de Dunnett para comparaciones de dos colas 152
TABLA 6 Coeficientes de polinomios ortogonales 153

BIBLIOGRAFÍA DE BASE **154**

ANEXOS **156**

ANEXO 1 Tests para comprobación de supuestos del ANOVA 157
ANEXO 2 Planes de investigación (formato y contenido) 160
ANEXO 3 Guía de prácticas de Diseño Experimental con SPSS® 165
ANEXO 4 Solución de trabajos 202
ANEXO 5 Fórmulas para el cálculo abreviado del ANOVA 235

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 1
INTRODUCCIÓN

La ciencia está constituida y enriquecida por el acopio de nuevos conocimientos, los cuales serían el resultado de varios procesos relacionados con el análisis e interpretación de hechos observados o experimentales. Estos procesos, que son parte esencial de la metodología de la investigación científica, deben ser rigurosos, organizados y cuidadosamente llevados a cabo. De esta manera la investigación científica tiende a cumplir dos propósitos fundamentales:

- Producir conocimientos nuevos y teorías (investigación fundamental)
- Resolver problemas prácticos (investigación aplicada)

La adquisición de nuevos conocimientos generalmente se da bajo dos circunstancias:

- La ocurrencia de algún hecho diferente de lo habitual
- Que este hecho se produzca en presencia de una persona capaz de identificarlo como extraño, reflexionar sobre él y extraer consecuencias

En este sentido, la experimentación tiende a reproducir artificialmente estas dos circunstancias, pues trata de forzar la aparición de hechos "extraños" en presencia de personas debidamente preparadas para interpretar y extraer conclusiones sobre los mismos.

Además, pueden desarrollarse diferentes tipos de investigaciones:

- *Investigación no experimental.*- No establece, ni puede probar, relaciones causales entre variables, pues no ha sido posible manipular deliberadamente las variables ni asignar en forma aleatoria los tratamientos bajo estudio. Con este tipo de investigación se **observan** los fenómenos en su contexto natural, para luego analizarlos; es decir, las variables independientes ya han ocurrido y no es posible manipularlas. Se identifican los siguientes tipos:
  - *Investigación descriptiva* (describe la situación de los eventos en el presente)
  - *Investigación histórica* (relaciona sucesos del pasado con otros acontecimientos de la época o con sucesos actuales)
  - *Investigación correlacional* (examina relaciones entre resultados)
  - *Estudios de casos* (son descripciones muy detalladas, a menudo personales, cuyas inferencias son limitadas)
  - *Investigación por encuesta* (intentan sondear características de la población, indagando sobre constructos de actitudes, prejuicios, preferencias, opiniones, etc.)
- *Investigación experimental.*- Investiga relaciones de causa y efecto, a fin de **confirmar** las hipótesis establecidas, para lo cual el investigador debe tener control total de los factores-tratamientos, estudiados.

Escaneado con CamScanner

- *Investigación cuasiexperimental.*- Similar a la experimental, pero en este caso el investigador no tiene control total de los tratamientos. Se denomina también *investigación post hoc* (investigación después del hecho) debido a que los grupos de observación han sido asignados antes del análisis. Se podría anotar los siguientes estudios:

  - Estudios casos-control o retrospectivos
  - Estudios de cohorte o prospectivos (evolución de grupo)

  En los diseños de estos estudios es imposible asignar de manera aleatoria participantes a todos los grupos, siendo, por tanto, un problema de validez interna lo que dificultaría una razonable comparación entre los mismos. Sin embargo, son muy importantes cuando por cuestiones éticas, morales o prácticas no es posible explorar resultados como: los efectos de la desnutrición sobre bebés o los efectos del uso materno de drogas sobre el comportamiento del recién nacido, etc.

Dentro del ámbito de la ciencia, la generación de nuevos conocimientos o la reiteración de hechos observados se apoyan en el **método científico** (ver síntesis del proceso en la figura 1.1) en donde, las hipótesis planteadas son evaluadas con el apoyo de la *estadística aplicada* que, en el campo de la experimentación, es el **Diseño Experimental**.

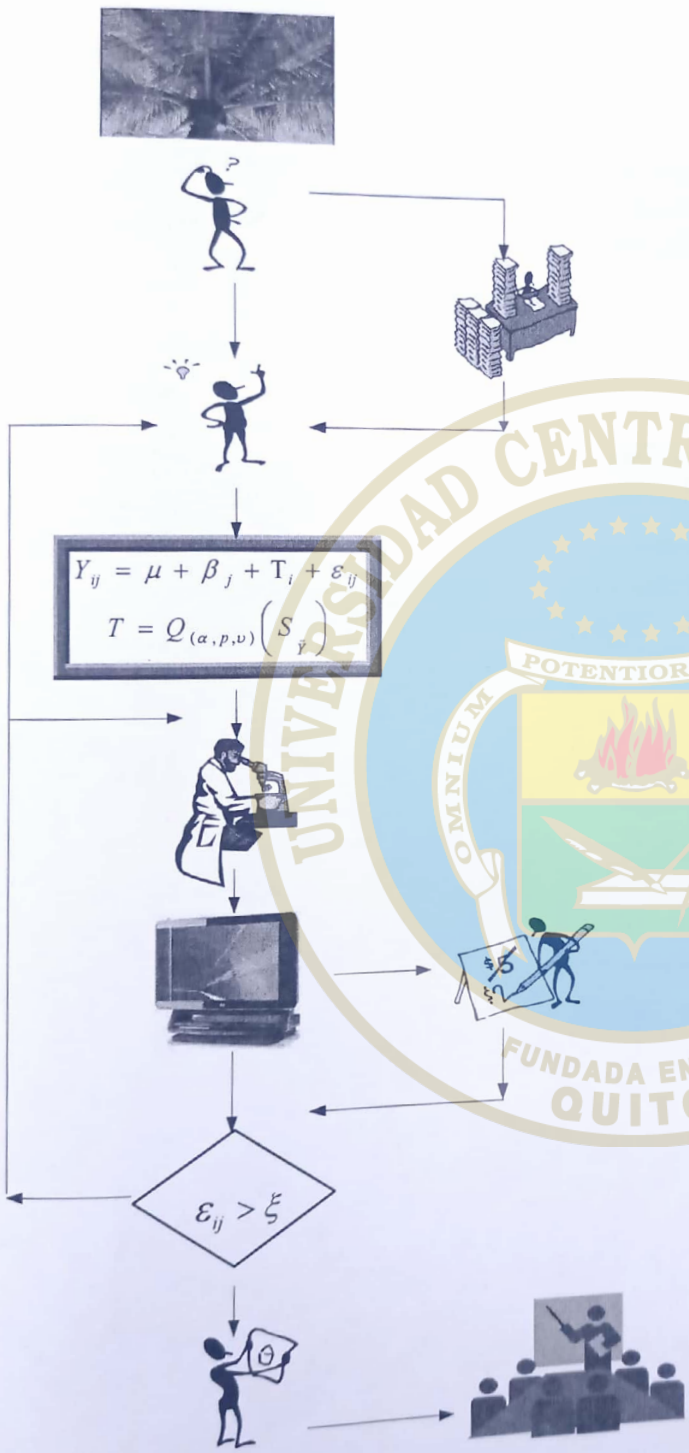
El **Diseño Experimental** proporciona los *principios del diseño, manejo y análisis de experimentos*, y en consecuencia, los elementos para el desenvolvimiento riguroso de la investigación científica. En sí, el Diseño Experimental, apegado al método científico, constituye un conjunto de técnicas y normas, para el planeamiento y conducción de la investigación, así como, para el análisis e interpretación de los resultados experimentales.

En este contexto, en el presente documento, se presentan los principios básicos de la experimentación, los modelos de diseño y otros métodos de análisis de uso más frecuente en la investigación.

El *análisis de la variancia* es ampliamente expuesto en el tercer capítulo "Introducción al Análisis de la Variancia", con cuya base se presenta, en los capítulos posteriores, su aplicación a través de varios tipos de diseños experimentales, los cuales se diferencian básicamente por la forma en que se agrupan las unidades experimentales; comenzando por clasificarlos por tratamientos (clasificación única) y luego por bloques (doble clasificación) y otras modalidades, restricciones que se impondrán en la selección del mejor plan de muestreo.

En los anexos se podrá encontrar un formato y guía para la presentación de Planes de Investigación, acorde a requerimientos de organismos nacionales e internacionales. Se considera que una buena base de planeación coadyuvará al éxito de la investigación. Adicionalmente, en anexos, se presenta la Guía de Laboratorios de Diseño Experimental con el programa estadístico SPSS ® y un solucionario de los ejercicios propuestos.

Escaneado con CamScanner



SÍNTESIS DEL PROCESO DE INVESTIGACIÓN

1. **Buscar la fuente de investigación:** Ambientes donde es posible desarrollar ideas de investigación
2. **Plantear el problema o tema de investigación**
   - Antecedentes
   - Establecer los objetivos de la investigación
   - Desarrollar las preguntas de la investigación
   - Justificar la investigación y su viabilidad
3. **Revisar hechos y teorías o elaborar el marco teórico**
4. **Definir el alcance de la investigación**
   - Exploratoria
   - Descriptiva
   - Correlacional
   - Explicativa o experimental
5. **Formular las hipótesis y definir conceptual y operacionalmente las variables y factores en estudio**
6. **Determinar y definir los materiales y métodos específicos del manejo de la investigación**
   - Metodología de la investigación
   - Definir la población de estudio
   - Establecer el plan de muestreo (Diseño Experimental)
   - Establecer los métodos estadísticos de análisis de los datos y el software a utilizar
7. **Conducción de la investigación**
   - Aplicación de los tratamientos
   - Control local y otros principios
   - Obtención de resultados
8. **Análisis e interpretación de los resultados**
9. **Análisis económico de la investigación, en caso de requerirse**
10. **Evaluación objetiva de la(s) hipótesis**
11. **Divulgación de resultados**
    - Elaborar el reporte de la investigación
    - Difundir los resultados de la investigación

Figura 1.1 Diagrama de flujo y síntesis del proceso de investigación científica. Observe que en la etapa de decisión (rombo) se evalúa la magnitud del Error Experimental y la pertinencia de los resultados experimentales. En caso de existir deficiencias en la investigación, puede requerirse la obtención de mayor información o el replanteo de la misma.

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 2

CONCEPTOS BÁSICOS

EXPERIMENTO.- Es la actividad mediante la cual se ponen a prueba diferentes materiales, de los cuales se obtienen resultados que confirman o refutan la(s) hipótesis establecida(s). En la experimentación, el Diseño Experimental establece los siguientes principios básicos:

1. Repeticiones
2. Aleatorización
3. Control local

REPETICIÓN.- No es sino la duplicación, en el tiempo y/o en el espacio, del experimento básico o de algunos tratamientos. Estas repeticiones se deben realizar para:

a. Tener una mejor estimación del efecto de los tratamientos
b. Calcular el **error experimental,** con cuya base se evalúen las diferencias del efecto de los tratamientos en estudio

ALEATORIZACIÓN.- Consiste en ubicar los tratamientos de una investigación estrictamente al azar en las unidades experimentales. Es necesario aplicar este procedimiento aleatorio para eliminar al máximo el error experimental y, en consecuencia, asegurar estimaciones insesgadas de los efectos de los tratamientos.

CONTROL LOCAL.- Se refiere a la forma de controlar el ensayo, con el establecimiento de las repeticiones, agrupando las diferentes unidades experimentales en forma homogénea en bloques, con el control del efecto de borde, etc. Esta actividad, que persigue eliminar otros efectos que no sean los provocados por los tratamientos en estudio, también se conoce como "bloqueo del ensayo" y constituye un conjunto de medidas tendientes a minimizar el error experimental y en consecuencia a evitar posibles sesgos en la inferencia.

ERROR EXPERIMENTAL (E.E.).- En estadística, el E.E. no significa necesariamente "fracaso"; está relacionado con la variabilidad de los datos como resultado de la variabilidad externa del medio (clima, topografía, suelo, etc.) en que se desenvuelve la investigación, y de la variabilidad intrínseca del material experimental; variabilidad que en primer caso puede ser controlado o no.

Una causa externa podría darse cuando, por ejemplo, los datos han sido tomados parcialmente en un día con ciertas condiciones ambientales y el resto de datos en otro día bajo diferentes condiciones. Entonces, esta falta en la conducción (toma de datos) que es una causa externa controlable, estaría aportando a la variabilidad de los datos e incrementando el E.E.

En general, el E.E. reflejaría errores de medición, experimentación, observación y efectos combinados de éstos. Éste normalmente puede reducirse adoptando una o más de las siguientes medidas:

Escaneado con CamScanner

1. Utilizando material experimental homogéneo o bloqueando el ensayo en forma adecuada
2. Utilizando información de variables aleatorias relacionadas
3. Buena conducción del experimento
4. Aplicando un Diseño Experimental eficiente
5. Realizando transformaciones de datos, conforme cada caso

UNIDAD EXPERIMENTAL (U.E.).- Es el elemento de observación o el ente físico sobre el cual se aplica un determinado tratamiento. En Biología, la U.E. puede ser un animal, una planta, un cuadrante, una colonia de organismos, una persona; parte o un conjunto de éstos.

El número de U.E. (tamaño de muestra) dependerá de la naturaleza del material en el que se aplican los tratamientos y de los factores que se estén analizando. Será más pequeño cuando se estén haciendo experimentos preliminares o el material experimental es homogéneo.

TRATAMIENTO.- Es la modalidad con que se ensaya un "factor en estudio". Éste puede aplicarse a toda la unidad experimental o a una parte de ella. Los tratamientos no son sino **niveles** de un determinado factor que deben ser aplicados en forma aleatoria en las distintas unidades experimentales, p. ej., del factor Temperatura, los tratamientos podrían ser los siguientes tres niveles: 20°C, 25°C y 30°C.

El número de tratamientos que intervienen en una investigación depende de los recursos físicos, económicos y humanos disponibles, pero ante todo, deben reflejar la problemática o hipótesis que se quiere resolver. Estos son las variables independientes.

FACTORES EN ESTUDIO.- Son las causas o concausas -causa que conjuntamente con otra producen algún efecto- que se estudian para dar respuesta a la(s) hipótesis planteada(s). Los siguientes son ejemplos de factores: métodos de erradicación de virus, irradiación Co-60, fertilización N-P-K, densidad, temperatura, hormonas, fotoperíodo, pH, hábitat, sistemas de riego, láminas de agua, etc.

VARIABLE.- Es la característica que se mide en las U.E. para evaluar el efecto de los tratamientos, p.ej., kg de rendimiento, % de infección, altura de plantas, longitud de antenas, número de individuos, densidad, cobertura, diversidad, etc. Estas características corresponden a las variables de respuesta o dependientes.

CLASES DE EXPERIMENTOS.- Se diferencian principalmente por el número de factores o tratamientos que intervienen en la investigación:

- PRELIMINARES O EXPLORATORIOS.- Persiguen definir los tratamientos que intervendrán en el ensayo definitivo, a través de pruebas preliminares con rangos amplios del o de los factores en estudio; éstos se realizan cuando no se tiene mayor conocimiento de los tratamientos a ensayar.
- SIMPLES.- Consideran un solo factor en estudio.
- FACTORIALES.- Incluyen dos o más factores.

Los resultados de estos experimentos son analizados a través del Análisis de la Variancia, conocido por sus siglas en español como ADEVA o ANDEVA y ANOVA de sus siglas en inglés (Analysis of Variance).

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 3

INTRODUCCIÓN AL ANÁLISIS DE LA VARIANCIA

3.1 Modelo lineal básico del ANOVA

3.1.1 Componentes del modelo

Como en investigación, ya sea experimental o por observación directa, se trabaja con diferentes grupos o tratamientos, los cuales son objeto de comparación; para el modelo lineal de análisis, los i grupos de observaciones se interpretan como i muestras independientes de una población grande cuya media general es μ. Estas i muestras, se supone, han sido extraídas de i subpoblaciones de esa población, cuyos valores medios respectivos son: $\mu_1=\mu+\tau_1$, $\mu_2=\mu+\tau_2$, ..., $\mu_i=\mu+\tau_i$. En cada una de ellas, la desviación de una variante con respecto a la media de su subpoblación es $\varepsilon_{ij}=y_{ij}-\mu_i$. En consecuencia, cualquier elemento de la población general puede expresarse en forma de una suma de distintos componentes:

$$y_{ij}=\mu_i+\varepsilon_{ij} \tag{3.1}$$

$$y_{ij}=\mu+\tau_i+\varepsilon_{ij} \tag{3.2}$$

$$y_{ij}-\mu=(\mu_i-\mu)+(y_{ij}-\mu_i) \tag{3.3}$$

La Eq.(3.2) de este modelo explica a la observación j-ésima de la subpoblación i-ésima como componente de una media general μ, más un componente τ_i para la subpoblación de que se trata (*efecto del tratamiento i*), más un elemento aleatorio de variación.

Este modelo es una forma útil para representar los diversos valores de una población. Sin embargo, en la mayoría de los casos, este modelo es, a lo más, una aproximación de la realidad.

Ejemplo 3.1 A fin de ilustrar la relación de los distintos componentes del modelo lineal, en el cuadro 3.1 se presentan datos de un ejemplo numérico, arreglados en una matriz m x n (3x4) y donde las filas ($m = t$) representan los grupos o tratamientos referidos con el subíndice i, y las columnas ($n = r$) representan las repeticiones referidas con subíndice j. En consecuencia, en este ejemplo, i varía de 1 a 3 (i=1...3), y j de 1 a 4 (j=1...4).

Un elemento de la matriz, entonces, podrá ser identificado por su ubicación en el arreglo, con el número de fila y número de columna a los cuales pertenece. Así, el número **10** del arreglo, correspondería al elemento o variante y_{31}, que se encuentra en la tercera fila y primera columna.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 3.1 Relación numérica del Modelo Lineal básico del ANOVA

TRATAM. * (t)	REPETICIONES (r) $j = 1, 2, ..., r$ o n				TOTALES FILAS $Y_i = \sum y_i$	MEDIAS TRATAM. $\bar{Y}_i = \frac{Y_i}{r_i}$	$\tau_i = \bar{Y}_i - \bar{Y}$	$\varepsilon_{ij} = y_{ij} - \bar{Y}_i$				Y_i^2
	1	2	3	4								
$i = 1$ 1	7	3	10	4	24	6	6 - 8 = -2	1	-3	4	-2	576
2 2	5	11	5	7	28	7	7 - 8 = -1	-2	4	-2	0	784
:												
t o m 3	**10**	13	9	12	44	11	11 - 8 = 3	-1	2	-2	1	1936
TOTALES COLUMNAS	22	27	24	23	96	24	0		0			3296
	$Y_j = \sum y_j$				$Y.. = \sum\sum y_{ij}$	$\sum \bar{Y}_i$	$\sum \tau_i$		$\sum \varepsilon_{ij}$			$\sum Y_i^2$

MEDIA GENERAL: $\bar{Y} = \sum\sum y_{ij} / N = 96 / 12 = 8$

$\bar{Y} = \sum \bar{Y}_i / m = 24 / 3 = 8$

Donde, $N = tr = mn = 4(3) = 12$ observaciones o datos

* TRATAM. = Tratamientos, grupos o muestras

Y_i , también se expresa como $Y_{i.}$ y corresponde a la Suma del Tratamiento i

Y_j , también se expresa como $Y_{.j}$ y corresponde a la Suma de la Repetición j

$Y..$, corresponde a la Suma Total

Podemos comprobar que, conforme el modelo lineal (por ejemplo con la Eq. 3.2), el elemento $y_{31} = 10$:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

$$y_{31} = 8 + 3 - 1 = 10$$

3.1.2 Estimación de la Media Aritmética y Variancia a partir de las medias de muestras o tratamientos.

MEDIA ARITMÉTICA. Del Cuadro 3.1, podemos demostrar que,

$$\text{Si } \mu = \frac{\sum\sum y_{ij}}{N} = \frac{96}{12} = 8, \text{ y también } \mu_{\bar{Y}} = \frac{\sum \bar{Y}_i}{m} = \frac{24}{3} = 8$$

$$\boxed{\mu = \mu_{\bar{Y}}} \qquad (3.4)$$

Escaneado con CamScanner

Para el cálculo de $\mu_{\bar{Y}}$, cuando se tiene diferentes tamaños de muestras, se usa la *media ponderada*:

$$\mu_{\bar{Y}} = \frac{\sum r_i \bar{Y}_i}{\sum r_i} \tag{3.5}$$

VARIANCIA. La variancia calculada a partir de las medias de muestras es,

$$\boxed{\sigma^2 = n\sigma^2_{\bar{Y}}} \tag{3.6}$$

La variancia de medias $\sigma^2_{\bar{Y}}$, a su vez puede ser estimada como sigue:

- A partir de una muestra única de tamaño n

$$s^2_{\bar{Y}} = \frac{s^2}{n} \tag{3.7}$$

- A partir de m muestras de tamaño n

$$s^2_{\bar{Y}} = \frac{\sum\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}\right)^2}{m-1} \tag{3.8}$$

Por tanto, a partir de m muestras de tamaño n, la variancia (σ^2) es estimada de la siguiente manera:

$$\boxed{s^2 = \frac{n\sum\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}\right)^2}{m-1} = \frac{\sum r_i\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}\right)^2}{m-1}} \tag{3.9}$$

Donde,

N = número total de casos
m = número de medias de muestras, grupos o tratamientos
n = tamaño de muestras (cuando son de igual tamaño)
r_i = número de observaciones o casos para cada grupo i (cuando las muestras son de diferente tamaño)

3.1.3. Desarrollo del Modelo Lineal Aditivo del ANOVA

El modelo lineal básico del ANOVA, según la Eq.(3.3), se descompone, en forma *aditiva*, en varios componentes:

$$y_{ij} - \bar{Y} = \left(\bar{Y}_i - \bar{Y}\right) + \left(y_{ij} - \bar{Y}_i\right) \tag{3.10}$$

Donde,

$y_{ij} - \bar{Y}$ = Componente de la variación total

$\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}\right)$ = Componente de la variación por los tratamientos

$\left(y_{ij} - \bar{Y}_i\right)$ = Componente de la variación aleatoria de los datos

Escaneado con CamScanner

Este modelo lineal se resuelve a través de la *Suma de Cuadrados* de las desviaciones de cada componente del modelo, así:

$$\sum_{i=1}^{m}\sum_{j=1}^{ri}\left(y_{ij}-\bar{Y}\right)^2=\sum_{i=1}^{m}r_i\left(\bar{Y}_i-\bar{Y}\right)^2+\sum_{i=1}^{m}\sum_{j=1}^{ri}\left(y_{ij}-\bar{Y}_i\right)^2 \qquad (3.11)$$

Donde,

$\sum_{i=1}^{m}\sum_{j=1}^{ri}\left(y_{ij}-\bar{Y}\right)^2$ = SUMA DE CUADRADOS TOTAL (SC_{Tot})

$\sum_{i=1}^{m}r_i\left(\bar{Y}_i-\bar{Y}\right)^2$ = SUMA DE CUADRADOS DE TRATAMIENTOS (SC_{Tr})

$\sum_{i=1}^{m}\sum_{j=1}^{ri}\left(y_{ij}-\bar{Y}_i\right)^2$ = SUMA DE CUADRADOS DEL ERROR EXPERIMENTAL O SUMA DE CUADRADOS RESIDUAL (SC_e)

Cuando, $r_1 = r_2 = \ldots = r_i$, tenemos un tamaño común $n = r_i$, por tanto la *identidad de la Suma de Cuadrados* anterior (Eq. 3.11) se convierte en,

$$\sum\sum\left(y_{ij}-\bar{Y}\right)^2=n\sum\left(\bar{Y}_i-\bar{Y}\right)^2+\sum\sum\left(y_{ij}-\bar{Y}_i\right)^2 \qquad (3.12)$$

Estas sumas de cuadrados, al ser divididas por los grados de libertad, correspondientes a cada componente, generan los cuadrados medios o variancias.

3.1.3.1 Cuadrado Medio Total

La *variancia total*, también conocida como *Cuadrado Medio Total* (CM_{Tot}), se calcula con la fórmula general o desarrollada siguientes:

$$s^2=\frac{\sum\sum\left(y_{ij}-\bar{Y}\right)^2}{N-1}=\frac{\sum\sum y_{ij}^2-\frac{\left(\sum\sum y_{ij}\right)^2}{N}}{N-1}=CM_{TOT}=\frac{SC_{TOT}}{gl_{TOT}} \qquad (3.13)$$

Donde, el numerador corresponde a la *Suma de Cuadrados Totales* y el denominador a los *grados de libertad totales*. En la *Suma de Cuadrados*, se identifica una cantidad que se conoce como *Factor de Corrección* ($FC = (\sum\sum y_{ij})^2 / N$), usado en el cálculo de la *Suma de Cuadrados* de los otros componentes.

Del ejemplo 3.1, la *Variancia* o *Cuadrado Medio Total*, calculado con la fórmula desarrollada, es:

$$s^2=\frac{(7^2+3^2+\ldots+12^2)-\frac{96^2}{12}}{12-1}=\frac{888-768}{11}=\frac{120}{11}=10.91$$

Donde, 768 es el *Factor de Corrección* y 120 la *Suma de Cuadrados Totales*.

Escaneado con CamScanner

3.1.3.2 Cuadrado Medio entre Grupos o Tratamientos

La *variancia entre grupos* (s_E^2) o *Cuadrado Medio de Tratamientos* (CM_{Tr}), a partir de las Eq. (3.9 y 3.11), es calculada como sigue:

$$s_E^2 = \frac{\sum r_i\left(\bar{Y}_i - \bar{\bar{Y}}\right)^2}{m-1} = \frac{\sum\left(\frac{Y_i^2}{r_i}\right) - \frac{(\sum Y_i)^2}{N}}{m-1} = CM_{Tr} = \frac{SC_{Tr}}{gl_{Tr}} \qquad (3.14)$$

Donde,

$\frac{(\sum Y_i)^2}{N} = \frac{(\sum\sum y_{ij})^2}{N}$ = Factor de Corrección (FC)

m = número de medias de muestras, grupos o tratamientos

r_i = tamaño de cada muestra

Cuando $r_1 = r_2 = \ldots = r_i$, tomamos un valor común n para el tamaño de las muestras, entonces, la Eq.(3.14) se convierte en:

$$s_E^2 = \frac{n\sum\left(\bar{Y}_i - \bar{\bar{Y}}\right)^2}{m-1} = \frac{\frac{\sum Y_i^2}{n} - \frac{(\sum Y_i)^2}{N}}{m-1} = CM_{Tr} = \frac{SC_{Tr}}{gl_{Tr}} \qquad (3.15)$$

Utilizando la forma desarrollada o de trabajo de la Eq.(3.15), calculamos la variancia entre grupos o tratamientos del mismo ejemplo:

$$s_E^2 = \frac{\frac{24^2 + 28^2 + 44^2}{4} - \frac{96^2}{12}}{3-1} = \frac{824 - 768}{2} = \frac{56}{2} = 28$$

Donde, 768 es el FC y 56 la *Suma de Cuadrados de Tratamientos*.

3.1.3.3 Cuadrado Medio dentro de Grupos o Tratamientos (ERROR EXPERIMENTAL)

A continuación se presenta tres posibles formas de encontrar este CM, utilizando las siguientes fórmulas:

1. $$s_e^2 = \frac{\sum\sum\left(y_{ij} - \bar{Y}_i\right)^2}{(N-1)-(m-1)} = \frac{\sum\sum y_{ij}^2 - \sum\frac{Y_i^2}{r_i}}{N-m} = CM_e = \frac{SC_e}{gl_e} \qquad (3.16)$$

Puesto que $N=mn$, los gl_e también pueden expresarse como $m(n-1)$.

Cuando $r_1 = r_2 = \ldots = r_i$, se usa un valor común n para el tamaño igual de muestras; en este caso, la forma desarrollada de la Eq.(3.16) se expresa de la siguiente manera:

Escaneado con CamScanner

$$s_e^2 = \frac{\sum\sum y_{ij}^2 - \frac{\sum Y_i^2}{n}}{N-m} \tag{3.17}$$

Reemplazando en esta ecuación con los datos del cuadro 3.1, tenemos:

$$s_e^2 = \frac{(7^2+3^2+\ldots+12^2) - \frac{24^2+28^2+44^2}{4}}{12-3} = \frac{888-824}{9} = \frac{64}{9} = 7.11$$

2. Esta *variancia* también puede ser estimada a través del *promedio de las variancias individuales* (dentro) de cada muestra, obteniéndose una *variancia común* a partir de las *variancias combinadas*:

$$s_1^2 = \frac{\sum^n (y_{1j} - \bar{Y}_1)^2}{n-1} = \frac{(7-6)^2+(3-6)^2+(10-6)^2+(4-6)^2}{4-1} = \frac{30}{3} = 10$$

$$s_2^2 = \frac{\sum^n (y_{2j} - \bar{Y}_2)^2}{n-1} = \frac{(5-7)^2+(11-7)^2+(5-7)^2+(7-7)^2}{4-1} = \frac{24}{3} = 8$$

$$s_3^2 = \frac{\sum^n (y_{3j} - \bar{Y}_3)^2}{n-1} = \frac{(10-11)^2+(13-11)^2+(9-11)^2+(12-11)^2}{4-1} = \frac{10}{3} = 3.33$$

El *promedio de estas variancias* o las *variancias combinadas* dan como resultado,

$$s_e^2 = \frac{s_1^2+s_2^2+s_3^2}{m} = \frac{10+8+3.33}{3} = \frac{21.33}{3} = 7.11 \tag{3.18}$$

Para variancias con diferente tamaño de muestras, s_e^2 se obtiene como,

$$s_e^2 = \frac{\sum_{i=1}^{m}(r_i-1)s_i^2}{\sum_{i=1}^{m}(r_i-1)} \tag{3.19}$$

NOTA: Para que las *variancias combinadas* (promedio de variancias) sea un buen *estimador del Cuadrado Medio del Error*, es necesario que las *variancias de cada grupo* sean *homogéneas o parecidas*. Este requisito del ANOVA, la *homogeneidad de las variancias*, es tratado más adelante.

3. Como se puede comprobar, en el desarrollo del *modelo del ANOVA*, *las Sumas de Cuadrados son aditivas*, al igual que los grados de libertad. Por esta característica del modelo, la manera práctica de estimar el *Cuadrado Medio del Error* es partir de su Suma de Cuadrados encontrada por simple diferencia, así:

$$SC_{TOT} = SC_{Tr} + SC_e \quad \rightarrow \quad SC_e = SC_{TOT} - SC_{Tr} \tag{3.20}$$

Reemplazando con los resultados del ejemplo 3.1 se tiene $SC_e = 120 - 56 = 64$, con lo cual,

$$CM_e = \frac{SC_e}{N-m} = \frac{64}{9} = 7.11$$

NOTA: Los *Cuadrados Medios* no son aditivos.

Escaneado con CamScanner

3.1.4 La Prueba de F

Para evaluar la significación estadística de la diferencia de los tratamientos, sobre la base del error experimental, se utiliza la Prueba de *F*, la cual es denominada así por Snedecor en honor al Estadístico Fisher.

Esta prueba, que es la razón entre dos variancias, tendría dos aplicaciones: (a) para determinar si dos estimaciones de *variancias independientes* pueden ser admitidas como *estimaciones de una misma variancia*, y (b) en el ANOVA, para verificar la igualdad de medias, según *Ho* (ver sección 3.1.5: Planteamiento de hipótesis).

Para el ANOVA, este estadístico tiene la siguiente relación:

$$F = \frac{Variancia\ entre\ muestras\ o\ tratamientos}{Variancia\ combinada\ o\ dentro\ de\ muestras} = \frac{CM_{Tr}}{CM_e} \qquad (3.21)$$

Así, para el ejemplo 3.1, se tiene:

$$F = 28 / 7.11 = 3.94^{NS}$$

Por otro lado, cuando se usa este test para la aplicación (a), en el numerador siempre irá la mayor variancia, ya que, por razones de la distribución de *F*, interesan valores de este test mayores o iguales a 1.

3.1.4.1 Significación Estadística

Para determinar la significación estadística se compara el valor calculado de *F* frente al valor crítico (teórico o esperado), visto en las tablas de *F*, con el nivel de significación escogido (0.05 ó 0.01), *m*-1 *gl* para el numerador (correspondientes al CM_{Tr}) y *N-m gl* del Error Experimental como denominador. Cuando se utilizan programas de computación para resolver los ANOVAs, éstos automáticamente dan el valor exacto de la significación (*p*) para el valor calculado de *F*. Por otro lado, cuando la *Prueba de F* es usada para evaluar la hipótesis de igualdad de dos variancias cualquiera, los grados de libertad serán r_1-1 para el numerador (de la mayor variancia) y r_2-1 para el denominador (de la menor variancia).

Para el ejemplo 3.1, los valores críticos de *F* son: $F_{.05(2;\ 9\ gl)} = 4.26$ y $F_{.01(2;\ 9\ gl)} = 8.02$, por tanto, en vista de que el valor calculado de *F* (3.94) es menor que *F crítico* a ambos niveles, se concluye que no existen diferencias significativas entre los grupos o tratamientos. Probablemente, el coeficiente de variación $\left(CV = \frac{s_e}{\bar{Y}} * 100 = \frac{2.67}{8} * 100 = 33.3\% \right)$ un tanto alto, está enmascarando las verdaderas diferencias de las medias (ver cuadro 3.1).

El *CV* es un índice que mide el porcentaje de error con respecto a la media, el cual no debería ser, para la mayoría de los casos, superior al 20 %. Debe ser mucho menor (alrededor del 5%) cuando se está ensayando bajo condiciones controladas, como en laboratorios o invernaderos, y alrededor del máximo aceptable cuando se está experimentando con animales u otras unidades experimentales de mayor variabilidad intrínseca y/o en el campo. Valores altos del *CV* (resultado de una alta variabilidad de los

Escaneado con CamScanner

datos) no estarían respaldando una verdadera evaluación de los tratamientos y en definitiva la credibilidad de los resultados del experimento en general.

En conclusión, este índice reflejaría la precisión con la cual fue conducido un ensayo, y la aceptación de un determinado porcentaje del *CV* estaría en función del control que el investigador pudiera tener sobre el experimento. También, puede reflejar el ajuste de los datos al modelo de ANOVA.

Por otro lado, para la *Prueba de F* es importante considerar el número de grados de libertad generados para el Error Experimental. Éstos deberían ser superiores a 9, con un número menor la prueba pierde sensibilidad. A la vez, este número de grados de libertad estaría determinando los tamaños de muestra mínimos requeridos (ver esta relación, más adelante, en los modelos de ANOVA).

3.1.5 Planteamiento de Hipótesis

Luego de convenir que una hipótesis es un supuesto de trabajo o resultado tentativo que espera ser verificado o rechazado al terminar la investigación, ésta es planteada en términos de comparación de los distintos tratamientos o grupos de investigación.

Para el ANOVA, las hipótesis pueden ser planteadas desde el punto de vista de las variancias o desde el punto de vista de las medias. Ambos planteamientos son equivalentes:

- Considerando las variancias,

  Ho: $s_E^2 = s_e^2$

  H_1: $s_E^2 > s_e^2$ o $s_E^2 = s_e^2 + ns_\tau^2$

  Según Ho (hipótesis nula) no hay aporte a la variación por la diferencia del efecto de los tratamientos. En H_1 (hipótesis alternativa) se plantea que sí hay una componente de variación por efecto de tratamientos (τ).

- Desde el punto de vista de las medias,

  Ho: $\mu_1 = \mu_2 = ... = \mu_i$

  H_1: $\mu_1 \neq \mu_2 \neq ... \neq \mu_i$

  Para dos grupos o tratamientos, las hipótesis serían:

  Ho: $\mu_1 = \mu_2$ o $\mu_1 - \mu_2 = 0$, es decir, $\tau = 0$

  H_1: $\mu_1 \neq \mu_2$ o $\mu_1 - \mu_2 \neq 0$, es decir, $\tau > 0$

Técnicamente, una hipótesis debería quedar expresada, p. ej., de la siguiente manera:

"La concentración de deltametrina es un factor importante en el control de triatominos según el hábitat de prevalencia"

"El amarillamiento de la palma aceitera (*Elaeis guineensis* Jacq) está relacionado al estrés hídrico, combinado con el desbalance catiónico de Ca, Mg, K"

Escaneado con CamScanner

Según estas hipótesis, cuando los tratamientos $\left(\bar{Y}_i\right)$ son iguales, τ (efecto de los tratamientos) tiende a cero; en consecuencia, $s_E^2 = s_e^2$ y F estará alrededor de 1. En los demás casos, el *CM de los Tratamientos* siempre será mayor que el *CM del Error*, por lo que F tomará valores mayores a 1. Si F está alrededor de 1, entonces se carece de pruebas para establecer algún aporte a la variación, provocado por la diferencia del efecto de los tratamientos. Igualmente, por los motivos expuestos, no tienen interés valores de *F menores que* 1, por tanto en las Tablas de F (distribución teórica de F) no se van a encontrar estos valores para el contraste, puesto que *la función de F toma valores* ≥ 1. Finalmente debe observarse que, para los casos en que F resulte ser menor que 1, por razones obvias, algunos programas de computación, que resuelven los modelos de ANOVA, no asocian la probabilidad de significación (p o *sig.*) para estos valores. En general, los programas estadísticos generan el valor calculado de las pruebas y su correspondiente nivel de significación: Si $p>0.05$ se acepta H_0, por tanto, no habrían diferencias significativas (NS) entre los tratamientos o grupos investigados; con $p\leq 0.05$ se acepta H_1, evidenciándose diferencias significativas (*) entre los tratamientos, y si $p\leq 0.01$ las diferencias, entre los tratamientos, son altamente significativas (**) aceptándose, también, H_1.

Ejemplo 3.2 En dos sitios fueron tomados datos de longitud total de neonatos de una especie. En el primer sitio se midieron 29 neonatos, con una media ($\bar{Y}_1$) de 46.86 cm y desviación estándar (s_1) de 7.96 cm; y, en el segundo sitio 27 neonatos, con una media ($\bar{Y}_2$) de 44.01 cm y s_2 =7.26 cm. Se desea saber (a) si las variancias son significativas al 0.05 y 0.01, y (b) adicionalmente, determinar si los neonatos corresponderían a individuos de la misma edad (asumiendo que la longitud estaría en función de la edad y no por efectos ambientales de los dos sitios); es decir, que las dos muestras provienen de poblaciones con medias iguales.

Solución:

a) Ho: $s_1^2 = s_2^2$, si el resultado observado es el mismo

H_1: $s_1^2 > s_2^2$, si las variancias son significativas

Datos: $s_1^2 = 7.96^2 = 63.36$ $s_2^2 = 7.26^2 = 52.71$ $r_1 = 29$ $r_2 = 27$

$$F_C = \frac{63.36}{52.71} = 1.2^{NS}$$

$F_{.05(28,26)} = 1.92$ $F_{.01(28,26)} = 2.53$

Se observa que, $Fc < F_{.05} < F_{.01}$, por tanto se concluye que las variancias de las muestras no son significativas, es decir, sí estiman una misma variancia.

b) Ho: $s_E^2 = s_e^2$, es decir, los neonatos serían de la misma edad

H_1: $s_E^2 > s_e^2$, es decir, hay aporte a la variación por la diferencia de edad de los dos grupos

Datos: $\bar{Y}_1 = 46.86$ $\bar{Y}_2 = 44.01$ m=2 (dos medias)

Escaneado con CamScanner

Cálculos: $$s_e^2 = \frac{\sum^m (r_i - 1)s_i^2}{\sum^m (r_i - 1)} = \frac{28(63.36) + 26(52.71)}{54} = 58.23$$

$$\bar{Y} = \frac{r_1 \bar{Y}_1 + r_2 \bar{Y}_2}{r_1 + r_2} = \frac{29(46.86) + 27(44.01)}{29 + 27} = 45.49$$

$$s_{\bar{Y}}^2 = \frac{\sum^m (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2}{m - 1} = \frac{(46.86 - 45.49)^2 + (44.01 - 45.49)^2}{2 - 1} = 4.07$$

$$n = \frac{2r_1 r_2}{r_1 + r_2} = \frac{2(29)(27)}{29 + 27} = 27.964$$

$$s_E^2 = n s_{\bar{Y}}^2 = 27.964(4.07) = 113.81$$

También s_E^2 puede ser calculado como sigue:

$$Y_1 = 46.86(29) = 1358.94$$
$$Y_2 = 44.01(27) = 1188.27$$
$$Y_{..} = Y_1 + Y_2 = 2547.21$$

$$s_E^2 = \frac{\sum \frac{Y_i^2}{r_i} - \frac{(\sum Y_i)^2}{N}}{m - 1} = \frac{\left(\frac{1358.94^2}{29} + \frac{1188.27^2}{27}\right) - \frac{2547.21^2}{56}}{2 - 1} = 113.57$$

$$F = \frac{113.81}{58.23} = 1.95^{NS}$$

gl (**grados de libertad**) para el numerador = m-1 = 2-1 = 1
gl para el denominador = $(r_1 - 1) + (r_2 - 1)$ = (29-1) + (27-1) = 54 ó N-m = 56-2 = 54

Con estos grados de libertad, encontramos los valores tabulares de F (Tabla 2):

$$F_{.05(1,54)} = 4.02$$
$$F_{.01(1,54)} = 7.12$$

Conclusión.- Se concluye que las dos muestras corresponden a poblaciones con las mismas medias; es decir que, probablemente los dos grupos de neonatos pertenecen a una misma edad, en función de que ambos grupos de animales tendrían el mismo tamaño.

Resolviendo el ejemplo anterior por *t de student* (puesto que se trata de dos grupos con variancias homogéneas) aplicamos la siguiente fórmula: $t = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2}{s_{\bar{d}}} = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2}{s} \sqrt{\frac{r_1(r_2)}{r_1 + r_2}}$

De los cálculos anteriores, $s_e^2 = 58.23$, por tanto,

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

$$t = \frac{46.86 - 44.01}{\sqrt{58.23}} \sqrt{\frac{29(27)}{29+27}} = 1.3965^{NS}$$

Observe que, $F = t^2 = 1.3965^2 = 1.95$

Los *gl* para la significación con *t* es igual a $(r_1\text{-}1)+(r_2\text{-}1) = 54$. Con estos grados de libertad, los valores tabulares de *t* (dos colas) al 0.05 y 0.01 son: $t_{.05(2)54} = 2.005$, $t_{.01(2)54} = 2.67$

Puesto que *t* calculada es menor que los valores críticos al 0.05 y 0.01, se llega a las mismas conclusiones anteriores obtenidas con la prueba de *F*.

TRABAJO No. 1

Como parte de un estudio se determinó el contenido de potasio por gramo de almidón de una especie (en base seca) sometida a dos regímenes de temperatura. Se obtuvieron los siguientes resultados:

Cuadro 3.2 Resultados de contenido de potasio en µg/g

Régimen de Temperatura	$\bar{Y}_i$	s_i	r_i
1	18.58	0.85	26
2	17.65	0.72	19

Con los niveles de significación del 0.05 y 0.01, se desea saber (a) si las variancias son significativas y (b) si la temperatura tiene algún efecto sobre esta variable.

3.2 Supuestos o requisitos para el ANOVA

3.2.1 Homogeneidad.- En el análisis corriente de la variancia, uno de los supuestos esenciales es que, aunque las subpoblaciones o muestras puedan tener diferentes valores medios, sus variancias internas son las mismas (variancias homogéneas); es decir, tienen una variancia común (s^2).

$$s_1^2 = s_2^2 = \ldots = s_m^2 = s^2$$

Cuando se sospecha que las muestras no tienen igual variancia, se debe utilizar la prueba de *Ji-cuadrado de Bartlett* o la *prueba de Levene* (ver Anexo 1) para determinar si las variancias son significativamente diferentes. Si se comprueba la heterogeneidad de las variancias, entonces los datos no deben ser analizados por ANOVA, debido a que no se puede estimar una variancia común s_e^2 (*Cuadrado Medio del Error*) como un promedio combinado de las distintas variancias, lo cual es un requisito del modelo del ANOVA.

3.2.2 Normalidad.- Al proyectar una prueba estadística para comparar si dos o más muestras tienen medias iguales, hacemos la suposición básica de que la variable de respuesta se distribuye *normalmente*. Puesto que, de acuerdo con el modelo lineal básico, cada variante y_{ij} se compone de tres partes, de las cuales μ y T_i se consideran valores fijos, esto hace suponer que el componente del error ε_{ij} se distribuye normalmente con media

Escaneado con CamScanner

igual a 0 y variancia del error σ_e^2. Para comprobar la normalidad debería usarse algún *test de normalidad* como χ^2 o *Kolmogorov-Smirnov*.

3.2.3 Independencia.- Además de la normalidad de los términos del error ε_{ij}, se supone que los errores están independientemente y aleatoriamente distribuidos. La falta de independencia de los ε_{ij} puede tener su origen en la *autocorrelación –autosimilitud-* de variantes adyacentes en el tiempo o espacio, falta que puede ser advertida cuando las medias y las variancias de los grupos están relacionadas. Esta independencia se consigue al aplicar los tratamientos al azar en las distintas unidades experimentales y con el uso de un Diseño Experimental y Control Local eficientes. Las pruebas utilizadas para comprobar la independencia son el *test de secuencias para la aleatoriedad y el test de ciclos*, este último para datos dicotomizados.

3.2.4 Aditividad.- Es indispensable que el efecto de los tratamientos (T_i) y los efectos ambientales (ε_{ij}) sean aditivos (conforme el modelo lineal); es decir, que el efecto de un tratamiento sea el mismo en el grupo experimental (varias unidades experimentales) donde es ensayado. Un tratamiento no debe estar interferido por otro y no deben haber unidades o bloques excepcionales ni repeticiones aberrantes. Un test para verificar este requisito es la *Prueba de Tukey para la no-aditividad* (ver Anexo 1).

La falta de estos supuestos puede ser reflejada en un elevado *CV*. En estos casos debe realizarse la *transformación de los datos* desde su escala original a otra apropiada (ver capítulo *transformaciones de datos*). Cuando no se ha logrado bajar el CV empleando el método anterior, el otro camino sería realizar el análisis de los datos por métodos aproximados *no paramétricos: test de Kruskal-Wallis, test de Friedman, entre otros.*

3.3 Fuentes de Variación.- En los Diseños Experimentales hay tantas fuentes de variación (componentes de los modelos) cuantas restricciones o causas de la variación se establezcan. En el siguiente cuadro se presentan las fuentes de variación, como ejemplo, de algunos diseños:

Cuadro 3.3 Fuentes de variación para algunos Diseños Experimentales

TIPO DE DISEÑO	FUENTES DE VARIACIÓN
De clasificación única	Total **Tratamientos** Error Experimental
De doble clasificación	Total **Bloques** **Tratamientos** Error Experimental
De clasificación múltiple	Total **Tratamientos** **Filas** **Columnas** Error Experimental

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 4

DISEÑO COMPLETAMENTE ALEATORIZADO DE UN FACTOR - DCA

Éste es un **Diseño con un criterio de clasificación o de Clasificación Única**, también se conoce como **experimento de una vía**. Tiene como única condición que los tratamientos sean aplicados completamente al azar en las unidades experimentales; la aplicación aleatoria de los tratamientos (u obtención de grupos hechos aleatorios sobre los que se aplican los tratamientos) se conoce como clasificación. Este hecho hace que el DCA exija unidades experimentales homogéneas y sea empleado sólo y exclusivamente cuando el material experimental que estamos utilizando y/o las condiciones del ambiente en las que se realiza la investigación sean homogéneas.

Por la condición de homogeneidad requerida, este Diseño no es el más recomendado para investigaciones de campo. Se lo emplea preferentemente en investigaciones que se realizan en laboratorio o invernadero; también es útil para investigaciones de carácter sociológico y cuando se trabaja con animales que permitan cumplir con la condición de homogeneidad.

Es el Diseño más sencillo para sus cálculos estadísticos y es fácil de planificar. Si se pierden unidades experimentales durante el ensayo, puede ser analizado como un DCA para muestras de diferente tamaño (ver sección 4.2). A pesar de esas ventajas, debido al requerimiento de homogeneidad del material experimental, es aplicable en forma adecuada cuando se emplean pocos tratamientos y, como se mencionó anteriormente, es el menos eficiente para investigaciones de campo.

El DCA es un Diseño básico del cual se originan los demás Diseños, conforme se adicionen otras restricciones o fuentes de variación. *

Modelo Matemático del DCA.- Este modelo corresponde al presentado en la Eq.3.2. y representa a una observación cualquiera (variante) como componente de la media general, más el efecto del tratamiento *i*, y más el error experimental; este último, producido por la variabilidad propia del individuo y/o la del medio ambiente:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij} \qquad (4.1)$$

Donde,

$i = 1,2,3, \ldots, t$ tratamientos o grupos
$j = 1,2,3, \ldots, r$ repeticiones u observaciones

Las fuentes de variación que intervienen en el DCA están íntimamente relacionadas con lo que expresa el modelo matemático Eq.(4.1):

$y_{ij} - \mu$ = Fuente de variación *Total*
τ_i = Fuente de variación por efecto de *Tratamientos*
ε_{ij} = Fuente de variación del *Error Experimental*

* Para dos grupos aleatorios, el DCA es equivalente al *t test independiente*, donde $F=t^2$.

Escaneado con CamScanner

El modelo se resuelve con ANOVA 1 (One way ANOVA) tal como fue presentado en la sección 3.1.3. Su desarrollo a través de las Sumas de Cuadrados y los cálculos de variancias o Cuadrados Medios para cada una de las fuentes de variación, en forma sistemática, se presenta en los cuadros 4.1 y 4.6 para DCA con igual tamaño de muestras y DCA con diferente tamaño de muestras, respectivamente:

4.1 DCA con igual tamaño de muestras

Cuadro 4.1 Esquema del ANOVA en DCA con igual tamaño de muestras

Fuentes de variación	gl [1]	Suma de cuadrados [2]	Cuadrados medios	F calculada	F crítico [3] .05	F crítico [3] .01	C M esperados [4]
TOTAL	N-1	$\sum\sum y_{ij}^2 - FC$					
TRATAM.	t-1	$\frac{1}{n}\sum Y_i^2 - FC$	SC_{Tr} / gl_{Tr}	CM_{Tr} / CM_e	—	—	$\sigma_e^2 + n\sigma_\tau^2$
ERROR E.	$t(r$-1)	*Diferencia*	SC_e / gl_e				σ_e^2

1. También, $gl_e = N\text{-}t$ (puesto que $N=tr$) o pueden ser calculados, simplemente, por diferencia ($gl_{Total} - gl_{Tr}$).
2. Factor de Corrección = $FC = (\sum\sum y_{ij})^2 / N$.
3. Los valores de F crítico son encontrados en las Tablas de F, con gl de tratamientos para el numerador y gl del *E.E.* para el denominador, y con el nivel de significación escogido.
4. Los Cuadrados Medios Esperados permiten descomponer la variancia para encontrar los componentes añadidos de variancia y determinar el aporte de cada fuente de variación. Aquí conviene señalar que los ANOVAs pueden ser del Modelo I o del Modelo II, para efectos fijos (todos los tratamientos del factor estudiado se incluyen en el experimento) o para efectos aleatorios (el experimento incluye solo una muestra aleatoria de los posibles tratamientos del factor en estudio, por tanto H_0 probaría que no hay diferencias entre todos los posibles tratamientos o grupos en general y no solamente entre los tratamientos ensayados) respectivamente. Para el Modelo I o de *efectos fijos*, la expresión del *cuadrado medio esperado para tratamientos* cambia a: $\sigma_e^2 + n\sum T_i^2/(t-1)$.

A los resultados del ANOVA adjuntar el cálculo del Coeficiente de Variación: $CV = \left(\sqrt{CMe}/\bar{y}\right)100$

Ejemplo 4.1 En una investigación para resolver el problema de germinación de semillas de Achira (*Canna edulis*) se probó la eficiencia de cuatro tratamientos pregerminativos frente a un control (sin tratamiento). Sobre los porcentajes de germinación obtenidos y presentados en el Cuadro 4.2 (Bastidas, 1998) realizar el Análisis de la Variancia.

Si denominamos A,B,C,D y E a los tratamientos, respectivamente,

Ho: $A = B = C = D = E$, es decir, no hay diferencia entre los tratamientos

H_1: $A \neq B \neq C \neq D \neq E$, al menos uno de ellos es diferente

Escaneado con CamScanner

Cuadro 4.2 Porcentajes de germinación de semillas de Achira (*Canna edulis*)

TRATAMIENTOS	Repeticiones u Observaciones 1	2	3	4	Y_i	$\bar{Y}_i$	s_i^2
1. Remoción de la tapa de imbibición	54.9	61.1	59.4	57.2	232.6	58.15	7.24
2. Escarificación con H_2SO_4	70.3	72.2	78.1	68.2	288.8	72.20	18.14
3. Pre-aplicación de KNO_3	3.2	4.5	3.5	3.8	15.0	3.75	0.31
4. Escarificación con papel lija	47.3	57.6	51.7	54.6	211.2	52.80	19.25
5. Control (sin tratamiento)	3.6	3.7	3.2	4.2	14.7	3.68	0.17
TOTAL:	$\sum\sum y_{ij} = \sum Y_i =$				762.30		
MEDIA GENERAL:	$(\sum Y_i)/N = (\sum \bar{Y}_i)/m =$				38.12		

Descripción de los Tratamientos:

1. Remoción de la tapa de imbibición + 24 h en agua destilada
2. Escarificación con H_2SO_4 por 120 minutos + 24 h en agua destilada
3. Pre-aplicación de KNO_3 al 4% por 24 horas
4. Escarificación con papel lija + 24 h en agua destilada

Cálculos:

1. $FC = (\sum\sum y_{ij})^2 / N = 762.3^2 / 20 = 29055.0645$
2. $SC_{TOT} = \sum\sum y_{ij}^2 - FC = \left(54.9^2 + ... + 4.2^2\right) - 29055.0645 = 45774.01 - 29055.0645 = 16718.9455$
3. $SC_{Tr} = \frac{\sum Y_i^2}{n} - FC = \frac{232.6^2 + ... + 14.7^2}{4} - 29055.0645 = 16583.618$
4. $SC_e = Diferencia = SC_{TOT} - SC_{Tr} = 16718.9455 - 16583.618 = 135.3275$

NOTA: Toda Suma de Cuadrados debe ser positiva; de no ser así, revisar los cálculos.

Cuadro 4.3 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calculada	F crítico .05	F crítico .01
TOTAL	19	16718.9455				
TRATAM.	4	16583.6180	4145.9045	459.54 **	3.06	4.89
ERROR E.	15	135.3275	9.0218			

$F\ calculada = 4145.9045/9.0218 = 459.54$

$F_{.05(4,15\ gl)} = 3.06$

$F_{.01(4,15\ gl)} = 4.89$

$$CV = \frac{\sqrt{9.0218}}{38.12} 100 = 7.88\%$$

Escaneado con CamScanner

Puesto que *F calculada* es mayor que *F crítica* se acepta H_1 a ambos niveles de significación.

Conclusiones.- El Análisis de Variancia, sobre este experimento, ha permitido advertir diferencias altamente significativas entre los tratamientos probados ($p<0.01$). De un análisis visual de las medias podemos observar que el tratamiento 2, correspondiente a la escarificación de las semillas con H_2SO_4 por 120 minutos + 24 horas en agua destilada, resultó ser el más efectivo, consiguiendo como promedio un 72.20 % de germinación de semillas de Achira. El tratamiento menos eficaz resultaría ser el número 3, con la pre-aplicación de KNO_3 al 4% por 24 horas, con el cual se consiguió un promedio de germinación del 3.75%, muy cercano al obtenido con el testigo o control. Este análisis e interpretación de los resultados del ANOVA estarían respaldados por el *CV* de 7.88%, el cual sería aceptable para este tipo de investigación.

TRABAJO No. 2 Clasificación única de ANOVA con muestras de igual tamaño

Ejercicio 1

En una investigación para probar la eficiencia de transmisión del virus *PAV* en cebada (*Hordeum vulgare*) por parte de tres especies de áfidos, se realizó la inoculación del virus con cada transmisor en 50 plantas con 4 repeticiones; es decir, se inocularon 200 plantas con cada especie de áfido. Por cada repetición se obtuvieron los porcentajes de infección que constan en el Cuadro 4.4 (Marín, 1997). Sobre estos datos determinar si existen diferencias al 0.05 y 0.01 de significación, respecto a la eficiencia de transmisión de estos vectores.

Cuadro 4.4 Eficiencia de transmisión (en %) de *PAV* por tres vectores de este virus

VECTORES	Repeticiones u Observaciones			
	1	2	3	4
R. padi	50	44	44	48
M. dirhodum	46	40	44	46
S. avenae	40	46	42	42

Ejercicio 2

En el cuadro 4.5 se presentan los resultados de la longitud de explantes de guisantes (medidos en unidades oculares) criados en un medio de cultivo en presencia de auxina con la adición de diferentes azúcares (Sokal *et al.*, 1995). Se trata de establecer el efecto antagónico de los azúcares sobre la auxina.

NOTA: Sobre los ejercicios 1 y 2, realizar:

1. ANOVA en DCA, con $\alpha = 0.05$ y $\alpha = 0.01$
2. *CV*
3. Conclusiones técnicas

Escaneado con CamScanner

Cuadro 4.5 Longitud de explantes en medios con auxina (A) + diferentes azúcares

REPETICIONES n = 9	TRATAMIENTOS (t = 5)				
	Control (A)	A + 2% de Glucosa	A + 2% de Fructosa	A + 1% de Glucosa 1% de Fructosa	A + 2% de Sucrosa
1	75	57	58	58	62
2	67	58	61	59	66
3	70	60	56	58	65
4	75	59	58	61	63
5	65	62	57	57	64
6	71	60	56	56	62
7	67	60	61	58	65
8	67	57	60	57	65
9	76	59	57	57	62

4.2 DCA con diferente tamaño de muestras (*n* desigual)

En muchas ocasiones se debe omitir la información de una o más unidades experimentales, de uno o más tratamientos. Esta omisión puede deberse a la pérdida, como muerte, de una o más unidades experimentales, o porque el investigador considera a una medida que se ha tomado como no confiable. En este caso se tendrán grupos o tratamientos con diferente número de repeticiones, y el ANOVA deberá realizarse sobre el siguiente esquema:

Cuadro 4.6 Esquema del ANOVA en DCA con diferente tamaño de muestras

Fuentes	gl [1]	Suma de cuadrados [2]	Cuadrados medios	F calculada	F crítico .05 .01	C M esperados [3]
TOTAL	N-1	$\sum\sum y_{ij}^2 - FC$				
TRATAM.	t-1	$\sum \frac{Y_i^2}{r_i} - FC$	SC_{Tr} / gl_{Tr}	CM_{Tr} / CM_e	— —	$\sigma_e^2 + n_0\sigma_\tau^2$
ERROR E.	*Dif.*	*Diferencia*	SC_e / gl_e			σ_e^2

Donde,
1. $N = \sum r_i$
2. Factor de Corrección = $FC = (\sum\sum y_{ij})^2 / N$
3. El cálculo del coeficiente n_0, para despejar la componente añadida de variancia, requiere de modelos de promedios ponderados complejos, sin embargo puede ser convenientemente aproximado a través de simples promedios: $n_0 = \sum r_i / t$

El análisis también incluye el cálculo del coeficiente de variación: $CV = \left(\sqrt{CMe} / \bar{Y}\right) * 100$

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 4.2 En un estudio se obtuvieron medidas (en micras) morfológicas de la anchura del escudo dorsal de larvas de garrapatas, tomadas de cuatro hospederos diferentes (conejos americanos). Estos cuatro hospederos fueron obtenidos al azar en una localidad, no sabiéndose nada sobre sus orígenes o de su constitución genética. Sobre estos resultados que se presentan en el cuadro 4.7 (Sokal *et al.*, 1995) realizar el ANOVA.

Para este ejemplo, el ANOVA corresponde al modelo II puesto que los grupos (conejos) fueron tomados al azar dentro de la citada localidad. Los cálculos son similares al Modelo I (de efectos fijos). La diferencia radica en que para el Modelo II la significación estadística se relaciona con la presencia de una *componente añadida de variancia*, la cual luego se procede a calcularla.

Cuadro 4.7 Anchura del escudo dorsal de 4 muestras de larvas de garrapatas

HOSPEDERO	REPETICIONES (GARRAPATAS) 1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	r_i	Y_i
 1	380	376	360	368	372	366	374	382						8	2978
 2	350	356	358	376	338	342	366	350	344	364				10	3544
 3	354	360	362	352	366	372	362	344	342	358	351	348	348	13	4619
 4	376	344	342	372	374	360								6	2168
					$N = \sum r_i =$									37	
					$TOTAL = \sum Y_i =$										13309
					$PROM. = \bar{Y} = (\sum Y_i) / N =$										359.7

$$H_0: \quad \sigma_H^2 = 0$$

Cálculos básicos:

1. $FC = 13309^2 / 37 = 4\,787\,283.27$
2. $SC_{Tot} = (380^2+376^2+\ldots+374^2+360^2) - FC = 4792869 - 4787283.27 = 5585.73$
3. $SC_{Hosp.} = (2978^2 / 8 + \ldots + 2168^2 / 6) - FC = 4789091 - 4787283.27 = 1807.73$
4. $SC_{Error} = 5585.73 - 1807.73 = 3778$

Cálculo de la componente añadida de variancia:

El cálculo de la componente añadida de la variancia por Hospederos permite estimar el porcentaje que ésta representa de la suma total de las variancias. Mientras más alta es la proporción de la componente, significa que la mayor parte de la variación en las muestras es debida, en este caso, a los hospederos.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 4.8 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calculada	F crítico 0.05	F crítico 0.01	CM esperado
TOTAL	36	5585.73					
Entre Hospederos	3	1807.73	602.6	5.26 **	2.89	4.44	$\sigma_e^2 + n_0\sigma_H^2$
Dentro de Hospederos * (ERROR EXPERIMENTAL)	33	3778.00	114.5				σ_e^2

* Entre garrapatas

$$CV = \left(\sqrt{114.5} / 359.7\right) * 100 = 2.97\%$$

Cálculo de la componente añadida de variancia debida a los hospederos, σ_H^2:

$$CM_{\text{Entre Hospederos}} = \sigma_e^2 + n_0\sigma_H^2$$

despejando tenemos,

$$\sigma_H^2 = \frac{CM_{EH} - \sigma_e^2}{n_0}$$

$n_0 = 37 / 4 = 9.25$. Si $r_1 = r_2 = \ldots = r_i$, entonces $n_0 = n$

$$\sigma_H^2 = \frac{602.6 - 114.5}{9.25} = 52.8$$

Luego, si la suma $\sigma_e^2 + \sigma_H^2$ corresponde al 100%, podemos determinar el % de σ_H^2 :

114.5 + 52.8 = 167.3

→ 100 % Total

→ 31.6 % de variación entre Hospederos

→ 68.4 % de variación entre larvas sobre Hospederos

Para su interpretación, el porcentaje de la componente añadida de variancia podría ser comparado con un coeficiente de correlación, en este caso de 0.316.

Conclusiones.- De acuerdo con los resultados del análisis de la variancia, si se hubiera tratado de un Modelo I de ANOVA, se habría detectado que existen diferencias altamente significativas entre los hospederos; sin embargo, como se trató de un Modelo II de ANOVA, el análisis de la *componente añadida de variancia* demuestra que el porcentaje de variación entre los hospederos es relativamente bajo comparado con la variación entre las larvas, por lo que el aporte de la variación entre hospederos no sería representativo para asegurar una variación significativa entre los mismos.

Escaneado con CamScanner

Si se hubiera detectado una componente añadida de variancia entre hospederos, superior a la variación entre larvas, se habría concluido que por alguna razón, las larvas de distintos hospederos presentarían más variación entre éstos que las de un mismo hospedero.

Tal variación hubiese podido reflejar alguna influencia de los hospederos individuales sobre las garrapatas (por diferencias bioquímicas en la sangre, diferencias en la piel, diferencias en el medio ambiente del hospedero en particular, etc.) o podría deberse a diferencias genéticas entre camadas de garrapatas, siendo esta última la posibilidad más razonable desde el punto de vista de la biología del organismo.

Trabajo No. 3 Clasificación Única de ANOVA con muestras de tamaño desigual

Ejercicio 1. Modelo I de ANOVA

Se realizó un experimento para investigar la eficiencia de tres dietas alimenticias. El incremento diario de peso por animal fue establecido en gramos. Los resultados constan en el siguiente cuadro:

Cuadro 4.9 Incremento diario de peso en g/animal

TRATAMIENTOS	REPETICIONES (ANIMALES)					
	1	2	3	4	5	6
A	10	8	5	12	14	11
B	6	9	8	13		
C	14	13	10	17	16	

Ho: A = B = C

Realizar:

1. ANOVA en DCA, con $\alpha = 0.05$ y $\alpha = 0.01$
2. *CV*
3. Conclusiones técnicas

Ejercicio 2. ANOVA en DCA para datos agrupados en frecuencias

De 224 ratas inoculadas con 3 cepas de gérmenes de tifoidea, a continuación se presentan los datos sobre días de supervivencia, agrupados en la distribución del Cuadro 4.10.

Realizar:

1. ANOVA en DCA, con $\alpha = 0.05$ y $\alpha = 0.01$
2. *CV*
3. Conclusiones técnicas

Escaneado con CamScanner

Cuadro 4.10 Datos sobre días de supervivencia de tres grupos de ratas infectadas con una cepa de tifoidea cada uno (Sokal *et al.*, 1995)

Días para sucumbir (Y)	Frecuencias de ratas correspondientes a cada valor de Y, e inoculadas con las siguientes CEPAS:			TOTAL
	9D	11C	DSC1	
2	6	1	3	10
3	4	3	5	12
4	9	3	5	17
5	8	6	8	22
6	3	6	19	28
7	1	14	23	38
8		11	22	33
9		4	14	18
10		6	14	20
11		2	7	9
12		3	8	11
13		1	4	5
14			1	1
TOTAL ($\sum f$)	31	60	133	224
$\sum fy =$	125	442	1037	1604
$\sum fy^2 =$	561	3602	8961	13124

NOTA: para realizar este ANOVA utilice las siguientes fórmulas:

$$N = \sum\sum f = 224$$

$$FC = \left(\sum\sum fy\right)^2 / N$$

$$SC_{Tot} = \sum\sum fy^2 - FC$$

$$SC_{Trat} = \sum\left[\left(\sum fy\right)^2 / \sum f\right] - FC$$

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 5

DISEÑO COMPLETAMENTE AL AZAR CON SUBMUESTRAS: JERÁRQUICOS Y ANIDADOS

Este tipo de DCA es utilizado para experimentos más complejos de los que se puede extraer información adicional importante, que no sería posible obtener con el diseño simple del DCA. Este diseño es adecuado para los casos en que cada clase o grupo está subdividido en **subgrupos escogidos aleatoriamente**. Así, en un experimento que se está investigando la eficiencia de tres balanceados para alimentar larvas de camarón, en lugar de disponer de una piscina por balanceado se podría diseñar el experimento con dos o más piscinas por cada formulación y en cada una de estas alimentar una muestra de camarones.

Con el diseño simple del DCA aplicado a este experimento, con una sola piscina por balanceado (ver Fig. 5.1) no podríamos estar seguros de que las diferencias observadas entre los camarones de diferentes criaderos se deben a las distintas composiciones de los balanceados.

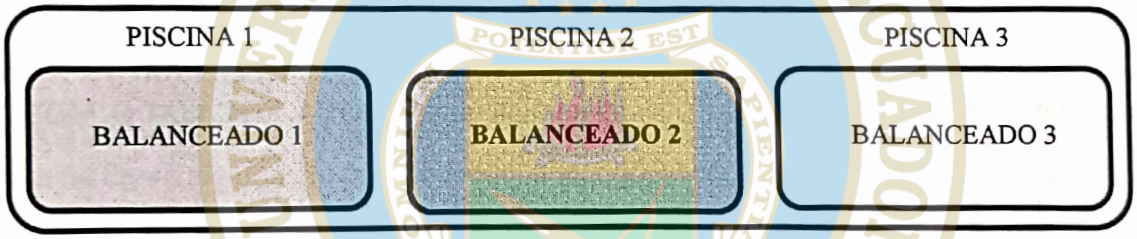


Figura 5.1 Experimento en DCA utilizando una piscina por tratamiento

Posiblemente, diferencias ecológicas y otras accidentales entre las piscinas (diferente nivel de plancton, algas, cantidad de agua u oxígeno, tamaño, etc.) podrían dar como resultado diferencias de peso y tamaño entre los camarones, las cuales se presentarían, incluso si se hubiese utilizado el mismo balanceado en todos los criaderos. La única manera de separar estos dos efectos es disponiendo de dos o más piscinas para cada composición de balanceado, tal como se indica en la Fig. 5.2.

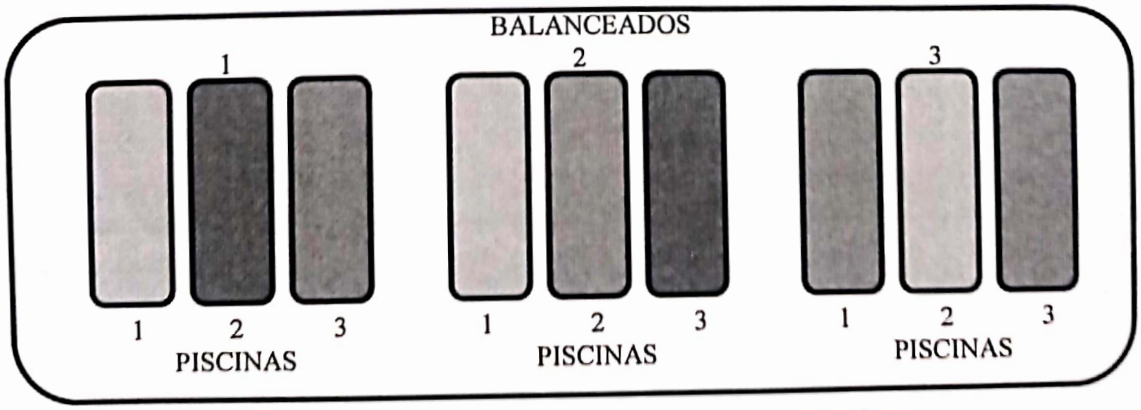


Figura 5.2 Experimento en DCA con submuestras

Escaneado con CamScanner

Si no encontramos diferencias entre criaderos dentro de los balanceados -más allá de lo que se esperaría sobre la base de la variación dentro de las piscinas- podremos atribuir las diferencias entre los balanceados a sus composiciones.

Aún, si encontramos que existe una cantidad significativa de variancia añadida entre los criaderos dentro de una composición, podemos tratar de ver si la variación entre los balanceados es mayor que lo esperado sobre la base de la variación observada entre los criaderos tratados del mismo modo. De esta manera, si el CM de tratamientos es significativo podremos concluir que las diferencias entre los balanceados son significativas, por encima y más allá de las diferencias entre piscinas.

Al análisis de este tipo de Diseño también se denomina **Análisis de Variancia Encajado** debido a que las submuestras (clasificaciones o niveles subordinados) están encajados dentro de las muestras (niveles más altos de clasificación).

En un Diseño Encajado, puesto que cada muestra puede contener submuestras y éstas a su vez pueden ser submuestreadas, y así sucesivamente, este muestreo y submuestreo repetido da origen a las **muestras anidadas o de clasificación jerárquica**. Las series de muestras pueden todas corresponder al Modelo II, o bien ser mixtas.

Los niveles subordinados de un ANOVA ENCAJADO son siempre del Modelo II; es decir, las submuestras o subgrupos son escogidos aleatoriamente, mientras el nivel más alto de clasificación puede ser del Modelo I (efectos fijos) o bien del Modelo II. Si este nivel más alto es del Modelo II, podemos hablar de un **ANOVA ENCAJADO PURO o ANOVA JERÁRQUICO**. Si es del Modelo I, lo denominaremos **ANOVA ENCAJADO MODELO MIXTO**.

Existen dos clases generales de aplicación del ANOVA ENCAJADO. La primera, relacionada con el experimento de los balanceados aplicados a las piscinas, permite asegurar la magnitud de la variancia en los diversos niveles o etapas de un experimento, o fases de un proceso industrial. Un ejemplo relacionado con esta aplicación se tendría si diseñáramos un experimento para evaluar los efectos de tres tratamientos frente a un control sobre la intensidad de pigmentación de la piel en ratas, en el que se consideren los siguientes niveles: Tratamientos / Ratas / Preparaciones de piel / Lecturas de densidad óptica. La Fig. 5.3 indica gráficamente estos niveles (submuestras) desde donde se generarían las diferentes variancias que se indican a continuación:

Nivel A (fijo) : Grupos o muestras ⟶ Genera σ^2 entre tratamientos
Nivel B (azar): Subgrupos $B \subset A$ ⟶ Genera σ^2 entre ratas dentro de tratamientos
Nivel C (azar): Subgrupos $C \subset B$ ⟶ Genera σ^2 entre preparaciones dentro de ratas
Nivel D (azar): Subgrupos $D \subset C$ ⟶ Genera σ^2 entre lecturas dentro de preparaciones

El error básico o de muestreo sería la variancia de las lecturas de densidad óptica por preparación de piel.

En general, los valores de las variancias de las submuestras son importantes en el diseño de experimentos similares porque indican a qué nivel del proceso se deberían concentrar mayores esfuerzos.

Escaneado con CamScanner

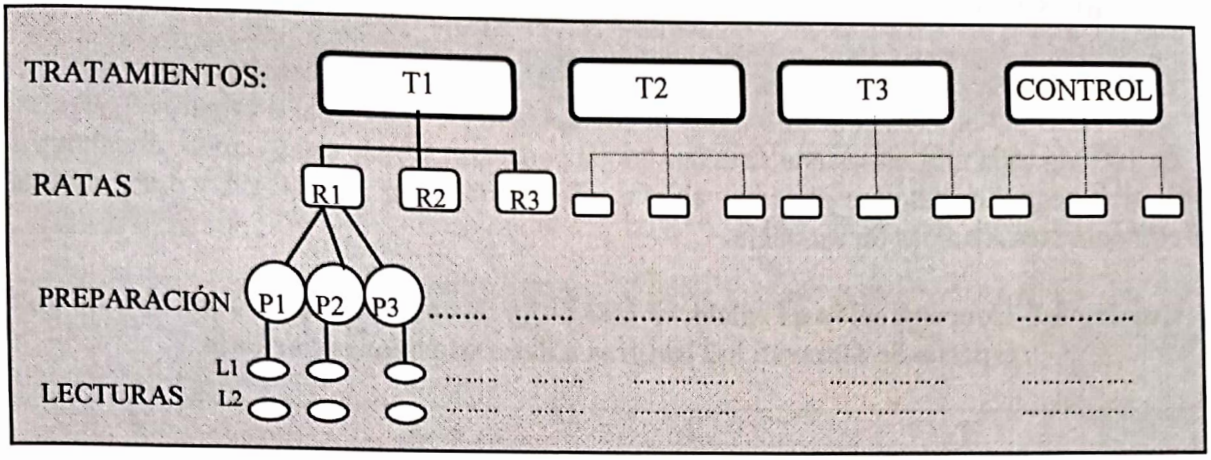


Figura 5.3 Disposición de los niveles de muestreo en un Diseño Anidado.
Note que son tres los niveles subordinados.

El segundo uso más importante del DCA con submuestras aparece en los casos en que se trata de un modelo II puro o JERÁRQUICO: Estos casos generalmente provienen del campo de la **genética cuantitativa**, en donde se desea conocer la magnitud de la variancia atribuible a los diversos niveles de variación en estudio. Uno de los objetivos de la genética cuantitativa ha sido el verificar las predicciones de la teoría genética (basada en los resultados estadísticos de la genética mendeliana) y analizar las posibles diferencias que pudieran aparecer.

El ANOVA anidado con aplicación molecular, en el cual los datos son 0 ó 1 para ausencia o presencia de un alelo, se lo conoce como AMOVA (Análisis de Variancia Molecular). Éste permite analizar la diversidad genética a diferentes niveles de variación, como: regiones, poblaciones, individuos y locus, en forma anidada. A través de las estimaciones de la variancia o Cuadrados Medios Esperados y los cálculos de los estadísticos F, como los $F_{ST}\left(\sigma^2_{Pob.}/\sigma^2\right)$, se mide el grado de diferenciación génica entre las poblaciones en función de las frecuencias alélicas. En este caso (AMOVA), las hipótesis a evaluarse sobre diferentes suposiciones evolutivas no requieren del supuesto de la normalidad.

Diseños similares pueden realizarse en **sistemática** para descubrir fuentes de variación en poblaciones naturales. En **estudios de variación geográfica**, las variaciones detectadas dentro y entre localidades pueden conducir a conclusiones importantes acerca del modelo de distribución de la población de un determinado organismo.

5.1 MODELOS MATEMÁTICOS PARA ANOVA ENCAJADO A DOS NIVELES

1. Modelo II Puro : $y_{ijk} = \mu + \tau_i + S_{ij} + \varepsilon_{ijk}$ (5.1)
2. Modelo Mixto : $y_{ijk} = \mu + T_i + S_{ij} + \varepsilon_{ijk}$ (5.2)

Donde,

S_{ij} = La contribución aleatoria del subgrupo j en el i-ésimo grupo. Este es un nuevo componente sobre el modelo básico de ANOVA, Eq.(3.2)

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 5.1 ANOVA JERÁRQUICO A DOS NIVELES

Como parte de un experimento con una especie se tomaron 4 plantas al azar, luego se seleccionaron, también al azar, 3 hojas de cada planta. De cada hoja se tomaron 2 muestras de 100 mg cada una, en las que se determinó la concentración de calcio como porcentaje de materia seca. Los datos se presentan en el cuadro 5.1. Realizar el ANOVA y determinar las componentes añadidas de variancia.

Cuadro 5.1 Concentración de calcio, en h=3 hojas de cada una de p=4 plantas de una especie. Se tomaron l=2 lecturas o determinaciones por hoja

P	1			2			3			4		
H	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
L	3.28 3.09	3.52 3.48	2.88 2.80	2.46 2.44	1.87 1.92	2.19 2.19	2.77 2.66	3.74 3.44	2.55 2.55	3.78 3.87	4.07 4.12	3.31 3.31
ΣH	2 / 6.37	7.00	5.68	4.90	3.79	4.38	5.43	7.18	5.10	7.65	8.19	6.62
ΣP	6 / 19.05			13.07			17.71			22.46		
TOT	24 / $\sum\sum\sum y_{ijk} = 72.29$											

Cálculos básicos:

1. $FC = \left(\sum\sum\sum y_{ijk}\right)^2 / phl = 72.29^2 / 24 = 217.7435$
2. $SC_{Total} = \sum\sum\sum y_{ijk}^2 - FC = (3.28^2 + \ldots + 3.31^2) - 217.7435 = 228.01 - 217.7435 = 10.2704$
3. $SC_{Plantas} = \sum\left(\sum\sum y\right)^2 / hl - FC = (19.05^2 + \ldots + 22.46^2)/6 - FC = 225.304 - 217.7435 = 7.5604$
4. $SC_{Hojas} = \sum\sum\left(\sum y\right)^2 / l - \sum\left(\sum\sum y\right)^2 / hl$
   $= (6.37^2 + \ldots + 6.62^2) / 2 - 225.304 = 227.934 - 225.304 = 2.63$
5. $SC_{Error} = \sum\sum\sum y_{ijk}^2 - \sum\sum\left(\sum y\right)^2 / l = (3.28^2 + \ldots + 3.31^2) - 227.934 = 0.076$

También la Suma de Cuadrados del Error o "entre lecturas dentro de Hojas" puede ser encontrada por diferencia:

$SC_{Error} = SC_{Total} - SC_{Plantas} - SC_{Hojas} = 10.2704 - 7.5604 - 2.63 = 0.08$

Nota: A esta Suma de Cuadrados "jerarquizada" se la conoce como Suma de Cuadrados TIPO I.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 5.2 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calculada	F crítico 0.05	F crítico 0.01	CM esperado
TOTAL	phl-1 =23	10.2704					
Entre plantas	p-1 =3	7.5604	2.5201	7.66 **	4.07	7.59	$\sigma^2 + l\sigma^2_H + lh\sigma^2_P$
Entre hojas (Error Exp.) [1]	$p(h$-1) =8	2.6300	0.3288	49.07 **	2.85	4.50	$\sigma^2 + l\sigma^2_H$
Entre lecturas (Error M.)	$ph(l$-1)=12	0.0800	0.0067				σ^2

[1] Error Exp. = Error Experimental. Es la variación generada entre hojas, puesto que éstas son las Unidades Experimentales.
Error M. = Error de Muestreo. Es la variación dentro de hojas.

Nota: Los valores de F de cada fuente se calculan sobre el CM de su nivel inferior; así, 7.66 = 2.5201 / 0.3288.

$$\text{MEDIA GENERAL} = 72.29 / 24 = 3.012$$
$$CV = \left(\sqrt{0.3288} / 3.012\right) * 100 = 19.0\%$$

Cálculos adicionales:

- Componente añadida de variancia debida a hojas dentro de plantas, $\sigma^2_{H\subset P}$:

$$\text{CM}_{\text{Entre Hojas}} = \sigma^2 + l\sigma^2_{H\subset P} = 0.3288$$
$$\sigma^2_{H\subset P} = \frac{CM_{EH} - \sigma^2}{l} = \frac{0.3288 - 0.0067}{2} = 0.161$$

- Componente añadida entre plantas, σ^2_P

$$\sigma^2 + l\sigma^2_H + lh\sigma^2_P = \text{CM}_{\text{Entre Plantas}} = 2.5201$$
$$\sigma^2_P = \frac{CM_{EP} - \left(\sigma^2 + l\sigma^2_{H\subset P}\right)}{lh} = \frac{2.5201 - 0.3288}{6} = 0.3652$$

Luego, puesto que la suma $\sigma^2 + \sigma^2_H + \sigma^2_P$ corresponde al 100% de variación, podemos determinar los porcentajes correspondientes a cada componente:

$0.0067 + 0.161 + 0.3652 = 0.5329$

- 100.00 % de la variación Total
- 68.53 % de variación entre Plantas
- 30.21 % de variación entre Hojas dentro de Plantas
- 1.26 % de variación entre Lecturas o determinaciones

Conclusiones: En la población muestreada el porcentaje de calcio varía evidentemente de hoja a hoja y de planta a planta, mostrando mayor proporción de la variación de la muestra entre plantas, luego entre hojas dentro de plantas y casi ninguna variación entre lecturas o determinaciones.

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 5.2 ANOVA ENCAJADO A TRES NIVELES: MODELO MIXTO

En este ejemplo (adaptado de Sokal *et al.*, 1995) se analizan los datos obtenidos de glucógeno (Cuadro 5.3) correspondientes a lecturas duplicadas de cada una de tres preparaciones de hígado procedentes de dos ratas sometidas a dos tratamientos frente a un testigo o control.

Cuadro 5.3 Contenidos de glucógeno en l=2 lecturas por cada una de p=3 preparaciones, procedentes de cada una de r=2 ratas, sometidas a t=3 tratamientos (incluido el control)

TRATAMIENTOS (t=3)	CONTROL						TRATAMIENTO 1						TRATAMIENTO 2					
RATAS (r=2)	1			2			1			2			1			2		
PREPARACIONES (p=3)	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
LECTURAS (l=2) $y_{ijk\tilde{n}}$	131	131	136	150	140	160	157	154	147	151	147	162	134	138	135	138	139	134
	130	125	142	148	143	150	145	142	153	155	147	152	125	138	136	140	138	127
SUMA PREPARACIONES $\sum y_{\tilde{n}}$	2																	
	261	256	278	298	283	310	302	296	300	306	294	314	259	276	271	278	277	261
SUMA DE RATAS $\sum\sum y_{k\tilde{n}}$	6																	
	795			891			898			914			806			816		
SUMA TRATAMIENTOS $\sum\sum\sum y_{jk\tilde{n}}$	12																	
	1686						1812						1622					
SUMA TOTAL $\sum\sum\sum\sum y_{ijk\tilde{n}}$	36																	
	5120																	

CÁLCULOS:

1. $FC = \left(\sum_{t}\sum_{r}\sum_{p}\sum_{l} y\right)^2 / trpl = 5120^2 / 36 = 728177.8$

2. $SC_{Tot} = \sum_{t}\sum_{r}\sum_{p}\sum_{l} y^2 - FC = (131^2 + 131^2 + \ldots + 127^2) - 728177.8 = 731508 - 728177.8 = 3330.2$

3. $SC_{Trat} = \sum_{t}\left(\sum_{r}\sum_{p}\sum_{l} y\right)^2 / rpl - FC = (1686^2+1812^2+1622^2) / 12 - 728177.8 = 729735.3 - 728177.8 = 1557.5$

4. $SC_{Ratas} = \left[\sum_{t}\sum_{r}\left(\sum_{p}\sum_{l}\right)^2 / pl\right] - \left[\sum_{t}\left(\sum_{r}\sum_{p}\sum_{l}\right)^2 / rpl\right] = (795^2+\ldots+816^2)/6 - 729735.3 = 730533 - 729735.3 = 797.7$

Escaneado con CamScanner

5. $SC_{Prep} = \left[\sum\sum\sum\left(\sum\right)^2 / l\right] - \left[\sum\sum\left(\sum\sum\right)^2 / pl\right] = (261^2+...+261^2) / 2 - 730533 = 731127 - 730533 = 594$

6. $SC_{Error} = \sum\sum\sum\sum y^2 - \left[\sum\sum\sum\left(\sum\right)^2 / l\right] = 731508 - 731127 = 381$. También puede ser calculada por diferencia:

$SC_{Error} = SC_{Tot} - SC_{Trat} - SC_{Ratas} - SC_{Prep} = 3330.2 - 1557.5 - 797.7 - 594 = 381$

Cuadro 5.4 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calc.	F esp. 0.05	F esp. 0.01	CM esperado
TOTAL	*trpl*-1=35	3330.2					
TRATAMIENTOS	*t*-1 = 2	1557.5	778.75	2.93 ^{NS}	9.55	30.82	$\sigma^2 + l\sigma^2_{P\subset R} + lp\sigma^2_{R\subset T} + lpr\sum T^2/(t-1)$
RATAS	*t*(*r*-1) = 3	797.7	265.90	5.37 *	3.49	5.95	$\sigma^2 + l\sigma^2_{P\subset R} + lp\sigma^2_{R\subset T}$
PREPARACIONES (Error Experimental)	*tr*(*p*-1)=12	594.0	49.50	2.34 *	2.34	3.37	$\sigma^2 + l\sigma^2_{P\subset R}$
LECTURAS (Error de Muestreo)	*trp*(*l*-1)=18	381.0	21.17				σ^2

MEDIA GENERAL = 5120 / 36 = 142.2 $\qquad CV = \left(\sqrt{49.50} / 142.2\right) * 100 = 5\%$

COMPONENTES DE LA VARIANCIA:

σ^2 =	21.17 =	29.65 %
$\sigma^2_{P\subset R}$ = (49.5 - 21.17) / 2 =	14.16 =	19.83 %
$\sigma^2_{R\subset T}$ = (265.9 -49.5) / 6 =	36.07 =	50.52 %
SUMA DE COMPONENTES =	71.40 =	100.00 %

Conclusiones.- La variancia añadida entre ratas es relativamente importante y no ha permitido establecer diferencias significativas entre tratamientos. Por otro lado, los pocos grados de libertad de ratas podrían afectar a la significación de los tratamientos, enmascarando sus verdaderos efectos. En ciertos casos se acostumbra, inclusive, a calcular el componente añadido de variancia del factor fijo, con lo cual se deberían establecer nuevos porcentajes de los componentes.

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 5.3 ANOVA JERÁRQUICO A DOS NIVELES CON TAMAÑO DESIGUAL DE SUBMUESTRAS

En una investigación se buscó determinar los porcentajes de nitrógeno en tres localidades de un determinado sector. Los resultados codificados de esta investigación constan en el cuadro 5.5.

Cuadro 5.5 Determinaciones de nitrógeno en tres localidades

LOCALIDADES ($l = 3$)	A			B		C	
CUADRANTES (c_i)	1	2	3	1	2	1	2
DETERMINACIONES (d_j) y_{ijk}	7 9	6 9 9	5 6 9	10 12	8 7 6	5 4 5	5 5
SUMA DE CUADRANTES r_j $\sum y_k$	2 16	3 24	3 20	2 22	3 21	3 14	2 10
SUMA DE LOCALIDADES r_i $\sum\sum y_{jk}$ (Promedios)	8 60 $\left(\bar{Y}_A = 7.5\right)$			5 43 $\left(\bar{Y}_B = 8.6\right)$		5 24 $\left(\bar{Y}_C = 4.8\right)$	
SUMA TOTAL $\sum r_i$ $\sum\sum\sum y_{ijk}$	N=18 * 127 $\left(\bar{Y}_{..} = 7.05\right)$						

* Observe que el total del experimento (127) proviene de 18 datos

Cálculos:

1. $FC = 127^2 / 18 = 896.06$
2. $SC_{Tot} = (7^2 + 9^2 + \ldots + 5^2) - FC = 979 - 896.06 = 82.94$
3. $SC_{Local.} = (60^2/8 + 43^2/5 + 24^2/5) - FC = 935 - 896.06 = 38.94$
4. $SC_{Cuad.} = (16^2/2 + 24^2/3 + \ldots + 10^2/2) - 935 = 957.7 - 935 = 22.70$
5. $SC_{E.M} = 979 - 957.7 = 21.3$. También por diferencia se obtiene: 82.94-38.94-22.70 = 21.30

Cuadro 5.6 Resultados del ANOVA

Fuentes	g.l.	SC	CM	Fc	Fe 0.05	Fe 0. 01	CM Esperado
TOTAL	N-1= 17	82.94					
LOCALIDADES	l-1= 2	38.94	19.47	3.43	6.94	18.00	$\sigma^2 + n_0\sigma^2_{C\subset L} + n_1\sigma^2_L$
CUADRANTES	$\Sigma(c_i - 1)$=4 *	22.70	5.68	2.93	3.36	5.67	$\sigma^2 + n_0\sigma^2_{C\subset L}$
ERROR M.	Dif.=11	21.30	1.94				σ^2

* 4 = (3-1)+(2-1)+(2-1)

Nota: La fuente de variación CUADRANTES corresponde a la del Error Experimental.

$$CV = \left(\sqrt{5.68} / 7.05\right) * 100 = 33.8\%$$

Escaneado con CamScanner

COMPONENTES DE LA VARIANCIA:

$$\sigma^2 = \qquad 1.94 = \quad 34.10\ \%$$

$$\sigma^2_{C\subset L} = \frac{CM_{EC} - \sigma^2}{n_0} = (5.68 - 1.94)/2.57 = \qquad 1.45 = \quad 25.48\ \%$$

$$\sigma^2_{L} = \frac{CM_{EL} - CM_{EC}}{n_1} = (19.47 - 5.68)/6 = \qquad 2.30 = \quad 40.42\ \%$$

SUMA DE COMPONENTES = $\qquad 5.69 = \quad 100.00\ \%$

Donde,

$$n_0 = \frac{\sum r_j}{\sum c_i} = \frac{18}{7} = 2.57143 \qquad n_1 = \frac{\sum r_i}{l} = \frac{18}{3} = 6.0$$

Conclusiones.- Del análisis de la variancia, para un Modelo I de ANOVA, no se detectan diferencias significativas para localidades ni cuadrantes. Probablemente, el elevado CV (33.8%) y los pocos grados de libertad del denominador (4) estarían enmascarando las diferencias numéricas que se observan entre las medias de las localidades. Sin embargo, en consecuencia al análisis de un modelo jerárquico de ANOVA, se advierte una componente añadida de variancia para localidades superior que la de cuadrantes, pero relativamente pequeña (40.42%), por lo que su aporte a la variación total está en esa misma dimensión. Según esto, tanto las localidades como los cuadrantes dentro de éstas son homogéneos, en cuanto al contenido de N.

Ejemplo 5.4 ANOVA ENCAJADO A TRES NIVELES CON TAMAÑO DESIGUAL DE SUBMUESTRAS. MODELO MIXTO

Con los datos de un experimento (cuadro 5.7) sobre número de semillas por cápsula de una especie, realizar el ANOVA:

Cuadro 5.7 Número de semillas por cápsula obtenidos con cruzamientos de una especie

MORFOTIPO (m=2)	M1							M2				
ENTRADA (e_i)	1			2		3		1		2		
CRUCE (c_j)	1	2	3	1	2	1	2	1	2	1	2	3
LECTURAS (l_k) $y_{ijk\tilde{n}}$	5 7 4 6	4 5 8 6	5 7 6	6 4	7 6 5	7 5	6 4 5	8 7 9	7 9 10 8	9 8 10	7 10 9 8	9 7 10
SUMA CRUCES r_k $\sum y_{\tilde{n}}$	4 22	4 23	3 18	2 10	3 18	2 12	3 15	3 24	4 34	3 27	4 34	3 26
SUMA ENTRADAS r_i $\sum\sum y_{k\tilde{n}}$	11 63			5 28		5 27		7 58		10 87		
SUMA MORFOTIPOS r_i $\sum\sum\sum y_{jk\tilde{n}}$	21 118 $\left(\bar{Y}_1 = 5.62\right)$							17 145 $\left(\bar{Y}_2 = 8.53\right)$				
SUMA TOTAL $\sum r_i$ $\sum\sum\sum\sum y_{ijk\tilde{n}}$	N=38 263 $\left(\bar{Y}_{..} = 6.92\right)$											

Escaneado con CamScanner

Cuadro 5.8 Esquema del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM esperado
TOTAL	N-1	$\sum^{m}\sum^{e}\sum^{c}\sum^{l} y^2 - FC$	
MORFOTIPOS ($i = 1...m$)	m-1	$\sum^{m}(\sum^{e}\sum^{c}\sum^{l} y)^2 / r_i - FC$	$\sigma^2 + n_0\sigma_C^2 + n_1\sigma_E^2 + n_2\sigma_M^2$ *
ENTRADAS ($j = 1...e_j$)	$\sum(e_i - 1)$	$\sum^{m}\sum^{e}(\sum^{c}\sum^{l} y)^2 / r_j - \sum^{m}(\sum^{e}\sum^{c}\sum^{l} y)^2 / r_i$	$\sigma^2 + n_0\sigma_C^2 + n_1\sigma_E^2$
CRUCES ($k = 1...c_j$)	$\sum(c_j - 1)$	$\sum^{m}\sum^{e}\sum^{c}(\sum^{l} y)^2 / r_k - \sum^{m}\sum^{e}(\sum^{c}\sum^{l} y)^2 / r_j$	$\sigma^2 + n_0\sigma_C^2$
E.MUESTREO	Dif.	Diferencia	σ^2

* CM esperado del nivel superior para Modelo Mixto: $\sigma^2 + n_0\sigma_C^2 + n_1\sigma_E^2 + n_2 \sum T^2 / (t-1)$

$FC = (\sum^{m}\sum^{e}\sum^{c}\sum^{l} y)^2 / N$

Cálculos básicos:

1. $FC = 263^2 / 38 = 1820.24$
2. $SC_{Tot} = (5^2+7^2+...+10^2) - FC = 1947 - 1820.24 = 126.76$
3. $SC_{Morf} = (118^2/21 + 145^2/17) - FC = 1899.81 - 1820.24 = 79.57$
4. $SC_{Entr} = (63^2/11+28^2/5+...87^2/10) - 1899.81 = 1900.89 - 1899.81 = 1.08$
5. $SC_{Cruc} = (22^2/4+23^2/4 +...+ 26^2/3) - 1900.89 = 1904.58 - 1900.89 = 3.69$
6. $SC_{Error} = 1947 - 1904.58 = 42.42$, también por diferencia: 126.76 - 79.57 - 1.08 - 3.69 = 42.42

Cuadro 5.9 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	Fc	Fe 0.05	Fe 0.01
TOTAL	37	126.76				
MORFOTIPOS	1	79.57	79.57	221.03 **	10.13	34.12
ENTRADAS	3 *	1.08	0.36	0.68 ^{NS}	4.35	8.45
CRUCES (E.EXP)	7	3.69	0.53	0.33 ^{NS}	2.39	3.42
E. MUESTREO	26	42.42	1.63			

* 3 = (3-1)+(2-1). Observe que los valores de F de cada fuente son calculados sobre la base del CM de su nivel inferior.

$$CV = \left(\sqrt{0.53} / 6.92\right) * 100 = 10.5\%$$

Escaneado con CamScanner

COMPONENTES DE LA VARIANCIA:

$\sigma^2 =$		1.63 =	28.10 %
$\sigma^2_{C \subset E} = \frac{CM_{EC} - \sigma^2}{n_0}$	= (0.53 -1.63) /3.17 = -0.35 ≈	0.00 =	0.00 %
$\sigma^2_{E \subset M} = \frac{CM_{EE} - CM_{EC}}{n_1}$	= (0.36 -0.53) /7.6 = -0.02 ≈	0.00 =	0.00 %
$\sum M^2 / (m-1) = \frac{CM_{EM} - CM_{EE}}{n_2}$	= (79.57 - 0.36) / 19 =	4.17 =	71.90 %
SUMA DE COMPONENTES =		5.80 =	100.00 %

Donde,

$$n_0 = \frac{\sum r_k}{\sum c_j} = \frac{38}{12} = 3.17 \qquad n_1 = \frac{\sum r_j}{\sum e_i} = \frac{38}{5} = 7.6 \qquad n_2 = \frac{\sum r_i}{m} = \frac{38}{2} = 19.0$$

Conclusiones.- Existen diferencias altamente significativas entre morfotipos, con una componente añadida de variancia del 72%. Entre clones y entre cruzas no se detectó ninguna variabilidad.

Trabajo No.4. Ejercicio 1. ANOVA encajado a dos niveles - Modelo mixto

En un estudio sobre fermentación para convertir azúcar en ácido láctico, se escogieron tres microorganismos para llevar a cabo el experimento, preparándose una cierta cantidad de material azucarado. Este material se dividió en tres partes. Cada una de estas partes se subdividieron en tres porciones y la última en cuatro. Las porciones, cada una de 100 ml, fueron las Unidades Experimentales. Las porciones de la primera parte fueron inoculadas con el microorganismo M-1, las porciones de la segunda parte con el M-2 y las de la tercera con el M-3. En cada una de ellas, después de 24 horas, se determinó, con diferente número de repeticiones, la cantidad de ácido láctico convertido (cuadro 5.10).

Cuadro 5.10 Datos codificados sobre cantidad de ácido láctico convertido. Los datos originales fueron expresados en mg/100 cc y codificados para facilidad del cálculo

MICROORGANISMO	M-1			M-2			M-3			
PORCIÓN	1	2	3	1	2	3	1	2	3	4
DETERMINACIONES	80	75	76	42	45	41	56	50	50	54
	76	70	77	35	44	38	58	51	51	56
	79	76	52		40	40	51	71	58	
	51						66			

REALIZAR:
a) ANOVA con $\alpha = 0.05$ y $\alpha = 0.01$
b) CV
c) Componentes añadidos de variancia
d) Pruebas de Significación: DMS, TUKEY-KRAMER y SCHEFFE con $\alpha = 0.05$, para el factor microorganismos
e) Conclusiones técnicas

NOTAS:
1. Si una componente añadida de variancia resulta negativa, hacerla cero.
2. Completar este trabajo con la revisión del siguiente capítulo.

Escaneado con CamScanner

Ejercicio 2. Análisis de Variancia Molecular-AMOVA

Con los siguientes datos (hipotéticos, al azar) sobre presencia/ausencia de un alelo, realizar el AMOVA y cálculo de los estadísticos F de diferenciación génica: F_{ST}, F_{IT} y F_{IS}.

Cuadro 5.11 Datos hipotéticos sobre presencia /ausencia de un alelo en dos locus (w=2) analizados en quince individuos (b=15) de cada una de tres poblaciones (a=3).

Individuos	Población 1			Población 2			Población 3		
	W1	W2	Total	W1	W2	Total	W1	W2	Total
1	1	0	1	1	0	1	0	1	1
2	1	0	1	1	0	1	1	0	1
3	1	0	1	0	1	1	1	0	1
4	1	0	1	1	0	1	1	0	1
5	0	0	0	0	0	0	1	1	2
6	1	1	2	0	1	1	1	0	1
7	1	0	1	1	1	2	1	1	2
8	0	1	1	0	0	0	1	1	2
9	1	0	1	1	1	2	1	0	1
10	0	1	1	0	0	0	0	1	1
11	0	1	1	1	1	2	1	0	1
12	1	1	2	1	0	1	1	1	2
13	0	1	1	1	1	2	1	0	1
14	0	1	1	0	0	0	1	0	1
15	1	0	1	0	1	1	1	0	1
TOTAL POB.			16			15			19
GRAN TOTAL	90				50				

El modelo de AMOVA a dos niveles corresponde a:

$$y_{ijk} = \mu + A_i + \beta_{ij} + W_{ijk}$$

Donde,

y_{ijk} = un valor cualquiera, 0 ó 1, para el k-ésimo alelo del j-ésimo individuo de la i-ésima población

A_i = efecto de la i-ésima población, con variancia σ_A^2

β_{ij} = efecto del j-ésimo individuo dentro de la i-ésima población, con variancia σ_B^2

W_{ijk} = efecto del k-ésimo locus del j-ésimo individuo de la i-ésima población, con variancia σ_W^2

Cuadro 5.12 Modelos de los Cuadrados Medios Esperados y de los Estadísticos F

Fuentes	gl	CM esperados
Entre poblaciones	a-1	$\sigma_W^2 + w\sigma_B^2 + wb\sigma_A^2$
Entre individuos (Pob.)	a(b-1)	$\sigma_W^2 + w\sigma_B^2$
Dentro de individuos	ab(w-1)	σ_W^2
Total	abw-1	$\sigma^2 = \sigma_W^2 + \sigma_B^2 + \sigma_A^2$

Estadísticos F
$F_{ST} = \sigma_A^2 / \sigma^2$
$F_{IT} = (\sigma_A^2 + \sigma_B^2)/\sigma^2$
$F_{IS} = \sigma_B^2 / (\sigma_B^2 + \sigma_W^2)$

Donde,

F_{ST}=grado de diferenciación génica entre las poblaciones, en función de las frecuencias alélicas

F_{IT}=deficiencia o exceso de heterocigotos promedio en un grupo de poblaciones

F_{IS}=deficiencia o exceso de heterocigotos promedio en cada población

Nota: La divergencia genética puede ser pequeña (F_{ST} entre 0 y 0.05), moderada (F_{ST} entre 0.05 y 0.15), grande (F_{ST} entre 0.15 y 0.25) o muy grande (F_{ST} > 0.25).

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 6

ANÁLISIS FUNCIONAL I: PRUEBAS DE SIGNIFICACIÓN (POST HOC)

El **Análisis Funcional de la Variancia** incluye un conjunto de técnicas que son utilizadas para obtener mayor información de los factores cuando éstos constituyen **efectos fijos (Modelos I)**, éstas son:

a) Pruebas de Significación
b) Comparaciones o Contrastes Ortogonales, y
c) Polinomios Ortogonales

Para su estudio, las *Pruebas de Significación* son tratadas dentro del *Análisis Funcional I de Variancia*, y las otras dos técnicas, presentadas más adelante, dentro del *Análisis Funcional II*: adelantamos que los **polinomios ortogonales** permiten estimar las tendencias de respuesta que proyectan los tratamientos; mientras que, a través de las **comparaciones ortogonales** se contrastan grupos de tratamientos según sea el interés del investigador.

Por su lado, las **pruebas de significación** constituyen una serie de cálculos estadísticos que permiten agrupar a los tratamientos en rangos, mismos que involucran a uno o más tratamientos, consiguiéndose, de esta manera, identificar el mejor o los mejores tratamientos a partir de la magnitud de sus medias.

Cuando se ejecuta una investigación, a fin de ensayar una hipótesis determinada, y los datos obtenidos al ser sometidos al ANOVA advierten significación estadística para tratamientos, la prueba de F no proporciona indicio alguno de las medias diferenciadas, que permita identificar el o los mejores tratamientos. Esto se consigue a través de las pruebas de significación, con la localización de las medias en rangos o subconjuntos homogéneos. Se ha desarrollado una gran cantidad de estas pruebas, pero las mayormente empleadas son:

1. Diferencia Mínima Significativa - **DMS**
2. Prueba de rango múltiple de **DUNCAN**
3. Prueba de rango múltiple de Student-Newman-Keuls: **SNK**
4. Diferencia Significativa Honesta (HSD) de **TUKEY**
5. Prueba de **TUKEY-KRAMER**
6. Prueba de **SCHEFFÉ**
7. Prueba de **DUNNETT**

Estas pruebas se realizan normalmente con los niveles de significación del 5% o del 1%, sin embargo, es más frecuente el uso del 0.05. Con excepción de la séptima prueba (*Dunnett*), que es utilizada para comparar cada tratamiento ensayado frente a un control o testigo las demás pruebas se han presentado en orden de su rigurosidad, siendo la más estricta la prueba de *Scheffé*. La prueba de *Tukey* es conocida como *honesta* por su rigurosidad intermedia, por lo que es una de las más empleadas. La elección de una prueba ± rigurosa dependerá esencialmente del tipo de material experimental que se esté manejando, justificándose mayor rigurosidad con materiales ensayados en laboratorios -poca variación- y ser menos exigentes con materiales de campo o sujetos a mayor variación incontrolable.

Escaneado con CamScanner

6.1 Diferencia Mínima Significativa - DMS (Least Significant Difference, LSD)

Es el valor mínimo que tiene que cumplir la diferencia de un par de medias comparadas para que éstas puedan ser consideradas significativamente diferentes. DMS es utilizado para comparaciones simples entre dos medias adyacentes, cuya comparación ha sido planeada en un experimento en particular. Esta prueba no debe usarse para comparar todos los posibles pares de medias, pues no toma en cuenta la *tasa de error* para el conjunto de comparaciones la cual puede llegar a $1-(1-\alpha)^{1/k}$, siendo α el nivel de significación y k el número de comparaciones realizadas.

Si partimos de la prueba de **t de student**, donde, $t = \dfrac{\bar{d}}{S_{\bar{d}}} = \dfrac{\bar{Y}_i - \bar{Y}_j}{\sqrt{CM_e\left(\dfrac{2}{n}\right)}}$

y despejamos, $\bar{d} = tS_{\bar{d}}$, entonces DMS es la diferencia mínima requerida de $\bar{d}$ con un nivel se significación α. Por tanto,

$$DMS = t_{\alpha(2)\upsilon}\left(S_{\bar{d}}\right) = t_{\alpha(2)\upsilon}\sqrt{CM_e\left(\frac{2}{n}\right)} \tag{6.1}$$

Donde,

$t_{\alpha(2)\upsilon}$ = valor mínimo de **t de student** al nivel de significación α, dos colas (2) y υ grados de libertad correspondientes al error experimental

CMe = Cuadrado Medio del Error Experimental o *variancia combinada*

n = tamaño igual de muestra de cada tratamiento. Cuando n_i es diferente a n_j, es decir los tamaños de muestra del par de tratamientos a ser comparados son diferentes, entonces,

$$S_{\bar{d}} = \sqrt{CM_e\left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j}\right)}$$

6.2 Pruebas de DUNCAN y SNK

Estas pruebas de significación se conocen como pruebas de rango múltiple y son pruebas en secuencia que toman más de un valor crítico, cada vez mayor, para establecer -mediante comparaciones- las diferencias entre medias de tratamientos. Tienen las siguientes fórmulas:

$$D = Q_{(\alpha;2,3,\ldots,p;\upsilon)}\left(S_{\bar{Y}}\right) \tag{6.2}$$

$$SNK = Q_{(\alpha;2,3,\ldots,p;\upsilon)}\left(S_{\bar{Y}}\right) \tag{6.3}$$

Donde,

Q es un valor tomado de las tablas de **Duncan** y **Rango Estudentizado**, respectivamente, en base a los siguientes parámetros:

α = nivel de significación

p = número de medias de tratamientos **involucradas**, varía de 2 , 3 , … , p

υ = grados de libertad del Error Experimental

$S_{\bar{Y}} = \sqrt{\dfrac{CM_e}{n}}$ = Error Estándar (SE)

Escaneado con CamScanner

6.3 Prueba de TUKEY

La prueba de Tukey, conocida como prueba honesta de significación, es utilizada cuando en la investigación se quiere comparar más de dos medias de tratamientos. Es más rigurosa que las anteriores, pues toma un solo valor de Q de la misma tabla del rango estudentizado y corresponde al mayor valor utilizado por SNK. La prueba de Tukey viene dada por:

$$T = Q_{(\alpha,p,\upsilon)}\left(S_{\bar{Y}}\right) \tag{6.4}$$

Donde,

Q es un valor tomado de la tabla del **Rango Estudentizado**, en base a:
α = nivel de significación
p = número de medias de tratamientos
υ = grados de libertad del Error Experimental

6.4 Prueba de TUKEY - KRAMER

Es utilizada para comparar promedios con diferente tamaño de muestra. El método es igual al anterior; sin embargo, $S_{\bar{Y}}$ es sustituido por $S_{\bar{d}}$, calculado en base a los n del par de promedios que se compara, así:

$$T_K = Q_{(\alpha,p,\upsilon)}\left(S_{\bar{d}}\right) = Q_{(\alpha,p,\upsilon)}\sqrt{\frac{CM_e}{2}\left(\frac{1}{n_i}+\frac{1}{n_j}\right)} \tag{6.5}$$

Donde,

Q = valor obtenido de la tabla del Rango Estudentizado
n_i , n_j = tamaños de las muestras cuyas medias se comparan

6.5 Prueba de SCHEFFÉ

Esta es la más potente de las pruebas de significación y se fundamenta en la distribución de F. Tiene el siguiente modelo:

$$SCH = F_0\left(S_{\bar{d}}\right) \tag{6.6}$$

Donde,

$F_0 = \sqrt{(p-1)F_{(\alpha,p-1,\upsilon)}}$

p = número de medias de tratamientos
F = valor tabular de F a un nivel de significación α con,
p-1= grados de libertad para el numerador, y
υ = grados de libertad del Error Experimental

$S_{\bar{d}} = \sqrt{CM_e\left(\frac{1}{n_i}+\frac{1}{n_j}\right)}$

n_i , n_j = son el número de repeticiones o tamaño de las muestras del par de tratamientos que se compara

Escaneado con CamScanner

6.6 Prueba de DUNNETT

Esta prueba se diferencia de las anteriores en que todos los tratamientos, a través de sus medias, son comparados con la media del tratamiento control o testigo. Su fórmula es:

$$DU = Q_{\alpha,p,\upsilon}\left(S_{\bar{d}}\right) = Q_{\alpha,p,\upsilon}\sqrt{CM_e\left(\frac{2}{n}\right)} \qquad (6.7)$$

Donde,

$Q_{\alpha,p,\upsilon}$ = valor de Dunnett al nivel de significación α con p número de tratamientos, sin incluir al control, y υ grados de libertad correspondientes al error experimental. Los valores de Q son dados en la tabla de Dunnett, para dos colas

CMe = Cuadrado Medio del Error Experimental

n = tamaño igual de muestra de cada tratamiento. Cuando n_i es diferente a n_j, es decir, los tamaños de muestra del par de tratamientos a ser comparados son diferentes,

entonces, $S_{\bar{d}} = \sqrt{CM_e\left(\frac{1}{n_i}+\frac{1}{n_j}\right)}$

6.7 PROCEDIMIENTO

1. Verificar si el factor sobre el cual se va a realizar el Post hoc es fijo.
2. Se establece si existen o no diferencias significativas en el ANOVA. De no detectarse significación estadística no hace falta aplicar estas pruebas.
3. Se calcula el valor (diferencia crítica) correspondiente a la prueba de significación escogida.
4. Se ordenan las medias de tratamientos en forma ascendente o descendente.
5. Se realizan todas las comparaciones posibles entre pares de medias de tratamientos y se calculan sus diferencias (matriz de diferencias), con excepción de Dunnett que sólo requiere de las diferencias de cada tratamiento con respecto al testigo.
6. Estas diferencias, obtenidas de los pares de medias de tratamientos, se comparan con los valores de la prueba de significación, estableciéndose la significancia para cada par.
7. Finalmente, a partir de la significación estadística, se establecen los rangos con pares no significativos (NS) o iguales, pudiendo cada rango involucrar una o más medias de tratamientos.

Ejemplo 6.1 Sobre el resumen de resultados (cuadro 6.1) del ejercicio 2 - trabajo 2: "efecto de azúcares + auxina sobre crecimiento de explantes de guisantes", realizar las pruebas de significación presentadas anteriormente: DMS, DUNCAN, SNK, TUKEY, SCHEFFÉ y DUNNETT. Este es un caso en el que con las diferentes pruebas de significación se obtiene la misma estructura de rangos, es decir, las mismas conclusiones, debido a que las diferencias entre las medias de los tratamientos son muy grandes.

Cuadro 6.1 Resumen de resultados del ejercicio 2 - Trabajo 2

	No. de Tratamiento				
	1	2	3	4	5
$\bar{Y}_i$:	70.33	59.11	58.22	57.89	63.78
Otros datos:	$CM_e = 5.67$		$gl_e = 40$	$n = 9$	

Se espera en general que, las pruebas más estrictas (menos conservadoras) permitan encontrar con menos facilidad diferencias en la comparación y por tanto menor número de rangos, que las pruebas de significación más conservadoras.

Escaneado con CamScanner

- **Valores críticos para las diferentes pruebas de significación:**

Valor de DMS: $DMS = t_{0.05(2)40}\sqrt{CM_e\left(\frac{2}{n}\right)} = 2.021\sqrt{2(5.67)/9} = 2.27$

Valores de DUNCAN: $D = Q_{(0.05;2,3,4,5;40)}\left(S_{\bar{Y}}\right)$

Donde, $Q_{(0.05;2,3,4,5;40)}$ = valores obtenidos en la tabla de *Duncan*

$S_{\bar{Y}} = \sqrt{\frac{5.67}{9}} = 0.794$

	Num. Trat. Involucrados			
	2	3	4	5
Q:	2.86	3.01	3.10	3.17
$S_{\bar{Y}}$:	0.794	0.794	0.794	0.794
$D = Q * S_{\bar{Y}}$:	2.27	2.39	2.46	2.52

Valores de SNK: $SNK = Q_{(0.05;2,3,4,5;40)}\left(S_{\bar{Y}}\right)$

Donde, $Q_{(0.05;2,3,4,5;40)}$ = valores obtenidos en la tabla del *Rango Estudentizado*

$S_{\bar{Y}} = \sqrt{\frac{5.67}{9}} = 0.794$

	Num. Trat. Involucrados			
	2	3	4	5
Q:	2.86	3.44	3.79	4.04
$S_{\bar{Y}}$:	0.794	0.794	0.794	0.794
$SNK = Q * S_{\bar{Y}}$:	2.27	2.73	3.01	3.21

Valor de TUKEY: $T = Q_{(0.05;5;40)}\left(S_{\bar{Y}}\right) = 4.04(0.794) = 3.21$

Donde, $Q_{(0.05;5;40)} = 4.04$ = valor obtenido de la tabla del *Rango Estudentizado*

$S_{\bar{Y}} = \sqrt{\frac{5.67}{9}} = 0.794$

Valor de SCHEFFÉ: $SCH = \sqrt{(p-1)F_{(\alpha,p-1,\upsilon)}} * \sqrt{CM_e\left(\frac{1}{n_i}+\frac{1}{n_j}\right)}$

$SCH = \sqrt{(5-1)F_{(0.05,4,40)}} * \sqrt{5.67\left(\frac{1}{9}+\frac{1}{9}\right)} = \sqrt{4(2.61)} * 1.12 = 3.62$

Valor de DUNNETT: $DU = Q_{0.05,4,40}\sqrt{CM_e\left(\frac{2}{n}\right)} = 2.58\sqrt{2(5.67)/9} = 2.90$

Escaneado con CamScanner

- **Matriz de diferencias sobre medias ordenadas:**

Trat.		1	5	2	3	4
	$\bar{Y}_i$	70.33	63.78	59.11	58.22	57.89
1	70.33	———				
5	63.78	6.55	———			
2	59.11	11.22	4.67	———		
3	58.22	12.11	5.56	0.89^{NS}	———	
4	57.89	12.44	5.89	1.22^{NS}	0.33^{NS}	———

- **Establecimiento de la significación estadística y estructura de rangos:**

Tal como se observa en la matriz de diferencias anterior, se marcan con *NS* a las diferencias que no sobrepasan al valor mínimo requerido por las diferentes pruebas de significación, cualquiera de ellas que haya sido elegida. Esto significa que el par de tratamientos marcado con *NS* no son diferentes y conformarían un mismo rango. Los otros tratamientos que son diferentes entre ellos, cada uno conformará un solo rango, obteniéndose la siguiente estructura de rangos:

Trat.	$\bar{Y}_i$ ordenadas	Rangos (forma 1)	Rangos (forma 2)
1	70.33		a
5	63.78		b
2	59.11		c
3	58.22		c
4	57.89		c

Observe que el tratamiento 1 es diferente a los demás, al igual que el 5, mientras que los tratamientos 2, 3 y 4 forman un mismo rango, no muestran diferencias. Desde otra comparación, el tratamiento 3 tampoco muestra diferencias con el 4, sin embargo esta no diferencia estaría reflejada en el rango anterior, por lo que ya no se la marca (rango con barra de puntos). Según puede verse, son dos las formas de indicar los rangos, ya sea a través de barras perpendiculares u horizontales y con letras, utilizando, en este último caso, las mismas letras para señalar un mismo rango.

Como se mencionó anteriormente este es un caso particular en el que se obtiene la misma estructura de rangos con cualquiera de las pruebas utilizadas. Debería esperarse menos rangos, conforme se utilice una prueba más estricta; sin embargo, aquí se ha observado que las diferencias son bastante grandes como para ser sensibles a las diferencias requeridas de las pruebas más rigurosas. Según la prueba de *Dunnett*, si tomamos la primera columna de la matriz de diferencias, en la que constan las diferencias del control con los demás tratamientos, y comparamos con el valor de *Dunnett*, vemos que todos los tratamientos son diferentes del control.

- **Conclusión técnica del caso analizado**

Las pruebas de significación, cualquiera de ellas utilizadas, señalan que la glucosa y la fructosa inhiben el crecimiento de los explantes, y entre estos dos azúcares, mayormente la

Escaneado con CamScanner

fructosa. La sucrosa tendría el menor efecto antagónico con la auxina, puesto que produce la menor inhibición de crecimiento, con respecto al control referencial (sólo auxina).

Ejemplo 6.2 Sobre el resumen de resultados (cuadro 6.2) del ejercicio 2 - trabajo 3: "efecto de tres cepas de tifoidea", realizar las siguientes pruebas de significación presentadas anteriormente: TUKEY-KRAMER y SCHEFFÉ.

Cuadro 6.2 Resumen de resultados del ejercicio 2 - Trabajo 3

	No. de Tratamiento		
	1	2	3
$\bar{Y}_i$:	4.03	7.37	7.80
Otros datos:	$CM_e = 5.78$ $gl_e = 221$	$n_1=31$ $n_2=60$	$n_3=133$

- **Valores críticos de las pruebas de significación:**

Valores de T-K:

$$T-K_{3-2} = Q_{(0.05,3,221)}\sqrt{\frac{CM_e}{2}\left(\frac{1}{n_3}+\frac{1}{n_2}\right)} = 3.31\sqrt{\frac{5.78}{2}\left(\frac{1}{133}+\frac{1}{60}\right)} = 0.88$$

$$T-K_{3-1} = Q_{(0.05,3,221)}\sqrt{\frac{CM_e}{2}\left(\frac{1}{n_3}+\frac{1}{n_1}\right)} = 3.31\sqrt{\frac{5.78}{2}\left(\frac{1}{133}+\frac{1}{31}\right)} = 1.12$$

$$T-K_{2-1} = Q_{(0.05,3,221)}\sqrt{\frac{CM_e}{2}\left(\frac{1}{n_2}+\frac{1}{n_1}\right)} = 3.31\sqrt{\frac{5.78}{2}\left(\frac{1}{60}+\frac{1}{31}\right)} = 1.24$$

Valores de SCHEFFÉ:

$$SCH_{3-2} = \sqrt{(3-1)F_{(0.05,2,221)}} * \sqrt{5.78\left(\frac{1}{133}+\frac{1}{60}\right)} = \sqrt{2(3.04)} * 0.374 = 2.466 * 0.374 = 0.92$$

$$SCH_{3-1} = \sqrt{(3-1)F_{(0.05,2,221)}} * \sqrt{5.78\left(\frac{1}{133}+\frac{1}{31}\right)} = \sqrt{2(3.04)} * 0.479 = 2.466 * 0.479 = 1.18$$

$$SCH_{2-1} = \sqrt{(3-1)F_{(0.05,2,221)}} * \sqrt{5.78\left(\frac{1}{60}+\frac{1}{31}\right)} = \sqrt{2(3.04)} * 0.532 = 2.466 * 0.532 = 1.31$$

- **Matriz de diferencias sobre medias ordenadas:**

Trat.		3	2	1
	$\bar{Y}_i$	7.80	7.37	4.03
3	7.80	—		
2	7.37	0.43 NS	—	
1	4.03	3.77	3.34	—

Escaneado con CamScanner

- **Establecimiento de la significación estadística y estructura de rangos:**

Tal como se observa en la matriz de diferencias anterior, se marcan con *NS* a las diferencias que no sobrepasan al valor mínimo requerido por las diferentes pruebas de significación, cualquiera de ellas que haya sido elegida. Esto significa que el par de tratamientos marcado con *NS* no son diferentes y conformarían un mismo rango. Los otros tratamientos que son diferentes entre ellos, cada uno conformaría un mismo rango, obteniéndose la siguiente estructura de rangos de medias:

Trat.	$\bar{Y}_i$ ordenadas	rangos (forma 1)	Rangos (forma2)
3	7.80	|	a
2	7.37	|	a
1	4.03	|	b

Observe que el tratamiento 3 no es diferente del tratamiento 2, pero sí del 1; igualmente, el tratamiento 2 es diferente del 1. Por tanto, el 3 con el 2 forman un mismo rango mientras que el 1 es diferente que los otros dos, formando un rango aislado.

- **Conclusión técnica del caso analizado**

Las pruebas de significación, cualquiera de ellas que se hubiera utilizado, igualmente en este caso, señalan que las **cepas de tifoidea** DSC1 y 11C no son diferentes entre ellas, pero si se diferencian de la Cepa 9D, siendo esta última la más letal, puesto que es la que menos días de sobrevivencia promedio produce.

Otras pruebas de significación

Otras pruebas de significación que suelen utilizarse con frecuencia y, que suponen igualdad de variancias, tal como lo han previsto las pruebas de significación anotadas anteriormente, son:

- **Bonferroni.** Se basa en la distribución *t* de Student y en la desigualdad de *Bonferroni*. Controla la *tasa de error* dividiendo α por el número de comparaciones *k*: *tasa de error* $= \alpha_c = \alpha / k$.
- **Sidak.** Igual que *Bonferroni* pero $\alpha_c = 1 - (1-\alpha)^{1/k}$. Esta solución es menos conservadora que la anterior, por tanto, rechaza *Ho* en menos ocasiones que *Bonferroni*.
- **Waller-Duncan.** Utiliza la distribución *t* de Student y una aproximación *bayesiana*. Si los tamaños muestrales son distintos utiliza la media armónica para estimar un tamaño de muestra único.

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 7

*DISEÑO DE BLOQUES COMPLETOS AL AZAR - DBCA (Experimentos de dos vías o dos criterios de clasificación sin interacción)**

Cuando las unidades experimentales no son homogéneas la variación entre éstas puede enmascarar los verdaderos efectos de los tratamientos. En estos casos debe utilizarse el modelo conocido como *Bloques Completos al Azar*, el cual es analizado con el ANOVA 2.

Aunque el uso del *diseño de bloques completos al azar* tiene su origen en la experimentación agrícola, este modelo también puede ser utilizado en el campo de la biología y otras áreas; así, podemos estar interesados en un muestreo de invertebrados terrestres, en el que los tratamientos correspondan a métodos de trampeo, y se considere las gradientes de humedad, fertilidad, etc., para la ubicación de los bloques del experimento.

7.1 Heterogeneidad de las unidades experimentales

Se dice que las unidades experimentales no son homogéneas cuando éstas no pueden reaccionar o responder a un tratamiento de la misma manera o con la misma capacidad debido a sus diferencias intrínsecas. Supongamos que queremos conocer el efecto de varias dietas sobre el crecimiento de chames. Si las hembras y los machos reaccionan a la dieta de diferente manera, entonces debe considerarse al sexo como una fuente de heterogeneidad ante dicho tratamiento o factor de estudio. El término de heterogeneidad no es absoluto sino que depende de los tratamientos que se ensayan en el experimento, por lo que el investigador deberá aplicar sus conocimientos respecto de la heterogeneidad de las unidades experimentales ante determinado factor de estudio. En experimentos con animales, la edad, raza, sexo, condición del animal -peso inicial y las camadas- pueden ser o no fuente de heterogeneidad según la naturaleza del experimento; sin embargo, en la mayoría de los experimentos biológicos que se refieren a nutrición y enfermedades, resultan ser importantes fuentes de heterogeneidad; y, deberán ser consideradas al diseñar un experimento, obligando a formar bloques homogéneos con base a las características anotadas. En experimentos sobre el terreno, usualmente cada bloque consiste en un grupo compacto de parcelas aproximadamente cuadradas.

7.2 Formación de bloques

En el modelo del DCA hemos tratado con la situación ideal en la cual no hay heterogeneidad entre las unidades experimentales y donde no hay necesidad de aplicar ningún diseño especial. Supongamos ahora que contamos con un grupo de animales experimentales para probar el efecto de varios medicamentos, pero las unidades experimentales -animales- no son todas iguales en su posible respuesta a los medicamentos.

En este caso aplicamos el DBCA, el cual incluye dos clasificaciones:

* Para dos grupos pareados, el DBCA es equivalente al *t test pareado*, donde $F=t^2$.

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA
Escaneado con CamScanner

Clasificación 1.- Se reúnen entre sí unidades parecidas, en base a alguna característica de heterogeneidad anotadas frente a los tratamientos experimentales, para formar grupos homogéneos; el grupo así formado recibe el nombre de **bloque**. En este bloque las unidades experimentales son homogéneas o por lo menos más homogéneas que un grupo no clasificado (ver Fig. 7.1).

Clasificación 2.- Se asignan los diversos tratamientos, al azar, a las unidades experimentales dentro de cada bloque. Cada uno de los bloques o réplicas tiene un número de unidades homogéneas y cada unidad recibe un tratamiento diferente, por lo que habrán tantas unidades en cada bloque cuantos tratamientos vayan a probarse. Observe en la Fig. 7.1 b, que cada tratamiento aparece un número igual de veces, usualmente una vez, en cada bloque, y cada bloque contiene todos los tratamientos. En este sentido, bloques y tratamientos son ortogonales entre sí.

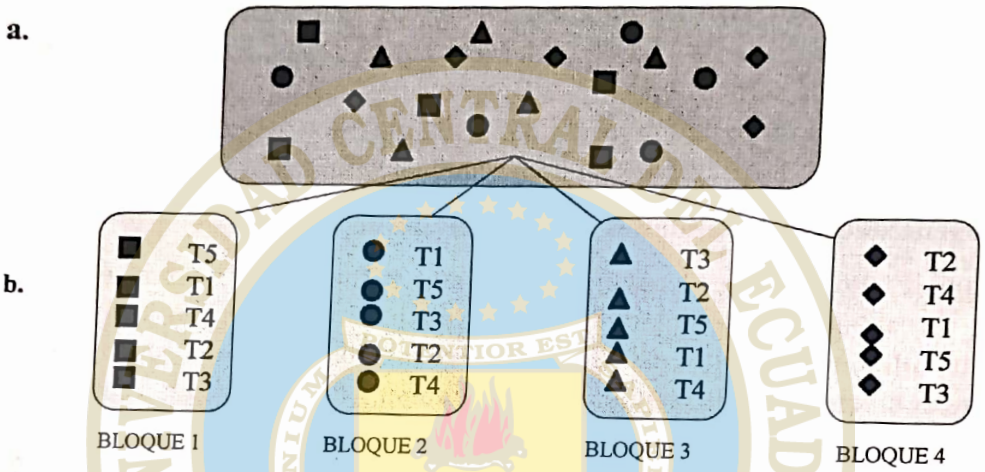


Figura 7.1 a) 20 unidades experimentales diferenciadas por su forma, para señalar la heterogeneidad en base a alguna característica de variación.
b) clasificación de las 20 U.E. en 4 bloques y asignación aleatoria de los tratamientos.

7.3 Modelos matemáticos del DBCA

Modelo I : $$y_{ij} = \mu + B_j + T_i + \varepsilon_{ij} \quad (7.1)$$

Modelo II : $$y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij} \quad (7.2)$$

Modelo Mixto : $$y_{ij} = \mu + \beta_j + T_i + \varepsilon_{ij} \quad (7.3)$$

Este nuevo diseño incorpora al componente β_j sobre los del DCA, el cual hace relación al componente aleatorio bloques. Cuando éste y los tratamientos constituyen efectos fijos, entonces el Modelo del DBCA es el I. Los bloques, sirviendo como repeticiones, son un factor generalmente considerado como aleatorio. El CM de bloques rara vez se comprueba y tendríamos que suponer que no existe interacción con los tratamientos. Si no es significativamente mayor que el *CMe* habría menos heterogeneidad entre bloques que la anticipada o los bloques se escogieron de tal modo que la mayor parte de la heterogeneidad era dentro de bloques en vez de entre bloques. **Al escoger los bloques se espera mayor variación entre bloques que dentro de ellos**, es decir, heterogeneidad entre bloques y homogeneidad dentro de los mismos. Por lo expuesto, sobre un terreno con pendiente los bloques se ubicarán en sentido contra la pendiente (Fig. 7.2).

Escaneado con CamScanner

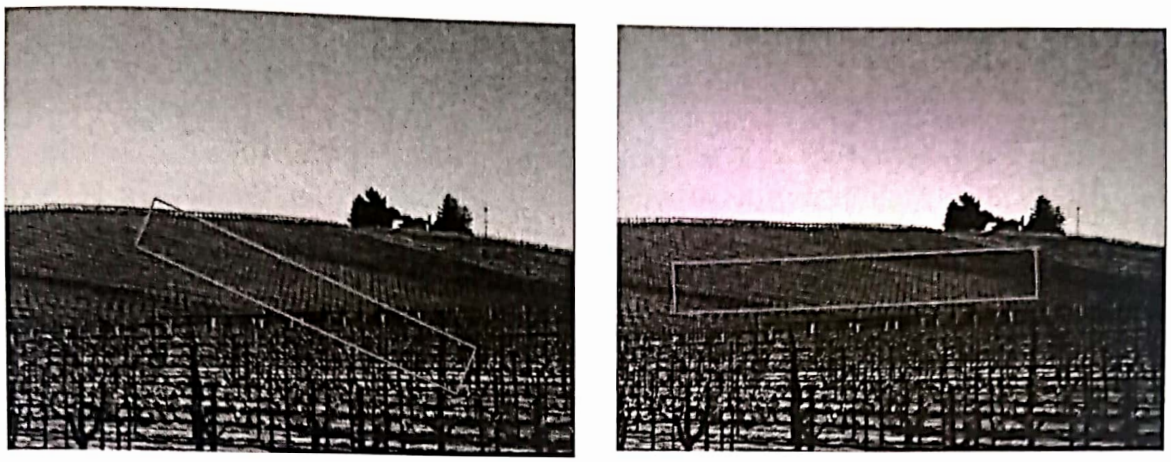


Figura 7.2 Posición incorrecta (izquierda) y posición correcta (derecha) de un bloque sobre una pendiente

7.4 Flexibilidad del diseño

En un experimento con Bloques al Azar no hay ninguna restricción -matemática- respecto del número de tratamientos a ensayar ni sobre el número de bloques a utilizar. Sin embargo, pueden existir limitaciones físicas para conformar un bloque homogéneo. Durante el transcurso del experimento todas las unidades experimentales de un bloque deben tratarse tan uniformemente como sea posible aparte de los tratamientos que se aplican. Cuando en un experimento intervienen diferentes lotes de animales que llegan cada cierto período, todos los tratamientos deben ensayarse sobre el mismo lote de animales. Los diferentes lotes serán considerados bloques, previniéndose la posible heterogeneidad entre los mismos. También, si un experimento es demasiado grande puede llevarse a cabo durante varios días, representando cada día un bloque. Similarmente varios laboratorios pueden convertirse en bloques; y, así también otros factores.

7.5 Esquema del ANOVA

El ANOVA del DBCA se resuelve siguiendo el esquema de los cuadros 7.1 y 7.2

Cuadro 7.1 Esquema del ANOVA del DBCA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	rt -1	$\sum\sum y_{ij}^2 - FC$ [c]	———			
BLOQUES	r -1	$\sum Y_j^2 / t - FC$	SC_B / gl_B	CM_B / CM_e	—	—
TRATAM.	t -1	$\sum Y_i^2 / r - FC$	SC_T / gl_T	CM_T / CM_e	—	—
ERROR E. [a]	Dif. [b]	Diferencia	SC_e / gl_e			

$$CV = \left(\sqrt{CM_e} / \bar{Y} \right) * 100$$

a. Residuo o discrepancia

b. Los gl del error también pueden calcularse como, $(r-1)(t-1)$. Observe que $N = rt$

c. $FC = \left[\left(\sum\sum y_{ij} \right)^2 / rt \right]$

Escaneado con CamScanner

Cuadro 7.2 Cuadrados Medios Esperados para los modelos del DBCA

Fuentes	Modelo I	Modelo II	Modelo Mixto
TOTAL			
BLOQUES	$\sigma_e^2 + t\sum B_i^2/(r-1)$	$\sigma_e^2 + t\sigma_\beta^2$	$\sigma_e^2 + t\sigma_\beta^2$
TRATAMIENTOS	$\sigma_e^2 + r\sum T_i^2/(t-1)$	$\sigma_e^2 + r\sigma_\tau^2$	$\sigma_e^2 + r\sum T_i^2/(t-1)$
ERROR E.	σ_e^2	σ_e^2	σ_e^2

Ejemplo 7.1 En el cuadro 7.3 se presentan las medidas (medias) de peso seco de tres genotipos del coleóptero *Tribolium castaneum*, criados a una densidad de 20 individuos por gramo de harina. El trabajo experimental incluía medidas de otras variables y fue extenso; por lo tanto, las repeticiones necesarias no podían realizarse de una sola vez, siendo preciso realizar cuatro series de experimentos, separados entre ellos varios meses. Dentro de una serie del experimento el orden de las pesadas de los diferentes genotipos fue esencialmente al azar; de esta manera podemos hablar de un *Diseño de Bloques Completos Aleatorizados*, con cuatro bloques (series) y tres tratamientos (genotipos).

Cuadro 7.3 Medidas en mg de tres genotipos de *Tribolium castaneum*

TRATAM.: GENOTIPOS t = 3		SERIES: BLOQUES o REPETICIONES, r = 4 1	2	3	4	Y_i	$\bar{Y}_i$
1.	++	0.958	0.971	0.927	0.971	3.827	0.9568
2.	+b	0.986	1.051	0.891	1.010	3.938	0.9845
3.	bb	0.925	0.952	0.829	0.955	3.661	0.9152
	Y_j	2.869	2.974	2.647	2.936	Y.. = 11.4260	$\bar{Y}$.. = 0.9522

GENOTIPOS: 1 = Silvestre 2 = Heterocigótico 3 = Homocigótico mutante

Ho: ++ = +b = bb (no hay diferencias entre los genotipos)
H1: ++ ≠ +b ≠ bb (al menos uno de ellos es diferente)

Cálculos:

1. $FC = \left(\sum\sum y_{ij}\right)^2 / N = 11.426^2/12 = 10.8795$
2. $SC_{Tot} = \sum\sum y_{ij}^2 - FC = (0.958^2 + 0.971^2 + \ldots + 0.955^2) - 10.8795 = 0.0353$
3. $SC_{Bloques} = \sum Y_j^2 / t - FC = (2.869^2 + 2.974^2 + \ldots + 2.936^2)/3 - 10.8795 = 0.021391$
4. $SC_{Trat} = \sum Y_i^2 / r - FC = (3.827^2 + 3.938^2 + 3.661^2)/4 - 10.8795 = 0.009717$
5. $SC_{Residuo}$ = Dif = 0.0353 - 0.021391 - 0.009717 = 0.0041918

Cuadro 7.4 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	11	0.0353				
BLOQUES	3	0.021391	0.007130	10.20 **	4.76	9.78
TRATAM.	2	0.009717	0.004858	6.95 *	5.14	10.92
ERROR E.	6	0.0041918	0.0006986			

Nota: El valor de F para cada fuente de variación se obtiene dividiendo cada *CM* sobre el *CMe*.

Escaneado con CamScanner

$$CV = \left(\sqrt{0.0006986} / 0.9522\right) * 100 = 2.78\%$$

Prueba de significación de Tukey al 0.05:

$$T = Q_{(0.05;3;6)}\sqrt{0.0006986 / 4} = 4.34(0.01322) = 0.05736$$

Matriz de diferencias sobre las comparaciones de medias ordenadas:

Trat.	Rangos	$\bar{Y}_i$ ordenadas	0.98450	0.95675	0.91525
+b	|	0.98450	——		
++	| |	0.95675	0.02775 NS	——	
bb	|	0.91525	0.06925 *	0.0415 NS	——

Conclusiones.- El análisis de la variancia permitió detectar diferencias significativas entre los pesos de los genotipos de *T. castaneum*: El mayor de los pesos correspondió a los Heterocigóticos, seguido por el tipo Silvestre, siendo el menos pesado el Homocigótico mutante. También se ha encontrado altamente significativo el CM de *series*. De esta manera, los factores ambientales entre las *series* y en menor grado cualquier factor introducido en el error fueron tales que dieron como resultado las diferencias en el peso de los tres genotipos.

Diseño Univariado de Medidas Repetidas

Cuando sobre un mismo individuo son ensayados los distintos tratamientos, cada individuo constituye un bloque y el *análisis* se conoce como *univariado de medidas repetidas*. En este caso la $SC_{\text{Dentro de Sujetos o Bloques}}$ es igual a la SC de tratamientos más la SC del residual (error); también, la $SC_{\text{Dentro de Sujetos}}$ es igual a la SC_{Total} menos la $SC_{\text{Entre Sujetos}}$:

ESQUEMA DEL ANOVA

FUENTES	gl
Entre sujetos	r-1
Dentro de sujetos	$r(t$-1)
Tratamientos	t-1
Error Experimental	(r-1)(t-1)
Total	rt-1

Este ANOVA puede ser resuelto como un ANOVA 2.

TRABAJO No. 5 Diseño de Bloques Completos al Azar

Ejercicio 1.

Un experimento fue realizado para evaluar el grado de virulencia de las razas *67*, *128* y *134* del hongo *Rizoctonia solani* que afecta a la germinación de la semilla de remolacha. El experimento fue llevado a cabo en invernadero, donde por alguna razón se consideró que existían variaciones ambientales dentro del mismo. Se utilizaron 20 macetas (cada maceta es una unidad experimental) y en cada una de estas se sembraron 150 semillas. La variable que se midió fue el número de plantas germinadas y vivas a los 15 días; además, se utilizó un testigo sin inoculación (T= tratamiento control). Ver cuadro 7.5:

Escaneado con CamScanner

Cuadro 7.5 Datos presentados conforme la ubicación del experimento en el invernadero

		TRATAMIENTO / DATO			
BLOQUES	I	134	T	67	128
		134	145	11	123
	II	T	128	67	134
		132	100	0	129
	III	67	134	128	T
		9	129	97	141
	IV	T	67	134	128
		139	9	135	118
	V	134	T	128	67
		109	132	116	8

Realizar:

a) Tabular (organizar) los datos por bloques y tratamientos
b) ANOVA con $\alpha = 0.05$ y $\alpha = 0.01$
c) CV
d) Tukey al 0.05
e) Conclusiones técnicas

7.6 Cálculo de unidades experimentales perdidas o faltantes en DBCA

En investigaciones que se realizan en el campo, invernadero, etc., se puede perder la información de una o más unidades experimentales, ya sea por muerte de la unidad o porque el investigador considera a un dato no confiable. Esto acarrea problemas en el cálculo estadístico, a la vez que se pierde eficiencia en el análisis.

Existen algunos métodos para estimar matemáticamente los datos faltantes. El método más generalizado es aquel que utiliza el modelo de **YATES**. También pueden ser estimados por **covariancia** y en ciertos casos por **promedios aritméticos**; sin embargo, este último medio no genera una buena estimación.

Se consideran dos casos de pérdida de unidades experimentales en DBCA:

1. Cuando se ha perdido una U.E.
2. Cuando se ha perdido más de una U.E.

La fórmula de YATES utilizada en ambos casos es:

$$\hat{y}_{ij} = \hat{a} = \frac{t(Y_i) + r(Y_j) - Y..}{(t-1)(r-1)} \qquad (7.4)$$

Donde,

$\hat{y} = \hat{a}$ = Valor estimado de una U.E. faltante o de un dato dudoso
t = Número de tratamientos

Escaneado con CamScanner

r = Número de bloques (repeticiones)
Y_i = Total del tratamiento donde se perdió la U.E.
Y_j = Total del bloque donde se perdió la U.E.
$Y..$ = Suma total del experimento (sin la información de la U.E. dudosa o faltante)

CASO 1.

Procedimiento:

1. Se establecen los totales del tratamiento, del bloque y el gran total, sin contener la información de la Unidad Experimental faltante.
2. Utilizando la fórmula de YATES se calcula el valor de la U.E. faltante.
3. El valor obtenido por YATES se reemplaza en la tabla de doble entrada y se establecen los nuevos totales de tratamientos, bloques y suma total.
4. Con estos nuevos valores se realiza el ANOVA y demás pruebas estadísticas, para lo cual debe disminuirse un grado de libertad al Total y al Error Experimental para su mejor estimación.

Ejemplo 7.2 En el cuadro 7.6 (de doble entrada) constan los datos tabulados de seis tratamientos arreglados en cinco bloques. Estimar por YATES el dato faltante del primer tratamiento y cuarto bloque.

Cuadro 7.6 Datos tabulados de seis tratamientos y cinco bloques, con un dato faltante

BLOQUE	TRATAMIENTOS A	B	C	D	E	F	Y_j
							6
1	12	16	15	17	18	13	91
2	14	18	14	18	16	11	91
3	17	17	16	19	17	12	98
4	a	16	15	19	15	12	~~77~~ 91
5	14	16	17	18	15	12	92
Y_i	5 ~~57~~ 71	83	77	91	81	60	$Y.. = ~~449~~$ 463

$$\hat{a} = \frac{6(57) + 5(77) - 449}{(6-1)(5-1)} = 14$$

Cuadro 7.7 Resultados parciales del ANOVA

F de V	gl
TOTAL	(30 - 1) - 1 = 28
REPETICIONES	5 - 1 = 4
TRATAMIENTOS	6 - 1 = 5
ERROR EXP.	20 - 1 = 19

Escaneado con CamScanner

CASO 2.

Procedimiento:

1. Se estiman por simples promedios, utilizando la tabla de doble entrada, los valores para todas las U.E. faltantes, menos para una cualquiera.
2. Con estos valores promedios se establecen en la tabla de datos nuevos totales de tratamientos, de bloques y gran total.
3. Se utiliza la fórmula de YATES para estimar la U.E. faltante que no se estimó por promedio.
4. Con el valor de $\hat{a}$, estimado por YATES, se establecen nuevos totales.
5. Por YATES mismo se estima el valor de $\hat{b}$ y así sucesivamente si hubieren más U.E. faltantes. De esta manera se completa el **primer ciclo** de estimaciones.
6. Se realizan tantos ciclos (pasos 4 - 5) hasta que los valores estimados, para cada una de las U.E. faltantes, sean exactamente iguales en dos ciclos consecutivos (se estabiliza la estimación).
7. Con estos valores así generados se procede al ANOVA, disminuyéndose un grado de libertad por cada Unidad Experimental estimada.

Nota: Si existen muchas U.E. faltantes y como consecuencia de esto los grados de libertad del error se reducen a menos de 10, el análisis debe realizarse utilizando otro Diseño Experimental o modelo estadístico.

Ejemplo 7.3 En el cuadro 7.8 (de doble entrada) constan los datos tabulados de seis tratamientos arreglados en cinco bloques. Estimar, por YATES, los dos datos faltantes del primer tratamiento y cuarto bloque, y en el tratamiento cinco del quinto bloque.

Cuadro 7.8 Datos tabulados de seis tratamientos y cinco bloques, con dos datos faltantes

BLOQUE	TRATAMIENTOS A	B	C	D	E	F	Y_i
							6
1	12	16	15	17	18	13	91
2	14	18	14	18	16	11	91
3	17	17	16	19	17	12	98
4	**a**	16	15	19	15	12	~~77~~ ... 90.82
5	14	16	17	18	**b**	12	~~77~~ ... 93.66
Y_i	5 ~~57~~ : 70.82	83	77	91	~~66~~ : 82.66	60	$Y..$ = ~~434~~ ... 464.48

$$\bar{b} = \frac{66/4 + 77/5}{2} = 15.95$$

Escaneado con CamScanner

Ciclo 1:

$$\hat{a} = \frac{6(57) + 5(77) - (434 + 15.95)}{(6-1)(5-1)} = 13.85$$

$$\hat{b} = \frac{6(66) + 5(77) - (434 + 13.85)}{20} = 16.66$$

Ciclo 2:

$$\hat{a} = \frac{6(57) + 5(77) - (434 + 16.66)}{20} = 13.82$$

$$\hat{b} = \frac{6(66) + 5(77) - (434 + 13.82)}{20} = 16.66$$

Ciclo 3:

$$\hat{a} = \frac{6(57) + 5(77) - (434 + 16.66)}{20} = 13.82$$

$$\hat{b} = \frac{6(66) + 5(77) - (434 + 13.82)}{20} = 16.66$$

Cuadro 7.9 Resultados parciales del ANOVA

Fuentes	gl
TOTAL	(30 - 1) - 2 = 27
REPETICIONES	5 - 1 = 4
TRATAMIENTOS	6 - 1 = 5
ERROR EXP.	20 - 2 = 18

TRABAJO No. 6 Estimación de valores faltantes de U.E. en DBCA

Ejercicio 1.

En el cuadro 7.10 (de doble entrada) constan los datos tabulados de seis tratamientos arreglados en cinco bloques.

Cuadro 7.10 Datos tabulados de seis tratamientos y cinco bloques, con tres datos faltantes

BLOQUE	TRATAMIENTOS A	B	C	D	E	F	Y_j
1		16	15	17	18	13	6
2	14	18	14	18	16	11	
3	17	17	16	19		12	
4	14	16	15	19	15	12	
5	14	16	17	18		12	
Y_i	5						$Y_{..}$ =

Realizar:

1. Estimación por YATES de las unidades experimentales faltantes
2. ANOVA en DBCA

Escaneado con CamScanner

7.7 Diseño de Bloques Completos al Azar con Submuestras

Tal como fuera presentado el DCA con Submuestras, en el DBCA también cada tratamiento o grupo diferenciado puede ser submuestreado. Aún cuando se hayan formado los bloques para disminuir la heterogeneidad en el DBCA, las submuestras, incluidas en los casos necesarios, permiten asegurar las diferencias del efecto de los tratamientos. Este Diseño se resuelve según el esquema del ANOVA del cuadro 7.11.

Cuadro 7.11 Esquema del ANOVA para el DBCA con Submuestras

Fuentes	gl	SC
TOTAL	rtw - 1	$\sum\sum\sum y_{ij.k}^2 - FC$
BLOQUES	r - 1	$\sum Y_j^2 / tw - FC$
TRATAMIENTOS	t -1	$\sum Y_i^2 / rw - FC$
ERROR EXPERIMENTAL	$(r - 1)(t - 1)$	$\sum\sum Y_{i.j}^2 / w - \sum Y_i^2 / rw - SC_{Bloques}$
ERROR DE MUESTREO	$rt(w - 1)$ o por diferencia	$\sum\sum\sum y_{ij.k}^2 - \sum\sum Y_{i.j}^2 / w$ $Dif. = SC_{Tot} - SC_{Bloques} - SC_{Trat} - SC_{EE}$

Donde,

$$FC = \left[\left(\sum\sum\sum y_{ij.k}\right)^2 / N\right] \qquad N = rtw$$

r = número de bloques, se usa el subíndice $j = 1, \ldots, r$
t = número de tratamientos, se usa el subíndice $i = 1, \ldots, t$
w = número de submuestras, se usa el subíndice $k = 1, \ldots, w$

Ejemplo 7.4 Una investigación fue llevada a cabo para probar tres tratamientos de alimentos de truchas (*Salmo trutta*) en cinco sitios -bloques o repeticiones- y con tres piscinas o submuestras por tratamiento. Los datos obtenidos (Cáceres, 1995) constan en el cuadro 7.12.

Tratamientos: T1. Alimento artificial (balanceado)
T2. Alimento vivo1 (organismos zooplanctónicos: copépodos *Metacyclops mendocinus*. Nauplios para alevines, copepoditos para subadultos y copépodos para peces adultos)
T3. Alimento vivo2: algas, rotíferos y *Artemia* sp.

Sitios (bloques): B1. Baeza
B2. El Guanguil (vía Tumbaco - Papallacta)
B3. Puchalitola (cerca de Machachi)
B4. Cayambe
B5. Nono

Escaneado con CamScanner

Cuadro 7.12 Peso en gramos de truchas (*Salmo trutta*) a los 14 meses de cultivo

TRATAMIENTO	BLOQUES I	II	III	IV	V	Y_i	$\bar{Y}_i$
T1	485	420	455	415	460		
	450	415	480	450	420		
	460	395	420	420	455		
TOTAL SUBMUESTRAS	3 / 1395	1230	1355	1285	1335	15 / 6600	440.00
T2	520	530	487	515	485		
	495	553	508	523	490		
	535	562	543	530	481		
TOTAL SUBMUESTRAS	3 / 1550	1645	1538	1568	1456	15 / 7757	517.13
T3	387	373	402	395	373		
	398	401	377	403	387		
	366	422	398	381	373		
TOTAL SUBMUESTRAS	3 / 1151	1196	1177	1179	1133	15 / 5836	389.07
Y_j	9 / 4096	4071	4070	4032	3924	45 / $Y_{..}$ = 20193	$\bar{Y}_{..}$ = 448.73

Cálculos básicos:

1. $FC = 20193^2 / 45 = 9061272.2$
2. $SC_{Tot} = (485^2+420^2+\ldots+373^2) - FC = 9208477.0 - 9061272.2 =$ 147204.8
3. $SC_{Bloq} = (4096^2+\ldots+3924^2) / 9 - FC = 9063326.6 - 9061272.2 =$ 2056.4
4. $SC_{Trat} = (6600^2+ \ldots +5836^2) / 15 - FC = 9185996.3 - 9061272.2 =$ 124724.1
5. $SC_{Subm} = (1395^2+\ldots+1133^2) / 3 - (6600^2+\ldots+5836^2) / 15 - SC_{Bloq} =$
   $= 9198401.7 - 9185996.3 - 2056.4 =$ 10349.0
6. $SC_{Muest} = (485^2+420^2+\ldots+373^2) - (1395^2+\ldots+1133^2) / 3 =$
   $= 9208477.0 - 9198401.7 =$ 10075.3

   SC_{Muest} = Dif = 147204.8 - 2056.4 - 124724.1 -10349.0 = 10075.3

Cuadro 7.13 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	44	147204.8				
BLOQUES	4	2056.4	514.1	0.40 ^{NS}	3.84	7.01
TRATAM.	2	124724.1	62362.1	48.21 **	4.46	8.65
ERROR E.	8	10349.0	1293.6			
ERROR M.	30	10075.3	335.8			

El valor de F para cada fuente de variación se obtiene dividiendo cada *CM* sobre el *CMe*.

$$CV = \left(\sqrt{1293.6} / 448.73\right) * 100 = 8\%$$

Escaneado con CamScanner

Prueba de significación de *Tukey* al 0.05:

$$T = Q_{(0.05;3;8)}\sqrt{1293.6 / 15} = 4.04(9.29) = 37.52$$

Donde,

15 es el tamaño de las muestras de donde provienen las medias a comparar.

Los rangos obtenidos sobre la matriz de diferencias de las comparaciones de medias ordenadas, frente al valor de Tukey son:

Trat.	Rangos	$\bar{Y}_i$ ordenadas	517.13	440.00	389.07
T2	A	517.13	———		
T1	B	440.00	77.13 *	———	
T3	C	389.07	128.06 *	50.93 *	———

COMPONENTES DE LA VARIANCIA:

A fin de estimar la componente añadida de variancia para el error de muestreo y de las otras fuentes de variación de interés, en el cuadro 7.14, se presenta la descomposición de la variancia.

Cuadro 7.14 Cuadrados Medios Esperados para el DBCA con submuestras:

$$y_{ij,k} = \mu + \beta_j + T_i + \varepsilon_{ij} + \delta_{ij,k}$$

Fuentes	CM esperados	COMPONENTES AÑADIDAS	%
TOTAL			
BLOQUES	$\sigma^2 + w\sigma_e^2 + tw\sigma_\beta^2 = 514.1$ *	$\sigma_\beta^2 =$ 0.0	0.00
TRATAMIENTOS	$\sigma^2 + w\sigma_e^2 + rw\sum T_i^2 / (t-1) = 62362.1$	$\sum T_i^2 / (t-1) =$ 4071.2	86.14
ERROR EXPERIM.	$\sigma^2 + w\sigma_e^2 = 1293.6$	$\sigma_e^2 =$ 319.3	6.76
ERROR MUESTREO	$\sigma^2 = 335.8$	$\sigma^2 =$ 335.8	7.10
		SUMA TOTAL = 4726.3	100.00

* Resultados del ANOVA (cuadro 7.13)

Conclusiones.- El Análisis de la Variancia demuestra que existen diferencias altamente significativas para tratamientos. De éstos, según la prueba de significación de *Tukey* al 0.05, el tratamiento T2 clasifica como el de mayor eficacia; sin embargo, su uso va a depender del análisis económico y de factibilidad correspondiente. El ANOVA también permite asegurar la no significación estadística entre los sitios del experimento. Los resultados de la descomposición de la variancia corroboran los resultados del ANOVA, pues los porcentajes de las componentes para los errores de muestreo y experimental son bajos, frente a la contribución de la variación debida a los tratamientos.

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 8

DISEÑO EN CUADRADO LATINO - DCL

Este modelo utiliza bloques más complejos que el DBCA para controlar la heterogeneidad de las unidades experimentales. El DCL se aplica en situaciones donde las unidades experimentales, frente a los tratamientos estudiados, difieren entre sí en dos direcciones o características, a diferencia del DBCA que considera esta variación en una sola dirección (se utilizó la **forma** de ciertos objetos para representar esta variación). Para ilustrar las dos variaciones consideradas por el DCL, en la figura 8.1 se muestra la variabilidad intrínseca de las unidades tanto en la forma como en el color.

En este diagrama se observa que no hay dos unidades realmente iguales antes de aplicar los tratamientos, lo cual no hace posible la formación de un solo bloque ideal de unidades homogéneas. Por consiguiente, en el DCL no tenemos solamente, como en el DBCA, bloques ordinarios o unidimensionales, sino bloques bidimensionales, los cuales se denominan **bloques filas** y **bloques columnas** o simplemente filas y columnas.

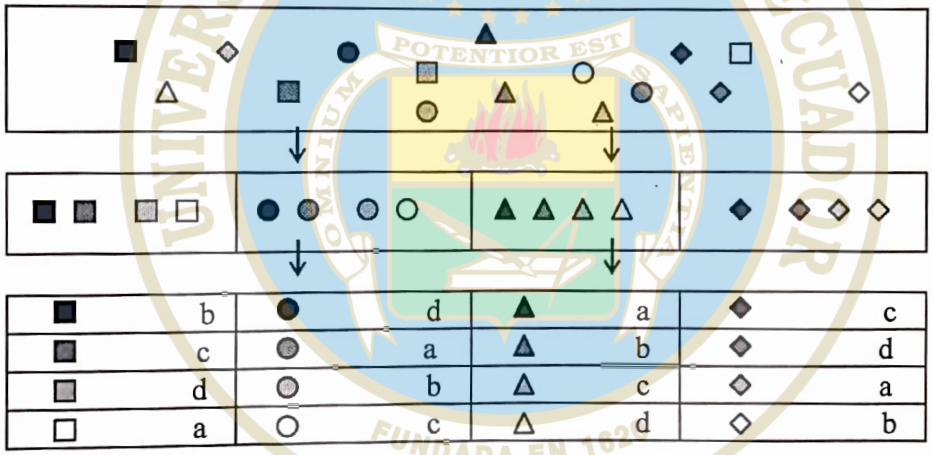


Figura 8.1 Formación de bloques bidimensionales de 16 U.E. que difieren tanto en "forma" como "en color" y asignación de tratamientos al azar (a-d)

Esto probablemente es una imagen de la realidad más exacta que la situación descrita en el DBCA.

La suposición básica que tenemos que hacer, en este caso, es que tanto la "forma" como el "color" actúan independientemente y en forma aditiva con los tratamientos, es decir, que no hay interacción entre ellos, de conformidad con el modelo matemático del DCL. Con esta suposición básica se procede primero a hacer los bloques de acuerdo a una característica (filas) y luego de acuerdo con la otra (columnas). En la fig. 8.1 se observa que tanto **filas** como **columnas** satisfacen la condición de un bloque.

8.1 Asignación de los tratamientos

Si sobre estas 16 U.E. (p. ej. animales) se van a probar 4 tratamientos (a, b, c, d), deberán hacerse cuatro réplicas de cada uno de estos tratamientos. Es decir, el número de

Escaneado con CamScanner

tratamientos a ensayar tendrá que ser igual al número de filas o columnas, dando como resultado una matriz cuadrada -el número total de U.E. es igual al cuadrado del número de tratamientos.

De acuerdo con el principio básico de los bloques al azar, los 4 tratamientos deberán asignarse al azar a las 4 unidades experimentales de un bloque. Puesto que cada fila es un bloque, cada fila de 4 unidades deberá tener **a, b, c, d** (tratamientos) en un orden cualquiera. Asimismo, puesto que cada columna es un bloque, ésta deberá tener **a, b, c, d** en un orden cualquiera.

La disposición o asignación de los tratamientos en la Fig. 8.2 satisface estas condiciones. Se puede observar que en cada fila y en cada columna **a, b, c, d** aparecen sin duplicación; es decir, ninguna unidad de la misma "forma" o del mismo "color" recibiría el mismo tratamiento.

MATRIZ CUADRADA				
	c1	c2	c3	c4
f1	a	b	c	d
f2	b	c	d	a
f3	c	d	a	b
f4	d	a	b	c

SORTEO DE FILAS				
	c1	c2	c3	c4
f4	d	a	b	c
f1	a	b	c	d
f2	b	c	d	a
f3	c	d	a	b

SORTEO DE COLUMNAS				
	c3	c1	c2	c4
f4	b	d	a	c
f1	c	a	b	d
f2	d	b	c	a
f3	a	c	d	b

Figura 8.2 Sorteo de f = filas y c = columnas en un Cuadrado Latino 4 x 4

Esta doble clasificación de las unidades experimentales en bloques filas y columnas, y la correspondiente asignación al azar de los tratamientos sobre esta doble restricción recibe el nombre de **Diseño en Cuadrado Latino**.

8.2 Ventajas del Diseño en Cuadrado Latino

1. La clasificación simultánea en dos sentidos permite eliminar mayor cantidad de variabilidad interna, con lo cual se disminuye el error experimental y se consigue una mayor precisión del experimento.
2. Si se pierde una o más unidades experimentales, éstas pueden ser fácilmente estimadas por YATES siempre y cuando los grados de libertad del error experimental no disminuyen considerablemente. Si se han perdido muchas U.E. y los *gl* del error disminuyen significativamente es preferible eliminar todo un tratamiento y bajar el grado del Cuadrado Latino, por ejemplo de un 6 x 6 a un 5 x 5, o en su defecto eliminar una fila o una columna y analizar el experimento bajo un DBCA o DCA.
3. De manera general el DCL es más eficiente que el DBCA y el DCA. Cochran y Cox determinan que el DCL es 122% más eficiente que el DCA y 37% más eficiente que el DBCA. Por otro lado, debido a su precisión, Fisher sostiene que si los experimentos correspondientes incluyeran solamente de 4 a 8 tratamientos el DCL debería ser el más importante y el mayormente utilizado.

8.3 Desventajas del Diseño en Cuadrado Latino

1. En este diseño, el número de tratamientos a ensayarse está limitado por el número de filas y columnas de la matriz: para experimentos con más de 12 tratamientos no es conveniente emplear este diseño, dado que el número de U.E. crece excesivamente.

Escaneado con CamScanner

2. Para experimentos con menos de 4 tratamientos tampoco es recomendable utilizar este diseño, por el reducido número de grados de libertad del error que genera; sin embargo, este inconveniente puede superarse si se repiten los Cuadrados Latinos (ver sec. 8.6).

8.4 Modelo matemático del DCL

A continuación se presenta el modelo de este diseño y el esquema (cuadro 8.1) para su solución:

$$y_{ij,k} = \mu + \beta_i + \beta_j + T_k + \varepsilon_{ij,k} \qquad (8.1)$$

Donde,

β_i = efecto de bloques filas $(i = 1,2,\ldots, f \text{ (filas)})$

β_j = efecto de bloques columnas $(j = 1,2,\ldots, c \text{ (columnas)})$

T_k = efecto de tratamientos $(k = 1,2,\ldots, t \text{ (tratamientos)})$

$\varepsilon_{ij,k}$ = Error Experimental

Note que $t = f = c = n$, y que $N = n^2 = t^2$

Cuadro 8.1 Esquema del ANOVA en DCL

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	CM esperados
TOTAL	$t^2 - 1$	$\sum\sum y_{ij,k}^2 - FC$			
TRATAM.	$t - 1$	$\sum T_k^2 / n - FC$	SC_T / gl_T	CM_T / CM_E	$\sigma_E^2 + n\sum T^2 / (n-1)$
FILAS	$t - 1$	$\sum F_i^2 / n - FC$	SC_F / gl_F	CM_F / CM_E	$\sigma_E^2 + n\sigma_F^2$
COLUMNAS	$t - 1$	$\sum C_j^2 / n - FC$	SC_C / gl_C	CM_C / CM_E	$\sigma_E^2 + n\sigma_C^2$
ERROR E.	Dif. [1]	Diferencia	SC_E / gl_E		σ_E^2

[1] También $gl_{error} = (n - 1)(n - 2)$

$$FC = \left(\sum\sum y_{ij,k}\right)^2 / n^2$$

$$CV = \left(\sqrt{CM_e} / \bar{Y}\right) * 100$$

Ejemplo 8.1 En el cuadro 8.2 se presentan los resultados de un experimento en Cuadrado Latino. Observe que la disposición de los tratamientos está al azar.

Las seis filas corresponden a seis lotes de animales recibidos de enero hasta marzo. Las seis columnas son los seis días de la semana (lunes a sábado), pues cada tratamiento requirió un día completo de trabajo. Por consiguiente para el primer lote de animales, el tratamiento [3] fue ensayado el lunes; el tratamiento [1] el martes; el tratamiento [4] el miércoles, etc. En la siguiente serie (segundo lote de animales) el tratamiento [2] fue probado el lunes, y así sucesivamente.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 8.2 Resultados sobre incremento diario de peso (en g) de una especie. En la parte inferior se presenta un cuadro auxiliar para tabular los totales de tratamientos

	L	M	M	J	V	S	Σ FILAS
1°. LOTE	[3] 21	[1] 14	[4] 11	[6] 28	[2] 18	[5] 10	6 / 102
2°. LOTE	[2] 28	[6] 33	[3] 27	[5] 18	[1] 24	[4] 14	144
3°. LOTE	[5] 12	[3] 31	[6] 28	[2] 30	[4] 17	[1] 20	138
4°. LOTE	[4] 13	[2] 24	[5] 8	[1] 16	[3] 24	[6] 23	108
5°. LOTE	[1] 8	[5] 11	[2] 20	[4] 22	[6] 24	[3] 17	102
6°. LOTE	[6] 26	[4] 13	[1] 26	[3] 24	[5] 19	[2] 18	126
Σ COL.	6 / 108	126	120	138	126	102	36 / $Y_{..}$ = 720

TRAT.	[1]	[2]	[3]	[4]	[5]	[6]	TOTAL
Σ TRAT.	6 / 108	138	144	90	78	162	36 / 720
$\bar{Y}_t$	18	23	24	15	13	27	$\bar{Y}_{..}$ = 20

TRAT. [1] = 14+24+20+16+8+26 = 108, … , TRAT. [6] = 28+33+28+23+24+26 = 162

Cálculos básicos:

1. FC = $720^2 / 36 = 14400$
2. $SC_{Total} = (21^2 + 14^2 + \ldots + 18^2) - FC = 16028 - 14400 = 1628$
3. $SC_{Trat} = (108^2 + 138^2 + \ldots + 162^2) / 6 - FC = 15312 - 14400 = 912$
4. $SC_{Filas} = (102^2 + 144^2 + \ldots + 126^2) / 6 - FC = 14688 - 14400 = 288$
5. $SC_{Col} = (108^2 + 126^2 + \ldots + 102^2) / 6 - FC = 14544 - 14400 = 144$
6. SC_{EE} = Dif. = 1628 - 912 - 288 - 144 = 284

Cuadro 8.3 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	35	1628				
TRATAM.	5	912	182.4	12.85 **	2.71	4.10
FILAS	5	288	57.6	4.06 *		
COLUMNAS	5	144	28.8	2.03 NS		
ERROR E.	20	284	14.2			

$$CV = \left(\sqrt{14.2} / 20\right) * 100 = 18.8\%$$

Conclusiones.- Con el análisis de la variancia se detectan diferencias altamente significativas para tratamientos, diferencias significativas para filas y ninguna significación estadística para columnas. Es decir, no se encontraron diferencias entre los días que fueron probados los tratamientos, pero sí entre los lotes de animales.

Sobre los tratamientos que resultaron ser significativos, deberían realizarse las pruebas de significación a fin de separar las medias en rangos de tratamientos. Debe notarse, además, que el coeficiente de variación de esta investigación tiende a ser un poco alto.

8.5 Cálculo de parcelas o unidades experimentales faltantes en DCL

Al igual que en DBCA, cuando la información de una o más U.E. se ha perdido o es dudosa, hay que realizar las estimaciones correspondientes. Como ya se mencionó anteriormente, el método más utilizado para estos propósitos es el de YATES. Para este diseño, YATES tiene la siguiente fórmula:

Escaneado con CamScanner

$$\hat{y}_{ij,k} = \hat{a} = \frac{t(F_i + C_j + T_k) - 2G}{(n-1)(n-2)} \quad (8.2)$$

Donde,

$\hat{y}_{ij,k} = \hat{a}$ = Valor estimado de la U.E. faltante o con información dudosa

t = Número de tratamientos = $f = c = n$

F_i = Total de la fila donde se perdió la U.E.

C_j = Total de la columna donde se perdió la U.E.

T_k = Total del tratamiento donde se perdió la U.E.

G = Gran total del experimento. No contiene la información de las U.E. perdidas

El procedimiento para el cálculo de una o más U.E. perdidas es igual que en DBCA. Asimismo, luego de la estimación, para el ANOVA habrá que disminuir 1 grado de libertad en el Total y en el Error Experimental por cada unidad perdida o faltante.

El error estándar de la diferencia de las medias, cuando se comparan medias de tratamientos (pruebas de significación) que han tenido pérdida de Unidades Experimentales, es igual a:

$$S_{\bar{d}} = \sqrt{CM_{EE}\left(\frac{2}{n} + \frac{1}{(n-1)(n-2)}\right)} \quad (8.3)$$

Caso contrario, usar la fórmula ya conocida:

$$S_{\bar{d}} = \sqrt{CM_{EE}\left(\frac{2}{n}\right)} \quad (8.4)$$

8.6 Análisis de variancia de una serie de Cuadrados Latinos

A fin de evitar el problema del reducido número de grados de libertad para el error, generados por cuadrados latinos de menor grado, puede utilizarse una serie de cuadrados latinos, cuyo esquema de ANOVA se presenta a continuación:

Cuadro 8.4 Esquema del ANOVA de una serie de Cuadrados Latinos

Fuentes de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados
Tratamientos	t-1	$\left(\sum_{k=1}^{t} T_k^2\right)/qt - FC$
Cuadrados	q-1	$\left(\sum_{l=1}^{q} Q_l^2\right)/t^2 - FC$
Filas dentro de cuadrados	$q(t$-1)	$\left(\sum_{i=1}^{t}\sum_{l=1}^{q} F_{il}^2\right)/t - \left(\sum_{l=1}^{q} Q_l^2\right)/t^2$
Columnas dentro de cuadrados	$q(t$-1)	$\left(\sum_{j=1}^{t}\sum_{l=1}^{q} C_{jl}^2\right)/t - \left(\sum_{l=1}^{q} Q_l^2\right)/t^2$
Error	$(t$-1$)(qt$-q-1)	$SCE = SCtotal - SCT - SCQ - SCF(Q) - SCC(Q)$
Total	qt^2-1	$\sum y^2 - FC$

Escaneado con CamScanner

Donde,

$$FC = \frac{G^2}{qt^2}$$

G = Gran total
q = Número de cuadrados latinos
t = Número de tratamientos
Q_l = Total del cuadrado l
T_k = Total del tratamiento k
F_{il} = Total de fila i en el cuadrado l
C_{jl} = Total de columna j en el cuadrado l

Nota: Para obtener los valores de F correspondientes se divide los CM de cada fuente para el CMe.

TRABAJO No. 7 Diseño en Cuadrado Latino

Ejercicio 1.

En el experimento en Cuadrado Latino, cuyos resultados se presentan en el cuadro 8.5, se utiliza la siguiente nomenclatura: P = períodos, I = islas y **a, b, c, d, e** son los tratamientos.

Cuadro 8.5 Resultados sobre incremento diario de peso (en g) de una especie. En la parte inferior se presenta un cuadro auxiliar para tabular los totales de tratamientos

	P1	P2	P3	P4	P5	Σ FILAS	$\bar{Y}_i$
ISLA 1	[e] 20	[c] 9	[a] 15	[d] 36	[b] 22	5 / 102	20.4
ISLA 2	[c] 14	[b] 24	[d] 37	[e] 23	[a] 18	116	23.2
ISLA 3	[a] 13	[e] 17	[c] 10	[b] 17	[d] 29	86	17.2
ISLA 4	[d] 33	[a] 16	[b] 21	[c] 16	[e] 22	108	21.6
ISLA 5	[b] 19	[d] 27	[e] 14	[a] 15	[c] 13	88	17.6
Σ COL.	5 / 99	93	97	107	104	25 / $Y_{..}$= 500	
$\bar{Y}_j$	19.8	18.6	19.4	21.4	20.8		$\bar{Y}_{..}$=20

TRAT.	[a]	[b]	[c]	[d]	[e]	TOTAL	
Σ TRAT.	5 / 77	103	62	162	96	25 / 500	
$\bar{Y}_k$	15.4	20.6	12.4	32.4	19.2		$\bar{Y}_{..}$ = 20

Realizar:

1. ANOVA en DCL
2. Prueba de significación de Tukey al 0.05 para tratamientos
3. Conclusiones técnicas

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 9

TRANSFORMACIÓN DE DATOS O CAMBIOS DE ESCALA

Cuando no se cumplen los requisitos para el Análisis de la Variancia (sección 3.2), algunos de los cuales también son requeridos para los intervalos de confianza y otros métodos estadísticos paramétricos, debe realizarse la **transformación de los datos** desde su escala original a otra apropiada. El camino alternativo, cuando no se quiere recurrir a la transformación de datos o cuando ésta no es suficiente, sería el análisis de los datos a través de **métodos no paramétricos o de distribución libre.**

9.1 Uso de transformaciones

Con frecuencia, si las medidas se hacen en una determinada escala es posible que los datos se ajusten más a un modelo matemático en determinados aspectos que si se toman en otra escala. Por consiguiente, eligiendo una escala de medida adecuada podemos solventar alguna de las dificultades que podrían presentarse por falta de normalidad de la distribución de los errores, por la desigualdad de las variancias de los tratamientos o por la falta de aditividad de los diferentes efectos o componentes considerados en el modelo del ANOVA.

Si los datos no han sido tomados en la escala de medida adecuada para el ANOVA, éstos pueden ser transformados mediante el uso de algún sistema de transformación como la **raíz cuadrada, arcoseno o angular, logarítmico,** entre otros.

9.1.1 Transformación logarítmica

La transformación que probablemente se utiliza con mayor frecuencia es la logarítmica; generalmente se utilizan los logaritmos decimales (de base 10). El modelo lineal de ANOVA tal como $y_{ij} = \mu + \beta_j + T_i + \varepsilon_{ij}$, indica que el efecto aleatorio del bloque (efecto ambiental), el efecto de los tratamientos y el error incontrolable, son todos ellos aditivos. Si en los bloques y en los tratamientos aumentan o disminuyen las mediciones en un determinado porcentaje, en lugar de una determinada cantidad, entonces se dice que estos efectos son multiplicativos y **no aditivos**. En estos casos, una trasformación logarítmica transformará en aditiva la relación multiplicativa, y en consecuencia el modelo lineal del ANOVA podrá aplicarse a los nuevos datos. Por otro lado, siempre que la media esté relacionada con la variancia (a mayores medias corresponden mayores variancias) la transformación logarítmica es muy probable que haga a la variancia **independiente** de la media. De esta manera, distribuciones asimétricas sesgadas a la derecha se hacen a menudo más simétricas mediante la transformación a una escala logarítmica (***distribución lognormal***).

Si existen ceros entre los datos a transformar aparece un problema de aplicación, dado que el $\text{Log}_{10}\, 0 = -\infty$. En tales casos, la transformación $Log\,(Y+1)$ evitará el problema.

Escaneado con CamScanner

Cuando los datos incluyen números comprendidos entre 0 y 1 es conveniente codificar los datos multiplicándolos por 10, 100 o alguna otra potencia de diez, para facilidad de cálculo; pues, es legítimo multiplicar todos los datos por una constante sin que se alteren los resultados del análisis estadístico.

Las transformaciones logarítmicas suelen ser necesarias en el análisis de variables relacionadas con el **crecimiento de organismos** (se incluye a las medidas morfométricas). Debe tomarse en cuenta, sin embargo, que las recomendaciones o interpretaciones técnicas a partir de las medias deben hacerse desde la escala original.

9.1.2 Transformación de la raíz cuadrada

Cuando los datos son números enteros procedentes de contajes, p. ej.: número de manchas o insectos en una hoja, el número de bacterias en una placa, el número de células sanguíneas en un hemacitómetro, conteo de insectos obtenidos en barridas con una malla, y en general cuando se está tratando con acontecimientos poco comunes, como porcentajes bajos (p. ej. p=0.1%) de la incidencia de un virus, tienden a presentar una distribución de **Poisson** más que una distribución normal.

La distribución de Poisson tiene características muy interesantes, la variancia es igual a la media o cercana a ella en la práctica; en consecuencia, cuando estamos analizando datos de este tipo se están violando diversos requisitos del análisis de variancia: los errores no están normalmente distribuidos y las variancias están relacionadas con las medias.

Para lograr que este tipo de datos tiendan a la normalidad y al mismo tiempo las variancias puedan hacerse relativamente independientes de las medias, debe realizarse la transformación de **raíz cuadrada**. También es aplicable esta transformación a distribuciones sesgadas, puesto que permite acortar la cola de la distribución.

Si **Y** es la variable observada, la transformación $\sqrt{Y}$ es la que utilizaremos en los casos señalados. Cuando los números provenientes de los conteos son pequeños, entre 2 y 10, se prefiere la transformación $\sqrt{Y+0.5}$, en especial cuando entre los datos existen ceros. La transformación con o sin la constante deberá realizarse sobre todos y cada uno de los datos originales. Con estos datos transformados se procede a ejecutar el ANOVA, pruebas de significación y demás análisis necesarios.

9.1.3 Transformación angular o de arcoseno

Otro tipo de datos que puede requerir transformación son los basados en conteos pero expresados como porcentajes o proporciones. Por regla general, tales datos se ajustan a una **distribución binomial**.

Una característica de esta distribución es que las variancias se hallan relacionadas con las medias, pero en forma bastante diferente a lo ocurrido con el tipo de datos analizados anteriormente, en donde medias grandes se corresponden con variancias grandes, y

Escaneado con CamScanner

viceversa. En los datos binomiales, las variancias tienden a ser pequeñas en los dos extremos de la distribución (datos cercanos al 0 y al 100%), pero mayores en el centro (datos alrededor del 50%). En esta distribución, p es la proporción o fracción de n individuos que poseen la característica estudiada. Puesto que $p+q=1$ y también $sen^2\theta + \cos^2\theta = 1$, podemos plantear la siguiente igualdad y despejar θ:

$$p = sen^2\theta$$
$$\sqrt{p} = sen\theta$$
$$\theta = sen^{-1}\sqrt{p} \qquad (9.1)$$

Donde, $p = Y/100$.

Y = dato expresado en porcentaje

θ = ángulo de transformación, en grados

La Eq. (9.1) es la expresión que transforma una proporción o fracción en un ángulo. De ahí el nombre de **transformación angular.** Como ejemplo, notemos la siguiente relación de porcentajes y ángulos correspondientes:

%	:	0	25	50	75	100
θ	:	0	30	45	60	90

Se observa que a intervalos iguales de porcentajes, al expresarlos en grados, estos intervalos se estrechan alrededor del centro de la distribución, ajustándola a la normal. Se considera que cuando los datos originales (porcentajes) varían entre 30 y 70% no hace falta realizar este tipo de transformación (observe el efecto gráfico de esta transformación sobre los resultados del trabajo No.8 en el Anexo 4).

Ejemplo 9.1 En el cuadro 9.1 se presentan los datos (hipotéticos) del tiempo de reacción de cuatro drogas, ensayadas cada una en cinco individuos. Sobre estos datos realizar las transformaciones logarítmica, de raíz cuadrada y angular, y los correspondientes ANOVAS de un Factor para datos sin transformar y transformados. Además, realizar un análisis del efecto de las transformaciones en relación a los datos "originales".

La conveniencia de utilizar un determinado método de transformación de datos se desprende de la naturaleza de las variables, de un análisis de la relación medias y variancias y distribución de los datos, siempre y cuando se hayan obtenido elevados CV en los ANOVAS. Para este ejemplo los resultados para el análisis son presentados en los cuadros 9.2 y 9.3.

Para la transformación de arcoseno o angular, en este ejemplo, se ha supuesto que los datos corresponden a porcentajes obtenidos de **grupos de igual tamaño**.

Si los ángulos generados por su calculadora o su computador están expresados en radianes, éstos deben ser transformados a grados, multiplicando los radianes por **180/π**, o en su lugar cambiar el modo de su calculadora de RAD a DEG.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 9.1 Datos originales y transformados del ejemplo 9.1

TRATAM.	DATOS ORIGINALES (Y)	LOG (Y)	SQRT(Y)	ARSIN(SQRT(Y/100))*180/3.1416
T1	8.53	0.931	2.921	16.98
	20.53	1.312	4.531	26.94
	12.53	1.098	3.540	20.73
	14.00	1.146	3.742	21.97
	10.80	1.033	3.286	19.19
T2	17.53	1.244	4.187	24.75
	21.07	1.324	4.590	27.32
	28.80	1.459	5.367	32.46
	17.33	1.239	4.163	24.60
	26.07	1.416	5.106	30.70
T3	39.14	1.593	6.256	38.73
	26.20	1.418	5.119	30.79
	31.33	1.496	5.597	34.04
	45.80	1.661	6.768	42.59
	40.20	1.604	6.340	39.35
T4	32.00	1.505	5.657	34.45
	23.80	1.377	4.879	29.20
	28.87	1.460	5.373	32.50
	25.06	1.399	5.006	30.04
	29.33	1.467	5.416	32.79

Cuadro 9.2 Resultados particulares del ANOVA con los datos originales y transformados del cuadro 9.1

Fuentes	gl	VALORES CALCULADO DE F PARA:			
		DATOS ORIGINALES	TRANSFORMACIÓN LOG	TRANSFORMACIÓN SQRT	TRANSFORMACIÓN ARSIN
TOTAL	19				
TRATAM.	3	16.17	17.51	17.50	17.06
ERROR E.	16				
CV		21.8%	7.7%	11.1%	12.3%

Cuadro 9.3 Medias y variancias para datos originales y transformados del cuadro 9.1

	DATOS ORIGINALES		TRANSFORMACIONES					
			LOG		SQRT		ARSIN	
TRAT.	$\bar{Y}_i$	S^2	$\bar{Y}_i$	S^2	$\bar{Y}_i$	S^2	$\bar{Y}_i$	S^2
1	13.28	20.59	1.10	0.020	3.60	0.36	21.16	13.91
2	22.16	26.33	1.34	0.010	4.68	0.29	27.97	12.43
3	36.53	59.99	1.55	0.009	6.02	0.43	37.10	21.77
4	27.81	11.16	1.44	0.003	5.27	0.10	31.80	4.59

Escaneado con CamScanner

- **Análisis de las transformaciones realizadas.**- Sobre la variable tiempo de reacción del ejemplo 9.1, la transformación logarítmica dio como resultado el coeficiente de variación más bajo, entre los tres tipos de transformaciones aplicados. En realidad los datos originales no demuestran un CV extremadamente alto, sin embargo, la comparación de los distintos CV señala que debería optarse por la transformación logarítmica.

  El comparar cuál de los tipos de transformación genera el menor coeficiente de variación es uno de los criterios para decidir sobre la aplicación de alguno de estos métodos de transformación de datos. Es necesario, también, considerar la naturaleza de la variable y un análisis de medias y variancias: En el cuadro 9.3 se observa que las medias están relacionadas con las variancias, pues a mayores medias se evidencia la tendencia de mayores variancias y viceversa. Esta relación sugiere una falta de independencia entre los términos del error y los grupos experimentales (tratamientos).

  Por otro lado, no se observa que las medias sean iguales o proporcionales a las variancias, como para evidenciar distribuciones de Poisson o Binomial y que justifiquen la aplicación de las transformaciones de Raíz cuadrada o de Arcoseno, respectivamente.

  En el cuadro 9.3 puede observarse que la transformación logarítmica, aplicada al ejemplo descrito anteriormente, consigue que las medias aritméticas sean relativamente independientes de las variancias con mayor eficiencia que con los otros métodos de transformación.

- **Otras transformaciones.**- Aunque usadas con menor frecuencia, pueden utilizarse otros modelos de transformación de datos:

  - Transformación *Cuadrática.*- Si S_i decrece mientras las $\overline{Y}_i$ aumentan y/o la distribución es sesgada a la izquierda, los datos se transforman a su cuadrado:

    $$y_i' = y_i^2 \qquad (9.2)$$

  - *Seno inverso hiperbólico.*- Se usa cuando los datos provienen de poblaciones con distribución binomial negativa:

    $$y_i' = Sinh^{-1} y_i = \ln\left(y_i + \sqrt{y_i^2 + 1}\right) \qquad (9.3)$$

  - Transformación *Recíproca* .- Se utiliza esta transformación cuando las S_i^2 son proporcionales a las $\overline{Y}_i^2$:

    $$y_i' = \frac{1}{y_i} \qquad (9.4)$$

    Si existen datos cero, todos los datos deben ser transformados con $y_i' = \frac{1}{y_i + 1}$ (9.5)

Escaneado con CamScanner

9.2 Resumen de la transformación de datos (cuadro 9.4)

Cuadro 9.4. Modelos para la transformación de datos

DISTRIBUCIÓN	NATURALEZA DE LOS DATOS	VIOLACIÓN DE SUPUESTOS	MODELO APROPIADO
Asimétrica sesgada a la derecha	• Efectos multiplicativos [1] • μ positivamente relacionada con la σ^2	Aditividad Independencia Normalidad	LOGARÍTMICO: $y_i' = Log(y_i)$ $y_i' = Log(y_i + 1)$
Poisson: $P(Y) = \frac{\lambda^{-Y} e^{-\lambda}}{Y!}$ $p \approx 0$ $N \approx \infty$	• Números enteros procedentes de contajes • $\sigma^2 = \mu = np = \lambda$ [2] • Acontecimientos poco Comunes	Normalidad Independencia	RAIZ CUADRADA: $y_i' = \sqrt{y_i}$ Cuando existen conteos < 10 o hay ceros: $y_i' = \sqrt{y_i + 0.5}$
Binomial: $P(y) = \binom{n}{y} p^y p^{n-y}$	• Porcentajes o proporciones [3] • Variancia proporcional a la media: $\mu = np$, $\sigma = \sqrt{npq}$	Normalidad Independencia	ANGULAR O ARCOSENO: $y_i' = \sin^{-1}\sqrt{y_i / 100}$
Asimétrica sesgada a la izquierda	• Efectos no aditivos • μ negativamente relacionada con la σ^2	Aditividad Independencia Normalidad	CUADRÁTICO: $y_i' = y_i^2$
Binomial negativa o en *Parches:*	• Discretos • Variancia relacionada con la media: $\sigma^2 = \mu + \frac{\mu^2}{k}$	Normalidad Independencia	SENO INVERSO HIPERBÓLICO: $y_i' = Sinh^{-1} y_i$ $= \ln\left(y_i + \sqrt{y_i^2 + 1}\right)$
Asimétrica sesgada a la derecha	• Variancias proporcionales a los cuadrados de las medias • Efectos multiplicativos	Aditividad Independencia Normalidad	RECÍPROCO: $y_i' = \frac{1}{y_i}$ $y_i' = \frac{1}{y_i + 1}$

[1] Si las mediciones de los bloques y los tratamientos aumentan o disminuyen en un determinado porcentaje en lugar de una cantidad cualquiera.

[2] En la práctica $\sigma^2 \approx \mu \approx \lambda$, mas no varían idénticamente.

[3] Cuando los porcentajes (datos originales) varían entre 30 y 70%, generalmente no es necesario aplicar la transformación arcoseno. Esta transformación debe aplicarse para grupos de igual tamaño de muestra.

NOTA: Cuando no es posible elegir un modelo de transformación adecuado, basado en la naturaleza y características de los datos, se sugiere realizar una *búsqueda empírica* de una transformación que consiga igualar las variancias, y a la vez independientes de las medias. Adicionalmente, se considera que las transformaciones tienen efecto si el cociente *Y máx./Y mín.* es mayor que 2.5.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 8 Transformación de datos

Ejercicio 1.

Los datos siguientes (cuadro 9.5) corresponden a porcentajes de malformaciones en una especie sometida a cuatro tratamientos en seis bloques:

Cuadro 9.5 Porcentaje de malformaciones de una especie

Tratamientos	Bloques					
	1	2	3	4	5	6
A	42.4	34.3	24.1	39.5	55.5	49.1
B	33.3	33.3	5.0	26.3	30.2	28.6
C	8.5	21.9	6.2	16.0	13.5	15.4
D	16.6	19.3	16.6	2.1	11.1	11.1

Realizar:

a) ANOVA en DBCA con datos originales. Incluir el CV
b) Transformación de arcoseno de los datos originales
c) ANOVA en DBCA con datos transformados. Incluir el CV
d) Analizar el efecto de la transformación de datos, sobre los siguientes aspectos:

- ¿Qué supuesto del ANOVA se estaría violando, principalmente, reflejado por el elevado CV de los datos originales?
- Relación de las medias y variancias en los datos originales y transformados sobre los tratamientos. ¿Se vuelven los datos más homogéneos con la transformación? ¿Hay dependencia o independencia sobre estos índices estadísticos?
- Graficar la distribución tanto para datos originales como para transformados, agrupando los datos en clases de intervalo 10, y comenzando con la clase 0 - 10.5. ¿Qué observa en estas distribuciones?
- En general, ¿por qué se realizó la transformación de datos con arcoseno?

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 10

EXPERIMENTOS FACTORIALES

Con los Experimentos Factoriales se realiza el estudio simultáneo de dos o más factores (F) a dos o más niveles (N) cada uno. Los experimentos factoriales no son Diseños Experimentales sino ordenamientos o arreglos de tratamientos a analizarse en Diseños como DCA, DBCA, DCL y otros.

En estos experimentos se combinan los diferentes niveles de los factores en estudio. Suponga un experimento que incluye dos niveles de temperatura: 25°C y 30°C, y dos niveles de un bioestimulante: 4 ppm y 10 ppm. Podemos llamar "A" al factor temperatura con los niveles a_0 y a_1 para la más baja y más alta temperatura, respectivamente, y "B" al factor estimulante con los niveles b_0 y b_1 para la menor y mayor concentración, respectivamente.

Con estos dos factores, cada uno a dos niveles, resultan cuatro combinaciones posibles correspondientes a cuatro tratamientos. Éstos constan en el cuadro 10.1.

Cuadro 10.1 Tratamientos obtenidos con dos factores a dos niveles: A x B = 2 x 2 = 4 tratamientos *

No. TRATAMIENTO	SIMBOLOGÍA
1	$a_0\ b_0$
2	$a_0\ b_1$
3	$a_1\ b_0$
4	$a_1\ b_1$

* El factorial también puede expresarse en forma exponencial: $N^F = 2^2 = 4$, donde, N es el número de niveles y F el número de factores.

Los experimentos factoriales se utilizan en investigación biológica, agronómica, sociológica, etc. En estos campos, generalmente, un factor no actúa aisladamente de otros factores, estando la respuesta de uno de ellos, en realidad, íntimamente ligada a la respuesta de otro u otros factores. Son de gran utilidad en trabajos de invernadero, laboratorio y campo.

En estos experimentos, a más de obtener información sobre cada uno de los factores en forma **independiente**, se obtiene información sobre la posible **interacción** que podría existir entre ellos. Se pueden descubrir interacciones importantes entre los factores, p. ej., que en ausencia de un factor A, un factor B aumente la presión sanguínea pero la disminuya o no tenga efecto cuando se encuentra presente el factor A.

Escaneado con CamScanner

En los arreglos factoriales se consideran tanto **efectos principales** cuanto **interacciones**: los efectos principales, no son sino la respuesta de cada uno de los factores en forma independiente, mientras que las interacciones son el efecto de la combinación de los factores.

Gráficamente se dice que hay interacción cuando no hay paralelismo en la respuesta de los factores, es decir, las líneas se cortan o tienden a cortarse, tal como se indica en la Fig, 10.1:

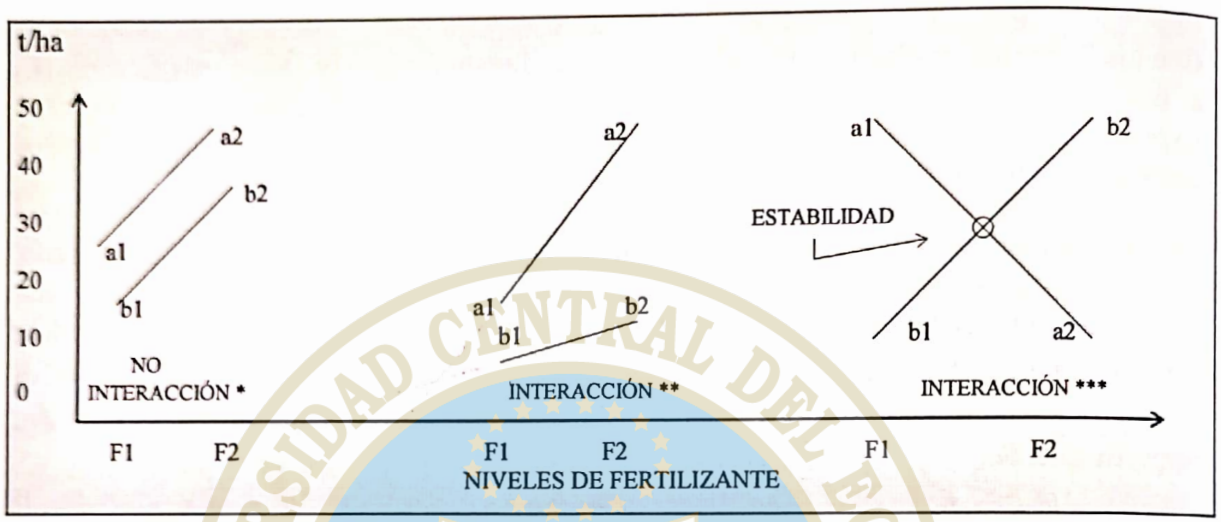


Figura 10.1 **Tendencias de respuestas de tratamientos (variedades x fertilizante) que muestran o no interacción:**

* Las dos variedades ("a" y "b") tienen igual incremento de rendimiento al incrementar el fertilizante
** El incremento de fertilizante funciona mejor con la variedad "a" que con la variedad "b"
*** El incremento de fertilizante tiene un efecto desfavorable en la variedad "a"

10.1 Ventajas de los Experimentos Factoriales

1. Permiten el uso más eficiente de los recursos disponibles
2. Los factores en estudio son evaluados bajo condiciones más cercanas a la realidad
3. Pueden ser analizados bajo cualquier Diseño Experimental: DCA, DBCA, DCL, etc.

10.2 Desventajas de los Experimentos Factoriales

1. Cuando se tiene interés en ensayar varios factores a dos o más niveles, el número de tratamientos crece considerablemente, lo cual es un limitante en este tipo de experimentos, haciéndolos muy costosos, sus resultados difíciles de interpretar y en ciertos casos irrealizables por ser muy amplios. En el cuadro 10.2 podemos observar el número de tratamientos que se generarían si se quisieran ensayar 5 factores a 4 niveles, cada uno.
2. Un número muy grande de tratamientos generados hace que los bloques o repeticiones crezcan demasiado, y por lo tanto aumente la heterogeneidad.

Nota: Puesto que es el modelo matemático de los experimentos factoriales el que permite analizar los efectos principales en forma independiente, debe tenerse presente que en ningún momento son puestos a prueba como tales sino en forma combinada; de tal forma que, realmente lo que se maneja experimentalmente son sus niveles combinados.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 10.2 Tratamientos obtenidos con cinco factores a cuatro niveles: $N^F = 4^5 = 1024$ tratamientos

No. TRATAMIENTO	SIMBOLOGÍA
1	$a_1\ b_1\ c_1\ d_1\ e_1$
2	$a_1\ b_1\ c_1\ d_1\ e_2$
3	$a_1\ b_1\ c_1\ d_1\ e_3$
4	$a_1\ b_1\ c_1\ d_1\ e_4$
5	$a_1\ b_1\ c_1\ d_2\ e_1$
:	: : : : :
1024	$a_4\ b_4\ c_4\ d_4\ e_4$

10.3 Tipos de Experimentos Factoriales

Dentro de estos experimentos se consideran los Experimentos Factoriales **Completos, Aumentados** e **Incompletos.**

Los primeros son aquellos en los que se investiga todas las posibles combinaciones entre niveles de factores, con igual eficiencia. En los "aumentados", a más de las combinaciones completas, se investiga uno o más tratamientos adicionales, generalmente son testigos o controles. Los "incompletos" son aquellos que no incluyen todas las combinaciones entre los niveles de los factores, debido a las siguientes posibles razones:

1. Por cuanto requieren un tamaño de bloques -repeticiones- muy grande
2. Porque es complicada la interpretación de interacciones de más de dos factores

10.3.1 Experimentos Factoriales Completos

Se considera que son altamente eficientes y proporcionan la máxima información posible. Estos arreglos factoriales se expresan como:

a) En forma **exponencial**, cuando el número de niveles de los diferentes factores es el mismo. En este caso la base corresponde al número de niveles (**m**) y el exponente al número de factores (**n**). Así, un factorial de la serie $\mathbf{3^n}$, como $\mathbf{3^4}$ expresa un experimento de cuatro factores a tres niveles.
b) Se expresa también como un **producto** de los niveles de cada factor involucrados; así, un experimento con tres factores A, B y C, a 3, 3 y 2 niveles, respectivamente, queda expresado como un **experimento factorial 3 x 3 x 2.**

- **Modelo Matemático**

El modelo matemático en los experimentos factoriales está íntimamente ligado al modelo del Diseño Experimental en el que se analizan dichos experimentos, salvo que en estos casos, el efecto de tratamientos (*Ti*) se descompone en tantos efectos como factores e interacciones se estudien en los arreglos factoriales. A continuación se presentan tres ejemplos de estos modelos:

Escaneado con CamScanner

1. Factorial A x B en DCA

Para el DCA: $y_{ij} = \mu + T_i + \varepsilon_{ij}$

Para A x B en DCA: $y_{ijk} = \mu + a_i + b_k + ab_{ik} + \varepsilon_{ijk}$ (10.1)

- ab_{ik}: efecto de la interacción A x B
- b_k: efecto del factor B
- a_i: efecto del factor A

Observe que el efecto de los tratamientos *Ti* del DCA se descompone en: $a_i + b_k + ab_{ik}$

2. Factorial A x B x C en DCA

$$y_{ijkl} = \mu + a_i + b_k + ab_{ik} + c_l + ac_{il} + bc_{kl} + abc_{ikl} + \varepsilon_{ijkl} \quad (10.2)$$

- abc_{ikl}: efecto de la interacción A x B x C
- bc_{kl}: efecto de la interacción B x C
- ac_{il}: efecto de la interacción A x C
- c_l: efecto del factor C
- ab_{ik}: efecto de la interacción A x B
- b_k: efecto del factor B
- a_i: efecto del factor A

Observe ahora que el efecto de los tratamientos *Ti* del DCA se descompone en: $a_i + b_k + ab_{ik} + c_l + ac_{il} + bc_{kl} + abc_{ikl}$

3. Factorial A x B en DBCA

Para el DBCA: $y_{ij} = \mu + T_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$

Para A x B en DBCA: $y_{ijk} = \mu + a_i + b_k + ab_{ik} + \beta_j + \varepsilon_{ijk}$ (10.3)

- ab_{ik}: efecto de la interacción A x B
- b_k: efecto del factor B
- a_i: efecto del factor A

Observe la diferencia de este modelo con la Eq. (10.1): Ahora se introduce el componente aleatorio de Bloques, β_j, del DBCA.

Ejemplo 10.1 Experimento Factorial 2x4 con Diseño Completamente al Azar

Se realizó una investigación en Naranjilla (*Solanum quitoense* L.) tendiente a la obtención de mutantes resistentes al nematodo *Meloidogyne incognita*. Semillas de dos diferentes edades fueron irradiadas con cuatro diferentes dosis de rayos gamma (fuente Co 60). En la primera generación (M1) se evaluó la reproducción del nematodo con la variable número de veces la población inicial, cuyos datos (son datos hipotéticos, basados en la tesis de J. Ayala, 2007) se presentan en el Cuadro 10.3. Ensayar las hipótesis correspondientes.

Los factores y niveles ensayados fueron los siguientes:

Escaneado con CamScanner

Factor A (Edad de las semillas): a_1 = 30 días
a_2 = 60 días

Factor B (Mutágeno físico) : b_1 = 100 Gray (Gy)
b_2 = 200 Gy
b_3 = 300 Gy
b_4 = 400 Gy

Cuadro 10.3 Reproducción de *M. incognita*

Réplicas	Tratamientos								
	a1b1	a1b2	a1b3	a1b4	a2b1	a2b2	a2b3	a2b4	
1	7.8	3.6	4.7	5.9	8.0	3.7	5.0	7.1	
2	7.3	3.9	4.2	6.0	8.2	3.3	5.6	7.9	
3	7.7	3.1	4.9	6.3	8.4	3.4	5.6	7.1	
4	7.6	3.3	4.1	6.2	8.5	3.2	5.8	7.2	
5	8.1	3.5	4.5	5.4	8.2	3.8	5.9	7.0	
6	7.4	3.5	4.8	6.1	8.9	3.9	5.2	7.9	
TOTALES	45.9	20.9	27.2	35.9	50.2	21.3	33.1	44.2	278.7
PROMEDIOS	7.65	3.48	4.53	5.98	8.37	3.55	5.52	7.37	5.81

Cuadro 10.4 Tabla auxiliar para totales de niveles de A y B

		B				$\sum A$	$\bar{A}$
		b1	b2	b3	b4		
A	a1	6 / 45.9	20.9	27.2	35.9	24 / 129.9	5.41^a
	a2	50.2	21.3	33.1	44.2	148.8	6.20^b
$\sum B$		12 / 96.1	42.2	60.3	80.1	48 / 278.7	
$\bar{B}$		8.01^d	3.52^a	5.03^b	6.68^c		5.81

Cálculos básicos:

1. FC $= 278.7^2 / 48 = 1618.20$

2. $SC_{Tot} = (7.8^2 + 3.6^2 + \ldots + 7.9^2) - FC = 1770.09 - 1618.20 = 151.89$

3. $SC_{Trat} = (45\text{-}9^2 + \ldots + 44.2^2) / 6 - FC = 1765.88 - 1618.20 = 147.68$
   3 a. $SC_A = (129.9^2 + 148.8^2) / 24 - FC = 1625.64 - 1618.20 = 7.44$
   3 b. $SC_B = (96.1^2 + \ldots + 80.1^2) / 12 - FC = 1755.68 - 1618.20 = 137.48$
   3 c. $SC_{AB} = SC_{Trat} - SC_A - SC_B = 147.68 - 7.44 - 137.48 = 2.76$

4. $SC_{EE} = SC_{Tot} - SC_{Trat} = 151.89 - 147.68 = 4.21$

Escaneado con CamScanner

Cuadro 10.5 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	47	151.89				
(TRATAM.)	(7)	(147.68)	(21.10)	200.95 **	2.25	3.12
A	1	7.44	7.44	70.86 **	4.08	7.31
B	3	137.48	45.83	436.48 **	2.84	4.31
AB	3 *	2.76	0.92	8.76 **		
ERROR EXP.	40	4.21	0.105			

* $gl_{AB} = (gl_A)(gl_B)$

$$CV = \left(\sqrt{0.105} / 5.81\right) * 100 = 5.6\%$$

Conclusiones.- En el cuadro del ANOVA se observan diferencias altamente significativas tanto para los efectos principales (Edad y Dosis) como para la interacción. De un análisis de las medias, mejores respuestas se obtuvieron en semillas de 30 días de conservación (en un ambiente de 8% de HR y temperatura promedio de 14°C) y con dosis de irradiación de 200 Gy (p=0.01). La combinación de estos dos niveles serían el mejor tratamiento, dentro del cual se esperarían encontrar posibles mutantes, cuyas plantas cultivadas serían evaluados en la generación M2. Dado que la tendencia de respuesta para las dosis de irradiación es parabólica, se esperaría una dosis óptima entre 100 y 200 Gy.

TRABAJO No. 9 Experimento Factorial 2^2 en DBCA

En el cuadro 10.6 se presentan los resultados de un estudio realizado para determinar el efecto de la tiroxina, sobre el peso de pollos diferenciados por sexo. El peso fue tomado en gramos, a las cinco semanas de vida de los pollos.

Cuadro 10.6 Peso de pollos en gramos a las cinco semanas

		BLOQUES (REPETICIONES)									
SEXO	TIROXINA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
M	CONTROL	560	500	350	520	540	620	600	560	450	340
	TIROXINA	410	540	340	580	470	550	480	440	600	450
F	CONTROL	530	580	520	460	340	640	520	560	500	460
	TIROXINA	550	420	370	600	440	560	540	520	450	540

Realizar:

1. Análisis de la variancia
2. CV
3. Conclusiones

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 10.2 Experimento Factorial 2^3 en DBCA

Los datos del cuadro 10.7 (Snedecor *et al.*, 1980. Pág. 443) corresponden al aumento de peso diario promedio de pollos, en un experimento con ordenamiento factorial 2^3 (8 tratamientos) en Bloques Completos al Azar, llevado a cabo para conocer los efectos de complementar una ración de maíz con harina de soja. El maíz es deficiente en lisina, de modo que este aminoácido fue suplementado ya sea como ingrediente al 0.6% o como harina de soja que contiene lisina.

Cuadro 10.7 Incremento diario promedio del peso de los animales

Lisina %	Prot. %	Sexo	REPETICIONES (BLOQUES) 1	2	3	4	5	6	7	8	SUMA TRAT.	SUMA 2 SEXOS
											8	
0.0	12	M	1.11	0.97	1.09	0.99	0.85	1.21	1.29	0.96	8.47	
		F	1.03	0.97	0.99	0.99	0.99	1.21	1.19	1.24	8.61	17.08
	14	M	1.52	1.45	1.27	1.22	1.67	1.24	1.34	1.32	11.03	
		F	1.48	1.22	1.53	1.19	1.16	1.57	1.13	1.43	10.71	21.74
0.6	12	M	1.22	1.13	1.34	1.41	1.34	1.19	1.25	1.32	10.20	
		F	0.87	1.00	1.16	1.29	1.00	1.14	1.36	1.32	9.14	19.34
	14	M	1.38	1.08	1.40	1.21	1.46	1.39	1.17	1.21	10.30	
		F	1.09	1.09	1.47	1.43	1.24	1.17	1.01	1.13	9.63	19.93
SUMA REPETICIONES			9.70	8.91	10.25	9.73	9.71	10.12	9.74	9.93	64 / 78.09	
											$\bar{Y}$ =1.22	

Factores y niveles en estudio:

FACTOR L (lisina %) : L_0 = lisina 0%
$L_{0.6}$ = lisina 0.6%

FACTOR P (proteína %): P_{12} = sólo proteína de maíz
P_{14} = proteína añadida en forma de harina de soja, rica en lisina

FACTOR S (sexo) : M = masculino
F = femenino

Cuadros 10.8 Tablas auxiliares de doble entrada

	(P) P12	P14	$\sum L$
(L) L0	16 / 17.08 *	21.74	32 / 38.82
L0.6	19.34	19.93	39.27
$\sum P$	32 / 36.42	41.67	

* 17.08 = 8.47 + 8.61

	(S) M	F	$\sum L$
(L) L0	16 / 19.50 *	19.32	32 / 38.82
L0.6	20.50	18.77	39.27
$\sum S$	32 / 40.00	38.09	

* 19.50 = 8.47 + 11.03

Escaneado con CamScanner

		(S) M	F	$\sum P$
(P)	P12	16 / 18.67 *	17.75	32 / 36.42
	P14	21.33	20.34	41.67
$\sum S$		32 / 40.00	38.09	

* 18.67 = 8.47 + 10.20

TABLA DE PROMEDIOS **LP**

		(P) P12	P14	$\bar{Y}_L$
(L)	L0	1.0675 *	1.3588	1.213
	L0.6	1.2069	1.2456	1.227
$\bar{Y}_P$		1.1380	1.3020	

* 1.0675 = 17.08 / 16

Cálculos básicos:

1. $FC = 78.09^2 / 64 = 95.282$
2. $SC_{Tot} = (1.11^2 + 0.97^2 + \ldots + 1.13^2) - FC = 97.321 - 95.282 = 2.039$
3. $SC_{Rep} = (9.70^2 + 8.91^2 + \ldots + 9.93^2) / 8 - FC = 95.423 - 95.282 = 0.141$
4. $SC_{Trat} = (8.47^2 + 8.61^2 + \ldots + 9.63^2) / 8 - FC = 96.081 - 95.282 = 0.799$

4 a. $SC_L = (38.82^2 + 39.27^2) / 32 - FC = 95.285 - 95.282 = 0.003$

4b. $SC_P = (36.42^2 + 41.67^2) / 32 - FC = 95.713 - 95.282 = 0.431$

4c. $SC_{LP} = (17.08^2 + \ldots + 19.93^2) / 16 - FC - SC_L - SC_P = 95.975 - 95.282 - 0.003 - 0.431 = 0.259$

4d. $SC_S = (40.00^2 + 38.09^2) / 32 - FC = 95.339 - 95.282 = 0.057$

4e. $SC_{LS} = (19.50^2 + \ldots + 18.77^2)/16 - FC - SC_L - SC_S = 95.380 - 95.282 - 0.003 - 0.057 = 0.038$

4f. $SC_{PS} = (18.67^2 + \ldots + 20.34^2)/16 - FC - SC_P - SC_S = 95.770 - 95.282 - 0.431 - 0.057 = 0.00007$

4g. $SC_{LPS} = SC_{Trat} - SC_L - SC_P - SC_{LP} - SC_S - SC_{LS} - SC_{PS}$
$= 0.799 - 0.003 - 0.431 - 0.259 - 0.057 - 0.038 - 0.00007 = 0.011$

5. $SC_{EE} = SC_{Tot} - SC_{Rep} - SC_{Trat} = 2.039 - 0.141 - 0.799 = 1.099$

Cuadro 10.9 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	63	2.039				
BLOQUES	7	0.141	0.02014	0.9	2.205	3.03
(TRATAM.)	(7)	(0.799)	(0.11414)	5.09 **	2.205	3.03
LISINA	1	0.003	0.003	0.13	4.035	7.18
PROTEINA	1	0.431	0.431	19.22 **		
LP	1	0.259	0.259	11.55 **		
SEXO	1	0.057	0.057	2.54		
LS	1	0.038	0.038	1.69		
PS	1	0.0001	0.0001	0.004		
LPS	1	0.011	0.011	0.49		
ERROR EXP.	49	1.099	0.02243			

$$CV = \left(\sqrt{0.02243} / 1.22\right) * 100 = 12.3\%$$

- Prueba de significación de *Tukey* al 0.05 para la interacción "LP":

$$T = Q_{(0.05;4;49)} \sqrt{0.02243 / 16} = 3.77(0.037) = 0.14$$

Donde, 16 es el tamaño de las muestras de donde provienen las medias a comparar.

Escaneado con CamScanner

Los rangos obtenidos en base a la matriz de diferencias de las medias ordenadas y frente al valor de *Tukey* son:

Trat.	Rangos	$\bar{Y}_i$ ordenadas	1.3588	1.2456	1.2069	1.0675
L_0P_{14}	|	1.3588	——			
$L_{0.6}P_{14}$	| |	1.2456	0.1132 ns	——		
$L_{0.6}P_{12}$	| |	1.2069	0.1519 *	0.0387 ns	——	
L_0P_{12}	|	1.0675	0.2913 *	0.1781 *	0.1394 ns	——

- Prueba de significación de Duncan al 0.05 para la interacción "LP":

Valores de DUNCAN: $D = Q_{(0.05;2,3,4;49)}\left(S_{\bar{Y}}\right)$

$Q_{(0.05;2,3,4;49)}$ = valores obtenidos en la tabla de Duncan

$$S_{\bar{Y}} = \sqrt{\frac{0.02243}{16}} = 0.037$$

	Núm. Trat. Involucrados		
	2	3	4
Q	2.86	3.01	3.10
$S_{\bar{Y}}$	0.037	0.037	0.037
$D = Q * S_{\bar{Y}}$	0.106	0.111	0.114

Rangos obtenidos sobre la matriz de diferencias de las medias ordenadas y su significación:

Trat.	Rangos	$\bar{Y}_i$ ordenadas	1.3588	1.2456	1.2069	1.0675
L_0P_{14}	|	1.3588	——			
$L_{0.6}P_{14}$	|	1.2456	0.1132 *	——		
$L_{0.6}P_{12}$	|	1.2069	0.1519 *	0.0387 ns	——	
L_0P_{12}	|	1.0675	0.2913 *	0.1781 *	0.1394 *	——

Observe, por ejemplo, que para la comparación de las medias 1.3588 y 1.0675, cuya diferencia es 0.2913, ésta es contrastada con el valor crítico de Duncan de 0.114, el cual corresponde a 4 medias involucradas: 1.3588, 1.2456, 1.2069 y 1.0675. Esta diferencia resultó ser significativa, al ser la diferencia observada mayor que el valor crítico al 0.05.

Conclusiones.- No existe efecto evidente del factor sexo, ni como componente principal ni en las interacciones que interviene. Se observan diferencias altamente significativas para la interacción Proteína - Lisina: con sólo proteína del maíz, la adición de 0.6% de lisina fue efectiva, pero con proteína añadida en forma de harina de soja, rica en lisina, el aminoácido agregado no tuvo efecto significativo alguno, puesto que no hay diferencias entre estos dos tratamientos.
El mejor tratamiento resultó ser el que utiliza suplemento de harina de soja, pero no se recomendaría la adición de lisina además de la harina de soja, puesto que el aminoácido tiene valor en ausencia de harina de soja. De todas maneras será importante realizar un análisis económico para decidir cuál fuente de lisina utilizar. No se analiza aquí el efecto principal de proteína, que resultó ser altamente significativo, ya que no hay interés especial sin el componente lisina.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 10 Experimento Factorial 3^3 en DBCA

Ejercicio 1.

Analizar los datos del cuadro 10.10 sobre un experimento factorial 3^3 (27 tratamientos) en DBCA con 4 repeticiones.

Cuadro 10.10 Resultados de un experimento factorial 3^3 en DBCA

TRAT. No.	SIMBOLOGÍA	REPETICIONES 1	2	3	4	$\Sigma TRAT.$
						4
1	$a_0\ b_0\ c_0$	11	11	11	11	44
2	$a_0\ b_0\ c_1$	16	30	30	16	92
3	$a_0\ b_0\ c_2$	28	10	10	28	76
4	$a_0\ b_1\ c_0$	13	13	23	23	72
5	$a_0\ b_1\ c_1$	28	31	28	24	111
6	$a_0\ b_1\ c_2$	18	21	14	21	74
7	$a_0\ b_2\ c_0$	24	24	08	08	64
8	$a_0\ b_2\ c_1$	20	26	18	26	90
9	$a_0\ b_2\ c_2$	28	26	28	33	115
10	$a_1\ b_0\ c_0$	08	13	13	08	42
11	$a_1\ b_0\ c_1$	14	14	14	14	56
12	$a_1\ b_0\ c_2$	10	28	28	10	76
13	$a_1\ b_1\ c_0$	23	20	13	20	76
14	$a_1\ b_1\ c_1$	24	24	31	31	110
15	$a_1\ b_1\ c_2$	21	18	21	14	74
16	$a_1\ b_2\ c_0$	24	08	24	24	80
17	$a_1\ b_2\ c_1$	18	18	20	20	76
18	$a_1\ b_2\ c_2$	26	28	33	28	115
19	$a_2\ b_0\ c_0$	13	08	08	13	42
20	$a_2\ b_0\ c_1$	30	16	16	30	92
21	$a_2\ b_0\ c_2$	11	11	11	11	44
22	$a_2\ b_1\ c_0$	20	23	20	13	76
23	$a_2\ b_1\ c_1$	31	28	24	28	111
24	$a_2\ b_1\ c_2$	14	14	18	18	64
25	$a_2\ b_2\ c_0$	08	24	24	24	80
26	$a_2\ b_2\ c_1$	26	20	26	18	90
27	$a_2\ b_2\ c_2$	33	33	26	26	118
$\Sigma REPET.$		27 / 540	540	540	540	108 / 2160
						$\bar{Y} = 20$

Realizar:

1. Análisis de variancia
2. CV
3. Prueba de significación de *Tukey* al 0.05 (para fuentes de variación significativas)
4. Conclusiones

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 11

*ANÁLISIS FUNCIONAL II: POLINOMIOS Y COMPARACIONES ORTOGONALES**

Los Polinomios Ortogonales y las Comparaciones Ortogonales forman parte primordial del **análisis funcional de variancias**, y constituyen herramientas de gran valor para el investigador, permitiéndole obtener mayor información sobre las hipótesis sujetas a la investigación.

11.1 Polinomios ortogonales

Con éstos se consigue conocer las tendencias de las respuestas (efectos) generadas por los tratamientos ensayados, sean éstas lineales, cuadráticas, cúbicas o efectos de mayor grado. Por lo general, se calculan cuando se han detectado diferencias significativas para tratamientos -factores e interacciones- para lo cual se asigna un grado de libertad por cada polinomio ortogonal. Estos polinomios (lineales, cuadráticos, etc.) constituyen básicamente una extensión de la **regresión lineal** e incluyen ecuaciones de mayor grado, según los grados de libertad del factor analizado.

Los polinomios ortogonales se usan siempre y cuando los tratamientos ensayados estén igualmente espaciados, de no ser así deben realizarse cálculos especiales para la obtención de esos polinomios. Cuando los tratamientos constituyen variedades, razas o especies (variables categóricas) no pueden realizarse polinomios ortogonales, puesto que no se podría determinar el *igual espaciamiento de los tratamientos*.

El proceso incluye la desagregación de los grados de libertad y de la Suma de Cuadrados de la fuente de variación analizada. Al desagregar los grados de libertad en forma unitaria, el primer grado de libertad se utiliza para el efecto o componente lineal, el segundo para el efecto cuadrático, el tercero para el cúbico, y así sucesivamente. Muchos investigadores analizan los primeros efectos o polinomios ortogonales analizando los siguientes como el conjunto de otros efectos (subfuente de variación denominada residuo, resto o sobrante).

Los polinomios ortogonales se usan en experimentaciones que evalúan dosis, concentraciones, gradientes de variación, etc. A continuación constan algunas aplicaciones:

1. Uso de mutágenos físicos
2. Fertilización y desbalance catiónico
3. Dietas alimenticias
4. Control Integrado de Plagas (MIP)
5. Estrés hídrico - eficiencia de riego
6. Fotoperíodos y otros factores ambientales
7. Áreas de la fisiología, ecología, medicina, industria, etc.

* *Ortogonalidad* significa *independencia* de un factor respecto a otros a la hora de hacer comparaciones.

Escaneado con CamScanner

11.1.1 Procedimiento

La fórmula para el cálculo de la Suma de Cuadrados de cada polinomio ortogonal es la siguiente:

$$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2} \tag{11.1}$$

Donde,

$Q = \sum c_i Y_i$

n = Número de repeticiones u observaciones que intervienen en los totales de los tratamientos analizados

c_i = Coeficientes para cada polinomio ortogonal, según el número de tratamientos (ver tabla No.6)

Y_i = Suma total del tratamiento i

También los polinomios ortogonales pueden calcularse a partir de las medias de los tratamientos, en este caso,

$$SC = \frac{n\left(\sum c_i \bar{Y}_i\right)^2}{\sum c_i^2} \tag{11.2}$$

Sin embargo, al utilizar las medias en los cálculos manuales, se pierde precisión por redondeo de cifras.

Uno de los requisitos de los polinomios y comparaciones ortogonales, como su nombre lo indica, es la ortogonalidad de los coeficientes, la cual se establece cuando la suma algebraica de los coeficientes dentro de cada polinomio es igual a cero $(\sum c_i = 0)$. Además, la suma del producto de los coeficientes de dos polinomios ortogonales cualquiera debe ser igual a cero $(\sum c_{ij} c_{ik} = 0)$.

Ejemplo 11.1 En una investigación sobre panificación se evaluaron 4 niveles de bromato de potasio con harina de 17 variedades de trigo. Los niveles de bromato de potasio fueron: 1 mg, 2 mg, 3 mg y 4 mg. La variable analizada fue el volumen de pan alcanzado con estos tratamientos y medido en cm^3. Los totales, promedios y el correspondiente ANOVA se presentan a continuación en los cuadros 11.1 y 11.2. Calcular los polinomios ortogonales para la respuesta del bromato de potasio.

Cuadro 11.1 Totales y promedios de tratamientos con bromato de potasio

	TRATAMIENTOS				
	1 mg	2 mg	3 mg	4 mg	TOTAL
$\sum TRAT.$	17 / 154.50	154.70	147.90	141.90	68 / 599.00
$\bar{Y}_i$	9.09	9.10	8.70	8.35	8.81

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.2 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	67	81.83				
VARIEDADES (BLOQUES)	16	70.01	4.38	39.80 **	1.86	2.40
BROMATO P. (TRATAM.)	3	6.59	2.20	20.00 **	2.80	4.22
ERROR E.	48	5.23	0.11			

$$CV = \left(\sqrt{0.11} / 8.81\right) * 100 = 3.76\%$$

- **Cálculo de la Suma de Cuadrados de los polinomios ortogonales**

Con 3 grados de libertad para tratamientos (cuatro niveles de bromato de potasio menos uno) se obtienen 3 polinomios (uno por cada grado de libertad): lineal, parabólico y cúbico. Los cálculos se realizan tal como se presentan en el cuadro 11.3, donde los coeficientes son tomados de la tabla 6.

Cuadro 11.3 Cálculo de la Suma de Cuadrados de los polinomios ortogonales

EFECTOS	TOTAL DE TRATAMIENTOS ORDENADOS Y COEFICIENTES DE LOS POLINOMIOS ORTOGONALES 1 mg 154.50	2 mg 154.70	3 mg 147.90	4 mg 141.90	Componente $Q = \sum c_i Y_i$	Q^2	$n\sum c_i^2$	$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2}$
LINEAL	-3	-1	1	3	- 44.6 *	1989.16	17(20) = 340	5.85
PARABOL.	1	-1	-1	1	- 6.2	38.44	17(4) = 68	0.56
CÚBICO	-1	3	-3	1	7.8	60.84	17(20) = 340	0.18
							SUMA DE CUADRADOS DEL BROMATO =	6.59

* $Q_{LINEAL} = -3(154.50) + (-1)(154.70) + 1(147.90) + 3(141.90) = -44.6$

Nota: El total de las Sumas de Cuadrados de todos los polinomios ortogonales debe ser exactamente igual a la Suma de Cuadrados de tratamientos o del factor (en experimentos factoriales) que se está analizando.

Con los cálculos así obtenidos de las Sumas de Cuadrados para cada polinomio ortogonal se procede a realizar el ANOVA completo, incluyendo la significación de estos polinomios:

Cuadro 11.4 Resultados del ANOVA (incluye polinomios ortogonales)

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	67	81.83				
VARIEDADES	16	70.01	4.38	39.80 **	1.86	2.40
BROMATO	3	6.59	2.20	20.00 **	2.80	4.22
Efecto lineal	1	5.85	5.85	53.20 **	4.04	7.19
Error L. [1]	2	0.74[(2)]	0.37	3.36 *	3.19	5.08
Efecto cuadrático	1	0.56	0.56	5.10 *	4.04	7.19
Error C. [1]	1	0.18[(2)]	0.18	1.60 NS		
Efecto cúbico	1	0.18	0.18	1.60 NS		
ERROR EXP.	48	5.23	0.11			

[1] Error L. = error de la estimación lineal. Error C. = error de la estimación cuadrática.

[2] SC Error L.= 6.59 - 5.85 = 0.74
SC Error C. = 0.74 - 0.56 = 0.18

Gráficamente, en la figura 11.1 podemos observar las tendencias lineal y cuadrática y el mejor ajuste:

Escaneado con CamScanner

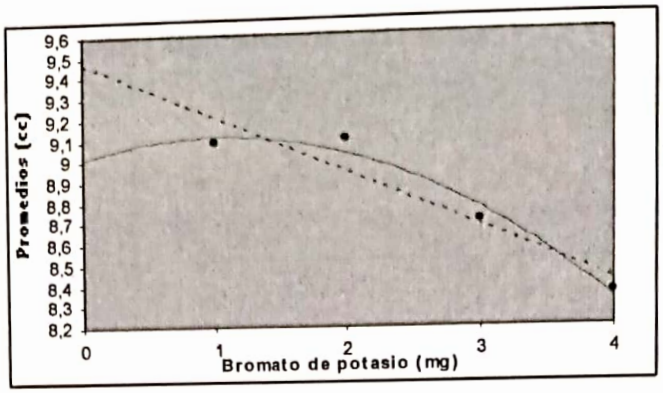


Figura 11.1 Estimaciones para los efectos cuadrático y lineal: Los puntos corresponden a los datos originales, la línea entrecortada al ajuste lineal y la continua al ajuste cuadrático.

Las ecuaciones de estas estimaciones son:

$$\bar{Y}est.L = 9.465 - 0.262X \qquad r = 0.942 \qquad (11.3)$$

$$\bar{Y}est.C = 9.0088 + 0.1935X - 0.0912X^2 \qquad r = 0.986 \qquad (11.4)$$

Conclusiones.- Para esta investigación se observa alta significación estadística para la estimación lineal, efectos cuadráticos significativos y ninguna significación para el efecto cúbico. Sin embargo, sobre los dos primeros efectos, como se observa en el cuadro 11.4 de resultados del ANOVA, la desviación (error) de estimación del componente lineal es significativa, mientras que el error de estima del componente cuadrático no es significativo, por tanto, se logra un mejor ajuste con el modelo cuadrático o parabólico. Observe por otro lado que, la proporción de la Suma de Cuadrados del efecto lineal sobre la Suma de Cuadrados del bromato es 5.85 / 6.59 = 0.888, que corresponde al r^2 de este polinomio; para la cuadrática esta proporción es (5.85+0.56) / 6.59 = 0.973 que corresponde al r^2 del modelo parabólico (ver Eq. 11.3 y 11.4).

De este análisis, a partir de los índices: error de la estimación y coeficiente de determinación, concluimos que el mejor ajuste de los resultados es el cuadrático (ver fig. 11.1). Sin embargo, el análisis de los polinomios ortogonales, con el cual se ha logrado determinar la significación y el mejor ajuste de la respuesta de los tratamientos en estudio, no permite conocer las ecuaciones o modelos de regresión en caso de requerirse. Esto último podemos solucionar encontrando las ecuaciones de regresión correspondientes:

- **Regresiones lineal y cuadrática**

Con los cálculos siguientes, del ejemplo 11.1, procedemos a plantear las ecuaciones normales, la solución correspondiente, y el cálculo de los coeficientes de correlación y errores de estimación (también podemos utilizar los totales, en cuyo caso las estimaciones obtenidas de totales tendrán que ser divididos para *n* para así obtener promedios estimados de los efectos de los tratamientos):

Cuadro 11.5 Cálculos iniciales para la solución de las ecuaciones de regresión

	X	$\bar{Y}$	X^2	X^3	X^4	$X\bar{Y}$	$X^2\bar{Y}$
	1	9.088	1	1	1	9.088	9.088
	2	9.100	4	8	16	18.200	36.400
	3	8.700	9	27	81	26.100	78.300
	4	8.347	16	64	256	33.388	133.553
Total	4/ 10	35.235	30	100	354	86.776	257.341
Prom.	2.5	8.809					

Escaneado con CamScanner

Ecuaciones normales para la Regresión Lineal:

$$b_0 N + b_1 \sum X = \sum \bar{Y}$$

$$b_0 \sum X + b_1 \sum X^2 = \sum X \bar{Y}$$

Ecuaciones normales para la Regresión Cuadrática:

$$b_0 N + b_1 \sum X + b_2 \sum X^2 = \sum \bar{Y}$$

$$b_0 \sum X + b_1 \sum X^2 + b_2 \sum X^3 = \sum X \bar{Y}$$

$$b_0 \sum X^2 + b_1 \sum X^3 + b_2 \sum X^4 = \sum X^2 \bar{Y}$$

Con los valores obtenidos en el cuadro 11.5 las ecuaciones anteriores se pueden presentar en forma matricial, como sigue:

$$\begin{pmatrix} 4\,b_0 & +10\,b_1 \\ 10\,b_0 & +30\,b_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} 4\,b_0 & +10\,b_1 & +30\,b_2 \\ 10\,b_0 & +30\,b_1 & +100\,b_2 \\ 30\,b_0 & +100\,b_1 & +354\,b_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \\ 257.341 \end{pmatrix}$$

Cuya relación matricial $AB=C$ es,

$$\begin{pmatrix} 4 & 10 \\ 10 & 30 \end{pmatrix}\begin{pmatrix} b_0 \\ b_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \end{pmatrix}$$

Cuya relación matricial $AB=C$ es,

$$\begin{pmatrix} 4 & 10 & 30 \\ 10 & 30 & 100 \\ 30 & 100 & 354 \end{pmatrix}\begin{pmatrix} b_0 \\ b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \\ 257.341 \end{pmatrix}$$

Solución:

1. Matricial: $B = A^{-1}C$

Sea $A = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} \\ a_{21} & a_{22} \end{pmatrix}$, entonces,

$$A^{-1} = \frac{1}{|A|}\begin{pmatrix} a_{22} & -a_{12} \\ -a_{21} & a_{11} \end{pmatrix}$$

$$A^{-1} = \frac{1}{4(30) - 10(10)}\begin{pmatrix} 30 & -10 \\ -10 & 4 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 3/2 & -1/2 \\ -1/2 & 1/5 \end{pmatrix}$$

$$B = \begin{pmatrix} 3/2 & -1/2 \\ -1/2 & 1/5 \end{pmatrix}\begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} b_0 = 9.4645 \\ b_1 = -0.2623 \end{pmatrix}$$

2. Sustitución:

$$b_1 = \frac{n\Sigma X\bar{Y} - (\Sigma X)(\Sigma \bar{Y})}{n\Sigma X^2 - (\Sigma X)^2} = \frac{4(86.776) - 10(35.235)}{4(30) - 10^2}$$

$$b_1 = -0.2623$$

$$b_0 = \bar{Y}.. - b_1\bar{X} = 8.809 + 0.2623(2.5) = 9.4646$$

$B = A^{-1}C$

$$B = \begin{pmatrix} 7.75 & -6.75 & 1.25 \\ -6.75 & 6.45 & -1.25 \\ 1.25 & -1.25 & 0.25 \end{pmatrix}\begin{pmatrix} 35.235 \\ 86.776 \\ 257.341 \end{pmatrix}$$

$$B = \begin{pmatrix} b_0 = 9.0095 \\ b_1 = 0.1927 \\ b_2 = -0.091 \end{pmatrix}$$

Donde,

B = matriz de incógnitas o coeficientes del modelo de regresión cuadrática

A^{-1} = inversa de la matriz de coeficientes de las incógnitas

C = matriz de términos independientes

Otros métodos de solución simultánea de ecuaciones son los determinantes y la eliminación. Obtenidas así las Eqs. 11.3 y 11.4 se estiman los promedios de tratamientos (cuadro 11.6) con lo cual es posible calcular los coeficientes de correlación y errores de estimación correspondientes.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.6 Estimación de promedios (efectos de tratamientos) según las ecuaciones de regresión lineal y cuadrática

	X	$\bar{Y}$	$\bar{Y}_{EST.LINEAL}$	$\bar{Y}_{EST.CUADRÁTICA}$
	1	9.088	9.202	9.111
	2	9.100	8.940	9.031
	3	8.700	8.678	8.769
	4	8.347	8.415	8.324
Σ	10	35.235	35.235	35.235
$\bar{Y}..$		8.80875	8.80875	8.80875

$$r^2_{LINEAL} = \frac{VariaciónExplicada}{VariaciónTotal} = \frac{N\Sigma\left(\bar{Y}_{i,Est.} - \bar{Y}..\right)^2}{N\Sigma\left(\bar{Y}i - \bar{Y}..\right)^2} = \frac{17\left((9.202 - 8.80875)^2 + ... + (8.415 - 8.80875)^2\right)}{17\left((9.088 - 8.80875)^2 + ... + (8.347 - 8.80875)^2\right)} = \frac{5.85}{6.59} = 0.8877$$

$$S_{\bar{y}.x} = \sqrt{\frac{N\Sigma\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{i,Est.}\right)^2}{m-k}} = \sqrt{\frac{17\left((9.088 - 9.202)^2 + ... + (8.347 - 8.415)^2\right)}{4-2}} = \sqrt{\frac{0.742968}{2}} = \sqrt{0.37}$$

$$= 0.61$$

Nota: Las fórmulas anteriores incluyen N=17 para comparar con los cálculos del ANOVA realizados sobre los totales. Además, m = número de tratamientos o niveles del factor estudiado y k = número de coeficientes de la regresión.

$$r^2_{CUAD.} = \frac{VariaciónExplicada}{VariaciónTotal} = \frac{N\Sigma\left(\bar{Y}_{i,Est.} - \bar{Y}..\right)^2}{N\Sigma\left(\bar{Y}i - \bar{Y}..\right)^2} = \frac{17\left((9.111 - 8.80875)^2 + ... + (8.324 - 8.80875)^2\right)}{17\left((9.088 - 8.80875)^2 + ... + (8.347 - 8.80875)^2\right)} = \frac{6.41}{6.59} = 0.973$$

$$S_{\bar{y}.x} = \sqrt{\frac{N\Sigma\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{i,Est.}\right)^2}{m-k}} = \sqrt{\frac{17\left((9.088 - 9.111)^2 + ... + (8.347 - 8.324)^2\right)}{4-3}} = \sqrt{\frac{0.17986}{1}} = 0.42$$

El cálculo manual de regresiones de mayor grado se dificulta por la resolución simultánea de un mayor número de ecuaciones normales; sin embargo, esta dificultad puede ser obviada usando el software estadístico actualmente disponible en los sistemas computacionales. De los resultados del ANOVA (Cuadro 11.4) también podemos obtener fácilmente los r^2 y los $S_{\bar{y}.x}$ tanto lineales como cuadráticos.

Escaneado con CamScanner

11.2 Comparaciones ortogonales (pruebas a priori)

Las comparaciones ortogonales, a diferencia de las pruebas de significación (post hoc), permiten comparar dos tratamientos o grupos de éstos según el interés del investigador. Generalmente se comparan grupos de tratamientos afines con otros. Al igual que en los polinomios ortogonales, se desdoblan los grados de libertad y la Suma de Cuadrados de tratamientos o del factor que se desea evaluar. Se realizan tantas comparaciones o contrastes independientes según cuántos grados de libertad tiene el factor o el grupo tratamientos, requiriéndose un grado de libertad para cada comparación realizada.

Por lo regular, se realizan comparaciones ortogonales cuando en el ANOVA se han detectado diferencias significativas o altamente significativas para tratamientos o para el factor que se requiere analizar; sin embargo, algunos investigadores realizan estas comparaciones aún cuando no se hayan detectado diferencias estadísticas en el análisis de variancia. Este análisis no requiere que los tratamientos sean igualmente espaciados.

11.2.1 Procedimiento

La fórmula para el cálculo de la Suma de Cuadrados de cada comparación ortogonal es la siguiente:

$$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2} \tag{11.5}$$

Donde,

$Q = \sum c_i Y_i$

n = Número de repeticiones u observaciones que intervienen en los totales de los tratamientos analizados

c_i = Coeficientes para cada comparación ortogonal

Y_i = Suma total del tratamiento i

Nota: También las comparaciones ortogonales pueden calcularse a partir de las medias de los tratamientos, en este caso,

$$SC = \frac{n\left(\sum c_i \bar{Y}_i\right)^2}{\sum c_i^2} \tag{11.6}$$

Sin embargo, al utilizar las medias en los cálculos manuales se pierde precisión por redondeo de cifras.

Uno de los requisitos de las comparaciones ortogonales, al igual que en los polinomios, es la ortogonalidad de los coeficientes, la cual se establece cuando la suma algebraica de los coeficientes dentro de cada polinomio es igual a cero $(\sum c_i = 0)$. Además, la suma del producto de los coeficientes de dos comparaciones ortogonales, cualquiera, debe ser igual a cero $(\sum c_{ij} c_{ik} = 0)$.

Escaneado con CamScanner

Los coeficientes, en este caso, no están tabulados como en los polinomios, sino que son creados durante el proceso de cálculo de las comparaciones ortogonales. Son determinados en función del tipo de comparación a realizar y corresponden a **valores mínimos** que deben cumplir con los requisitos de ortogonalidad anteriormente explicados. Estos coeficientes son valores negativos y positivos y además enteros.

Para la determinación de los coeficientes ortogonales se sugiere las siguientes reglas:

- Los coeficientes que van a la izquierda de cada comparación se les asigna el signo positivo (+) o negativo (-), y a los de la derecha el signo contrario
- Los coeficientes dentro de cada grupo deben ser iguales (ej. -5 -5)
- Se asigna el valor cero (0) a los coeficientes de los tratamientos o niveles de un factor que no participan en la comparación ortogonal

El Total de las Sumas de Cuadrados de las comparaciones ortogonales debe ser igual a la Suma de Cuadrados de tratamientos o del factor que se está analizando. Si esta suma no coincide entonces deben rehacerse los cálculos o buscar la ortogonalidad de las comparaciones a través de los requisitos establecidos.

Ejemplo 11.2 En una investigación se evaluaron ocho desinfectantes de semillas, en un diseño de Bloques Completos Aleatorizados, con seis repeticiones. La variable analizada fue el número de semillas sanas conseguidas con los diferentes tratamientos. Los totales y promedios y el correspondiente ANOVA se presentan a continuación en los cuadros 11.7 y 11.8, respectivamente. Determinar la significación estadística de las Comparaciones Ortogonales diseñadas en el Cuadro 11.9.

Cuadro 11.7 Totales y promedios de tratamientos

TRATAMIENTOS	TOTALES	PROMEDIOS
	6	
A	44	7.33
B	119	19.83
C	84	14.00
D	51	8.50
E	22	3.67
F	32	5.33
G	33	5.50
H	65	10.83
SUMA Y PROMEDIO GLOBAL	450	9.375

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.8 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	47	1515.25				
REPETICIONES	5	102.50	20.50	3.55 *	2.48	3.60
TRATAMIENTOS	7	1210.58	172.94	29.92 **	2.29	3.20
ERROR E.	35	202.17	5.78			

$$CV = \left(\sqrt{5.78} / 9.38\right) * 100 = 25.6\%$$

Los tratamientos estudiados presentaron la siguiente relación:

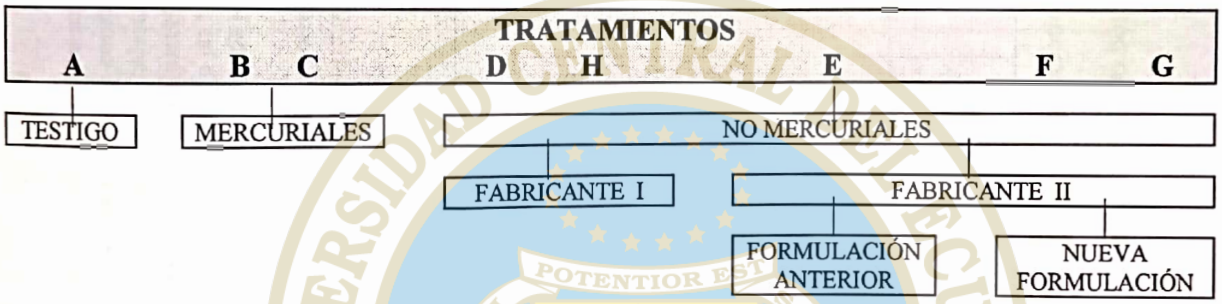


Figura 11.2 Distribución de los tratamientos ensayados según su relación

Conforme esta distribución, podrían hacerse diferentes comparaciones (ortogonales) a fin de dar respuesta a distintas preguntas:

Cuadro 11.9 Comparaciones entre los tratamientos

COMPARACIONES	PREGUNTAS A CONTESTAR
1. A vs RESTO	¿Conviene utilizar desinfectantes?
2. BC vs DHEFG	¿Cuáles son más efectivos, los mercuriales o los no mercuriales?
3. B vs C	¿Entre los mercuriales, cuál es el mejor B o C?
4. DH vs EFG	¿Dentro de los no mercuriales, serán mejores los del fabricante I o los del fabricante II?
5. D vs H	¿Dentro de los del fabricante I, serán diferentes D y H?
6. E vs FG	¿Dentro de los del fabricante II, será mejor la antigua formulación?
7. F vs G	¿Entre las nuevas formulaciones, cuál será el mejor?

Para responder a estas preguntas, en base a las comparaciones del cuadro 11.9, procedemos al cálculo de las Sumas de Cuadrados para cada comparación ortogonal (cuadro 11.10).

Escaneado con CamScanner

- **Cálculo de las Sumas de Cuadrados**

Con 7 grados de libertad para tratamientos se pueden obtener 7 comparaciones ortogonales (uno por cada grado de libertad):

Cuadro 11.10 Cálculo de la Suma de Cuadrados de las Comparaciones Ortogonales

COMPARACIONES ORTOGONALES	TOTAL DE TRATAMIENTOS ORDENADOS Y COEFICIENTES DE LAS COMPARACIONES ORTOGONALES								$Q = \sum c_i Y_i$	Q^2	$n\sum c_i^2$	$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2}$
	A	B	C	D	E	F	G	H				
	44	119	84	51	22	32	33	65				
1. A vs BCDEFGH	- 7	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1	98 *	9604	6(56) = 336	28.58
2. BC vs DEFGH	0	- 5	- 5	+ 2	+ 2	+ 2	+ 2	+ 2	- 609	370881	6(70) = 420	883.05
3. B vs C	0	- 1	+ 1	0	0	0	0	0	- 35	1225	6(2) = 12	102.08
4. DH vs EFG	0	0	0	- 3	+ 2	+ 2	+ 2	- 3	- 174	30276	6(30) = 180	168.20
5. D vs H	0	0	0	- 1	0	0	0	+ 1	14	196	6(2) = 12	16.33
6. E vs FG	0	0	0	0	- 2	+ 1	+ 1	0	21	441	6(6) = 36	12.25
7. F vs G	0	0	0	0	0	-1	+ 1	0	1	1	6(2) = 12	0.08
SUMA DE CUADRADOS DE TRATAMIENTOS												1210.57

* $Q_{(A \text{ vs RESTO})} = -7(44) + 1(119) + 1(84) + 1(51) + 1(22) + 1(32) + 1(33) + 1(65) = 98$

Conclusiones.- Del análisis de la variancia (cuadros 11.8 y 11.11) se detectan diferencias altamente significativas para tratamientos. Al desdoblar sus grados de libertad y Suma de Cuadrados, el cálculo de las comparaciones ortogonales permite observar los siguientes resultados:

Con significación del 0.05 (ver resultados del ANOVA completo, cuadro 11.11) se concluye que sí son efectivos los tratamientos desinfectantes de semillas frente al testigo. Se observan diferencias altamente significativas para la segunda comparación, así, de un análisis de las medias se desprende que existe un mejor control de los desinfectantes mercuriales que los no mercuriales. Para la tercera comparación existen diferencias altamente significativas; el análisis de las medias indican superioridad del desinfectante B al C. La alta significación de la cuarta comparación y el análisis correspondiente de las medias permite concluir que los desinfectantes del fabricante I actúan mejor que los del fabricante II. La no significación para las tres comparaciones restantes indican que los productos comparados dentro de cada fabricante no muestran diferencias en su eficacia para la desinfección de las semillas tratadas.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.11 Resultados del ANOVA. Incluye Comparaciones Ortogonales

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	47	1515.25				
REPETICIONES	5	102.50	20.50	3.55 *	2.48	3.60
TRATAMIENTOS	7	1210.58	172.94	29.92 **	2.29	3.20
A vs Resto	1	28.58	28.58	4.94 *	4.12	7.42
BC vs DHEFG	1	883.05	883.05	152.78 **		
B vs C	1	102.08	102.08	17.66 **		
DH vs EFG	1	168.20	168.20	29.10 **		
D vs H	1	16.33	16.33	2.83		
E vs FG	1	12.25	12.25	2.20		
F vs G	1	0.08	0.08	0.01		
ERROR E.	35	202.17	5.78			

- **Análisis de un caso particular de comparaciones con no ortogonalidad**

Si uno de los factores a ensayarse en un experimento de cultivo de tejidos es "medios nutritivos" y los tratamientos de este factor son:

M1: medio básico líquido
M2: medio básico sólido
M3: medio básico sólido + auxina
M4: medio básico sólido + sales
M5: medio básico sólido + sacarosa

Este factor genera 4 grados de libertad, con lo que se pueden realizar 4 comparaciones (una comparación por cada grado de libertad):

Cuadro 11.12 Comparaciones No Ortogonales y Ortogonales

COMPARACIONES NO ORTOGONALES	COMPARACIONES ORTOGONALES
C1: M1 vs Resto	C1: M1 vs Resto
C2: M1 vs M2	C2: M2 vs M3M4M5
C3: M1M2 vs Resto	C3: M3 vs M4M5
C4: M1M2 vs M3	C4: M4 vs M5

Con los coeficientes generados (cuadro 11.13) por ambos grupos de comparaciones se puede comprobar la ortogonalidad o no de las comparaciones anteriores:

Cuadro 11.13 Coeficientes de los dos grupos de comparaciones anteriores

COMPARACIÓN	COEFICIENTES DE COMPARACIONES NO ORTOGONALES — TRATAMIENTOS					COEFICIENTES DE COMPARACIONES ORTOGONALES — TRATAMIENTOS				
	1	2	3	4	5	1	2	3	4	5
C1	- 4	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1	- 4	+ 1	+ 1	+ 1	+ 1
C2	- 1	+ 1	0	0	0	0	- 3	+ 1	+ 1	+ 1
C3	- 3	- 3	+ 2	+ 2	+ 2	0	0	- 2	+ 1	+ 1
C4	- 1	- 1	+ 2	0	0	0	0	0	- 1	+ 1

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 11.3 Comparaciones y Polinomios Ortogonales en un experimento factorial 4x4x2 en DCA con 3 repeticiones. En una investigación, sobre "introducción *in vitro*", se evaluaron tres factores: **procedencia de explantes de una especie** (Brasil, Bolivia, Ecuador, Perú), **concentración de BAP** (citoquinina: Benzil - amino - purina, en las concentraciones 0.7, 1.4, 2.1, 2.8 ppm) en **dos medios de cultivo** (MS - medio básico de cultivo de Murashige y Skoog, y B5 - medio básico de cultivo de Gamborg). Los medios de cultivo tuvieron como componentes comunes sacarosa 3%, complejos vitamínicos, agar 0.6% y ANA 0.02 ppm (auxina: ácido naftalenacético). Una de las variables analizadas fue el tamaño de la plántula, tomada en cm a las 8 semanas de sembrado el explante, cuya unidad experimental estuvo conformada por 10 tubos de ensayo con un explante por tubo. Los datos corresponden al promedio de crecimiento por unidad experimental (ver cuadro 11.14).

Cuadro 11.14 Resultados del crecimiento de explantes de una especie

TRAT. No.	SIMBOLOGÍA	REPETICIONES 1	2	3	$\sum TRAT.$	$\bar{Y}_i$
					3	
1	$p_1\ b_1\ m_1$	7.2	7.4	6.9	21.5	7.167
2	$p_1\ b_1\ m_2$	6.1	6.1	6.5	18.7	6.233
3	$p_1\ b_2\ m_1$	6.2	6.5	7.0	19.7	6.567
4	$p_1\ b_2\ m_2$	8.5	7.6	6.1	22.2	7.400
5	$p_1\ b_3\ m_1$	7.7	7.2	6.8	21.7	7.233
6	$p_1\ b_3\ m_2$	7.0	7.5	6.9	21.4	7.133
7	$p_1\ b_4\ m_1$	6.4	6.5	6.4	19.3	6.433
8	$p_1\ b_4\ m_2$	6.7	7.2	6.0	19.9	6.633
9	$p_2\ b_1\ m_1$	5.7	6.6	7.2	19.5	6.500
10	$p_2\ b_1\ m_2$	7.2	4.3	4.3	15.8	5.267
11	$p_2\ b_2\ m_1$	6.3	6.6	7.2	20.1	6.700
12	$p_2\ b_2\ m_2$	5.6	7.5	8.2	21.3	7.100
13	$p_2\ b_3\ m_1$	6.7	7.6	7.8	22.1	7.367
14	$p_2\ b_3\ m_2$	7.0	7.3	6.8	21.1	7.033
15	$p_2\ b_4\ m_1$	6.1	7.9	6.8	20.8	6.933
16	$p_2\ b_4\ m_2$	7.3	8.6	7.1	23.0	7.667
17	$p_3\ b_1\ m_1$	4.6	6.4	5.8	16.8	5.600
18	$p_3\ b_1\ m_2$	6.0	6.4	5.2	17.6	5.867
19	$p_3\ b_2\ m_1$	6.8	6.4	6.8	20.0	6.667
20	$p_3\ b_2\ m_2$	5.3	6.5	6.1	17.9	5.967
21	$p_3\ b_3\ m_1$	6.4	6.8	7.1	20.3	6.767
22	$p_3\ b_3\ m_2$	7.7	7.5	7.1	22.3	7.433
23	$p_3\ b_4\ m_1$	6.2	6.1	6.9	19.2	6.400
24	$p_3\ b_4\ m_2$	6.0	6.8	7.2	20.0	6.667
25	$p_4\ b_1\ m_1$	5.3	5.0	6.1	16.4	5.467
26	$p_4\ b_1\ m_2$	5.6	5.7	5.6	16.9	5.633
27	$p_4\ b_2\ m_1$	5.6	5.6	7.1	18.3	6.100
28	$p_4\ b_2\ m_2$	5.6	5.8	6.9	18.3	6.100
29	$p_4\ b_3\ m_1$	7.6	6.5	7.4	21.5	7.167
30	$p_4\ b_3\ m_2$	6.8	7.5	6.7	21.0	7.000
31	$p_4\ b_4\ m_1$	6.4	6.6	6.2	19.2	6.400
32	$p_4\ b_4\ m_2$	5.9	5.8	6.8	18.5	6.167
					96	
SUMA Y MEDIA GENERAL					632.3	$\bar{Y}..$= 6.586

Escaneado con CamScanner

- **Descripción de los factores y niveles en estudio**

FACTOR P: Procedencia

p_1	Brasil
p_2	Bolivia
p_3	Ecuador
p_4	Perú

FACTOR B: Concentración de BAP

b_1	0.7 ppm
b_2	1.4 ppm
b_3	2.1 ppm
b_4	2.8 ppm

FACTOR M: Medios de cultivo

m_1	MS (medio básico de cultivo de Murashige y Skoog)
m_2	B5 (medio básico de cultivo de Gamborg)

Cuadros 11.15 Tablas auxiliares de doble entrada para el ANOVA

		(B) b_1	b_2	b_3	b_4	ΣP
		6				24
(P)	p_1	40.2 *	41.9	43.1	39.2	164.4
	p_2	35.3	41.4	43.2	43.8	163.7
	p_3	34.4	37.9	42.6	39.2	154.1
	p_4	33.3	36.6	42.5	37.7	150.1
ΣB		24 / 143.2	157.8	171.4	159.9	96 / 632.3

* $40.2 = 21.5 + 18.7$

		(M) m_1	m_2	ΣP
		12		24
(P)	p_1	82.20 *	82.20	164.4
	p_2	82.50	81.20	163.7
	p_3	76.30	77.80	154.1
	p_4	75.40	74.70	150.1
ΣM		48 / 316.40	315.90	

* $82.20 = 21.5 + 19.7 + 21.7 + 19.3$

		(M) m_1	m_2	ΣB
		12		24
(B)	b_1	74.20 *	69.00	143.2
	b_2	78.10	79.70	157.8
	b_3	85.60	85.80	171.4
	b_4	78.50	81.40	159.9
ΣM		48 / 316.40	315.90	

* $74.2 = 21.5 + 19.5 + 16.8 + 16.4$

- **Cálculos básicos:**

1. $FC = 632.3^2 / 96 = 4164.618$
2. $SC_{Tot.} = (7.20^2 + 7.40^2 + \ldots + 6.80^2) - FC = 4229.810 - 4164.618 = 65.192$
3. $SC_{Trat.} = (21.5^2 + 18.7^2 + \ldots + 18.5^2) / 3 - FC = 4200.663 - 4164.618 = 36.045$

3a. $SC_P = (164.4^2 + \ldots + 150.1^2) / 24 - FC = 4170.912 - 4164.618 = 6.294$

3b. $SC_B = (143.2^2 + \ldots + 159.9^2) / 24 - FC = 4181.377 - 4164.618 = 16.759$

3c. $SC_{PB} = (40.2^2 + \ldots + 37.7^2) / 6 - FC - SC_P - SC_B = 4192.965 - 4164.618 - 6.294 - 16.759 = 5.294$

3d. $SC_M = (316.4^2 + 315.9^2) / 48 - FC = 4164.621 - 4164.618 = 0.003$

3e. $SC_{PM} = (82.2^2 + \ldots + 74.7^2)/12 - FC - SC_P - SC_M = 4171.097 - 4164.618 - 6.294 - 0.003 = 0.182$

3f. $SC_{BM} = (74.2^2 + \ldots + 81.4^2)/12 - FC - SC_B - SC_M = 4182.963 - 4164.618 - 16.759 - 0.003 = 1.583$

3g. $SC_{PBM} = SC_{Trat.} - SC_P - SC_B - SC_{PB} - SC_M - SC_{PM} - SC_{BM}$
$= 36.045 - 6.294 - 16.759 - 5.294 - 0.003 - 0.182 - 1.583 = 5.93$

4. $SC_{EE} = SC_{Tot.} - SC_{Trat.} = 65.192 - 36.045 = 29.147$

Escaneado con CamScanner

En base a los cálculos anteriores y los correspondientes de las Sumas de Cuadrados para comparaciones y polinomios ortogonales (cuadros 11.17 y 11.18 respectivamente) procedemos a realizar el presente ANOVA.

Cuadro 11.16 Resultados del ANOVA. Incluye Comparaciones y Polinomios Ortogonales

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	95	65.192				
(TRATAM.)	(31)	(36.045)				
PROCEDENCIA	3	6.294	2.098	4.61 **	2.75	4.10
p_1 vs Resto	1	2.222	2.222	4.88 *	3.99	7.04
p_2 vs p_3p_4	1	3.738	3.738	8.22 **		
p_3 vs p_4	1	0.333	0.333	0.73		
BAP	3	16.759	5.586	12.27 **	2.75	4.10
Efecto Lineal	1	8.454	8.454	18.58 **	3.99	7.04
Error L.	2	8.305	4.152	9.13 **	3.14	4.95
Efecto Cuadrático	1	7.096	7.096	15.60 **	3.99	7.04
Error C.	1	1.209	1.209	2.66		
Efecto Cúbico	1	1.210	1.210	2.66		
PB	9	5.294	0.588	1.29	2.02	2.70
MED. CULTIVO	1	0.003	0.003	0.01	3.99	7.04
PM	3	0.182	0.061	0.13	2.75	4.10
BM	3	1.583	0.528	1.16		
PBM	9	5.931	0.659	1.45	2.02	2.70
ERROR EXP.	64	29.147	0.455			

$$CV = \left(\sqrt{0.455} / 6.586\right) * 100 = 10.25\%$$

Cuadro 11.17 Cálculo de la Suma de Cuadrados de las Comparaciones Ortogonales

COMPARACIONES	TOTAL DE TRATAMIENTOS ORDENADOS Y COEFICIENTES DE LAS COMPARACIONES ORTOGONALES P1 164.4	P2 163.7	P3 154.1	P4 150.1	$Q = \sum c_i Y_i$	Q^2	$n\sum c_i^2$	$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2}$
p_1 vs $p_2p_3p_4$	-3	+1	+1	+1	- 25.3	640.09	24(12) = 288	2.222
p_2 vs p_3p_4	0	-2	+1	+1	- 23.2	538.24	24(6) = 144	3.738
p_3 vs p_4	0	0	-1	+1	-4.0	16.00	24(2) = 48	0.333
SUMA DE CUADRADOS DEL FACTOR PROCEDENCIA								6.293

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.18 Cálculo de la Suma de Cuadrados de los Polinomios Ortogonales

POLINOMIOS ORTOGONALES	TOTAL DE TRATAMIENTOS ORDENADOS Y COEFICIENTES DE LOS POLINOMIOS ORTOGONALES B1 143.2	B2 157.8	B3 171.4	B4 159.9	$Q = \sum c_i Y_i$	Q^2	$n\sum c_i^2$	$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2}$
LINEAL	-3	-1	+1	+3	63.7	4057.69	24(20) = 480	8.454
CUADRÁTICO	+1	-1	-1	+1	- 26.1	681.21	24(4) = 96	7.096
CÚBICO	-1	+3	-3	+1	- 24.1	580.81	24(20) = 480	1.210
SUMA DE CUADRADOS DEL FACTOR BAP								16.760

- Para las **pruebas de significación**, los valores de $S_{\bar{Y}} = \sqrt{\frac{CM_{EE}}{n}}$ varían de acuerdo al ***n*** de los efectos principales e interacciones. En el cuadro 11.19 se presenta el cálculo del ***n*** requerido y los $S_{\bar{Y}}$ para este ejemplo, en base al $CM_{EE} = 0.455$.

Cuadro 11.19 Cálculo del *n* requerido y valores de $S_{\bar{Y}}$ para las pruebas de significación

	EFECTOS PRINCIPALES E INTERACCIONES						
	P	**B**	**PB**	**M**	**PM**	**BM**	**PBM**
	rbm	rpm	rm	rpb	rb	rp	r
n	24	24	6	48	12	12	3
$S_{\bar{Y}}$	0.1378	0.1378	0.2755	0.0974	0.1948	0.1948	0.3896

Conclusiones.- Se han observado diferencias altamente significativas para procedencia de explantes y para el factor BAP. No se encontró ninguna significación estadística para medios de cultivo e interacciones. El cálculo de las comparaciones ortogonales permitió diferenciar los explantes originarios del Brasil con los de los países andinos, y dentro de éstos, los de Bolivia con mayor crecimiento que los de Ecuador y Perú. Por su lado, los polinomios ortogonales, realizados para el factor BAP, señalan una tendencia de respuesta ajustada a la cuadrática o parabólica, con máxima respuesta a 2.1 ppm.

Ejemplo 11.4 Experimento en factorial aumentado 4x4+2 en DBCA, con 4 repeticiones. Una investigación fue realizada para determinar los efectos de fertilizantes químicos y abono orgánico en la red alimenticia natural de la carpa común *Cyprinus carpio*. En condiciones naturales, cada eslabón de la cadena alimenticia depende del suministro de alimento de los niveles tróficos inferiores. El alimento de la carpa adulta es la larva quironómida, que se desarrolla en el fondo de los estanques; el desarrollo de los quironómidos, a su vez, depende del detritus, bacterias y otros pequeños organismos. Por supuesto, la cantidad de detritus dependerá de la producción de materia orgánica por parte de las algas. La fertilización química y la materia orgánica añadida proveen los minerales que son requeridos para la producción de materia orgánica a través de la fotosíntesis.

El efecto de los tratamientos ensayados, sobre la producción de plancton y en consecuencia sobre el incremento en la producción de carpas, fue medido en kg de producción de carne por piscina (ver los resultados en el cuadro 11.21).

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

- **Descripción de los factores y niveles en estudio**

FACTOR G: Abono orgánico. Como fuente se utilizó gallinaza.

G0	0 kg/ha
G1	60 kg/ha
G2	120 kg/ha
G3	180 kg/ha

FACTOR F: Fertilización química. Se utilizó superfosfato triple y sulfato de amonio, como fuente de P_2O_5 y N, respectivamente.

F0	0 + 0 kg/ha (P_2O_5 + N)
F1	20 + 20 kg/ha
F2	40 + 40 kg/ha
F3	60 + 60 kg/ha

Los tratamientos generados por la combinación de los niveles de los factores ensayados constan en el cuadro 11.20, en donde se incluyen los 2 tratamientos aumentados (controles o testigos) al factorial 4x4. Se aclara, sobre este experimento, que los datos limnológicos iniciales demostraron una abundante concentración de potasio en los estanques, por lo que este componente no fue incluido en la investigación.

Cuadro 11.20 Tratamientos generados en el experimento 4x4+2 en la alimentación de *Cyprinus carpio*

TRATAM. No.	SIMBOLOGÍA	MATERIA ORGÁNICA (kg/ha)	FERTILIZANTE QUÍMICO (kg/ha)
1	G0F0	0	0 + 0
2	G0F1	0	20 + 20
3	G0F2	0	40 + 40
4	G0F3	0	60 + 60
5	G1F0	60	0 + 0
6	G1F1	60	20 + 20
7	G1F2	60	40 + 40
8	G1F3	60	60 + 60
9	G2F0	120	0 + 0
10	G2F1	120	20 + 20
11	G2F2	120	40 + 40
12	G2F3	120	60 + 60
13	G3F0	180	0 + 0
14	G3F1	180	20 + 20
15	G3F2	180	40 + 40
16	G3F3	180	60 + 60
17	AP *	Alimento utilizado por el productor	
18	BM *	Nuevo balanceado disponible en el mercado	

* TESTIGOS O CONTROLES

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.21 Resultados del rendimiento de carpas *Cyprinus carpio*

TRAT. No.	SIMBOLOGÍA	REPETICIONES 1	2	3	4	$\Sigma TRAT.$	$\bar{Y}_i$
						4	
1	G0F0	9.50	7.40	10.45	9.90	37.25	9.31
2	G0F1	9.80	10.20	10.00	7.00	37.00	9.25
3	G0F2	10.00	7.60	13.80	8.10	39.50	9.88
4	G0F3	10.60	11.20	14.50	13.20	49.50	12.38
5	G1F0	7.40	5.40	6.00	5.00	23.80	5.95
6	G1F1	13.70	15.50	10.80	14.80	54.80	13.70
7	G1F2	14.85	19.60	13.80	18.60	66.85	16.71
8	G1F3	14.00	18.80	17.00	16.80	66.60	16.65
9	G2F0	6.30	6.60	8.00	7.80	28.70	7.18
10	G2F1	14.60	13.80	12.20	17.00	57.60	14.40
11	G2F2	17.80	18.80	19.70	15.30	71.60	17.90
12	G2F3	20.90	19.80	22.90	18.20	81.80	20.45
13	G3F0	5.80	6.50	5.20	7.90	25.40	6.35
14	G3F1	15.20	16.40	17.10	14.00	62.70	15.68
15	G3F2	16.70	18.50	18.90	21.60	75.70	18.93
16	G3F3	23.60	24.30	27.30	20.40	95.60	23.90
17	AP	10.40	11.70	14.20	9.80	46.10	11.53
18	BM	10.80	10.20	15.10	13.80	49.90	12.48
						72	
	Σ	231.95	242.30	256.95	239.20	970.40	$\bar{Y}_{..} = 13.48$

Cuadro 11.22 Matriz auxiliar de doble entrada para el ANOVA

		(G) G_0	G_1	G_2	G_3	ΣF
		4				16
(F)	F_0	37.25 *	23.80	28.70	25.40	115.15
	F_1	37.00	54.80	57.60	62.70	212.10
	F_2	39.50	66.85	71.60	75.70	253.65
	F_3	49.50	66.60	81.80	95.60	293.50
		16				64
ΣG		163.25	212.05	239.70	259.40	874.40

* $37.25 = 9.50 + 7.40 + 10.45 + 9.90$

Este ANOVA se resuelve a través de un DBCA más un Factorial y Comparaciones Ortogonales:

- **Cálculos básicos para el DBCA:**

1. FC $= 970.40^2 / 72 = 13078.83$
2. $SC_{Tot.} = (9.50^2 + 9.80^2 + \ldots + 13.80^2) - FC = 15023.60 - 13078.83 = 1944.77$
3. $SC_{Repet.} = (231.95^2 + 242.30^2 + 256.95^2 + 239.20^2) / 18 - FC = 13097.21 - 13078.83 = 18.38$
4. $SC_{Trat.} = (37.25^2 + 37.00^2 + \ldots + 49.90^2) / 4 - FC = 14815.44 - 13078.83 = 1736.61$
5. $SC_{EE} = SC_{Tot.} - SC_{Repet.} - SC_{Trat.} = 1944.77 - 18.38 - 1736.61 = 189.78$

Escaneado con CamScanner

- **Cálculos básicos para los factores e interacciones:**

1. FC * $= 874.40^2 / 64 = 11946.49$
2. $SC_G = (163.25^2 + 212.05^2 + 239.70^2 + 259.40^2) / 16 - FC = 12272.51 - 11946.49 = 326.02$
3. $SC_F = (115.15^2 + 212.10^2 + 253.65^2 + 293.50^2) / 16 - FC = 13045.40 - 11946.49 = 1098.91$
4. $SC_{GF} = (37.25^2+37.00^2+\ldots+ 95.60^2) / 4 - SC_G - SC_F - FC = 13661.64-326.02-1098.91-11946.49 = 290.21$

* Note que este nuevo *factor de corrección*, utilizado para el cálculo de la suma de cuadrados de factores e interacciones, no considera los totales de los testigos.

A fin de completar el ANOVA, se procede al cálculo de dos comparaciones ortogonales, para la significación de los testigos (ver cuadro 11.23): Testigos vs resto y testigo 1 frente al testigo 2.

Cuadro 11.23 Comparaciones Ortogonales

TRAT. No.	TOTALES	Coeficientes de Testigos vs Resto	Coeficientes de AP vs BM
1	37.25	+ 1	0
2	37.00	+ 1	0
3	39.50	+ 1	0
4	49.50	+ 1	0
5	23.80	+ 1	0
6	54.80	+ 1	0
7	66.85	+ 1	0
8	66.60	+ 1	0
9	28.70	+ 1	0
10	57.60	+ 1	0
11	71.60	+ 1	0
12	81.80	+ 1	0
13	25.40	+ 1	0
14	62.70	+ 1	0
15	75.70	+ 1	0
16	95.60	+ 1	0
17	46.10	- 8	+1
18	49.90	- 8	- 1
$Q = \sum c_i Y_i$	=	106.40	- 3.80
Q^2	=	11320.96	14.44
$n\sum c_i^2 = 4(144)$	=	576.00	4(2)= 8.00
$SC = \frac{Q^2}{n\sum c_i^2}$	=	19.65	1.81

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.24 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	71	1944.77				
REPETICIONES	3	18.38	6.13	1.65	2.79	4.20
(TRATAM.)	(17)	(1736.61)	102.15	27.46 **	1.83	2.37
G	3	326.02	108.67	29.21 **	2.79	4.20
F	3	1098.91	366.30	98.47 **		
GF	9	290.21	32.25	8.67 **	2.07	2.78
Testigos vs Resto	1	19.65	19.65	5.28 *	4.03	7.17
AP vs BM	1	1.81	1.81	0.49		
ERROR EXP.	51	189.78	3.72			

$$CV = \left(\sqrt{3.72} / 13.48\right) * 100 = 14.3\%$$

Conclusiones.- Los factores ensayados y su interacción demostraron diferencias altamente significativas. Al observar los totales de los tratamientos (Cuadro 11.22), el factor Abono Orgánico con el factor Fertilización Química están interactuando de manera que, a niveles mayores de ambos factores se obtienen las mejores respuestas en la producción de las carpas. También se ha demostrado una superioridad de los tratamientos ensayados frente a los controles o testigos, por lo que, supeditados a un análisis económico se recomendaría su aplicación. Si observamos las medias de los tratamientos podemos, adicionalmente, advertir una superioridad de los testigos referenciales frente a los testigos absolutos (tratamientos con niveles cero de los factores ensayados).

- **ANOVA de un factorial aumentado 5x3+1 en DCA**

Cuadro 11.25 Esquema de ANOVA de un factorial 5x3+1 en DCA, con 8 repeticiones

Fuentes	gl	SC
TOTAL	$rt - 1 = 127$	$\sum^{t}\sum^{r} y_{ij}^2 - FC_1$
(TRATAMIENTOS)	$(t - 1 = 15)$	$\sum^{t} Y_i^2 / r - FC_1$
FUNGICIDAS	$f - 1 = 4$	$\sum^{f}\left(\sum^{d} Y_{ij}\right)^2 / dr - FC_2$
DOSIS	$d - 1 = 2$	$\sum^{d}\left(\sum^{f} Y_{ij}\right)^2 / fr - FC_2$
FD	$(f\text{-}1)(d\text{-}1) = 8$	$\sum^{t-1} Y_i^2 / r - SC_F - SC_D - FC_2$
T. vs RESTO	1	$Dif. = SC_{Trat.} - SC_F - SC_D - SC_{FD}$
ERROR EXP.	$t(r - 1) = 112$	$Dif. = SC_{Total} - SC_{Trat.}$

Donde, $FC_1 = \left(\sum^{t}\sum^{r} y_{ij}\right)^2 / N$ $\quad FC_2 = \left(\sum^{t-1}\sum^{r} y_{ij}\right)^2 / (N - r)$

N = número de datos = $r\,(t)$ = 8(16) = 128
t = número de tratamientos = $fd+T$ = 5(3) + 1 = 16, T es el testigo
r = número de repeticiones = 8
f = niveles de fungicidas = 5
d = niveles de dosis = 3
FC_2 no considera el total del tratamiento testigo (aumentado)

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No.11 Comparaciones y Polinomios Ortogonales

EJERCICIO 1. Comparaciones Ortogonales

Sobre el ejercicio 2 del trabajo No.2, relacionado con el experimento del crecimiento de explantes de guisantes en presencia de auxinas y sometidos al efecto de varios azúcares, realizar las siguientes comparaciones ortogonales:

a) Control **vs** tratamientos
b) Azúcares mezclados **vs** Azúcares puros
c) Entre Azúcares Puros

Presentar:

1) El análisis de la variancia, incluyendo las comparaciones ortogonales (procedimiento y cálculos) conforme el siguiente cuadro:

Cuadro 11.26 Resultados del ANOVA (completar)

Fuentes	gl	SC	CM	F	F .05	F .01
TOTAL	44	1235.2				
TRATAMIENTOS	4	1008.311	252.078	44.441 **	2.61	3.83
Control vs Azúcares	1					
A.M. vs A.P.	1					
Entre Azúcares Puros	2					
ERROR EXP.	40	226.889	5.672			

NOTA. Sobre el literal b): Azúcares mezclados (A.M.) = glucosa + fructosa.
Sobre el literal c): La Suma de Cuadrados para "Entre Azúcares Puros" encontrar por diferencia:
Tratamientos - Comparación 1 - Comparación 2

2) Conclusiones.

(observe que todos los azúcares están actuando en presencia de Auxina, hormona que estaría induciendo el crecimiento).

EJERCICIO 2. Polinomios Ortogonales

El siguiente cuadro 11.27 contiene los resultados totales de la longitud, en mm, de explantes de una especie criados en un medio de cultivo y sometidos a un experimento con varios tratamientos provenientes de la combinación de dos factores: (1) presencia o ausencia de auxina y (2) varios períodos de tiempo (0, 5, 10, 15, 20, 25 horas) en presencia de sucrosa. Cada combinación de factores (tratamientos) fueron aplicados sobre 10 explantes. También se presenta a continuación la tabla del ANOVA correspondiente a este experimento factorial 2x6 en DCA.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 11.27 Totales de tratamientos basados en 10 explantes

AUXINA	HORAS EN SUCROSA 0	5	10	15	20	25	Y_i
AUSENTE	589	617	652	671	687	707	3923
PRESENTE	735	698	674	647	642	650	4046
Y_j	1324	1315	1326	1318	1329	1357	Y.. = 7969

(10, 60, 20, 120)

Cuadro 11.28 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F	F .05	F .01
TOTAL	119	5072.0834				
TRATAMIENTOS	11	1767.0917	160.6447	5.25**	1.88	2.43
Tiempo en Sucrosa	5	56.5417	11.3083	0.37ns	2.30	3.20
Auxina	1	126.0750	126.0750	4.12*	3.94	6.90
Tiempo x Auxina	5	1584.4750	316.8950	10.36**		
ERROR EXP.	108	3304.9917	30.6018			

Realizar:

1) Gráfico de la interacción: entre las medias del tiempo en sucrosa con auxina ausente y las medias del tiempo en sucrosa en presencia de auxina.

2) Polinomios Ortogonales (lineal, cuadrático, cúbico y residual) para el factor Tiempo en Sucrosa. La SC del residual calcular por diferencia: SC del factor Tiempo en sucrosa - SC del Efecto Lineal - SC del E. Cuadrático - SC del E. Cúbico. Este factor "Tiempo en Sucrosa" no ha resultado significativo, en el ANOVA; sin embargo, la Suma de Cuadrados de los Polinomios de este factor serán utilizadas en el cálculo de los Polinomios Ortogonales de la interacción.

3) Polinomios Ortogonales (lineal, cuadrático, cúbico y residual) para la interacción Tiempo x Auxina. Para el cálculo de estos Polinomios seguir los siguientes pasos:

   a) Calcular los Polinomios Ortogonales (lineal, cuadrático y cúbico) para el Tiempo en Sucrosa con Auxina ausente.
   b) Calcular los Polinomios Ortogonales (lineal, cuadrático y cúbico) para el Tiempo en Sucrosa con Auxina presente.
   c) Sumar la SC entre Polinomios correspondientes de a) y b) y restar la SC del Polinomio correspondiente de 2). Estos valores resultantes serán las SC de cada Polinomio pedido para la interacción.
   d) La SC del residual calcular por diferencia, desde la interacción Tiempo x Auxina.

4) Interpretar:

   - Tendencias de la interacción; es decir, de los tiempos de exposición de los explantes en sucrosa con auxina y sin auxina
   - Significación de los factores principales
   - Significación de los Polinomios Ortogonales

Escaneado con CamScanner

Los numerales 2 y 3 generarán resultados para completar la siguiente tabla de ANOVA:

Cuadro 11.29 Resultados del ANOVA (completar)

Fuentes	gl	SC	CM	F	F .05	F .01
TOTAL	119	5072.0834				
TRATAMIENTOS	11	1767.0917	160.6447	5.25**	1.88	2.43
Tiempo en Sucrosa	5	56.5417	11.3083	0.37ns	2.30	3.20
Efecto lineal	1					
Efecto cuadrático	1					
Efecto cúbico	1					
Residual	2					
Auxina	1	126.0750	126.0750	4.12*	3.94	6.90
Tiempo x Auxina	5	1584.4750	316.8950	10.36**	2.30	3.20
Efecto lineal	1					
Error L. [1]	4					
Efecto cuadrático	1					
Efecto cúbico	1					
Residual	2					
ERROR EXP.	108	3304.9917	30.6018			

[1] Error L.= Error de la estimación lineal

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 12

DISEÑO EN PARCELAS DIVIDIDAS Y BLOQUES DIVIDIDOS

12.1 DISEÑO EN PARCELAS DIVIDIDAS - DPD

El diseño en parcelas divididas es muy utilizado en experimentos factoriales y se usa cuando, por condiciones experimentales, no es la mejor decisión o no es posible ensayar todas las combinaciones de los factores en forma aleatoria. Tal sería el caso de un experimento en invernadero, diseñado para determinar las mejores condiciones de germinación de semillas de una especie, p. ej., en base al estudio de dos factores: el factor A con 3 niveles (regímenes) de temperatura y el factor B con 2 niveles (condiciones) de luminosidad. Si los tratamientos se repitieran en tres cubículos de diferentes invernaderos (3 bloques) como un experimento factorial se tendría la siguiente disposición, al azar, de los tratamientos:

	BLOQUES		
	I	II	III
Tratamientos dispuestos al azar →	a2b1 a1b1 a3b2 a2b2 a3b1 a1b2	a3b2 a1b1 a2b1 a1b2 a2b2 a3b1	a1b1 a2b2 a1b2 a2b1 a3b2 a3b1

Figura 12.1 Disposición al azar de los tratamientos en un factorial 3x2

Pero en un cubículo de invernadero resultaría complicado controlar las temperaturas y las luminosidades, al mismo tiempo y en forma aleatoria, tal como se ilustra en el esquema anterior. En tales casos se podría dividir un cubículo (parcela) en tres partes y en cada una controlar al azar un régimen de temperatura, y dentro de estos asignar igualmente al azar el otro factor.

En un diseño en parcelas divididas, al bloque se lo divide en tantas partes cuantos niveles tenga el factor A. A estas unidades se las denomina "parcelas grandes o principales", dentro de las cuales se ubican al azar los niveles del factor B constituyendo las subparcelas. Para los factores anteriores, esquemáticamente se tendría:

	BLOQUES		
	I	II	III
Niveles asignados al azar →	a1 b2 b1 a2 b2 b1 a3 b1 b2	a1 b1 b2 a3 b2 b1 a2 b2 b1	a2 b1 b2 a1 b1 b2 a3 b2 b1

Figura 12.2 Disposición de tratamientos en un Diseño de Parcelas Divididas

En los diseños en parcelas divididas la disposición de los niveles del factor A, pueden corresponder a un diseño completamente al azar, a uno de bloques completos al azar o a un cuadrado latino.

Escaneado con CamScanner

Por razones de disposición de los tratamientos en los diseños de parcelas divididas, el factor que se sortea en las subparcelas es medido con mayor precisión, puesto que el número de grados de libertad del error de este factor es mayor que el del factor que se ubica en las parcelas principales. Este hecho hace que se acostumbre a ubicar el factor del que se tiene mayores antecedentes o conocimientos en las parcelas principales.

Cuadro 12.1 Esquema del ANOVA para Diseños en Parcelas Divididas

Niveles del Factor A * dispuestos en DCA		Niveles del Factor A dispuestos en DBCA		Niveles del Factor A dispuestos en DCL	
Fuentes	**gl**	**Fuentes**	**gl**	**Fuentes**	**gl**
Total	$rab - 1$	Total	$rab - 1$	Total	$a^2b - 1$
A	$a-1$	Bloques	$r-1$	Filas	$a-1$
Error (a)	$a(r-1)$	A	$a-1$	Columnas	$a-1$
B	$b-1$	Error (a)	$(a-1)(r-1)$	A	$a-1$
AB	$(a-1)(b-1)$	B	$b-1$	Error (a)	$(a-1)(a-2)$
Error (b)	$a(r-1)(b-1)$	AB	$(a-1)(b-1)$	B	$b-1$
		Error (b)	$a(r-1)(b-1)$	AB	$(a-1)(b-1)$
				Error (b)	$a(a-1)(b-1)$

* parcelas grandes

a = niveles del factor A; b = niveles del factor B; r = replicaciones (= bloques en DBCA)

Ejemplo 12.1 Un experimento fue diseñado en parcelas divididas, para determinar condiciones favorables en la germinación de semillas de una especie. Se incluyó un factor A a 4 niveles (4 regímenes de temperatura) y un factor B a 2 niveles (2 condiciones de luminosidad) con 3 bloques. Realizar el ANOVA sobre los resultados que constan en el siguiente cuadro:

Cuadro 12.2 Porcentajes de germinación de una especie. Diseño de Parcelas Divididas

TRATAMIENTOS		BLOQUES			TOTAL TRATAMIENTOS	MEDIA
Temperatura	**Luminosidad**	**I**	**II**	**III**	$T_{ij.}$	$\bar{Y}_{ij.}$
T1	L1	11	11	11	33	11
	L2	16	17	18	51	17
Totales Parcela Principal (P1)		**27**	**28**	**29**	**84 = T1**	**14**
T2	L1	10	9	10	29	9.7
	L2	14	15	18	47	15.7
Totales Parcela Principal (P2)		**24**	**24**	**28**	**76 = T2**	**12.7**
T3	L1	17	13	13	43	14.3
	L2	15	16	9	40	13.3
Totales Parcela Principal (P3)		**32**	**29**	**22**	**83 = T3**	**13.8**
T4	L1	17	14	10	41	13.7
	L2	15	14	15	44	14.7
Totales Parcela Principal (P4)		**32**	**28**	**25**	**85 = T4**	**14.2**
TOTALES		**115 (B1)**	**109 (B2)**	**104 (B3)**	$Y_{...} = 328$	$\bar{Y}_{...} = 13.7$

Escaneado con CamScanner

Cuadro 12.3 Matriz auxiliar para el cálculo del factor B (luminosidad)

	L1	L2
TOTALES =	146	182
MEDIAS =	12.17	15.17

TOTAL L1 = 33 + 29 + 43 + 41 = 146

Cálculos básicos:

1. $FC = \frac{Y_{...}^2}{rab} = 328^2/[3(4)(2)] = 4482.67$
2. $SC_{Tot} = \sum_{ijk} y_{ijk}^2 - FC = (11^2+11^2+...+14^2+15^2) - 4482.67 = 4678 - 4482.67 = 195.33$
3. $SC_{pp} = \sum_{ik} P_{ik}^2 / b - FC = (27^2+28^2+...+25^2)/2 - 4482.67 = 4536 - 4482.67 = 53.33$
4. $SC_{Bloq} = \sum_{k=1}^{r} B_k^2 / ab - FC = (115^2+109^2+104^2)/4(2) - 4482.67 = 4490.25 - 4482.67 = 7.58$
5. $SC_A = \sum_{i=1}^{a} T_i^2 / rb - FC = (84^2+76^2+83^2+85^2)/3(2) - 4482.67 = 4491 - 4482.67 = 8.33$
6. $SC_{error(a)} = SC_{p.principales} - SC_{Bloques} - SC_{Factor\ A} = 53.33 - 7.58 - 8.33 = 37.42$
7. $SC_B = \sum_{j=1}^{b} L_j^2 / ra - FC = (146^2+182^2)/3(4) - 4482.67 = 4536.67 - 4482.67 = 54$
8. $SC_{AB} = \sum_{ij} T_{ij.}^2 / r - FC - SC_A - SC_B = (33^2+51^2+...+41^2+44^2)/3 - 4482.67 - 8.33 - 54 = 57$
9. $SC_{error(b)} = SC_{Total} - SC_{pp} - SC_B - SC_{AB} = 195.33 - 53.33 - 54 - 57 = 31$

Cuadro 12.4 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calculado	F crítico 0.05	F crítico 0.01
TOTAL	23	195.33				
Bloques	2	7.58	3.790	0.61	5.14	10.92
Temperatura (A)	3	8.33	2.780	0.45	4.76	9.78
Error (a)	6	37.42	6.240			
Luminosidad (B)	1	54.00	54.000	13.94 **	5.32	11.26
AB	3	57.00	19.000	4.90 *	4.07	7.59
Error (b)	8	31.00	3.875			

$$CV(a) = \frac{\sqrt{CM(a)/b}}{\bar{Y}_{...}}(100) = \frac{\sqrt{6.24/2}}{13.7}(100) = 12.9\% \quad (12.1)$$

$$CV(b) = \frac{\sqrt{CM(b)}}{\bar{Y}_{...}}(100) = \frac{\sqrt{3.875}}{13.7}(100) = 14.4\% \quad (12.2)$$

En el cuadro 12.4, observe que bloques y temperatura son evaluados sobre el error (a) y luminosidad y la interacción AB sobre el error (b).

Escaneado con CamScanner

Conclusión.- El ANOVA para este experimento permitió establecer diferencias altamente significativas para el factor luminosidad y significativas para la interacción temperatura-luminosidad.

Los errores estándar en un diseño de parcelas divididas, para fines de comparación de medias, se calculan conforme el cuadro siguiente:

Cuadro 12.5 Errores estándar en un Diseño de Parcelas Divididas

Origen de las medias	Ejemplo	Error estándar de las medias ($S_{\bar{Y}}$)	Error estándar de las diferencias ($S_{\bar{d}}$)
Factor A	$a1$ - $a2$	$\sqrt{\frac{CM_{error(a)}}{rb}}$	$\sqrt{\frac{2CM_{error(a)}}{rb}}$
Factor B	$b1$ - $b2$	$\sqrt{\frac{CM_{error(b)}}{ra}}$	$\sqrt{\frac{2CM_{error(b)}}{ra}}$
A x B_j *	$a1b1$ - $a1b2$	$\sqrt{\frac{CM_{error(b)}}{r}}$	$\sqrt{\frac{2CM_{error(b)}}{r}}$
A_i x B_j **	1) $a1b1$ - $a2b1$		
	2) $a1b1$ - $a2b2$	$\sqrt{\frac{(b-1)Error(b)+Error(a)}{rb}}$	$\sqrt{\frac{2[(b-1)E(b)+E(a)]}{rb}}$

* Comparación de dos medias de dos niveles del factor B con el mismo nivel del factor A.
** Comparación de dos medias de dos combinaciones cualquiera.

Los promedios y errores estándar calculados para el ejemplo 12.1 son:

Cuadro 12.6 Promedios para los factores A (temperatura) y B (luminosidad) e interacción

		Temperatura (A) 1	2	3	4	Medias de Luminosidad
Luminosidad (Factor B)	1	11	9.7	14.3	13.7	12.17
	2	17	15.7	13.3	14.7	15.17
Medias de Temperatura		14	12.7	13.83	14.2	$\bar{Y}_{...}$ = 13.70

Cuadro 12.7 Cálculo de los errores estándar para algunas comparaciones

Diferencia entre:	Ejemplo	Error estándar de la diferencia	gl
Medias de temperatura. Factor A	14 - 12.7=1.3	$\sqrt{\frac{2(6.24)}{3(2)}} = 1.44$	6
Medias de luminosidad. Factor B	15.17 - 12.17=3.0	$\sqrt{\frac{2(3.875)}{3(4)}} = 0.79$	8
AB: Medias de dos niveles de luminosidad con la misma temperatura	17 - 11 =6.0	$\sqrt{\frac{2(3.875)}{3}} = 1.61$	8
Medias de dos niveles de temperatura con la misma o diferente luminosidad	1) 11 - 9.7 = 1.3 2) 15.7 - 11 = 4.7	$\sqrt{\frac{2[(2-1)3.875+6.24]}{3(2)}} = 1.84$	—

Escaneado con CamScanner

Con los cálculos anteriores, si aplicamos la prueba de significación DMS, para comparar las medias $\bar{A}_1$ y $\bar{A}_2$, cuya diferencia es 14 - 12.7 = 1.3^{NS}, la Diferencia Mínima Significativa es obtenida como,

$$DMS_{0.05} = t_a S_{\bar{d}} = t_{0.05(2)6gl} S_{\bar{d}} = 2.447(1.44) = 3.52 \qquad (12.3)$$

Puesto que la diferencia anterior de 1.3 es menor que el mínimo requerido (3.52), no hay diferencia significativa entre las dos medias de temperatura comparadas.

Para comparar las medias $\bar{\bar{A}}_2\bar{\bar{B}}_2 - \bar{\bar{A}}_1\bar{\bar{B}}_1$, cuya diferencia es 15.7 - 11 = 4.7 *, procedemos de la siguiente manera:

$$DMS_{0.05} = t_{ab} S_{\bar{d}} = 2.39(1.84) = 4.4$$

$$t_{ab} = \frac{(b-1)E(b)t_b + E(a)t_a}{(b-1)E(b) + E(a)} = \frac{(2-1)(3.875)2.306 + 6.24(2.447)}{(2-1)3.875 + 6.24} = 2.39 \qquad (12.4)$$

Puesto que la diferencia de las medias $\bar{\bar{A}}_2\bar{\bar{B}}_2 - \bar{\bar{A}}_1\bar{\bar{B}}_1 = 4.7 > DMS_{0.05}$, estos tratamientos son considerados estadísticamente diferentes ($p<0.05$).

Como podrá notar, las pruebas de significación de las interacciones en un diseño de parcelas divididas son más complejas, debido a la inclusión de los dos tipos de errores.

12.1.1 Cálculo de Unidades Perdidas en un Diseño de Parcelas Divididas

La estimación de la información de una unidad experimental faltante en un DPD se realiza a través del siguiente modelo:

$$\hat{Y} = \frac{rP_{ik} + b(T_{ij}) - T_i}{(r-1)(b-1)} \qquad (12.5)$$

Donde,

P_{ik} = Total de la parcela principal i en el bloque k, correspondientes a la unidad faltante
T_{ij} = Total del tratamiento (combinación) de los r-1 bloques
T_i = Gran total de la parcela principal (todas las repeticiones) sin la unidad faltante

Si reprodujéramos la primera parcela principal del cuadro de datos anterior (cuadro 12.2), podemos observar el cálculo de una unidad perdida:

Cuadro 12.8 Datos de la primera parcela principal del ejemplo 12.1 (cuadro 12.2)

Tratamientos		BLOQUES I	II	III	T_{ij}
T1	L1	□	11	11	22
	L2	16	17	18	51
Totales parcela principal (P_{ik})		**16**	**28**	**29**	**73 = T_i**

$$\hat{Y} = \frac{3(16) + 2(22) - 73}{(3-1)(2-1)} = 9.5$$

Si faltara más de un dato en el mismo tratamiento y misma parcela principal, debe aplicarse repetidamente el proceso anterior. Si existe otro dato faltante en otra parcela principal, simplemente aplicar la fórmula presentada, Eq.(12.5).

Debe tenerse en cuenta que las pruebas de significación para medias que han incluido datos faltantes requieren errores estándar ajustados, cuya información no es parte de este texto.

Escaneado con CamScanner

12.1.2 Diseño de Parcelas Sub-Divididas

Cuando en un Diseño de Parcelas Divididas se incluye un tercer factor (C), entonces las Sub-unidades pueden ser sub-divididas, en cuyas sub-unidades se asignan al azar los niveles del factor C. En este caso el Diseño toma el nombre de Parcelas Subdivididas (ver Fig. 12.3), cuyo esquema del ANOVA es:

Cuadro 12.9 Esquema del ANOVA en parcelas sub-divididas

Unidades o Parcelas	Fuentes de variación	Grados de libertad	Suma de Cuadrados
Unidad Principal	Bloques	r-1	$\Sigma T_r^2 / abc - FC$
	A	a-1	$\Sigma T_A^2 / bcr - FC$
	Error (a)	(r-1)(a-1)	$SCPP - SCBloques - SCA$
	PP	ra-1	$\Sigma T_a^2 / bc - FC$
Subunidades	B	(b-1)	$\Sigma T_B^2 / acr - FC$
	AB	(a-1)(b-1)	$\Sigma T_{AB}^2 / cr - FC - SCA - SCB$
	Error (b)	a(r-1)(b-1)	$SCSP\text{-}SCPP\text{-}SCB\text{-}SCAB$
	SP	rab-1	$\Sigma T_{ab}^2 / c - FC$
Sub-subunidades	C	c-1	$\Sigma T_C^2 / abr - FC$
	AC	(a-1)(c-1)	$\Sigma T_{AC}^2 / br - FC - SCA - SCC$
	BC	(b-1)(c-1)	$\Sigma T_{BC}^2 / ar - FC - SCB - SCC$
	ABC	(a-1)(b-1)(c-1)	$\Sigma T_{ABC}^2 / r - FC - SCA - SCB - SCC - SCAC - SCBC$
	Error (c)	ab(r-1)(c-1)	$SCTotal\text{-}SCSP\text{-}SCC\text{-}SCAC\text{-}SCBC\text{-}SCABC$
	Total	$abcr$-1	$\Sigma y^2 - FC$

$$FC = \frac{(\Sigma y)^2}{abcr}$$

PP= Parcelas Principales SP = subparcelas Total = total de Sub-subparcelas T_A = totales del factor A

Nota: Un experimento bajo este diseño puede ser, p. ej., el estudio de los siguientes factores:
A = Temperatura
B = Luminosidad
C = Medios de cultivo
BLOQUES = Meses

TRABAJO No. 12 Experimento en Parcelas Divididas

Ejercicio 1

Un experimento fue conducido para evaluar 10 cepas de ***Bradyrhizobium*** en la fijación de nitrógeno, sobre dos especies de ***Lupinus***: ***L. mutabilis*** y ***L. albus***. Entre otras variables, el experimento fue evaluado por el número de nódulos formados en las raíces como consecuencia de la inoculación de estas bacterias. El experimento fue conducido en Parcelas Divididas, con 3 Bloques. Los resultados constan en el cuadro 12.10.

Realizar: 1) ANOVA. 2) CV(b). 3) Prueba de Tukey al 0.05 para el factor B. 4) Conclusiones técnicas.

Escaneado con CamScanner

Factores			Bloques				
A	B	C	I	II	III	IV	Totales
1	1	1	Y_{1111}	Y_{1112}	Y_{1113}	Y_{1114}	T_{A1B1C1}
		2	Y_{1121}	Y_{1122}	Y_{1123}	Y_{1124}	T_{A1B1C2}
		3	Y_{1131}	Y_{1132}	Y_{1133}	Y_{1134}	T_{A1B1C3}
		T_{ab}	---	---	---	---	T_{A1B1}
	2	1	Y_{1211}	Y_{1212}	Y_{1213}	Y_{1214}	T_{A1B2C1}
		2	Y_{1221}	Y_{1222}	Y_{1223}	Y_{1224}	T_{A1B2C2}
		3	Y_{1231}	Y_{1232}	Y_{1233}	Y_{1234}	T_{A1B2C3}
		T_{ab}	---	---	---	---	T_{A1B2}
		T_a	---	---	---	---	T_{A1}
:	:	:	:	:	:	:	:
:	:	:	:	:	:	:	:
3	1	1	Y_{3111}	Y_{3112}	Y_{3113}	Y_{3114}	T_{A3B1C1}
		2	Y_{3121}	Y_{3122}	Y_{3123}	Y_{3124}	T_{A3B1C2}
		3	Y_{3131}	Y_{3132}	Y_{3133}	Y_{3134}	T_{A3B1C3}
		T_{ab}					T_{A3B1}
	2	1	Y_{3211}	Y_{3212}	Y_{3213}	Y_{3214}	T_{A3B2C1}
		2	Y_{3221}	Y_{3222}	Y_{3223}	Y_{3224}	T_{A3B2C2}
		3	Y_{3231}	Y_{3232}	Y_{3233}	Y_{3234}	T_{A3B2C3}
		T_{ab}	---	---	---	---	T_{A3B2}
		T_a	---	---	---	---	T_{A3}
		T_r	---	---	---	---	TOTAL

Figura 12.3 Esquema de la organización de datos en un Diseño de Parcelas Subdivididas (A*B*C). Para B, C e interacciones deben prepararse matrices auxiliares

Cuadro 12.10 Número de nódulos formados en dos especies de *Lupinus* por 10 cepas de bacterias

TRATAMIENTOS		BLOQUES			TOTALES
ESPECIES	CEPAS	I	II	III	
L. mutabilis	C1	98	103	98	299
	C2	90	85	85	260
	C3	63	63	68	194
	C4	105	100	95	300
	C5	70	65	75	210
	C6	60	55	65	180
	C7	102	97	107	306
	C8	137	132	142	411
	C9	82	77	87	246
	C10	53	48	58	159
Totales Parcela Principal (P1)		**860**	**825**	**880**	**2565**
L. albus	C1	45	40	50	135
	C2	60	55	65	180
	C3	68	63	73	204
	C4	50	45	55	150
	C5	72	67	77	216
	C6	82	77	87	246
	C7	41	36	46	123
	C8	78	73	83	234
	C9	71	66	76	213
	C10	83	78	88	249
Totales Parcela Principal (P2)		**650**	**600**	**700**	**1950**
TOTALES		**1510**	**1425**	**1580**	$Y_{...}$= 4515

Escaneado con CamScanner

12.2 DISEÑO EN BLOQUES DIVIDIDOS - DBD

También conocido como *diseño de dos factores en franjas*, el diseño en bloques divididos es muy utilizado en los casos que el factor B no es posible ensayarlo en forma aleatoria dentro de las parcelas del factor A, por tanto, se observa cierta simetría de los dos factores, no pudiendo diferenciarse cuál de los factores corresponde a las parcelas principales. Tales casos pueden provenir de estudios de fenología en los que, por ejemplo, el factor A puede incluir tres niveles (tres hábitats) y el factor B dos niveles (dos períodos de observación). Otros ensayos pueden referirse al estudio de *n* genotipos (factor A) bajo la influencia de dos condiciones de riego (factor B, estrés hídrico). También, dentro de un ensayo agrícola en el que se ensayan sistemas de preparación de suelos y dosis de nitrógeno, éste puede ser diseñado bajo bloques divididos. Finalmente, por citar otro ejemplo, en el campo de la fisiología vegetal, si se ensayan niveles de fotoperíodo con varias especies el ensayo puede ser realizado bajo este diseño.

Un diagrama de las franjas aleatorizadas para dos factores en tres bloques es el siguiente:



Figura 12.4 Diagrama de un diseño de dos factores en franjas

El modelo matemático para el ANOVA mixto de este diseño es,

$$y_{ijk} = \mu + \beta_k + A_i + \varepsilon_{ik} + B_j + \varepsilon_{jk} + (AB)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \qquad (12.6)$$

con el siguiente esquema de ANOVA:

Cuadro 12.11 Esquema de ANOVA para un DBD

Fuentes de Variación	gl	SC
Bloques, R	r-1	$\sum_k Y_k^2 / ab - FC$
Factor A	a-1	$\sum_i Y_i^2 / rb - FC$
Error(a), RA	(r-1)(a-1)	$\sum_{i.k} Y_{ik}^2 / b - FC - SC(R) - SC(A)$
Factor B	b-1	$\sum_j Y_j^2 / ra - FC$
Error(b), RB	(r-1)(b-1)	$\sum_{j.k} Y_{jk}^2 / a - FC - SC(R) - SC(B)$
AB	(a-1)(b-1)	$\sum_{i.j} Y_{ij}^2 / r - FC - SC(A) - SC(B)$
Error(c), RAB	(r-1)(a-1)(b-1)	Diferencia *
Total	rab-1	$\sum_{i.j.k} y_{ijk}^2 - FC$

* $SC_{TOTAL} - SC(R) - SC(A) - SC_{error(a)} - SC(B) - SC_{error(b)} - SC(AB)$

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 12.2 Analizar los datos del ejemplo 12.1 bajo un Diseño de Bloques Divididos.

Para este análisis, utilizando los cálculos anteriores del DPD y con los datos del Cuadro 12.12, se obtiene la Suma de Cuadrados del Error (b) y se procede al ANOVA en DBD, el cual consta en el Cuadro 12.13.

Cuadro 12.12 Matriz auxiliar (con datos del cuadro 12.2) para el cálculo del error (b)

	Bloques		
	I	II	III
L1	55*	47	44
L2	60	62	60

* 55 = 11+10+17+17

$$SC_{error(b)} = \left(55^2 + 47^2 + ... + 60^2\right)/4 - 4482.67 - 7.58 - 54.00 = 9.25$$

Cuadro 12.13 Resultados del ANOVA en DBD [1]

Fuentes	gl	SC	CM	F calculado	F crítico 0.05	F crítico 0.01
Bloques, R	2	7.58	3.790			
Factor A	3	8.33	2.780	0.45	4.76	9.78
Error(a), RA	6	37.42	6.240			
Factor B	1	54.00	54.000	11.68	18.51	98.49
Error(b), RB	2	9.25	4.625			
AB	3	57.00	19.000	5.24*	4.76	9.78
Error(c), RAB	6	21.75	3.625			
Total	23	195.33				

[1] Observe que el ANOVA de este diseño es muy similar al de Parcelas Divididas, excepto que en este caso, el factor B es evaluado sobre el error (b) y la interacción sobre el error (c). El error (b) del Diseño de Parcelas Divididas es particionado en el error (b) y en el error (c) para ser utilizados en el Diseño de Bloques Divididos.

Conclusión.- Bajo este diseño, los datos del ejemplo 12.1 no demuestran significación estadística, ni para el factor A ni para el factor B. Se detecta significación estadística para la interacción de los dos factores estudiados. Observe que el Factor B resultó ser altamente significativo con el Diseño de Parcelas Divididas y no bajo el Diseño de Bloques Divididos, pues este factor es evaluado, ahora, en relación a un error (error b) mayor que el del DPD.

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 13

DISEÑO DE FACTORES CRUZADOS Y ANIDADOS

En ciertas ocasiones, los experimentos multifactoriales pueden ser diseñados con algunos factores cruzados y otros anidados o encajados, p. ej.: estudios de especialización fisiológica de un patógeno o de plasticidad fenotípica de una especie. En estos casos, se debe resolver el diseño a través del siguiente modelo matemático (caso para tres factores):

$$y_{ijkl} = \mu + A_i + \beta(A)_{j(i)} + C_k + AC_{ik} + C.\beta(A)_{k.j(i)} + \varepsilon_{l(ijk)} \qquad (13.1)$$

Donde, $i = 1, 2, \ldots, a$
$j = 1, 2, \ldots, b$
$k = 1, 2, \ldots, c$
$l = 1, 2, \ldots, r$

Generalmente, estos diseños se resuelven como una modificación del análisis de los experimentos factoriales, para lo cual se resuelve primero el modelo del experimento factorial.

A continuación se demuestra cómo un ANOVA anidado (a dos niveles) se resuelve como un experimento factorial asumiendo que los factores son fijos. En el cuadro 13.1 se presenta el esquema del ANOVA anidado a dos niveles, estudiado ya en el capítulo 5.

Cuadro 13.1 Esquema del ANOVA anidado a dos niveles

Fuentes	gl	SC	C M	F
TOTAL	abr-1	$\sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{b}\sum_{l=1}^{r} y_{ijl}^2 - \frac{Y^2...}{abr}$		
FACTOR A	a-1	$\sum_{i=1}^{a}\frac{Y_i^2..}{br} - \frac{Y^2...}{abr}$	CM_A	$CM_A / CM_{B(A)}$
FACTOR B(A)*	$a(b$-1)	$\sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{b}\frac{Y_{ij}^2.}{r} - \sum_{i=1}^{a}\frac{Y_i^2..}{br}$	$CM_{B(A)}$	$CM_{B(A)} / CM_{EM}$
ERROR DE MUESTREO	$ab(r$-1)	$\sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{b}\sum_{l=1}^{r} y_{ijl}^2 - \sum_{i=1}^{a}\sum_{j=1}^{b}\frac{Y_{ij}^2.}{r}$	CM_{EM}	

* Factor B dentro de A

Con este esquema, utilizando el ejemplo 5.1 (pág.30), con a=4, b=3 y r=2, se obtuvo el ANOVA del cuadro 13.2.

Ese ANOVA nos permite demostrar que si el factor B fuera fijo e interactúa con el factor A, entonces,

$$SC_{B(A)} \equiv SC_B + SC_{AB} \qquad (13.2)$$

Escaneado con CamScanner

Cuadro 13.2 Resultados de ANOVA anidado a 2 niveles del ejemplo 5.1 (Pág.31)

Fuentes	gl	S C	C M	Fc	Fe 0.05	Fe 0.01	Cuadrados Medios Esperados
TOTAL	23	10.27					
FACTOR A	3	7.56	2.5201	7.66 **	4.07	7.59	$\sigma^2 + r\sigma^2_{B(A)} + br\sigma^2_A$
FACTOR B(A)	8	2.63	0.3283	49.07 **	2.85	4.50	$\sigma^2 + r\sigma^2_{B(A)}$
ERROR DE MUESTREO	12	0.08	0.0067				σ^2

Para el experimento factorial debemos obtener la SC_B y la SC_{AB}, mismas que según los datos del cuadro 5.1 (Pág. 30) son:

$$SC_B = (24.35^2+26.16^2+21.78^2)/8 - 217.7435 = 218.9546 - 217.7435 = 1.21$$

Donde,

24.35 = 6.37+4.90+5.43+7.65
26.16 = 7.00+3.79+7.18+8.19
21.78 = 5.68+4.38+5.10+6.62

$$SC_{AB} = (6.37^2+7.0^2+ \ldots + 6.62^2)/2 - 217.7435-7.56-1.21 = 1.42$$

Reemplazando en la Eq.(13.2), se verifica que,

$$SC_{B(A)} \equiv 1.21 + 1.42 \equiv 2.63$$

Así, con las SC_B y SC_{AB} el ANOVA factorial AxB, sería:

Cuadro 13.3 Resultados del ANOVA factorial AxB para el ejemplo 5.1 (Pág. 30)

Fuentes	gl		S C		C M	Fc	Fe 0.05	Fe 0.01
TOTAL	23		10.27					
FACTOR A	3		7.56		2.5201	376.13 **	3.49	5.95
FACTOR B	2	8	1.21	2.63	0.605	90.30 **	3.88	6.93
INT. AxB	6		1.42		0.237	35.37 **	3.00	4.82
ERROR EXP.	12		0.08		0.0067			

De esta manera se ha demostrado que con el ANOVA factorial podemos dar solución al ANOVA encajado, utilizando la identidad de la Eq. (13.2).

Para el análisis de un ANOVA Cruzado - Anidado a tres factores, en el que el factor B está anidado dentro del factor A, y el factor C interactúa con el factor A, el siguiente sería el esquema del ANOVA (cuadro 13.4):

Escaneado con CamScanner

Cuadro 13.4 Esquema del ANOVA Cruzado – Anidado a tres factores

Fuentes	Grados de libertad	F *
Tratamientos	abc -1	
Factor A	a-1	$CM_A / CM_{B(A)}$
Factor B(A)	$a(b\text{-}1) = (b\text{-}1)+[(a\text{-}1)(b\text{-}1)]$	$CM_{B(A)} / CM_{CxB(A)}$
Factor C	c-1	$CM_C / CM_{CxB(A)}$
Interacción AxC	$(a\text{-}1)(c\text{-}1)$	$CM_{AC} / CM_{CxB(A)}$
Interacción CxB(A)	$a(b\text{-}1)(c\text{-}1) = (b\text{-}1)(c\text{-}1)+[(a\text{-}1)(b\text{-}1)(c\text{-}1)]$	$CM_{CxB(A)} / CM_E$
Error	$abc(r\text{-}1) = [(rabc)\text{-}1] - [(abc)\text{-}1]$	
TOTAL	$rabc$ –1	

* $CM_{CxB(A)}$ = Error Experimental

CM_E = Error Residual.

Para calcular las Sumas de Cuadrados y los grados de libertad se resuelve el ANOVA como si fuera un Experimento Factorial, luego aplicamos las siguientes identidades:

$$SC_{B(A)} \equiv SC_B + SC_{AB} \tag{13.3}$$

$$SC_{C*B(A)} \equiv SC_{BC} + SC_{ABC} \tag{13.4}$$

Ejemplo 13.1 Una investigación fue realizada (Paz y Miño, 1998) para determinar si existe especialización fisiológica de *Phytophthora infestans* en cinco hospederos: en papa (*Solanum tuberosum*), tomate riñón (*Solanum lycopersicum*), pepino dulce (*S. muricatum*), Tzímbalo (*S. caripense*) y tomatillo (*S. brevifolium*). Para esto se determinó la patogenicidad de poblaciones del hongo obtenidas de las cinco especies señaladas, en inoculaciones cruzadas. Una de las variables analizadas para evaluar este experimento fue la capacidad de infección del hongo *in vitro*, medida en porcentaje.

Los datos obtenidos se encuentran en el cuadro 13.5, los cuales para el análisis fueron sometidos a la transformación de arcoseno a través de la fórmula ARSIN(SQRT((*datos*+1)/101))*180/3.1416, donde *datos* es el nombre de la variable de datos originales.

En este cuadro se observan tres factores: El factor A con cinco niveles (especies orígenes de los aislados - inóculo), factor B con cinco niveles (cinco aislados diferentes de cada especie) y factor C con cinco niveles (cinco mismas especies, utilizadas en este caso como hospederos).

Con esos datos se ha obtenido el ANOVA que se presenta en el cuadro 13.6:

Escaneado con CamScanner

Cuadro 13.5 Datos de porcentaje de infección de *Phytophthora infestans* al décimo día de la inoculación

	Origen 1 *Solanum tuberosum*					Origen 2 *Solanum lycopersicum*					Origen 3 *Solanum muricatum*					Origen 4 *Solanum caripense*					Origen 5 *Solanum brevifolium*				
HOSPEDERO	A1	A2	A3	A4	A5	A1	A2	A3	A4	A5	A1	A2	A3	A4	A5	A1	A2	A3	A4	A5	A1	A2	A3	A4	A5
S. tuberosum	100	100	100	100	90	100	60	100	100	90	100	90	100	60	100	100	100	40	90	80	10	0	10	0	0
S. tuberosum	100	100	100	100	90	100	60	100	90	90	100	50	90	40	100	70	100	10	100	100	10	0	5	0	0
S. tuberosum	100	100	100	100	90	100	80	100	80	100	100	50	100	10	90	100	100	30	80	90	10	0	0	0	0
S. tuberosum	100	100	100	100	90	100	80	100	90	90	100	40	100	20	100	40	100	10	90	80	10	0	0	0	0
S. tuberosum	90	100	100	100	90	90	90	100	90	80	100	40	90	80	90	100	100	10	80	80	10	0	10	0	0
S. lycopersicum	10	40	40	70	40	100	80	100	100	100	70	10	60	10	40	10	40	0	40	30	5	0	5	0	30
S. lycopersicum	30	20	40	90	30	90	90	100	100	100	80	5	50	20	60	15	90	0	30	25	5	0	5	0	30
S. lycopersicum	20	60	70	90	30	90	90	100	90	100	50	15	40	50	60	10	40	0	30	40	5	0	0	0	40
S. lycopersicum	10	40	70	90	60	100	90	100	90	100	60	5	40	30	30	15	90	0	10	10	5	0	0	0	30
S. lycopersicum	10	60	80	80	60	100	90	100	80	100	50	15	80	40	50	0	50	40	60	50	5	10	0	0	0
S. muricatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	80	60	40	100	0	100	0	90	80	0	0	0	0	0
S. muricatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	60	70	40	100	0	100	0	10	10	0	0	0	0	0
S. muricatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	80	60	60	100	25	100	0	100	100	0	0	0	0	0
S. muricatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	70	60	40	100	25	100	0	0	0	0	0	0	0	0
S. muricatum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	70	80	50	100	25	100	0	90	80	0	0	0	0	0
S. caripense	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	20	80	40	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S. caripense	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	80	50	90	80	0	80	0	80	0	0	0	0	0
S. caripense	0	0	0	0	0	80	0	0	0	0	100	40	80	0	90	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S. caripense	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	100	0	90	0	70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S. caripense	0	0	0	0	90	0	0	0	0	0	100	90	0	0	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
S. brevifolium	0	0	100	100	20	30	0	80	80	0	0	10	5	0	80	0	80	50	0	0	100	70	100	100	0
S. brevifolium	0	100	90	100	30	20	0	90	0	0	0	50	0	0	100	0	0	40	0	0	100	100	100	100	0
S. brevifolium	0	80	100	100	20	0	0	90	30	0	0	90	0	0	90	0	10	90	90	90	100	100	100	100	0
S. brevifolium	0	80	80	100	20	0	0	90	10	0	20	0	0	0	80	0	0	100	0	0	100	70	100	100	0
S. brevifolium	5	80	100	100	40	30	0	90	0	0	90	0	0	0	80	25	0	90	70	80	90	100	100	100	0

Escaneado con CamScanner

Cuadro 13.6 Resultados del ANOVA factorial AxBxC: 5x5x5

Fuentes	gl		SC		CM	F cal.	Prob.
Factor A	4		58068.239		14517.060	87.7014	0.0000
Factor B	4	20	1468.608	68695.600	367.152	2.2181	0.0660
Interac. AB	16		67226.992		4201.687	25.3835	0.0000
Factor C	4		144055.715		36013.929	217.5696	0.0000
Interac. AC	16		250623.998		15664.000	94.6304	0.0000
Interac. BC	16	80	35208.605	108493.007	2200.538	13.2940	0.0000
Interac. ABC	64		73284.402		1145.069	6.9177	0.0000
Error Exp.	500		82764.137		165.528		
Total	624		712700.697				

Para obtener el ANOVA del diseño Cruzado-Anidado, agregamos los grados de libertad y obtenemos las Sumas de Cuadrados conforme las Eqs. 13.3 y 13.4 y los cálculos de F según el cuadro 13.4. Estos resultados, a partir del ANOVA factorial, se presentan en el siguiente cuadro:

Cuadro 13.7 Resultados del ANOVA del Cruzado – Anidado del ejemplo 13.1

Fuentes	gl	SC	CM	F cal. [1]	F crítica 0.05	F crítica 0.01
Factor A	4	58068.239	14517.060	4.2265 *	2.87	4.43
Factor B(A)	20	68695.600	3434.780	2.5333 **	1.70	2.11
Factor C	4	144055.715	36013.929	26.5558 **	2.48	3.56
Interac. AC	16	250623.998	15664.000	11.5502 **	1.77	2.24
Interac. CxB(A)	80	108493.007	1356.163	8.1930 **	1.32	1.47
Error	500	82764.137	165.528			
Total	624	712700.697				

[1] Ver cuadro 13.4.

Conclusiones.- Las fuentes de variación en este estudio resultaron ser altamente significativas; sin embargo, interesa mayormente analizar la significación de la interacción AC, pues ésta permite confirmar la especialización fisiológica del fitopatógeno estudiado. Sería importante analizar las medias de la interacción AC, es decir entre orígenes y hospederos del patógeno: estos resultados confirmarían la especificidad en la patogenicidad de *P. infestans* (ver Fig. 13.1).

Para el cálculo de las componentes añadidas de variancia, en el cuadro 13.8, se presentan las fórmulas de los cuadrados medios esperados:

Cuadro 13.8 Cuadrados Medios Esperados para un Diseño Cruzado - Anidado

Fuentes	Cuadrados Medios Esperados
A_i	$\sigma^2 + kl\sigma^2_{B(A)} + jkl\sum A^2$
$B(A)_{j(i)}$	$\sigma^2 + kl\sigma^2_{B(A)}$
C_k	$\sigma^2 + l\sigma^2_{CB(A)} + ij\sum C^2$
AC_{ik}	$\sigma^2 + l\sigma^2_{CB(A)} + j\sum\sum (AC)^2$
$CB(A)_{k.j(i)}$	$\sigma^2 + l\sigma^2_{CB(A)}$
$\varepsilon_{l(ijk)}$	σ^2

Escaneado con CamScanner

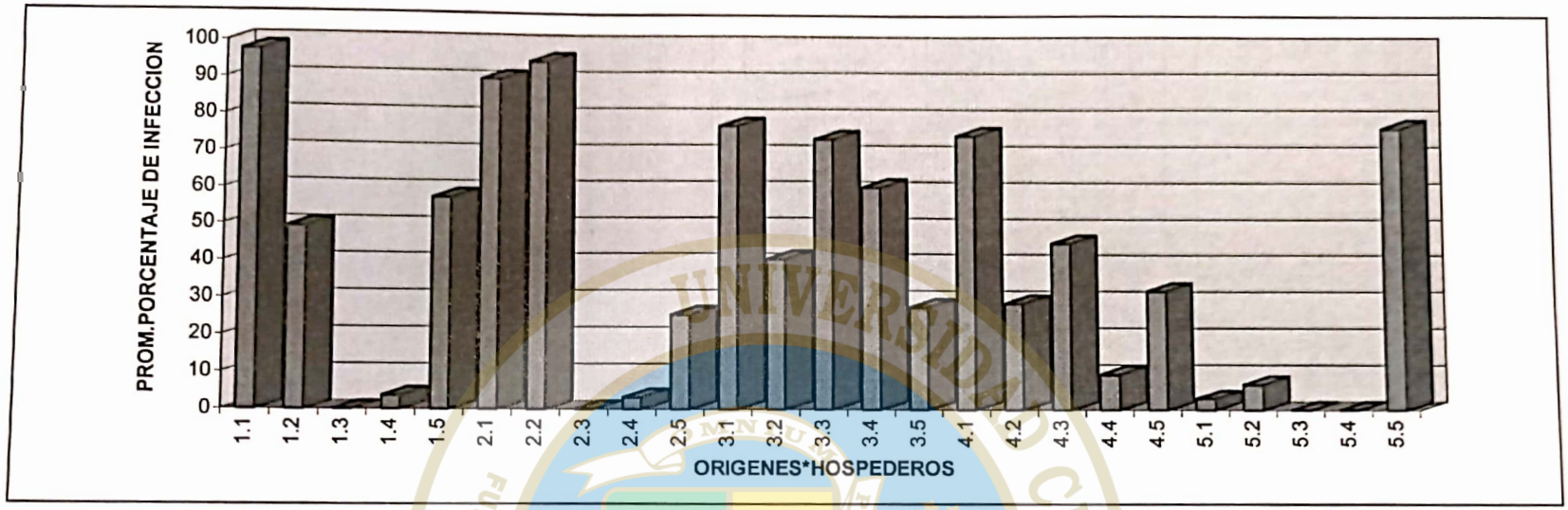


Figura 13.1 Interacción Origen * Hospederos del ejemplo 13.1

Observe la tendencia de los aislados de cada origen (primer dígito de 1.1, 1.2, … , etc. en el eje *X* de la Fig. 13.1) a infectar mayormente su propio hospedero (segundo dígito, después del punto, en el eje *X*). Además, todos los aislados de las distintas especies solanáceas infectan a papa, con excepción de *S. brevifolium* (5.1), que sólo es infectada por los aislados de *P. infestans* de su misma especie (5.5). El caso 4.4 (*S. caripense*) tuvo resultados no esperados, debiéndose obtener también especificidad.

Si codificamos los porcentajes de infección de la figura 13.1, en base a una escala arbitraria, tal que: 0=0-10%, 1=11-40%, 2=41-70%, 3=71-100%, y se considera que la interacción O4*H4 debió tener un comportamiento normal (con rango 3), en la matriz del cuadro 13.9, su diagonal (mayores rangos) reflejaría la especificidad de *P. infestans*.

Cuadro 13.9 Matriz de rangos de la interacción O*H del ejemplo 13.1

		HOSPEDERO				
		PAPA	TOMATE	PEPINO	TZÍMBALO	TOMATILLO
ORIGEN	PAPA	**3**	2	0	0	2
	TOMATE	3	**3**	0	0	1
	PEPINO	3	1	**3**	2	1
	TZÍMBALO	3	1	2	**3**	1
	TOMATILLO	0	0	0	0	**3**

Escaneado con CamScanner

ANOVA Cruzado – Anidado de dos factores fijos, ambos con niveles anidados

Cuando se tienen 2 factores fijos y cada uno de éstos con un factor aleatorio anidado, el ANOVA se ajusta al siguiente modelo:

Cuadro 13.10 Esquema parcial del ANOVA para dos factores fijos con niveles anidados

Fuentes	Grados de libertad
Tratamientos	*abcd*-1
Factor A	*a*-1
Factor B(A)	*a*(*b*-1)
Factor C	*c*-1
Factor D(C)	*c*(*d*-1)
Interac. A*C	(*a*-1)(*c*-1)
Interac. B*D(A*C)	Diferencia
Error Residual	*abcd*(*r*-1)
Total	*rabcd*-1

Bajo este modelo, las comparaciones (test) realizadas son las siguientes:

1. Los factores A y C se evalúan sobre los cuadrados medios de sus niveles anidados correspondientes
2. La Interacción A*C y los factores anidados se evalúan sobre el cuadrado medio del error experimental (es decir sobre el CM entre réplicas: Interacción B*D(A*C))

ANOVA para medidas repetidas en el tiempo

Cuando los mismos individuos son evaluados a través del tiempo, para estudiar el efecto de varios tratamientos y en donde interesa examinar la variación de esos tratamientos en el tiempo, podemos analizar este experimento como un caso del *ANOVA Cruzado - Anidado* de dos factores con uno de ellos anidado:

Trat. (*k*)	Sujetos (n_c)[1]	Semanas (*t*) 1	2	3	4	...
1	1					
	2					
	3					
	4					
2	5					
	6					
	7					
	:					
	:					

[1] Factor aleatorio

El esquema de ANOVA para este Diseño es:

Escaneado con CamScanner

Cuadro 13.11 Esquema de ANOVA para un Diseño de Medidas Repetidas en el Tiempo

Fuentes	gl
Total	$kn_c t$ -1
Entre Sujetos	kn_c -1
Tratamientos	k -1
Sujetos dentro de tratamientos (Error 1)	$k(n_c$ -1)
Dentro de Sujetos	kn_c (t -1)
Semanas	t -1
Tratamientos X Semanas	(k-1)(t -1)
Semanas X Sujetos dentro de Trat. (Error 2)	$k(n_c$ -1)(t -1)

n_c = número de sujetos en cada Trat. o grupo
k = número de niveles del factor Tratamientos
t = número de medidas repetidas

NOTAS: 1. La significación de las fuentes de variación ubicadas antes del Error 1 se evalúan sobre éste y el resto sobre el Error 2
2. Para el cálculo de ciertas Sumas de Cuadrados observar las siguientes relaciones:

$$SC_{TOTAL} = SC_{Entre\ Sujetos} + SC_{Dentro\ de\ Sujetos} \quad (13.5)$$

$$SC_{Entre\ Sujetos} = SC_{Trat.} + SC_{Error\ 1}$$

$$SC_{Dentro\ de\ Sujetos} = SC_{Semanas} + SC_{Trat.xSemanas} + SC_{Error\ 2}$$

TRABAJO No. 13 Diseño Factores Cruzados y Anidados

Con los siguientes datos hipotéticos del cuadro 13.12 sobre el número de presas consumidas de 3 tipos de presas (factor C) por los animales (r=2) de 4 especies (factor B) de cada una de 2 familias (factor A), encontrar la significación estadística de la preferencia por los tipos de presas.

Cuadro 13.12 Número de presas consumidas

	Familia 1				Familia 2			
Especies →	1	2	3	4	1	2	3	4
Presa 1	22 24	23 24	28 29	25 23	26 28	27 25	28 25	24 23
Presa 2	30 27	29 28	30 32	27 25	29 28	30 27	24 23	28 30
Presa 3	25 21	24 22	27 25	26 23	27 25	26 24	24 27	28 27

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 14

EXPERIMENTOS COMBINADOS Y ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD FENOTÍPICA

14.1 EXPERIMENTOS COMBINADOS

En diversos campos de la investigación es frecuente proyectar series de experimentos similares (Diseños básicos) llevados a cabo a través del tiempo o en diferentes localidades, para de esta manera conocer la variabilidad adicional debida a estos factores. Así, un grupo de experimentos diseñados en bloques completos al azar en el que se ensayan *t* tratamientos, pueden combinarse si éstos se han realizado en varias localidades o en el mismo sitio durante varios años. Además de ser analizados en forma combinada, estos experimentos pueden ser evaluados en cada año o en cada localidad. Para el análisis que se presenta a continuación, suponemos que las variancias de los errores entre localidades o entre varios años o ciclos son homogéneas; y, además, que en la serie de experimentos se ha ensayado con los mismos tratamientos y con el mismo número de bloques e igual tamaño.

Ejemplo 14.1 Un experimento fue realizado para ensayar 6 tratamientos (a – f) en DBCA con 3 repeticiones. El experimento fue repetido durante 4 años consecutivos (2007 - 2010). Los datos obtenidos desde cada uno de los tratamientos y repeticiones, en cada uno de los cuatro años, se presentan a continuación:

Cuadro 14.1 Resultados de una serie de experimentos en DBCA

		a	b	c	d	e	f	Σ *REP.*
								6
2007	1	20	21	21	22	23	25	132
	2	18	21	22	20	21	23	125
	3	17	18	20	20	22	23	120
Σ *TRAT.*		3 / 55	60	63	62	66	71	18 / 377
2008	1	21	22	23	23	24	26	139
	2	20	21	20	20	22	24	127
	3	16	18	22	19	22	26	123
Σ *TRAT.*		57	61	65	62	68	76	389
2009	1	17	19	20	19	20	23	118
	2	19	20	20	21	22	23	125
	3	23	22	21	22	23	24	135
Σ *TRAT.*		59	61	61	62	65	70	378
2010	1	20	21	22	21	22	25	131
	2	20	19	20	21	22	24	126
	3	18	23	22	22	24	26	135
Σ *TRAT.*		58	63	64	64	68	75	392
TOTAL		12 / 229	245	253	250	267	292	72 / 1536

MATRIZ AUXILIAR: TOTAL REPETICIONES (se usan cuando éstas son fijas)

REPET. 1	132 + 139 + 118 + 131 =	520
REPET. 2	125 + 127 + 125 + 126 =	503
REPET. 3	120 + 123 + 135 + 135 =	513

Escaneado con CamScanner

CÁLCULOS:

1. $FC = 1536^2 / 72 = 32768$
2. $SC_{TOT} = (20^2 + 21^2 + \ldots + 26^2) - FC = 326$
3. $SC_{AÑOS} = (377^2 + 389^2 + 378^2 + 392^2)/18 - FC = 32777.67 - 32768 = 9.67$
4. $SC_{BLOQUES(AÑOS)} = (132^2 + 125^2 + \ldots + 135^2)/6 - 32777.67 = 32844 - 32777.67 = 66.33$
5. $SC_{TRAT} = (229^2 + 245^2 + \ldots + 292^2)/12 - FC = 192.67$
6. $SC_{TRAT*AÑOS} = (55^2 + 60^2 + \ldots + 75^2)/3 - FC - SC_{TRAT} - SC_{AÑOS} = 9.66$
7. $SC_{ERROR} = 326 - 9.67 - 66.33 - 192.67 - 9.66 = 47.67$

Cuadro 14.2 Resultados del ANOVA COMBINADO del ejemplo 14.1

Fuentes	gl		SC	CM	F cal.	Significación
AÑOS	a-1=	3	9.67	3.22	0.39	NS
BLOQUES(AÑOS)	$a(r$-1) =	8	66.33	8.29	6.97	**
TRATAMIENTOS	t-1 =	5	192.67	38.53	32.38	**
TRAT.* AÑOS	$(t$-1)$(a$-1) =	15	9.66	0.64	0.54	NS
Error Experimental	$a(r$-1)$(t$-1) =	40	47.67	1.19		
TOTAL	rta -1 =	71	326.00			

Media General = 21.33 CV = 5.1%

Conclusiones.- El ANOVA COMBINADO, para este ejemplo, demostró diferencias altamente significativas entre tratamientos. Entre años no se detectaron diferencias significativas, probablemente debido a la alta significación de las repeticiones dentro de años. La falta de significación de la interacción tratamientos * años, demuestra que los tratamientos ensayados no fueron afectados por los años durante los cuales fueron llevados a cabo los experimentos.

NOTA: Cuando los bloques son aleatorios dentro de años, los AÑOS son evaluados sobre BLOQUES(AÑOS), pero si los bloques son fijos durante todos los años, evaluar AÑOS sobre el Error Experimental. En cuyo caso, el diseño se resuelve como un experimento factorial con $(at$-1$)(r$-1) grados de libertad para el Error Experimental y $(r$-1) grados de libertad para Bloques.

En caso de requerirse pruebas de significación de Rango Múltiple para los factores fijos e interacción, usar las siguientes fórmulas para el cálculo del error estándar:

Para Trat.: $S_{\bar{y}} = \sqrt{\frac{CM_{EE}}{ra}}$, para Años: $S_{\bar{y}} = \sqrt{\frac{CM_{EE}}{rt}}$, para Trat.*Años: $S_{\bar{y}} = \sqrt{\frac{CM_{EE}}{r}}$ (14.1)

TRABAJO No. 14 Análisis Combinado

Ejercicio 1. (STEEL/TORRIE, 1988. Pág. 390) Se ensayaron 10 variedades de soja en un experimento de bloques completos al azar, con 3 bloques en 3 localidades. Los resultados siguientes corresponden a rendimientos en gramos por parcela. Obtener conclusiones del análisis combinado.

Cuadro 14.3 Rendimientos en gramos por parcela

BLOQUES →	LOCALIDAD 1			LOCALIDAD 2			LOCALIDAD 3		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Var. 1	1307	1365	1542	1178	1089	960	1583	1841	1464
Var. 2	1425	1475	1276	1187	1180	1235	1713	1684	1378
Var. 3	1289	1671	1420	1451	1177	1723	1369	1608	1647
Var. 4	1250	1202	1407	1318	1012	990	1547	1647	1603
Var. 5	1546	1489	1724	1345	1335	1303	1622	1801	1929
Var. 6	1344	1197	1319	1175	1064	1158	1800	1787	1520
Var. 7	1280	1260	1605	1111	1111	1099	1820	1521	1851
Var. 8	1583	1503	1303	1388	1214	1222	1464	1607	1642
Var. 9	1656	1371	1107	1254	1249	1135	1775	1513	1570
Var. 10	1398	1497	1583	1179	1247	1096	1673	1507	1390

Escaneado con CamScanner

14.2 ANÁLISIS DE LA ESTABILIDAD FENOTÍPICA DEL RENDIMIENTO

La diversidad genética del germoplasma de una especie es una cualidad usada para la selección de cultivares por parte de los programas de fitomejoramiento. Para esto, es importante reconocer la significación de la interacción *genotipo*ambiente*, la cual contiene información sobre la *adaptación* y *estabilidad* de los materiales vegetales a diferentes ambientes, cualidades buscadas para la selección y predicción de sus comportamientos.

Una vez detectada la presencia de la interacción *genotipo*ambiente*, en el ANOVA COMBINADO *sobre ambientes*, se procede al análisis detallado de la contribución de cada cultivar o progenie a dicha interacción, es decir, se procede a la estimación de la *estabilidad* en base al rendimiento de cada cultivar.

Se han desarrollado diferentes metodologías para estimar los parámetros de *estabilidad* de los materiales evaluados. Una de las metodologías mayormente utilizadas es la propuesta por EBERHART y RUSSELL (Eberhart *et al.* ,1966), la cual propone como parámetros de estabilidad al coeficiente de regresión (b) y al error de estimación o desviación de la regresión ($S^2_{y.x}$). Consideran que una variedad es estable cuando $b_i = 1$ y $S^2_{y.x} = 0$, fuera de estos valores los materiales son inestables.

El procedimiento involucra un análisis de regresión del rendimiento (variable dependiente, Y) y los índices ambientales (variable independiente, X), que no son más que las diferencias de los promedios ambientales menos el promedio general. Estos autores proponen el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i X_j + \varepsilon_{ij} \qquad (14.2)$$

Donde,

β_i = coeficiente de regresión lineal (pendiente) que mide la respuesta de la i-ésima variedad o genotipo bajo las diferentes condiciones de los ambientes.

X_j = índice ambiental, que se obtiene como la diferencia del j-ésimo ambiente menos el promedio global.

$\varepsilon_{ij} = S^2_{y.x}$ =Cuadrado Medio del residual de la regresión, cuya raíz cuadrada es la desviación de la regresión. Mide la estabilidad de la producción:

$$S^2_{y.x} = \frac{\sum Y^2 - a\sum Y - b\sum XY}{n-2} \qquad (14.3)$$

Además de la estimación de los dos parámetros del modelo β_i y ε_{ij}, se establece la asociación entre los parámetros de estabilidad y el rendimiento, para lo cual se calculan los coeficientes de correlación fenotípica, cuyos estimados son los coeficientes de correlación simple lineal de Pearson (r) o los coeficientes de determinación (r^2). La magnitud de un r_i^2 indica la proporción de la variación de la variable dependiente (rendimiento) que puede ser explicada por la tendencia lineal sobre la variable independiente (índice ambiental, IA).

En el cuadro 14.4 se presenta la interpretación generalizada de los parámetros de estabilidad de EBERHART y RUSSELL. La **adaptabilidad** es la capacidad de adaptación fisiológica o selectiva de los genotipos a determinadas condiciones ambientales, reflejada por su mayor o menor rendimiento comparado con el promedio. En cambio, la **estabilidad** del rendimiento de un genotipo se refiere a la consistencia de dicho rendimiento en diferentes ambientes; así, un genotipo es estable cuando es insensible a los cambios del ambiente.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 14.4 Interpretación de los parámetros de EBERHART y RUSSELL

Estimadores	Interpretación
$b_i = 1$	Estabilidad media. Asociada con rendimientos altos: adaptabilidad general; rendimientos bajos: pobre adaptabilidad
$b_i > 1$	Genotipos sensibles. Adaptación a ambientes favorables
$b_i < 1$	Resistencia a cambios ambientales. Adaptación a malos ambientes
$b_i = 0$	Estabilidad absoluta. Asociado con rendimientos altos: genotipo ideal
$S^2_{y.x} = 0$	Buena estabilidad
$S^2_{y.x} > 0$	Mala estabilidad

Ejemplo 14.2 Sobre los datos (hipotéticos) del cuadro 14.5 correspondientes al rendimiento (en toneladas de caña por hectárea, TCH) de cinco genotipos de caña de azúcar (*Saccharum* spp. Híbrido) ensayados en cuatro localidades, bajo un Diseño de Bloques Completos al Azar, evaluar la estabilidad fenotípica mediante la metodología de EBERHART y RUSSELL.

Cuadro 14.5 Datos del rendimiento (TCH) de cinco genotipos de caña de azúcar, evaluados en cuatro localidades

	Localidad 1			Localidad 2			Localidad 3			Localidad 4			
Bloques / Genotipos	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	MEDIA
Genotipo 1	96.9	107.1	127.8	114.8	125.2	101.6	89.7	100.3	65.6	56.7	56.4	69.7	92.6500
Genotipo 2	101.2	87.5	105.2	135.7	130.1	111.2	82.6	62.6	65.0	45.6	39.8	51.3	84.8167
Genotipo 3	115.4	111.4	137.4	114.8	125.9	120.1	89.7	85.2	84.8	44.1	57.1	64.8	95.8917
Genotipo 4	132.5	113.1	159.1	158.0	161.0	142.7	94.4	92.7	101.6	44.1	50.3	65.8	109.6083
Genotipo 5	101.0	123.1	107.6	108.8	100.7	95.9	114.8	110.3	107.1	69.4	85.2	72.8	99.7250
TOTAL	1726.3			1846.5			1346.4			873.1			
MEDIA	115.0867			123.1000			89.7600			58.2067			96.5383
I A (X)	18.5484 *			26.5617			-6.7783			-38.3160			

* 115.0867-96.5383

El ANOVA correspondiente a estos datos y obtenido con el programa SPSS ®, es:

Tests of Between-Subjects Effects

Dependent Variable: REND

Source		Type III Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
LOCAL	Hypothesis	38472,379	3	12824,126	43,169	,000
	Error	2376,551	8	297,069[a]		
LOCAL * BLOQUES	Hypothesis	2376,551	8	297,069	3,514	,005
	Error	2705,189	32	84,537[b]		
GENOTIPO	Hypothesis	4006,974	4	1001,744	11,850	,000
	Error	2705,189	32	84,537[b]		
LOCAL * GENOTIPO	Hypothesis	7023,948	12	585,329	6,924	,000
	Error	2705,189	32	84,537[b]		

a. MS(LOCAL * BLOQUES)

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{84.537}}{96.5383}100 = 9.5\%$$

Recuerde que es importante reconocer la significación estadística de la interacción Localidad*Genotipo para la evaluación de la estabilidad del rendimiento.

Escaneado con CamScanner

A continuación se presenta el resumen de medias (cuadro 14.6) utilizadas para el análisis de regresión:

Cuadro 14.6 Medias del rendimiento por genotipo e índices ambientales

Localidad	IA (X)	Medias de rendimiento (Y)				
		Genotipo 1	Genotipo 2	Genotipo 3	Genotipo 4	Genotipo 5
1	18.5484	110.6000 *	97.9667	121.4000	134.9000	110.5667
2	26.5617	113.8667	125.6667	120.2667	153.9000	101.8000
3	-6.7783	85.2000	70.0667	86.5667	96.2333	110.7333
4	-38.3316	60.9333	45.5667	55.3333	53.4000	75.8000

* Del cuadro 14.5: (96.9+107.1+127.8)/3=110.6000

Cálculos para el análisis de la regresión del genotipo 1:

$\sum X = 0$

$\sum X^2 = 2564.8240$

$\sum Y = 370.6$

$\sum Y^2 = 36169.8924$

$\sum XY = 2162.76412$

$$a = \bar{Y} = 92.65$$

$$b = \frac{\sum XY}{\sum X^2} = \frac{2162.76412}{2564.824} = 0.8432$$

$$r^2 = \frac{\sum XY}{\sqrt{\sum X^2\left(\sum Y^2 - \left(\sum Y\right)^2 / n\right)}} = \frac{2162.76412}{\sqrt{2564.824\left(36169.8924 - 370.6^2 / 4\right)}} = 0.99$$

$$S^2_{y.x} = \frac{\sum Y^2 - a\sum Y - b\sum XY}{n-2} = \frac{36169.8924 - 92.65(370.6) - 0.8432(2162.76412)}{2} = 5.08$$

Realizando estos cálculos para cada uno de los genotipos, obtenemos el siguiente cuadro para el análisis de la estabilidad:

Cuadro 14.7 Parámetros para el análisis de estabilidad

Genotipo	Media	b	$S^2_{y.x}$	r^2
Genotipo 1	92.6500	0.8432 **	5.08	0.99
Genotipo 2	84.8167	1.1437 *	122.40	0.93
Genotipo 3	95.8917	1.0677 **	26.46	0.98
Genotipo 4	109.6083	1.5170 **	18.69	0.99
Genotipo 5	99.7250	0.4284	172.38	0.58
Media	96.5384	1.0		
Desviación	9.1366	0.4		

En forma más ágil podemos obtener estos resultados al procesar los datos con algún programa estadístico como el SPSS®. Para el análisis de regresión de los IA con los rendimientos medios (promedios por localidad) del Genotipo 1, obtenemos:

Model Summary

Model	R	R Square	Adjusted R Square	Std. Error of the Estimate
1	,997[a]	,994	,992	2.2475308

a. Predictors: (Constant), INDICE_A

Escaneado con CamScanner

ANOVA[b]

Model		Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
1	Regression	1823,700	1	1823,700	361,029	,003[a]
	Residual	10,103	2	5,051		
	Total	1833,802	3			

a. Predictors: (Constant), INDICE_A

b. Dependent Variable: REND_G1

Coefficients[a]

Model		Unstandardized Coefficients		Standardized Coefficients	t	Sig.
		B	Std. Error	Beta		
1	(Constant)	92,650	1,124		82,446	,000
	INDICE_A	,843	,044	,997	19,001	,003

a. Dependent Variable: REND_G1

Observe que, el parámetro del error de estima de la regresión corresponde al Cuadrado Medio del residual en el ANOVA de la regresión, y que el R^2 es igual a la Suma de Cuadrados de la regresión dividida para la Suma de Cuadrados Total. Además, el análisis presenta la significación estadística, tanto de la regresión cuanto de la pendiente.

En el siguiente gráfico podemos observar la distribución de los genotipos dentro de los parámetros de estabilidad para su análisis:

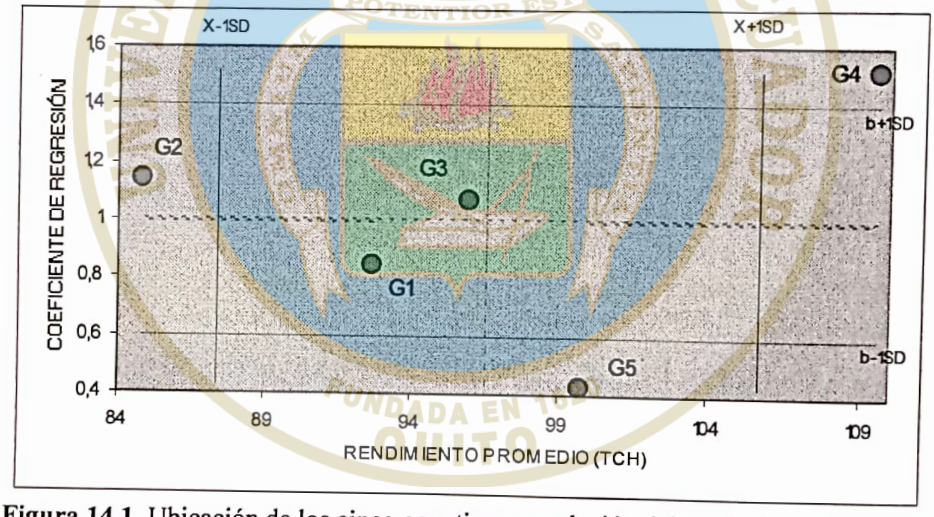


Figura 14.1 Ubicación de los cinco genotipos en relación del rendimiento promedio y al coeficiente de regresión, evaluados en cuatro ambientes.
Note que $X \pm 1SD$ corresponde a la media del rendimiento más o menos una desviación estándar.

Resumen.- Los genotipos G1, G2 y G3 están comprendidos entre el coeficiente de regresión uno más o menos una desviación estándar, lo cual indica una estabilidad media del rendimiento. En este caso, los tres genotipos son estables con pobre adaptabilidad, dado que el rendimiento es inferior al promedio. El genotipo G4 es sensible con adaptación a ambientes favorables. Finalmente, el genotipo G5 tiende a una adaptación a malos ambientes.

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 15

ANÁLISIS DE COVARIANCIA

Entre las diferentes aplicaciones que puede tener el Análisis de Covariancia -ANCOVA- se destaca su uso en el control del error, con lo cual se aumenta la precisión del experimento; también, permite ajustar las medias de tratamientos, logrando así una mejor interpretación de los datos y del efecto de los tratamientos.

Lo anterior se consigue al eliminar, por regresión, ciertos efectos de los tratamientos que no pueden ser o no han sido controlados en el experimento. Estos efectos indirectos de los tratamientos, se miden como una variación adicional en X la cual contribuye a la variación en Y. Así, la **covariancia** controla la variancia del error mediante el uso de la covariable (X).

Para ilustrar el aporte de una covariable en el efecto de los tratamientos, haremos relación a un experimento de nutrición animal, en el cual se ensayan diferentes raciones. Si al momento de iniciar este experimento, no contamos con animales experimentales del mismo peso inicial y éste está correlacionado con la ganancia de peso (variable de respuesta al tratamiento) esta falta provoca un incremento de error en el verdadero efecto de los tratamientos. En estos casos, el ANCOVA permite calcular y eliminar esta porción del error experimental, generada por la ganancia de peso atribuida al peso inicial de los animales.

En experimentos de nutrición animal, las diferencias detectadas entre medias de tratamientos pueden ser provocadas por sus diferencias en el valor nutritivo, a las diferencias en las cantidades consumidas, o a ambas. Si por covariancia, las diferencias de rendimientos medios observados se ajustan sobre el consumo de una ración común, entonces, las medias ajustadas indicarán el verdadero efecto de los tratamientos.

15.1 Modelo matemático y supuestos para la Covariancia

El modelo de la covariancia corresponde al modelo lineal aditivo del ANOVA del diseño experimental que se esté utilizando, más un componente adicional para la variable concomitante o independiente. Para un DBCA tendremos:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + b(x_{ij} - \bar{x}..) + \varepsilon_{ij} \qquad (15.1)$$

Donde,

y = variable dependiente o de respuesta
x = covariable o variable independiente, involucrada en el error para el ajuste de medias
b = pendiente de la regresión lineal

Este modelo, igualmente, se resuelve por la Suma de Cuadrados tal como fuera explicado en el Análisis de la Variancia.

Los supuestos de la covariancia son:

- Los X son fijos (se repiten), medidos sin error e independientes de los tratamientos
- La regresión de Y respecto a X, después de eliminar diferencias de bloques y tratamientos, es lineal e independiente de estos factores
- Los errores se distribuyen normal e independientemente con media cero y variancia común

El esquema del ANCOVA en un DBCA se presenta en el cuadro 15.1.

Escaneado con CamScanner

Cuadro 15.1 Esquema del Análisis de Covariancia en DBCA

ANOVA			SUMA DE PRODUCTOS Y CUADRADOS		COVARIANCIA - ANOVA AJUSTADO-		
Fuentes	**gl**	**SC_Y**	**SP_{XY}**	**SC_X**	**gl**	**$SC_{Y,ajustados}$**	**$CM_{ajustados}$**
Total	rt-1	$\sum y_{ij}^2 - FC$	$\sum x_{ij}y_{ij} - FC$	$\sum x_{ij}^2 - FC$			
Bloques	r-1	$\frac{\sum Y_{.j}^2}{t} - FC$	$\frac{\sum X_{.j}Y_{.j}}{t} - FC$	$\frac{\sum X_{.j}^2}{t} - FC$	r-1	$C - A$	
Tratamientos	t-1	$\frac{\sum Y_{i.}^2}{r} - FC$	$\frac{\sum X_{i.}Y_{i.}}{r} - FC$	$\frac{\sum X_{i.}^2}{r} - FC$	t-1	$B - A$	
Error	$(r-1)(t-1)$	*Diferencia* (a_1)	*Diferencia* (a_2)	*Diferencia* (a_3)	$(r-1)(t-1)$-1	$A = a_1 - \frac{a_2^2}{a_3}$	S_{YX}^2 [1]
Covariable					1	$a_1 - A$	
Trat. + Error	$r(t$-1)	$SC_{(Y,Trat.+Error)}$ (b_1)	$SP_{(XY,Trat.+Error)}$ (b_2)	$SC_{(X,Trat.+Error)}$ (b_3)	$r(t$-1)-1	$B = b_1 - \frac{b_2^2}{b_3}$	
Bloques + Error	t(r-1)	$SC_{(Y,Bloq.+Error)}$ (c_1)	$SP_{(XY,Bloq.+Error)}$ (c_2)	$SC_{(X,Bloq.+Error)}$ (c_3)	t(r-1)-1	$C = c_1 - \frac{c_2^2}{c_3}$	

[1] S_{YX}^2 = *error estándar de la estima o variancia residual*

$$FC_Y = \frac{(\sum y_{ij})^2}{rt} \qquad FC_{XY} = \frac{\sum x_{ij}\sum y_{ij}}{rt} \qquad FC_X = \frac{(\sum x_{ij})^2}{rt}$$

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
FUNDADA EN 1826 QUITO
OMNIUM POTENTIOR ESTO SAPIENTIA

Escaneado con CamScanner

Ejemplo 15.1 En un experimento para probar la eficacia de 5 dietas en 4 bloques (lotes de animales) se midió, además del efecto de las dietas (Y=ganancia de peso), el consumo de alimento (X=covariable). Realizar el análisis de covariancia para los resultados siguientes:

Cuadro 15.2 Datos sobre ganancia de peso y consumo de alimento

	BLOQUES								Total Tratamientos	
	1		2		3		4			
TRAT.	*X*	*Y*	*X*	*Y*	*X*	*Y*	*X*	*Y*	*Xi.*	*Yi.*
1	307.3	20.5	393.3	38.4	355.2	30.4	345.1	25.1	1400.9	114.4
2	402.2	38.3	405.2	42.1	388.7	35.2	388.4	40.5	1584.5	156.1
3	342.4	24.6	350.4	25.1	323.2	24.1	302.3	20.1	1318.3	93.9
4	375.7	32.1	381.5	34.4	302.1	21.4	350.9	30.2	1410.2	118.1
5	305.2	27.6	353.1	29.6	377.3	32.1	382.5	32.8	1418.1	122.1
Total Bloq. *X.j Y.j*	1732.8	143.1	1883.5	169.6	1746.5	143.2	1769.2	148.7	*X..* 7132	*Y..* 604.6

Cálculos básicos:

1. $FC_Y = 604.6^2/20 = 18277.06$
2. $SC_{Y,Total} = (20.5^2+38.3^2+\ldots+32.8^2) - 18277.06 = 19115.5 - 18277.06 = 838.44$
3. $SC_{Y,Bloq.} = (143.1^2+169.6^2+143.2^2+148.7^2)/5 - 18277.06 = 18371.94 - 18277.06 = 94.88$
4. $SC_{Y,Trat.} = (114.4^2+156.1^2+\ldots+122.1^2)/4 - 18277.06 = 18781.95 - 18277.06 = 504.89$
5. $SC_{Y,Error} = 838.44 - 94.88 - 504.89 = 238.67$

6. $FC_{XY} = (7132)(604.6)/20 = 215600.36$
7. $SP_{XY,Total} = [307.3(20.5)+\ldots+382.5(32.8)] - 215600.36 = 219599.8 - 215600.36 = 3999.45$
8. $SP_{XY,Bloq.} = [1732.8(143.1)+\ldots+1769.2(148.7)]/5 - 215600.36 = 216116.82 - 215600.36 = 516.46$
9. $SP_{XY,Trat.} = [1400.9(114.4)+\ldots+1418.1(122.1)]/4 - 215600.36 = 217771.6 - 215600.36 = 2171.24$
10. $SP_{XY,Error} = 3999.45 - 516.46 - 2171.24 = 1311.75$

11. $FC_X = 7132^2/20 = 2543271.2$
12. $SC_{X,Total} = (307.3^2+402.2^2+\ldots+382.5^2) - 2543271.2 = 2565710.96 - 2543271.2 = 22439.76$
13. $SC_{X,Bloq.} = (1732.8^2+1883.5^2+\ldots+1769.2^2)/5 - 2543271.2 = 2546099.8 - 2543271.2 = 2828.6$
14. $SC_{X,Trat.} = (1400.9^2+1584.5^2+\ldots+1418.1^2)/4 - 2543271.2 = 2552686.9 - 2543271.2 = 9415.7$
15. $SC_{X,Error} = 22439.76 - 2828.6 - 9415.7 = 10195.46$

Cuadro 15.3 Resultados del Análisis de Covariancia - ANCOVA -

Fuentes	gl	SCy	SPxy	SCx	gl	SCy ,ajust.	CM ajust.	F
Total	19	838.44	3999.45	22439.76				
Bloques	3	94.88	516.46	2828.60	3	7.02[c]	2.34	0.37 NS
Tratamientos	4	504.89	2171.24	9415.70	4	55.07[b]	13.77	2.17 NS
Error	12	238.67	1311.75	10195.46	11	69.90 A	6.35	
Covariable					1	168.77[a]	168.77	26.58 **
Trat.+Error	16	743.56	3482.99	19611.16	15	124.97 B		
Bloques+Error	15	333.55	1828.21	13024.06	14	76.92 C		

[a] 238.67-69.90 = 168.77 [b] 124.97 - 69.90 = 55.07 [c] 76.92-69.90 = 7.02

A=238.67-1311.75²/10195.46 = 69.90
B=743.56-3482.99²/19611.16 = 124.97
C=333.55-1828.21²/13024.06 = 76.92

Escaneado con CamScanner

El Análisis de Covariancia, a través del ajuste del Cuadrado Medio de tratamientos, en este caso, ha demostrado no significación sobre la diferencia entre tratamientos, los cuales han sido evaluados con alta significación en el Análisis de Variancia:

$$F = \frac{504.89 / 4}{238.67 / 12} = 6.35^{**} \quad (p=0.0055)$$

La F no significativa para medias ajustadas ($F=2.17^{NS}$) demuestra que no existen diferencias verdaderas entre las medias de tratamientos para Y cuando se ajustan por X. Esto prueba que las diferencias entre las medias no ajustadas reflejan, en gran medida, diferencias en el consumo y no precisamente por efecto de las dietas solamente, es decir, a un consumo de alimento común. Si se hubiera detectado significación para las medias ajustadas por covariancia, entonces se habría concluido que las diferencias entre los tratamientos son reales.

15.2 Procedimiento de ajuste de medias de tratamientos

Para este propósito se usa la siguiente fórmula:

$$\hat{\bar{Y}}_{i.} = \bar{Y}_{i.} - b_{yx}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}) \qquad (15.2)$$

Donde,

b_{yx} = coeficiente de regresión del error

A continuación, en el siguiente cuadro se observa el ajuste de las medias del ejemplo anterior:

Cuadro 15.4 Ajuste de medias de tratamientos

TRAT.	$\bar{Y}_{i.}$	$\bar{X}_{i.}$	$\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}$	$b_{yx}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})$	$\hat{\bar{Y}}_{i.} = \bar{Y}_{i.} - b_{yx}(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})$
1	28.62	350.23	- 6.37	- 0.83	29.45
2	39.03	396.13	39.53	5.14	33.89
3	23.48	329.58	- 27.02	- 3.51	26.99
4	29.53	352.55	- 4.05	- 0.53	30.06
5	30.53	354.53	- 2.07	- 0.27	30.80
$\bar{X}_{..} = 356.6$			$b = \frac{SP_{xy,error}}{SC_{x,error}} = \frac{1311.75}{10195.46} = 0.1287$		

Los **errores estándar** de la diferencia entre **dos medias de tratamiento ajustadas,** con igual tamaño y diferente tamaño muestral, respectivamente, son determinados por:

$$S_{\hat{\bar{d}}} = S_{yx}\sqrt{\frac{2}{r} + \frac{(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{i'.})^2}{SC_{x,error}}} \qquad (15.3)$$

$$S_{\hat{\bar{d}}} = S_{yx}\sqrt{\frac{1}{r_{i.}} + \frac{1}{r_{i'.}} + \frac{(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{i'.})^2}{SC_{x,error}}} \qquad (15.4)$$

Donde,

$$S_{yx} = \sqrt{CM_{error,\,ajustado}}$$

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 15 Análisis de Covariancia

EJERCICIO 1. (STEEL/TORRIE, 1988, pág. 402) En un experimento, diseñado en bloques completos al azar con 5 repeticiones, se compararon 11 variedades de haba en cuanto al contenido de ácido ascórbico (en miligramos por 100 g de materia seca). Según conocimientos previos se sabía que este contenido estaba influenciado por el grado de madurez, por lo que se consideró este factor como la covariable y fue determinada como porcentaje de materia seca en 100 g de habas recién cosechadas. Esta covariable fue considerada debido a que no todas las plantas presentaban el mismo grado de madurez al momento de la cosecha. Los datos se presentan en el siguiente cuadro:

Cuadro 15.5 Contenidos de ácido ascórbico (Y) y porcentaje de materia seca (X)

	REPETICIONES									
	1		2		3		4		5	
Variedad	X	Y	X	Y	X	Y	X	Y	X	Y
1	34.0	93.0	33.4	94.8	34.7	91.7	38.9	80.8	36.1	80.2
2	39.6	47.3	39.8	51.5	51.2	33.3	52.0	27.2	56.2	20.6
3	31.7	81.4	30.1	109.0	33.8	71.6	39.6	57.5	47.8	30.1
4	37.7	66.9	38.2	74.1	40.3	64.7	39.4	69.3	41.3	63.2
5	24.9	119.5	24.0	128.5	24.9	125.6	23.5	129.0	25.1	126.2
6	30.3	106.6	29.1	111.4	31.7	99.0	28.3	126.1	34.2	95.6
7	32.7	106.1	33.8	107.2	34.8	97.5	35.4	86.0	37.8	88.8
8	34.5	61.5	31.5	83.4	31.1	93.9	36.1	69.0	38.5	46.9
9	31.4	80.5	30.5	106.5	34.6	76.7	30.9	91.8	36.8	68.2
10	21.2	149.2	25.3	151.6	23.5	170.1	24.8	155.2	24.6	146.1
11	30.8	78.7	26.4	116.9	33.2	71.8	33.5	70.3	43.8	40.9

Realizar:

a) ANOVA en DBCA
b) ANCOVA en DBCA
c) Comparar los resultados de los literales a y b
d) Conclusiones técnicas

Escaneado con CamScanner

CAPÍTULO 16

DISEÑOS EN BLOQUES INCOMPLETOS

16.1 INTRODUCCIÓN

Ciertos experimentos proyectados para ser conducidos a través de diseños de bloques al azar, tienen el inconveniente de que no es posible aplicar todas las combinaciones de tratamientos en cada bloque, debido a la escasez de equipos o facilidades experimentales o por el tamaño físico del bloque. En tales circunstancias se recurre a los *diseños de bloques al azar incompletos* o bien a los *cuadrados cuasi latinos*, los cuales se basan en arreglos en bloques o grupos que son más pequeños que una repetición completa. Pueden ser *balanceados* o *parcialmente balanceados.*

16.2 DISEÑOS BALANCEADOS DE BLOQUES INCOMPLETOS

Los tratamientos combinados a ser aplicados en cada bloque deberían ser seleccionados de una manera balanceada, esto es, que cualquier par de tratamientos ocurran juntos el mismo número de veces como cualquier otro par. Suponga que hay t tratamientos, y que cada bloque puede contener k ($k<t$) tratamientos. Un *diseño balanceado de bloques incompletos* puede ser construido para escoger $\binom{t}{k}$ bloques y asignar una diferente combinación de tratamientos a cada bloque. Frecuentemente, sin embargo, el balance puede ser obtenido con menos que $\binom{t}{k}$ bloques. Tablas de diseños balanceados de bloques incompletos han sido construidas por Fisher y Yates (1953), Davies (1956) y Cochran y Cox (1957) (Martínez, 1988). Un catálogo de estos diseños se encuentra en la siguiente dirección electrónica: http://home.hccnet.nl/kees.duineveld/xbibd/bib.html

Considérese el diseño del cuadro 16.1, puede observarse que cada par de tratamientos ocurre sólo una vez dentro de uno de los bloques. Así, el par de tratamientos 2 y 3 ocurre una sola vez en un bloque y aparece en tres bloques al igual que cualquier otro par.

Cuadro 16.1 Diseño balanceado para 5 tratamientos en bloques de 4 unidades.

Bloque	Combinación de tratamientos			
(1)	2	3	4	5
(2)	1	2	4	5
(3)	1	3	4	5
(4)	1	2	3	4
(5)	1	2	3	5

16.2.1 Análisis estadístico

Se supone que hay t tratamientos y b bloques. Además, asumimos que cada bloque contiene k tratamientos, que cada tratamiento ocurre r veces en el diseño (o es replicado r veces) y que hay $N=tr=bk$ observaciones totales. Adicionalmente, el número de veces que cada par de tratamientos aparecen juntos en el mismo bloque es,

$$\lambda = \frac{r(k-1)}{t-1} \qquad (16.1)$$

Si $t=b$, el diseño es simétrico.

Escaneado con CamScanner

El modelo estadístico del diseño balanceado de bloques incompletos es,

$$y_{ij} = \mu + T_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

En donde la variabilidad total es particionada de la siguiente manera:

$$SC_{TOTAL} = SC_{Tratamientos(ajustados)} + SC_{Bloques} + SC_E$$

Según este modelo, el esquema del ANOVA de un diseño balanceado de bloques incompletos es el siguiente:

Cuadro 16.2 Esquema de ANOVA

Fuentes	gl	Suma de Cuadrados
Total	N-1	$\sum_i \sum_j y_{ij}^2 - FC$
Bloques	b-1	$\frac{1}{k}\sum_{j=1}^{b} Y_{.j}^2 - FC$
Tratamientos (ajustados)	t-1	$\frac{k}{\lambda t}\sum_{i=1}^{t} Q_i^2$
Error	N-t-b+1 o por dif.	diferencia

Donde,

$FC = Y_{..}^2 / N$

$Q_i = Y_{i.} - \frac{1}{k}\sum_{j=1}^{b} Y_{.j}$ = Total ajustado del i-ésimo tratamiento

$Y_{.j}$ = Total de los bloques que contienen el i-ésimo tratamiento

Ejemplo 16.1 Considere los datos del cuadro 16.3 para un experimento hipotético con un diseño balanceado de bloques incompletos. Sus parámetros son: t=5, b=5, k=4, r=4, $\lambda = 3$ y N=20.

Cuadro 16.3 Datos hipotéticos de un experimento en diseño balanceado de bloques incompletos

	Bloques					
Tratamiento	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	$Y_{i.}$
1	--	26	21	20	18	85
2	21	21	--	20	15	77
3	18	--	20	18	14	70
4	20	17	17	18	--	72
5	17	18	15	--	12	62
$Y_{.j}$	76	82	73	76	59	$Y_{..}$=366

Cálculos:

1. $FC = 366^2 / 20 = 6697.8$
2. $SC_{TOTAL} = (26^2 + 21^2 + 20^2 + \ldots + 12^2) - 6697.8 = 6876 - 6697.8 = 178.2$
3. $SC_{Bloques} = \frac{76^2 + 82^2 + 73^2 + 76^2 + 59^2}{4} - 6697.8 = 6771.5 - 6697.8 = 73.7$
4. $SC_{Trat.(ajustados)} = \frac{4(12.5^2 + 3.75^2 + 1^2 + 4.75^2 + 10.5^2)}{3(5)} = 81.1$

Escaneado con CamScanner

$$Q_1 = 85 - \frac{1}{4}(82 + 73 + 76 + 59) = 50/4 = 12.5$$

$$Q_2 = 77 - \frac{1}{4}(76 + 82 + 76 + 59) = 15/4 = 3.75$$

$$Q_3 = 70 - \frac{1}{4}(76 + 73 + 76 + 59) = -4/4 = -1$$

$$Q_4 = 72 - \frac{1}{4}(76 + 82 + 73 + 76) = -19/4 = -4.75$$

$$Q_5 = 62 - \frac{1}{4}(76 + 82 + 73 + 59) = -42/4 = -10.5$$

5. $SC_{Error} = 178.2 - 73.7 - 81.1 = 23.4$

Cuadro 16.4 ANOVA

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	F Calculada	F Crítica 0.05	F Crítica 0.01	Sig.
Total	19	178.2					
Bloques	4	73.7	18.425				
Trat.(ajustados por bloques)	4	81.1	20.275	9.531**	3.36	5.67	.0014
Error	11	23.4	2.127				

El análisis de variancia presentado en el cuadro 15.4 demuestra que existen diferencias altamente significativas entre los tratamientos ensayados.

En caso de requerirse *comparaciones ortogonales*, los contrastes deben ser realizados sobre los totales ajustados de tratamientos (Q_i) antes que sobre los Y_i. La Suma de Cuadrados del contraste es,

$$SC = \frac{k\left(\sum_{i=1}^{t} c_i Q_i\right)^2}{\lambda t \sum_{i=1}^{t} c_i^2} \qquad (16.2)$$

Donde,

c_i =coeficientes de las comparaciones ortogonales

Las pruebas de significación, por su lado, se realizan sobre las medias de tratamientos ajustados, las cuales son estimadas por,

$$\hat{t}_i = \frac{k}{\lambda t} Q_i \qquad (16.3)$$

Cuyo error estándar de los tratamientos ajustados es,

$$S_{\hat{t}_i} = \sqrt{\frac{k}{\lambda t} CM_E} \qquad (16.4)$$

Si queremos realizar la prueba de Tukey al 0.05 para los datos del ejemplo 15.1, obtenemos las medias ajustadas de los tratamientos, con lo cual se realiza la matriz de diferencias (cuadro 15.5) y se procede de manera habitual, de la siguiente forma:

Escaneado con CamScanner

Cuadro 16.5 Cálculo de las medias ajustadas y matriz de diferencias

		50/15	15/15	-4/15	-19/15	-42/15
$\hat{t}_1 = (4/15)(50/4) =$	50/15	----				
$\hat{t}_2 = (4/15)(15/4) =$	15/15	35/15	----			
$\hat{t}_3 = (4/15)(-1) =$	−4/15	54/15*	19/15	----		
$\hat{t}_4 = (4/15)(-19/4) =$	−19/15	69/15*	34/15	15/15	----	
$\hat{t}_5 = (4/15)(-42/4) =$	−42/15	92/15*	57/15*	38/15	23/15	----

$$Tukey_{0.05(5,11)} = 4.58\sqrt{\frac{4}{15}(2.127)} = 3.45$$

Con esta información se obtiene la siguiente estructura de rangos de tratamientos:

$\hat{t}_1$	a		
$\hat{t}_2$	a	b	
$\hat{t}_3$		b	c
$\hat{t}_4$		b	c
$\hat{t}_5$			c

Cuando se requiere conocer el efecto de los bloques, la suma de cuadrados totales es particionada de la siguiente manera:

$$SC_{TOTAL} = SC_{Bloques(ajustados)} + SC_{Tratamientos} + SC_E$$

Si el diseño es simétrico, es decir si $t=b$, los totales de bloques son ajustados como sigue:

$$Q'_j = Y_{.j} - \frac{1}{r}\sum_{i=1}^{t} Y_{i.} \quad \{j = 1,2,\ldots,b \qquad (16.5)$$

Donde, $Y_{i.}$ = total del tratamiento i que contiene el bloque j

Ahora,

$$SC_{Bloques(ajustados)} = \frac{r\sum_{j=1}^{b}\left(Q'_j\right)^2}{\lambda b} \qquad (16.6)$$

Para el ejemplo 16.1 los cálculos son:

$$Q'_1 = 76 - \frac{1}{4}(77 + 70 + 72 + 62) = 23/4$$

$$Q'_2 = 82 - \frac{1}{4}(85 + 77 + 72 + 62) = 32/4$$

$$Q'_3 = 73 - \frac{1}{4}(85 + 70 + 72 + 62) = 3/4$$

$$Q'_4 = 76 - \frac{1}{4}(85 + 77 + 70 + 72) = 0$$

$$Q'_5 = 59 - \frac{1}{4}(85 + 77 + 70 + 62) = -58/4$$

Escaneado con CamScanner

$$SC_{Bloques\,(ajustados)} = \frac{4\left((23/4)^2 + (32/4)^2 + (3/4)^2 + (0)^2 + (-58/4)^2\right)}{3(5)} = 82.1$$

$$SC_{Tratamientos} = \frac{85^2 + 77^2 + 70^2 + 72^2 + 62^2}{4} - \frac{366^2}{20} = 72.7$$

Puesto que los tratamientos y bloques no son ortogonales, las sumas de cuadrados ajustados no son aditivas, es decir,

$$SC_{TOTAL} \neq SC_{Bloques(ajustados)} + SC_{Tratamientos(ajustados)} + SC_E$$

En resumen, el ANOVA para el diseño balanceado simétrico de bloques incompletos es el siguiente:

Cuadro 16.6 ANOVA para el ejemplo 16.1, incluyendo tanto tratamientos como bloques

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	F Calculada	F Crítica 0.05	F Crítica 0.01	Sig.
Total	19	178.2					
Bloques (no ajustados)	4	73.7					
Bloques (ajustados)	4	82.1	20.525	9.65**	3.36	5.67	.0013
Trat.(no ajustados)	4	72.7					
Trat. (ajustados)	4	81.1	20.275	9.53**	3.36	5.67	.0014
Error	11	23.4	2.127				

16.3 RECUPERACIÓN DE LA INFORMACIÓN INTERBLOQUE

El análisis del diseño balanceado de bloques incompletos presentado en la sección 16.2 se llama usualmente análisis *intrabloque*, debido a que las diferencias entre bloques son eliminadas y todos los contrastes en el efecto de los tratamientos pueden ser expresados como comparaciones entre observaciones en el mismo bloque. Yates (1940) anota que para bloques aleatorios puede obtenerse información adicional sobre el efecto de los tratamientos, a cuyo método llama análisis *interbloque*.

Según este método los efectos de los tratamientos t_i son estimados por,

$$\tilde{t}_i = \frac{\sum_{j=1}^{b} Y_{.j} - kr\bar{Y}_{..}}{r - \lambda} \quad \{1, 2, \ldots, t \qquad (16.7)$$

Donde,

$\sum Y_{.j}$ = es la suma de los totales de los bloques que contienen el tratamiento *i*.

Para los datos del ejemplo 16.1 los estimadores *interbloque* son:

$$\tilde{t}_1 = [290 - 4(4)(22.875)]/(4-3) = -76$$
$$\tilde{t}_2 = [293 - 4(4)(22.875)]/(4-3) = -73$$
$$\tilde{t}_3 = [284 - 4(4)(22.875)]/(4-3) = -82$$
$$\tilde{t}_4 = [307 - 4(4)(22.875)]/(4-3) = -59$$
$$\tilde{t}_5 = [290 - 4(4)(22.875)]/(4-3) = -76$$

Finalmente, también podemos combinar los estimadores interbloque e intrabloque para obtener un solo estimador insesgado de variancia mínima para cada t_i. Los modelos que se han propuesto son:

Escaneado con CamScanner

$$t_i^* = \begin{cases} \dfrac{kQ_i\left(\hat{\sigma}^2 + k\hat{\sigma}_\beta^2\right) + \left(\sum_{j=1}^{h} Y_{.j} - kr\bar{Y}..\right)\hat{\sigma}^2}{(r-\lambda)\hat{\sigma}^2 + \lambda t\left(\hat{\sigma}^2 + k\hat{\sigma}_\beta^2\right)}, & \hat{\sigma}_\beta^2 > 0 \qquad (16.8a) \\ \dfrac{Y_{i.} - (1/t)Y..}{r}, & \hat{\sigma}_\beta^2 = 0 \qquad (16.8b) \end{cases}$$

Donde,

$\hat{\sigma}^2 = CM_E$

$\sum_{j=1}^{h} Y_{.j}$ = Suma de los totales de los bloques que contienen al tratamiento *i*.

σ_β^2 es estimada a partir del cuadrado medio de bloques ajustados por tratamientos: Siendo el valor esperado del cuadrado medio de bloques ajustados por tratamientos,

$$E\left[CM_{Bloques(ajustados)}\right] = \sigma^2 + \frac{t(r-1)}{b-1}\sigma_\beta^2 \qquad (16.9)$$

Ahora despejamos σ_β^2: si $CM_{Bloques(ajustados)} > CM_E$, el estimador $\hat{\sigma}_\beta^2$ es,

$$\hat{\sigma}_\beta^2 = \frac{\left[CM_{Bloques(ajustados)} - CM_E\right](b-1)}{t(r-1)} \qquad (16.10)$$

y si $CM_{Bloques(ajustados)} \leq CM_E$, hacemos $\hat{\sigma}_\beta^2 = 0$

De esta manera, para los estimadores combinados de t_i del ejemplo 16.1, $\hat{\sigma}^2 = CM_E = 2.127$ y $CM_{Bloques(ajustados)} = 20.525$. Puesto que $CM_{Bloques(ajustados)} > CM_E$, debemos usar la Eq. (16.10) para estimar σ_β^2:

$$\hat{\sigma}_\beta^2 = \frac{(20.525 - 2.127)(4)}{5(4-1)} = 4.91$$

Ahora, sustituimos $\hat{\sigma}^2 = 2.127$ y $\hat{\sigma}_\beta^2 = 4.91$ en la Eq. (16.8*a*) para obtener los estimadores combinados listados en el cuadro siguiente:

Cuadro 16.7 Estimadores de los tratamientos del ejemplo16.1

Parámetro	Estimador intrabloque	Estimador interbloque	Estimador combinado
t1	3.33	-76	2.82 *
t2	1.00	-73	0.52
t3	-0.27	-82	-0.80
t4	-1.27	-59	-1.64
t5	-2.80	-76	-3.27

* $\dfrac{4(12.5)\left(2.127 + 4(4.91)\right) + \left(290 - 4(4)(22.875)\right)2.127}{(4-3)2.127 + 3(5)\left(2.127 + 4(4.91)\right)} = 2.82$

16.4 DISEÑO PARCIALMENTE BALANCEADO DE BLOQUES INCOMPLETOS

En ocasiones no es posible ensayar, en un diseño balanceado de bloques incompletos, todas las combinaciones de parámetros, dada la restricción de λ que exige sea un entero. Esto puede forzar a que el número de bloques o el tamaño del bloque sea excesivamente grande. En estos casos, el

Escaneado con CamScanner

experimentador puede emplear un *diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos*, en los cuales algunos pares de tratamientos aparecen juntos λ_1 veces, otros aparecen λ_2 veces y así sucesivamente el resto de pares pueden aparecer juntos λ_m veces. El par de tratamientos que aparecen juntos λ_i veces es llamado la *i-ésima asociación*. De esta manera, el diseño es nombrado por el número de *m clases de asociaciones* que contiene.

En el cuadro 16.8 se presenta un diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos (Martínez A. 1998, pág. 484). Algunos tratamientos aparecen juntos λ_1=1 vez (ej. los tratamientos 1 y 2 en el bloque 1), mientras que otros no aparecen juntos, λ_2 =0 veces (ej. los tratamientos 3 y 4). Así, el diseño tiene dos clases asociadas. Los diseños con dos clases asociadas son los más simples y de mayor uso, dentro de sus limitaciones y complejidad del análisis estadístico.

Un diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos con dos clases asociadas es descrito por los siguientes parámetros:

1. Hay t tratamientos arreglados en b bloques. Cada bloque contiene k unidades experimentales y cada tratamiento aparece en r bloques
2. Dos tratamientos i-ésimos asociados aparecen juntos en λ_i bloques, i=1,2
3. Cada tratamiento tiene exactamente n_i i-ésimos asociados, i=1,2. El número n_i es independiente del tratamiento elegido
4. Si dos tratamientos son i-ésimo asociados, el número de tratamientos que son j-ésimo asociados del un tratamiento y k-ésimo asociados del segundo tratamiento es P^i_{jk}, (i,j,k=1,2). Puede escribirse el P^i_{jk} como matrices (2x2)

Para el diseño del cuadro 16.8 podemos verificar que t=9, b=6, r=2, k=3. También puede observarse que en relación con un tratamiento, por ejemplo con el 1, los demás pueden agruparse en dos grupos: n_1=4 (2, 3, 4, 7) y n_2=4 (5, 6, 8, 9). El tratamiento 1 aparece junto, en los bloques 1 y 4, con los tratamientos del grupo 1 (primeros asociados), mientras que no aparece junto con los tratamientos del grupo 2 (segundos asociados). En el cuadro 16.9 se presenta los primeros y segundos asociados para todos los tratamientos del diseño del cuadro 16.8.

Cuadro 16.8 Un diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos con dos clases asociadas

Bloque	Combinación de tratamientos			Bloque	Combinación de tratamientos		
1	1	2	3	4	1	4	7
2	4	5	6	5	2	5	8
3	7	8	9	6	3	6	9

Para determinar los P^i_{jk}, según la asociación de tratamientos del cuadro 16.9, vamos a encontrar los elementos de las matrices. Si consideramos dos tratamientos cualesquiera que sean primeros asociados, por ejemplo el 1 y el 2, puede verse que el número de tratamientos comunes en el conjunto de los primeros asociados de 1 y primeros asociados de 2, es 1 (el tratamiento 3), por tanto p^1_{11}=1. Ahora el p^1_{12} corresponde al número de tratamientos comunes en el conjunto de los primeros asociados de 1 y segundos asociados de 2, en este caso p^1_{12}=2, que corresponden a los tratamientos comunes 4 y 7. El elemento p^1_{21} es el número de tratamientos comunes en el conjunto de los segundos asociados de 1 y primeros asociados de 2, por tanto p^1_{21}=2, los tratamientos comunes son el 5 y el 8. El cuarto elemento p^1_{22} corresponde al número de tratamientos comunes en

Escaneado con CamScanner

el conjunto de los segundos asociados de 1 y segundos asociados de 2, en donde se encuentra que $p_{22}^{1}=2$, los tratamientos comunes para encontrar este último elemento de la matriz son el 6 y el 9. La matriz generada con estos elementos, que es la misma si se utilizara cualquier otro par de tratamientos que sean primeros asociados, es:

$$P_{jk}^{1}=\begin{pmatrix} p_{11}^{1} & p_{12}^{1} \\ p_{21}^{1} & p_{22}^{1} \end{pmatrix}=\begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 2 & 2 \end{pmatrix}$$

De igual manera podemos obtener la segunda matriz, partiendo de dos tratamientos cualesquiera que sean segundo asociados, por ejemplo, los tratamientos 2 y 4:

$$P_{jk}^{2}=\begin{pmatrix} p_{11}^{2} & p_{12}^{2} \\ p_{21}^{2} & p_{22}^{2} \end{pmatrix}=\begin{pmatrix} 2 & 2 \\ 2 & 1 \end{pmatrix}$$

Cuadro 16.9 Asociación de tratamientos del diseño parcialmente balanceado del cuadro 16.8

Tratamiento	Primeros asociados	Segundos asociados
1	2, 3, 4, 7	5, 6, 8, 9
2	1, 3, 5, 8	4, 6, 7, 9
3	1, 2, 6, 9	4, 5, 7, 8
4	1, 5, 6, 7	2, 3, 8, 9
5	2, 4, 6, 8	1, 3, 7, 9
6	3, 4, 5, 9	1, 2, 7, 8
7	1, 4, 8, 9	2, 3, 5, 6
8	2, 5, 7, 9	1, 3, 4, 6
9	3, 6, 7, 8	1, 2, 4, 5

En los catálogos de estos diseños se dan los parámetros y esquemas de asociación correspondientes a: Tipo I. *Divisible en grupos*, Tipo II. *Triangular*, Tipo III. *Bloques de conexión sencilla*, Tipo IV. *Cuadrado latino*, y Tipo V. *Cíclico*.

16.4.1 Análisis estadístico

Conforme el modelo lineal general del Análisis de la Variancia, en el cuadro 16.10 se presenta el esquema del ANOVA correspondiente:

Cuadro 16.10 Esquema de ANOVA para un diseño parcialmente balanceado de bloques incompletos con dos clases asociadas

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados
Total	N-1	$\sum_{i}\sum_{j} y_{ij}^{2} - FC$
Bloques	b-1	$\frac{1}{k}\sum_{j=1}^{b} Y_{.j}^{2} - FC$
Tratamientos (ajustados)	t-1	$\sum_{i=1}^{t} \hat{t}_i Q_i$
Error	N-t-b+1 o por dif.	diferencia

Donde,

Escaneado con CamScanner

$$N = bk$$

$$FC = Y_{..}^2 / N$$

$$Q_i = Y_{i.} - \frac{1}{k}\sum_{j=1}^{b} Y_{.j} = \text{Total ajustado para el i-ésimo tratamiento} \qquad (16.11)$$

$Y_{.j}$ = Total de los bloques que contienen el i-ésimo tratamiento

$$\hat{t}_i = \frac{1}{r(k-1)}\left[(k-c_2)Q_i + (c_1-c_2)S_1(Q_i)\right] \qquad (16.12)$$

= medias de tratamientos ajustados por efectos de bloque

$$c_1 = \frac{1}{k\Delta}\left[\lambda_1(rk-r+\lambda_2) + (\lambda_1-\lambda_2)(\lambda_2 p_{12}^1 - \lambda_1 p_{12}^2)\right] \qquad (16.13)$$

$$c_2 = \frac{1}{k\Delta}\left[\lambda_2(rk-r+\lambda_1) + (\lambda_1-\lambda_2)(\lambda_2 p_{12}^1 - \lambda_1 p_{12}^2)\right] \qquad (16.14)$$

$$\Delta = \frac{1}{k^2}\left\{(rk-r+\lambda_1)(rk-r+\lambda_2) + (\lambda_1-\lambda_2)\left[r(k-1)(p_{12}^1 - p_{12}^2) + \lambda_2 p_{12}^1 - \lambda_1 p_{12}^2\right]\right\} \qquad (16.15)$$

$S_1(Q_i)$ = Suma de los Q_i de los primeros asociados del tratamiento *i*.

La variancia de la estimación intrabloque de la diferencia entre dos efectos de tratamientos es,

$$V\left(\hat{t}_U - \hat{t}_V\right) = \frac{2\sigma^2}{r}\left(\frac{k-c_i}{k-1}\right) \qquad (16.16)$$

Donde, los tratamientos U y V son i-ésimos asociados (i=1, 2).

Aquí sólo hemos presentado el análisis intrabloque de los diseños parcialmente balanceados de bloques incompletos con dos clases asociadas. Para el análisis interbloque consultar Cochran y Cox (1971)

16.5 CUADRADOS DE YOUDEN

Estos son *diseños en Cuadrado Latino incompletos*, en los cuales el número de columnas no es igual al número de filas y tratamientos. Si bien es cierto que un *Cuadrado de Youden* es un Cuadrado Latino incompleto (con al menos una columna, o una fila o una diagonal faltante) no es menos cierto que no todo Cuadrado Latino con más de una columna (o fila o diagonal) faltante es un Cuadrado de Youden, pues debe mantenerse el balance. En general, un Cuadrado de Youden es un *diseño balanceado de bloques incompletos simétrico*, en el cual las filas corresponden a bloques y cada tratamiento ocurre exactamente una vez en cada columna o *posición* del bloque, por tanto, las posiciones son ortogonales a bloques y tratamientos, cuyo modelo lineal es,

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + T_k + \varepsilon_{ijk} \qquad (16.17)$$

Donde,

μ = media general

α_i = efecto del i-ésimo bloque

β_j = efecto de la j-ésima posición

T_k = efecto del k-ésimo tratamiento

ε_{ijk} = término del error.

Escaneado con CamScanner

El análisis estadístico del Cuadrado de Youden es similar al análisis del diseño balanceado de bloques incompletos, pero además se calcula la Suma de Cuadrados entre posiciones.

Ejemplo 16.2. Con los datos (hipotéticos. Montgomery D., 1984, pág. 186) del cuadro 16.11 realizar el análisis del Cuadrado de Youden correspondiente.

Cuadro 16.11 Datos para el análisis de un Cuadrado de Youden

Bloques	Posición				Totales Yi..
	1	2	3	4	
1	A = 2	B = 9	C = 0	D = 14	25
2	B = 6	A = 5	E = 5	C = 3	19
3	C = 1	D = 9	A = 0	E = 7	17
4	D = 8	E = 8	B = 10	A = 4	30
5	E = 7	C = 6	D = 11	B = 10	34
Totales Y..j	24	37	26	38	Y... =125

Totales de tratamientos				
Y.1. (A)	Y.2. (B)	Y.3. (C)	Y.4. (D)	Y.5. (E)
11	35	10	42	27

Podemos ver que este diseño cumple con los parámetros de un diseño balanceado de bloques incompletos simétrico: $t = b = 5$, $r = k = 4$, y $\lambda = 3$ (número de veces que cada par de tratamientos aparecen juntos en el mismo bloque).

Cálculos:

1. $FC = 125^2 / 20 = 781.25$
2. $SC_{TOTAL} = (2^2 + 9^2 + 0^2 + ... + 10^2) - 781.25 = 1057 - 781.25 = 275.75$
3. $SC_{Bloques} = \dfrac{25^2 + 19^2 + 17^2 + 30^2 + 34^2}{4} - 781.25 = 832.75 - 781.25 = 51.5$
4. $SC_{Posiciones} = \dfrac{24^2 + 37^2 + 26^2 + 38^2}{5} - 781.25 = 813.0 - 781.25 = 31.75$
5. $SC_{Trat.(ajustados)} = \dfrac{4(11.75^2 + 8.0^2 + 13.75^2 + 15.5^2 + 2.0^2)}{3(5)} = 169.43$

$$Q_1 = 11 - \frac{1}{4}(25 + 19 + 17 + 30) = -11.75$$

$$Q_2 = 35 - \frac{1}{4}(25 + 19 + 30 + 34) = 8.0$$

$$Q_3 = 10 - \frac{1}{4}(25 + 19 + 17 + 34) = -13.75$$

$$Q_4 = 42 - \frac{1}{4}(25 + 17 + 30 + 34) = 15.5$$

$$Q_5 = 27 - \frac{1}{4}(19 + 17 + 30 + 34) = 2.0$$

6. $SC_{Error} = 275.75 - 51.5 - 31.75 - 169.43 = 23.07$
7. $SC_{Bloques.(ajustados)} = \dfrac{4(0.5^2 + 1.75^2 + 5.5^2 + 1.25^2 + 5.5^2)}{3(5)} = 17.43$

Escaneado con CamScanner

$$Q_1' = 25 - \frac{1}{4}(11 + 35 + 10 + 42) = 0.5$$

$$Q_2' = 19 - \frac{1}{4}(11 + 35 + 10 + 27) = -1.75$$

$$Q_3' = 17 - \frac{1}{4}(11 + 10 + 42 + 27) = -5.5$$

$$Q_4' = 30 - \frac{1}{4}(11 + 35 + 42 + 27) = 1.25$$

$$Q_5' = 34 - \frac{1}{4}(35 + 10 + 42 + 27) = 5.5$$

Cuadro 16.12 ANOVA para el ejemplo 16.2

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	F Calculada	F Crítica 0.05	F Crítica 0.01	Sig.
Total	19	275.75					
Bloques (no ajustados)	4	51.5					
Bloques (ajustados)	(4)	(17.43)	4.358	1.51^{NS}	3.84	7.01	.2868
Posiciones	3	31.75	10.583				
Trat. (ajustados)	4	169.43	42.358	14.69**	3.84	7.01	.0009
Error	8	23.07	2.884				

16.6 DISEÑO DE LÁTICES

Cuando un diseño balanceado de bloques incompletos con k^2 tratamientos es arreglado en $b=k(k+1)$ bloques con k unidades por bloque y $r=k+1$ repeticiones, es llamado *Látice balanceado*. En el siguiente cuadro se presenta un diseño de Látice balanceado con $k^2=9$ tratamientos arreglados en 12 bloques con tres unidades experimentales cada uno y con cuatro repeticiones (Cochran y Cox, 1971. pág. 417):

Cuadro 16.13 Diseño de Látice balanceado 3x3

Bloque	Rep. I	Bloque	Rep. II	Bloque	Rep. III	Bloque	Rep. IV
1	1 2 3	4	1 4 7	7	1 5 9	10	1 8 6
2	4 5 6	5	2 5 8	8	7 2 6	11	4 2 9
3	7 8 9	6	3 6 9	9	4 8 3	12	7 5 3

Note que cada par de tratamientos ocurre solamente una vez en el mismo bloque, esto conlleva a que todos los pares de tratamientos sean comparados con la misma precisión aproximadamente, sobre las diferencias que pudieran existir entre bloques. El análisis de la variancia de un diseño de Látice balanceado es similar al análisis del diseño balanceado de bloques incompletos, excepto que aquí se calcula la Suma de Cuadrados de repeticiones.

El uso de los diseños de Látices se hace evidente cuando se trata de evaluar un elevado número de tratamientos, por lo que en ciertos casos, inclusive, debe recurrirse a los *diseños de Látices parcialmente balanceados*, tal como el *Látice simple*, el cual contiene 2 repeticiones para k^2 tratamientos arreglados en $2k$ bloques de k unidades experimentales cada uno. El *Látice triple* incluye k^2 tratamientos en $3k$ bloques agrupados en 3 repeticiones. El *Látice cuádruple* es diseñado para k^2 tratamientos en $4k$ bloques arreglados en 4 repeticiones.

Otros diseños de Látices son : el *Látice cúbico*, para k^3 tratamientos en k^2 bloques de k unidades experimentales; el *Látice rectangular*, incluye $k(k+1)$ tratamientos en $k+1$ bloques de tamaño k; y, el *Látice cuadrado*, se caracteriza por que incluye ensayos con k^2 tratamientos arreglados en k hileras y k columnas con k unidades experimentales cada una. Los procedimientos de los análisis estadísticos y aspectos relacionados pueden ser consultados en Cochran y Cox (1971) y en Martínez A. (1988).

Escaneado con CamScanner

APÉNDICE DE

TABLAS

TABLA 1. Puntos de porcentaje de la distribución de t 144

TABLA 2. Puntos de la distribución de F 145

TABLA 3. Valores de $Q_{(\alpha,p,\phi)}$ de DUNCAN 149

TABLA 4. Puntos porcentuales de la amplitud estudentizada Qp 150

TABLA 5. Valores de Dunnett para comparaciones de dos colas 152

TABLA 6. Coeficientes de polinomios ortogonales 153

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
POTENTIOR EST
FUNDADA EN 1620
QUITO

Escaneado con CamScanner

TABLA 1. Puntos de porcentaje de la distribución t

υ \ α	.25	.20	.15	.10	.05	.025	.01	.005	.0005
1	1.000	1.376	1.963	3.078	6.314	12.706	31.821	63.657	636.619
2	.816	1.061	1.386	1.886	2.920	4.303	6.965	9.925	31.598
3	.765	.978	1.250	1.638	2.353	3.182	4.541	5.841	12.941
4	.741	.941	1.190	1.533	2.132	2.776	3.747	4.604	8.610
5	.727	.920	1.156	1.476	2.015	2.571	3.365	4.032	6.859
6	.718	.906	1.134	1.440	1.943	2.447	3.143	3.707	5.959
7	.711	.896	1.119	1.415	1.895	2.365	2.998	3.499	5.405
8	.706	.889	1.108	1.397	1.860	2.306	2.896	3.355	5.041
9	.703	.883	1.100	1.383	1.833	2.262	2.821	3.250	4.781
10	.700	.879	1.093	1.372	1.812	2.228	2.764	3.169	4.587
11	.697	.876	1.088	1.363	1.796	2.201	2.718	3.106	4.437
12	.695	.873	1.083	1.356	1.782	2.179	2.681	3.055	4.318
13	.694	.870	1.079	1.350	1.771	2.160	2.650	3.012	4.221
14	.692	.868	1.076	1.345	1.761	2.145	2.624	2.977	4.140
15	.691	.866	1.074	1.341	1.753	2.131	2.602	2.947	4.073
16	.690	.865	1.071	1.337	1.746	2.120	2.583	2.921	4.015
17	.689	.863	1.069	1.333	1.740	2.110	2.567	2.898	3.965
18	.688	.862	1.067	1.330	1.734	2.101	2.552	2.878	3.922
19	.688	.861	1.066	1.328	1.729	2.093	2.539	2.861	3.883
20	.687	.860	1.064	1.325	1.725	2.086	2.528	2.845	3.850
21	.686	.859	1.063	1.323	1.721	2.080	2.518	2.831	3.819
22	.686	.858	1.061	1.321	1.717	2.074	2.508	2.819	3.792
23	.685	.858	1.060	1.319	1.714	2.069	2.500	2.807	3.767
24	.685	.857	1.059	1.318	1.711	2.064	2.492	2.797	3.745
25	.684	.856	1.058	1.316	1.708	2.060	2.485	2.787	3.725
26	.684	.856	1.058	1.315	1.706	2.056	2.479	2.779	3.707
27	.684	.855	1.057	1.314	1.703	2.052	2.473	2.771	3.690
28	.683	.855	1.056	1.313	1.701	2.048	2.467	2.763	3.674
29	.683	.854	1.055	1.311	1.699	2.045	2.462	2.756	3.659
30	.683	.854	1.055	1.310	1.697	2.042	2.457	2.750	3.646
40	.681	.851	1.050	1.303	1.684	2.021	2.423	2.704	3.551
60	.679	.848	1.046	1.296	1.671	2.000	2.390	2.660	3.460
120	.677	.845	1.041	1.289	1.658	1.980	2.358	2.617	3.373
∞	.674	.842	1.036	1.282	1.645	1.960	2.326	2.576	3.291

Escaneado con CamScanner

TABLA 2. Puntos de la Distribución F, para α=0.05 y α=0.01 (en negrita)

υ_2 \ υ_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	16	20	24	30	40	50	75	100	200	500	∞
1	161 **4052**	200 **4999**	216 **5403**	225 **5625**	230 **5764**	234 **5859**	237 **5928**	239 **5981**	241 **6022**	242 **6056**	243 **6082**	244 **6106**	245 **6142**	246 **6169**	248 **6208**	249 **6234**	250 **6258**	251 **6286**	252 **6302**	253 **6323**	253 **6334**	254 **6352**	254 **6361**	254 **6366**
2	18.51 **98.49**	19.00 **99.00**	19.16 **99.17**	19.25 **99.25**	19.30 **99.30**	19.33 **99.33**	19.36 **99.34**	19.37 **99.36**	19.38 99.38	19.39 99.40	19.40 99.41	19.41 99.42	19.42 99.43	19.43 99.44	19.44 **99.45**	19.45 **99.46**	19.46 **99.47**	19.47 **99.48**	19.47 **99.48**	19.48 **99.49**	19.49 **99.49**	19.49 **99.49**	19.50 **99.50**	19.50 **99.50**
3	10.13 **34.12**	9.55 **30.82**	9.28 **29.46**	9.12 **28.71**	9.01 **28.24**	8.94 **27.91**	8.88 **27.67**	8.84 27.49	8.81 27.34	8.78 **27.23**	8.76 **27.13**	8.74 **27.05**	8.71 **26.92**	8.69 26.83	8.66 **26.69**	8.64 **26.60**	8.62 **26.50**	8.60 **26.41**	8.58 **26.35**	8.57 **26.27**	8.56 **26.23**	8.54 **26.18**	8.54 **26.14**	8.53 **26.12**
4	7.71 **21.20**	6.94 **18.00**	6.59 **16.69**	6.39 **15.98**	6.26 **15.52**	6.16 **15.21**	6.09 **14.98**	6.04 14.80	6.00 **14.66**	5.96 **14.54**	5.93 **14.45**	5.91 **14.37**	5.87 **14.24**	5.84 **14.15**	5.80 14.02	5.77 **13.93**	5.74 **13.83**	5.71 **13.74**	5.70 **13.69**	5.68 **13.61**	5.66 **13.57**	5.65 **13.52**	5.64 **13.48**	5.63 **13.46**
5	6.61 **16.26**	5.79 **13.27**	5.41 **12.06**	5.19 **11.39**	5.05 **10.97**	4.95 **10.67**	4.88 **10.45**	4.82 **10.27**	4.78 **10.15**	4.74 **10.05**	4.70 9.96	4.68 9.89	4.64 **9.77**	4.60 **9.68**	4.56 9.55	4.53 9.47	4.50 **9.38**	4.46 **9.29**	4.44 **9.24**	4.42 **9.17**	4.40 **9.13**	4.38 **9.07**	4.37 **9.04**	4.36 **9.02**
6	5.99 **13.74**	5.14 **10.92**	4.76 **9.78**	4.53 **9.15**	4.39 **8.75**	4.28 **8.47**	4.21 **8.26**	4.15 **8.10**	4.10 **7.98**	4.06 **7.87**	4.03 **7.79**	4.00 **7.72**	3.96 **7.60**	3.92 **7.52**	3.87 **7.39**	3.84 **7.31**	3.81 **7.23**	3.77 **7.14**	3.75 **7.09**	3.72 **7.02**	3.71 **6.99**	3.69 **6.94**	3.68 **6.90**	3.67 **6.88**
7	5.59 **12.25**	4.74 **9.55**	4.35 **8.45**	4.12 **7.85**	3.97 **7.46**	3.87 **7.19**	3.79 7.00	3.73 **6.84**	3.68 **6.71**	3.63 **6.62**	3.60 **6.54**	3.57 **6.47**	3.52 **6.35**	3.49 **6.27**	3.44 6.15	3.41 6.07	3.38 **5.98**	3.34 **5.90**	3.32 **5.85**	3.29 **5.78**	3.28 **5.75**	3.25 **5.70**	3.24 **5.67**	3.23 **5.65**
8	5.32 **11.26**	4.46 **8.65**	4.07 **7.59**	3.84 **7.01**	3.69 **6.63**	3.58 **6.37**	3.50 6.19	3.44 6.03	3.39 **5.91**	3.34 **5.82**	3.31 **5.74**	3.28 **5.67**	3.23 **5.56**	3.20 **5.48**	3.15 5.36	3.12 **5.28**	3.08 **5.20**	3.05 **5.11**	3.03 **5.06**	3.00 **5.00**	2.98 **4.96**	2.96 **4.91**	2.94 **4.88**	2.93 **4.86**
9	5.12 **10.56**	4.26 **8.02**	3.86 **6.99**	3.63 **6.42**	3.48 **6.06**	3.37 **5.80**	3.29 **5.62**	3.23 5.47	3.18 5.35	3.13 **5.26**	3.10 **5.18**	3.07 **5.11**	3.02 **5.00**	2.98 4.92	2.93 **4.80**	2.90 **4.73**	2.86 **4.64**	2.82 **4.56**	2.80 **4.51**	2.77 **4.45**	2.76 **4.41**	2.73 **4.36**	2.72 **4.33**	2.71 **4.31**
10	4.96 **10.04**	4.10 **7.56**	3.71 **6.55**	3.48 **5.99**	3.33 **5.64**	3.22 **5.39**	3.14 **5.21**	3.07 **5.06**	3.02 4.95	2.97 4.85	2.94 4.78	2.91 4.71	2.86 4.60	2.82 **4.52**	2.77 **4.41**	2.74 **4.33**	2.70 **4.25**	2.67 **4.17**	2.64 **4.12**	2.61 **4.05**	2.59 **4.01**	2.56 **3.96**	2.55 **3.93**	2.54 **3.91**
11	4.84 **9.65**	3.98 **7.20**	3.59 **6.22**	3.36 **5.67**	3.20 **5.32**	3.09 **5.07**	3.01 **4.88**	2.95 **4.74**	2.90 **4.63**	2.86 **4.54**	2.82 **4.46**	2.79 **4.40**	2.74 **4.29**	2.70 **4.21**	2.65 **4.10**	2.61 **4.02**	2.57 **3.94**	2.53 **3.86**	2.50 **3.80**	2.47 **3.74**	2.45 **3.70**	2.42 **3.66**	2.41 **3.62**	2.40 **3.60**
12	4.75 **9.33**	3.88 **6.93**	3.49 **5.95**	3.26 **5.41**	3.11 **5.06**	3.00 **4.82**	2.92 **4.65**	2.85 **4.50**	2.80 **4.39**	2.76 **4.30**	2.72 **4.22**	2.69 **4.16**	2.64 **4.05**	2.60 **3.98**	2.54 **3.86**	2.50 **3.78**	2.46 **3.70**	2.42 **3.61**	2.40 **3.56**	2.36 **3.49**	2.35 **3.46**	2.32 **3.41**	2.31 **3.38**	2.30 **3.36**
13	4.67 **9.07**	3.80 **6.70**	3.41 **5.74**	3.18 **5.20**	3.02 **4.86**	2.92 **4.62**	2.84 **4.44**	2.77 **4.30**	2.72 **4.19**	2.67 **4.10**	2.63 **4.02**	2.60 **3.96**	2.55 **3.85**	2.51 **3.78**	2.46 **3.67**	2.42 **3.59**	2.38 **3.51**	2.34 **3.42**	2.32 **3.37**	2.28 **3.30**	2.26 **3.27**	2.24 **3.21**	2.22 **3.18**	2.21 **3.16**

Escaneado con CamScanner

TABLA 2. Puntos de la Distribución F (continuación)

para α=0.05 y α=0.01 (en negrita)

υ_2 \ υ_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	16	20	24	30	40	50	75	100	200	500	∞
14	4.60	3.74	3.34	3.11	2.96	2.85	2.77	2.70	2.65	2.60	2.56	2.53	2.48	2.44	2.39	2.35	2.31	2.27	2.24	2.21	2.19	2.16	2.14	2.13
	8.86	**6.51**	**5.56**	**5.03**	**4.69**	**4.46**	**4.28**	**4.14**	**4.03**	**3.94**	**3.86**	**3.80**	**3.70**	**3.62**	**3.51**	**3.43**	**3.34**	**3.26**	**3.21**	**3.14**	**3.11**	**3.06**	**3.02**	**3.00**
15	4.54	3.68	3.29	3.06	2.90	2.79	2.70	2.64	2.59	2.55	2.51	2.48	2.43	2.39	2.33	2.29	2.25	2.21	2.18	2.15	2.12	2.10	2.08	2.07
	8.68	**6.36**	**5.42**	**4.89**	**4.56**	**4.32**	**4.14**	**4.00**	**3.89**	**3.80**	**3.73**	**3.67**	**3.56**	**3.48**	**3.36**	**3.29**	**3.20**	**3.12**	**3.07**	**3.00**	**2.97**	**2.92**	**2.89**	**2.87**
16	4.49	3.63	3.24	3.01	2.85	2.74	2.66	2.59	2.54	2.49	2.45	2.42	2.37	2.33	2.28	2.24	2.20	2.16	2.13	2.09	2.07	2.04	2.02	2.01
	8.53	**6.23**	**5.29**	**4.77**	**4.44**	**4.20**	**4.03**	**3.89**	**3.78**	**3.69**	**3.61**	**3.55**	**3.45**	**3.37**	**3.25**	**3.18**	**3.10**	**3.01**	**2.96**	**2.89**	**2.86**	**2.80**	**2.77**	**2.75**
17	4.45	3.59	3.20	2.96	2.81	2.70	2.62	2.55	2.50	2.45	2.41	2.38	2.33	2.29	2.23	2.19	2.15	2.11	2.08	2.04	2.02	1.99	1.97	1.96
	8.40	**6.11**	**5.18**	**4.67**	**4.34**	**4.10**	**3.93**	**3.79**	**3.68**	**3.59**	**3.52**	**3.45**	**3.35**	**3.27**	**3.16**	**3.08**	**3.00**	**2.92**	**2.86**	**2.79**	**2.76**	**2.70**	**2.67**	**2.65**
18	4.41	3.55	3.16	2.93	2.77	2.66	2.58	2.51	2.46	2.41	2.37	2.34	2.29	2.25	2.19	2.15	2.11	2.07	2.04	2.00	1.98	1.95	1.93	1.92
	8.28	**6.01**	**5.09**	**4.58**	**4.25**	**4.01**	**3.85**	**3.71**	**3.60**	**3.51**	**3.44**	**3.37**	**3.27**	**3.19**	**3.07**	**3.00**	**2.91**	**2.83**	**2.78**	**2.71**	**2.68**	**2.62**	**2.59**	**2.57**
19	4.38	3.52	3.13	2.90	2.74	2.63	2.55	2.48	2.43	2.38	2.34	2.31	2.26	2.21	2.15	2.11	2.07	2.02	2.00	1.96	1.94	1.91	1.90	1.88
	8.18	**5.93**	**5.01**	**4.50**	**4.17**	**3.94**	**3.77**	**3.63**	**3.52**	**3.43**	**3.36**	**3.30**	**3.19**	**3.12**	**3.00**	**2.92**	**2.84**	**2.76**	**2.70**	**2.63**	**2.60**	**2.54**	**2.51**	**2.49**
20	4.35	3.49	3.10	2.87	2.71	2.60	2.52	2.45	2.40	2.35	2.31	2.28	2.23	2.18	2.12	2.08	2.04	1.99	1.96	1.92	1.90	1.87	1.85	1.84
	8.10	**5.85**	**4.94**	**4.43**	**4.10**	**3.87**	**3.71**	**3.56**	**3.45**	**3.37**	**3.30**	**3.23**	**3.13**	**3.05**	**2.94**	**2.86**	**2.77**	**2.69**	**2.63**	**2.56**	**2.53**	**2.47**	**2.44**	**2.42**
21	4.32	3.47	3.07	2.84	2.68	2.57	2.49	2.42	2.37	2.32	2.28	2.25	2.20	2.15	2.09	2.05	2.00	1.96	1.93	1.89	1.87	1.84	1.82	1.81
	8.02	**5.78**	**4.87**	**4.37**	**4.04**	**3.81**	**3.65**	**3.51**	**3.40**	**3.31**	**3.24**	**3.17**	**3.07**	**2.99**	**2.88**	**2.80**	**2.72**	**2.63**	**2.58**	**2.51**	**2.47**	**2.42**	**2.38**	**2.36**
22	4.30	3.44	3.05	2.82	2.66	2.55	2.47	2.40	2.35	2.30	2.26	2.23	2.18	2.13	2.07	2.03	1.98	1.93	1.91	1.87	1.84	1.81	1.80	1.78
	7.94	**5.72**	**4.82**	**4.31**	**3.99**	**3.76**	**3.59**	**3.45**	**3.35**	**3.26**	**3.18**	**3.12**	**3.02**	**2.94**	**2.83**	**2.75**	**2.67**	**2.58**	**2.53**	**2.46**	**2.42**	**2.37**	**2.33**	**2.31**
23	4.28	3.42	3.03	2.80	2.64	2.53	2.45	2.38	2.32	2.28	2.24	2.20	2.14	2.10	2.04	2.00	1.96	1.91	1.88	1.84	1.82	1.79	1.77	1.76
	7.88	**5.66**	**4.76**	**4.26**	**3.94**	**3.71**	**3.54**	**3.41**	**3.30**	**3.21**	**3.14**	**3.07**	**2.97**	**2.89**	**2.78**	**2.70**	**2.62**	**2.53**	**2.48**	**2.41**	**2.37**	**2.32**	**2.28**	**2.26**
24	4.26	3.40	3.01	2.78	2.62	2.51	2.43	2.36	2.30	2.26	2.22	2.18	2.13	2.09	2.02	1.98	1.94	1.89	1.86	1.82	1.80	1.76	1.74	1.73
	7.82	**5.61**	**4.72**	**4.22**	**3.90**	**3.67**	**3.50**	**3.36**	**3.25**	**3.17**	**3.09**	**3.03**	**2.93**	**2.85**	**2.74**	**2.66**	**2.58**	**2.49**	**2.44**	**2.36**	**2.33**	**2.27**	**2.23**	**2.21**
25	4.24	3.38	2.99	2.76	2.60	2.49	2.41	2.34	2.28	2.24	2.20	2.16	2.11	2.06	2.00	1.96	1.92	1.87	1.84	1.80	1.77	1.74	1.72	1.71
	7.77	**5.57**	**4.68**	**4.18**	**3.86**	**3.63**	**3.46**	**3.32**	**3.21**	**3.13**	**3.05**	**2.99**	**2.89**	**2.81**	**2.70**	**2.62**	**2.54**	**2.45**	**2.40**	**2.32**	**2.29**	**2.23**	**2.19**	**2.17**
26	4.22	3.37	2.98	2.74	2.59	2.47	2.39	2.32	2.27	2.22	2.18	2.15	2.10	2.05	1.99	1.95	1.90	1.85	1.82	1.78	1.76	1.72	1.70	1.69
	7.72	**5.53**	**4.64**	**4.14**	**3.82**	**3.59**	**3.42**	**3.29**	**3.17**	**3.09**	**3.02**	**2.96**	**2.86**	**2.77**	**2.66**	**2.58**	**2.50**	**2.41**	**2.36**	**2.28**	**2.25**	**2.19**	**2.15**	**2.13**

Escaneado con CamScanner

TABLA 2. Puntos de la Distribución F (continuación)

para α=0.05 y α=0.01 (en negrita)

υ_2 \ υ_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	16	20	24	30	40	50	75	100	200	500	∞
27	4.21	3.35	2.96	2.73	2.57	2.46	2.37	2.30	2.25	2.20	2.16	2.13	2.08	2.03	1.97	1.93	1.88	1.84	1.80	1.76	1.74	1.71	1.68	1.67
	7.68	**5.49**	**4.60**	**4.11**	**3.79**	**3.56**	**3.39**	**3.26**	**3.14**	**3.06**	2.98	2.93	2.83	**2.74**	**2.63**	**2.55**	**2.47**	**2.38**	**2.33**	**2.25**	**2.21**	**2.16**	**2.12**	**2.10**
28	4.20	3.34	2.95	2.71	2.56	2.44	2.36	2.29	2.24	2.19	2.15	2.12	2.06	2.02	1.96	1.91	1.87	1.81	1.78	1.75	1.72	1.69	1.67	1.65
	7.64	**5.45**	**4.57**	**4.07**	**3.76**	**3.53**	**3.36**	**3.23**	3.11	3.03	2.95	2.90	2.80	**2.71**	**2.60**	**2.52**	**2.44**	**2.35**	**2.30**	**2.22**	**2.18**	**2.13**	**2.09**	**2.06**
29	4.18	3.33	2.93	2.70	2.54	2.43	2.35	2.28	2.22	2.18	2.14	2.10	2.05	2.00	1.94	1.90	1.85	1.80	1.77	1.73	1.71	1.68	1.65	1.64
	7.60	**5.42**	**4.54**	**4.04**	**3.73**	**3.50**	**3.33**	3.20	**3.08**	**3.00**	**2.92**	**2.87**	**2.77**	**2.68**	**2.57**	**2.49**	**2.41**	**2.32**	**2.27**	**2.19**	**2.15**	**2.10**	**2.06**	**2.03**
30	4.17	3.32	2.92	2.69	2.53	2.42	2.34	2.27	2.21	2.16	2.12	2.09	2.04	1.99	1.93	1.89	1.84	1.79	1.76	1.72	1.69	1.66	1.64	1.62
	7.56	**5.39**	**4.51**	**4.02**	**3.70**	**3.47**	**3.30**	**3.17**	**3.06**	**2.98**	**2.90**	**2.84**	**2.74**	**2.66**	**2.55**	**2.47**	**2.38**	**2.29**	**2.24**	**2.16**	**2.13**	**2.07**	**2.03**	**2.01**
32	4.15	3.30	2.90	2.67	2.51	2.40	2.32	2.25	2.19	2.14	2.10	2.07	2.02	1.97	1.91	1.86	1.82	1.76	1.74	1.69	1.67	1.64	1.61	1.59
	7.50	**5.34**	**4.46**	**3.97**	**3.66**	**3.42**	**3.25**	**3.12**	**3.01**	**2.94**	**2.86**	**2.80**	**2.70**	**2.62**	**2.51**	**2.42**	**2.34**	**2.25**	**2.20**	**2.12**	**2.08**	**2.02**	**1.98**	**1.96**
34	4.13	3.28	2.88	2.65	2.49	2.38	2.30	2.23	2.17	2.12	2.08	2.05	2.00	1.95	1.89	1.84	1.80	1.74	1.71	1.67	1.64	1.61	1.59	1.57
	7.44	**5.29**	**4.42**	**3.93**	**3.61**	**3.38**	**3.21**	**3.08**	**2.97**	**2.89**	**2.82**	**2.76**	**2.66**	**2.58**	**2.47**	**2.38**	**2.30**	**2.21**	**2.15**	**2.08**	**2.04**	**1.98**	**1.94**	**1.91**
36	4.11	3.26	2.86	2.63	2.48	2.36	2.28	2.21	2.15	2.10	2.06	2.03	1.98	1.93	1.87	1.82	1.78	1.72	1.69	1.65	1.62	1.59	1.56	1.55
	7.39	**5.25**	**4.38**	**3.89**	**3.58**	**3.35**	**3.18**	**3.04**	**2.94**	**2.86**	**2.78**	**2.72**	**2.62**	**2.54**	**2.43**	**2.35**	**2.26**	**2.17**	**2.12**	**2.04**	**2.00**	**1.94**	**1.90**	**1.87**
38	4.10	3.25	2.85	2.62	2.46	2.35	2.26	2.19	2.14	2.09	2.05	2.02	1.96	1.92	1.85	1.80	1.76	1.71	1.67	1.63	1.60	1.57	1.54	1.53
	7.35	**5.21**	**4.34**	**3.86**	**3.54**	**3.32**	**3.15**	3.02	**2.91**	**2.82**	**2.75**	**2.69**	**2.59**	**2.51**	**2.40**	**2.32**	**2.22**	**2.14**	**2.08**	**2.00**	**1.97**	**1.90**	**1.86**	**1.84**
40	4.08	3.23	2.84	2.61	2.45	2.34	2.25	2.18	2.12	2.07	2.04	2.00	1.95	1.90	1.84	1.79	1.74	1.69	1.66	1.61	1.59	1.55	1.53	1.51
	7.31	**5.18**	**4.31**	**3.83**	**3.51**	**3.29**	**3.12**	**2.99**	2.88	2.80	**2.73**	**2.66**	**2.56**	**2.49**	**2.37**	**2.29**	**2.20**	**2.11**	**2.05**	**1.97**	**1.94**	**1.88**	**1.84**	**1.81**
42	4.07	3.22	2.83	2.59	2.44	2.32	2.24	2.17	2.11	2.06	2.02	1.99	1.94	1.89	1.82	1.78	1.73	1.68	1.64	1.60	1.57	1.54	1.51	1.49
	7.27	**5.15**	**4.29**	**3.80**	**3.49**	**3.26**	**3.10**	**2.96**	**2.86**	**2.77**	2.70	2.64	2.54	**2.46**	**2.35**	**2.26**	**2.17**	**2.08**	**2.02**	**1.94**	**1.91**	**1.85**	**1.80**	**1.78**
44	4.06	3.21	2.82	2.58	2.43	2.31	2.23	2.16	2.10	2.05	2.01	1.98	1.92	1.88	1.81	1.76	1.72	1.66	1.63	1.58	1.56	1.52	1.50	1.48
	7.24	**5.12**	**4.26**	**3.78**	**3.46**	**3.24**	**3.07**	**2.94**	**2.84**	**2.75**	**2.68**	**2.62**	**2.52**	**2.44**	**2.32**	**2.24**	**2.15**	**2.06**	**2.00**	**1.92**	**1.88**	**1.82**	**1.78**	**1.75**
46	4.05	3.20	2.81	2.57	2.42	2.30	2.22	2.14	2.09	2.04	2.00	1.97	1.91	1.87	1.80	1.75	1.71	1.65	1.62	1.57	1.54	1.51	1.48	1.46
	7.21	**5.10**	**4.24**	**3.76**	**3.44**	**3.22**	**3.05**	**2.92**	**2.82**	**2.73**	**2.66**	**2.60**	**2.50**	**2.42**	**2.30**	**2.22**	**2.13**	**2.04**	**1.98**	**1.90**	**1.86**	**1.80**	**1.76**	**1.72**
48	4.04	3.19	2.80	2.56	2.41	2.30	2.21	2.14	2.08	2.03	1.99	1.96	1.90	1.86	1.79	1.74	1.70	1.64	1.61	1.56	1.53	1.50	1.47	1.45
	7.19	**5.08**	**4.22**	**3.74**	**3.42**	**3.20**	**3.04**	**2.90**	**2.80**	**2.71**	**2.64**	**2.58**	**2.48**	**2.40**	**2.28**	**2.20**	**2.11**	**2.02**	**1.96**	**1.88**	**1.84**	**1.78**	**1.73**	**1.70**

Escaneado con CamScanner

TABLA 2. Puntos de la Distribución F (continuación)

para α=0.05 y α=0.01 (en negrita)

υ_2 \ υ_1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	16	20	24	30	40	50	75	100	200	500	∞
50	4.03	3.18	2.79	2.56	2.40	2.29	2.20	2.13	2.07	2.02	1.98	1.95	1.90	1.85	1.78	1.74	1.69	1.63	1.60	1.55	1.52	1.48	1.46	1.44
	7.17	**5.06**	**4.20**	**3.72**	**3.41**	**3.18**	**3.02**	**2.88**	**2.78**	**2.70**	**2.62**	**2.56**	**2.46**	**2.39**	**2.26**	**2.18**	**2.10**	**2.00**	**1.94**	**1.86**	**1.82**	**1.76**	**1.71**	**1.68**
55	4.02	3.17	2.78	2.54	2.38	2.27	2.18	2.11	2.05	2.00	1.97	1.93	1.88	1.83	1.76	1.72	1.67	1.61	1.58	1.52	1.50	1.46	1.43	1.41
	7.12	**5.01**	**4.16**	**3.68**	**3.37**	**3.15**	**2.98**	**2.85**	2.75	2.66	2.59	2.53	**2.43**	**2.35**	**2.23**	**2.15**	**2.06**	**1.96**	**1.90**	**1.82**	**1.78**	**1.71**	**1.66**	**1.64**
60	4.00	3.15	2.76	2.52	2.37	2.25	2.17	2.10	2.04	1.99	1.95	1.92	1.86	1.81	1.75	1.70	1.65	1.59	1.56	1.50	1.48	1.44	1.41	1.39
	7.08	**4.98**	**4.13**	**3.65**	**3.34**	**3.12**	**2.95**	2.82	2.72	**2.63**	**2.56**	**2.50**	**2.40**	**2.32**	**2.20**	**2.12**	**2.03**	**1.93**	**1.87**	**1.79**	**1.74**	**1.68**	**1.63**	**1.60**
65	3.99	3.14	2.75	2.51	2.36	2.24	2.15	2.08	2.02	1.98	1.94	1.90	1.85	1.80	1.73	1.68	1.63	1.57	1.54	1.49	1.46	1.42	1.39	1.37
	7.04	**4.95**	**4.10**	**3.62**	**3.31**	**3.09**	**2.93**	2.79	**2.70**	**2.61**	**2.54**	**2.47**	**2.37**	**2.30**	**2.18**	**2.09**	**2.00**	**1.90**	**1.84**	**1.76**	**1.71**	**1.64**	**1.60**	**1.56**
70	3.98	3.13	2.74	2.50	2.35	2.23	2.14	2.07	2.01	1.97	1.93	1.89	1.84	1.79	1.72	1.67	1.62	1.56	1.53	1.47	1.45	1.40	1.37	1.35
	7.01	**4.92**	**4.08**	**3.60**	**3.29**	**3.07**	**2.91**	**2.77**	**2.67**	**2.59**	**2.51**	**2.45**	**2.35**	**2.28**	**2.15**	**2.07**	**1.98**	**1.88**	**1.82**	**1.74**	**1.69**	**1.62**	**1.56**	**1.53**
80	3.96	3.11	2.72	2.48	2.33	2.21	2.12	2.05	1.99	1.95	1.91	1.88	1.82	1.77	1.70	1.65	1.60	1.54	1.51	1.45	1.42	1.38	1.35	1.32
	6.96	**4.88**	**4.04**	**3.56**	**3.25**	**3.04**	2.87	**2.74**	**2.64**	**2.55**	**2.48**	**2.41**	**2.32**	**2.24**	**2.11**	**2.03**	**1.94**	**1.84**	**1.78**	**1.70**	**1.65**	**1.57**	**1.52**	**1.49**
100	3.94	3.09	2.70	2.46	2.30	2.19	2.10	2.03	1.97	1.92	1.88	1.85	1.79	1.75	1.68	1.63	1.57	1.51	1.48	1.42	1.39	1.34	1.30	1.28
	6.90	**4.82**	**3.98**	**3.51**	**3.20**	**2.99**	2.82	**2.69**	**2.59**	**2.51**	**2.43**	**2.36**	**2.26**	**2.19**	**2.06**	**1.98**	**1.89**	**1.79**	**1.73**	**1.64**	**1.59**	**1.51**	**1.46**	**1.43**
125	3.92	3.07	2.68	2.44	2.29	2.17	2.08	2.01	1.95	1.90	1.86	1.83	1.77	1.72	1.65	1.60	1.55	1.49	1.45	1.39	1.36	1.31	1.27	1.25
	6.84	**4.78**	**3.94**	**3.47**	**3.17**	**2.95**	**2.79**	2.65	**2.56**	**2.47**	**2.40**	**2.33**	**2.23**	**2.15**	**2.03**	**1.94**	**1.85**	**1.75**	**1.68**	**1.59**	**1.54**	**1.46**	**1.40**	**1.37**
150	3.91	3.06	2.67	2.43	2.27	2.16	2.07	2.00	1.94	1.89	1.85	1.82	1.76	1.71	1.64	1.59	1.54	1.47	1.44	1.37	1.34	1.29	1.25	1.22
	6.81	**4.75**	**3.91**	**3.44**	**3.14**	**2.92**	**2.76**	2.62	2.53	**2.44**	**2.37**	**2.30**	**2.20**	2.12	**2.00**	**1.91**	**1.83**	**1.72**	**1.66**	**1.56**	**1.51**	**1.43**	**1.37**	**1.33**
200	3.89	3.04	2.65	2.41	2.26	2.14	2.05	1.98	1.92	1.87	1.83	1.80	1.74	1.69	1.62	1.57	1.52	1.45	1.42	1.35	1.32	1.26	1.22	1.19
	6.76	**4.71**	**3.88**	**3.41**	**3.11**	**2.90**	**2.73**	**2.60**	2.50	**2.41**	**2.34**	**2.28**	**2.17**	2.09	**1.97**	**1.88**	**1.79**	**1.69**	**1.62**	**1.53**	**1.48**	**1.39**	**1.33**	**1.28**
400	3.86	3.02	2.62	2.39	2.23	2.12	2.03	1.96	1.90	1.85	1.81	1.78	1.72	1.67	1.60	1.54	1.49	1.42	1.38	1.32	1.28	1.22	1.16	1.13
	6.70	**4.66**	**3.83**	**3.36**	**3.06**	**2.85**	**2.69**	**2.55**	**2.46**	**2.37**	**2.29**	**2.23**	**2.12**	**2.04**	**1.92**	**1.84**	**1.74**	**1.64**	**1.57**	**1.47**	**1.42**	**1.32**	**1.24**	**1.19**
1000	3.85	3.00	2.61	2.38	2.22	2.10	2.02	1.95	1.89	1.84	1.80	1.76	1.70	1.65	1.58	1.53	1.47	1.41	1.36	1.30	1.26	1.19	1.13	1.08
	6.66	**4.62**	**3.80**	**3.34**	**3.04**	**2.82**	**2.66**	**2.53**	**2.43**	**2.34**	**2.26**	**2.20**	**2.09**	**2.01**	**1.89**	**1.81**	**1.71**	**1.61**	**1.54**	**1.44**	**1.38**	**1.28**	**1.19**	**1.11**
∞	3.84	2.99	2.60	2.37	2.21	2.09	2.01	1.94	1.88	1.83	1.79	1.75	1.69	1.64	1.57	1.52	1.46	1.40	1.35	1.28	1.24	1.17	1.11	1.00
	6.64	**4.60**	**3.78**	**3.32**	**3.02**	**2.80**	**2.64**	**2.51**	**2.41**	**2.32**	**2.24**	**2.18**	**2.07**	**1.99**	**1.87**	**1.79**	**1.69**	**1.59**	**1.52**	**1.41**	**1.36**	**1.25**	**1.15**	**1.00**

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultadd de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

TABLA 3. VALORES $Q_{(\alpha,p,\upsilon)}$ DE DUNCAN

$\alpha = 0.05$

υ \ p	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	17.97								
2	6.09	6.09							
3	4.50	4.52	4.52						
4	3.93	4.01	4.03	4.03					
5	3.64	3.75	3.80	3.81	3.81				
6	3.46	3.59	3.65	3.68	3.69	3.70			
7	3.34	3.48	3.55	3.59	3.61	3.62	3.63		
8	3.26	3.40	3.48	3.52	3.55	3.57	3.57	3.58	
9	3.20	3.34	3.42	3.47	3.50	3.52	3.54	3.54	3.55
10	3.15	3.29	3.38	3.43	3.47	3.49	3.51	3.52	3.52
11	3.11	3.26	3.34	3.40	3.44	3.46	3.48	3.49	3.50
12	3.08	3.23	3.31	3.37	3.41	3.44	3.46	3.47	3.48
13	3.06	3.20	3.29	3.35	3.39	3.42	3.44	3.46	3.47
14	3.03	3.18	3.27	3.33	3.37	3.40	3.43	3.44	3.46
15	3.01	3.16	3.25	3.31	3.36	3.39	3.41	3.43	3.45
16	3.00	3.14	3.23	3.30	3.34	3.38	3.40	3.42	3.44
17	2.98	3.13	3.22	3.28	3.33	3.37	3.39	3.41	3.43
18	2.97	3.12	3.21	3.27	3.32	3.36	3.38	3.40	3.42
19	2.96	3.11	3.20	3.26	3.31	3.35	3.38	3.40	3.41
20	2.95	3.10	3.19	3.25	3.30	3.34	3.37	3.39	3.41
24	2.92	3.07	3.16	3.23	3.28	3.31	3.35	3.37	3.39
30	2.89	3.03	3.13	3.20	3.25	3.29	3.32	3.35	3.37
40	2.86	3.01	3.10	3.17	3.22	3.27	3.30	3.33	3.35
60	2.83	2.98	3.07	3.14	3.20	3.24	3.28	3.31	3.33
120	2.80	2.95	3.04	3.12	3.17	3.22	3.25	3.29	3.31
∞	2.77	2.92	3.02	3.09	3.15	3.19	3.23	3.27	3.29

$\alpha = 0.01$

υ \ p	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	90.02								
2	14.04	14.04							
3	8.26	8.32	8.32						
4	6.51	6.68	6.74	6.76					
5	5.70	5.90	5.99	6.04	6.07				
6	5.24	5.44	5.55	5.62	5.66	5.68			
7	4.95	5.15	5.26	5.33	5.38	5.42	5.44		
8	4.74	4.94	5.06	5.13	5.19	5.23	5.26	5.28	
9	4.60	4.79	4.91	4.99	5.04	5.09	5.12	5.14	5.16
10	4.48	4.67	4.79	4.88	4.93	4.98	5.01	5.04	5.06
11	4.39	4.58	4.70	4.78	4.84	4.89	4.92	4.95	4.97
12	4.32	4.50	4.62	4.71	4.77	4.81	4.85	4.88	4.91
13	4.26	4.44	4.56	4.64	4.71	4.75	4.79	4.82	4.85
14	4.21	4.39	4.51	4.59	4.66	4.70	4.74	4.77	4.80
15	4.17	4.34	4.46	4.55	4.61	4.66	4.70	4.73	4.76
16	4.13	4.31	4.43	4.51	4.57	4.62	4.66	4.70	4.72
17	4.10	4.27	4.39	4.47	4.54	4.59	4.63	4.66	4.69
18	4.07	4.25	4.36	4.45	4.51	4.56	4.60	4.64	4.66
19	4.05	4.22	4.33	4.42	4.48	4.53	4.57	4.61	4.64
20	4.02	4.20	4.31	4.40	4.46	4.51	4.55	4.59	4.62
24	3.96	4.13	4.24	4.32	4.39	4.44	4.48	4.52	4.55
30	3.89	4.06	4.17	4.25	4.31	4.36	4.41	4.45	4.48
40	3.82	3.99	4.10	4.18	4.24	4.29	4.33	4.38	4.41
60	3.76	3.92	4.03	4.11	4.18	4.23	4.27	4.31	4.34
120	3.70	3.86	3.97	4.04	4.11	4.16	4.20	4.24	4.27
∞	3.64	3.80	3.90	3.98	4.04	4.09	4.13	4.17	4.21

Escaneado con CamScanner

TABLA 4. Puntos porcentuales superiores de la amplitud estudentizada Q_p para $\alpha=0.05$ y $\alpha=0.01$ (en negrita)

υ \ p	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	p / υ
5	3.64	4.60	5.22	5.67	6.03	6.33	6.58	6.80	6.99	7.17	7.32	7.47	7.60	7.72	7.83	7.93	8.03	8.12	8.21	5
	5.70	**6.97**	**7.80**	**8.42**	**8.91**	**9.32**	**9.67**	**9.97**	**10.24**	**10.48**	**10.70**	**10.89**	**11.08**	**11.24**	**11.40**	**11.55**	**11.68**	**11.81**	**11.93**	
6	3.46	4.34	4.90	5.31	5.63	5.89	6.12	6.32	6.49	6.65	6.79	6.92	7.03	7.14	7.24	7.34	7.43	7.51	7.59	6
	5.24	**6.33**	**7.03**	**7.56**	**7.97**	**8.32**	**8.61**	**8.87**	**9.10**	**9.30**	**9.49**	**9.65**	**9.81**	**9.95**	**10.08**	**10.21**	**10.32**	**10.43**	**10.54**	
7	3.34	4.16	4.68	5.06	5.36	5.61	5.82	6.00	6.16	6.30	6.43	6.55	6.66	6.76	6.85	6.94	7.02	7.09	7.17	7
	4.95	**5.92**	**6.54**	**7.01**	**7.37**	**7.68**	**7.94**	**8.17**	**8.37**	**8.55**	**8.71**	**8.86**	**9.00**	**9.12**	**9.24**	**9.35**	**9.46**	**9.55**	**9.65**	
8	3.26	4.04	4.53	4.89	5.17	5.40	5.60	5.77	5.92	6.05	6.18	6.29	6.39	6.48	6.57	6.65	6.73	6.80	6.87	8
	4.74	**5.63**	**6.20**	**6.63**	**6.96**	**7.24**	**7.47**	**7.68**	**7.87**	**8.03**	**8.18**	**8.31**	**8.44**	**8.55**	**8.66**	**8.76**	**8.85**	**8.94**	**9.03**	
9	3.20	3.95	4.42	4.76	5.02	5.24	5.43	5.60	5.74	5.87	5.98	6.09	6.19	6.28	6.36	6.44	6.51	6.58	6.64	9
	4.60	**5.43**	**5.96**	**6.35**	**6.66**	**6.91**	**7.13**	**7.32**	**7.49**	**7.65**	**7.78**	**7.91**	**8.03**	**8.13**	**8.23**	**8.32**	**8.41**	**8.49**	**8.57**	
10	3.15	3.88	4.33	4.65	4.91	5.12	5.30	5.46	5.60	5.72	5.83	5.93	6.03	6.11	6.20	6.27	6.34	6.40	6.47	10
	4.48	**5.27**	**5.77**	**6.14**	**6.43**	**6.67**	**6.87**	**7.05**	**7.21**	**7.36**	**7.48**	**7.60**	**7.71**	**7.81**	**7.91**	**7.99**	**8.07**	**8.15**	**8.22**	
11	3.11	3.82	4.26	4.57	4.82	5.03	5.20	5.35	5.49	5.61	5.71	5.81	5.90	5.99	6.06	6.14	6.20	6.26	6.33	11
	4.39	**5.14**	**5.62**	**5.97**	**6.25**	**6.48**	**6.67**	**6.84**	**6.99**	**7.13**	**7.25**	**7.36**	**7.46**	**7.56**	**7.65**	**7.73**	**7.81**	**7.88**	**7.95**	
12	3.08	3.77	4.20	4.51	4.75	4.95	5.12	5.27	5.40	5.51	5.62	5.71	5.80	5.88	5.95	6.03	6.09	6.15	6.21	12
	4.32	**5.04**	**5.50**	**5.84**	**6.10**	**6.32**	**6.51**	**6.67**	**6.81**	**6.94**	**7.06**	**7.17**	**7.26**	**7.36**	**7.44**	**7.52**	**7.59**	**7.66**	**7.73**	
13	3.06	3.73	4.15	4.45	4.69	4.88	5.05	5.19	5.32	5.43	5.53	5.63	5.71	5.79	5.86	5.93	6.00	6.05	6.11	13
	4.26	**4.96**	**5.40**	**5.73**	**5.98**	**6.19**	**6.37**	**6.53**	**6.67**	**6.79**	**6.90**	**7.01**	**7.10**	**7.19**	**7.27**	**7.34**	**7.42**	**7.48**	**7.55**	
14	3.03	3.70	4.11	4.41	4.64	4.83	4.99	5.13	5.25	5.36	5.46	5.55	5.64	5.72	5.79	5.85	5.92	5.97	6.03	14
	4.21	**4.89**	**5.32**	**5.63**	**5.88**	**6.08**	**6.26**	**6.41**	**6.54**	**6.66**	**6.77**	**6.87**	**6.96**	**7.05**	**7.12**	**7.20**	**7.27**	**7.33**	**7.39**	
15	3.01	3.67	4.08	4.37	4.60	4.78	4.94	5.08	5.20	5.31	5.40	5.49	5.58	5.65	5.72	5.79	5.85	5.90	5.96	15
	4.17	**4.83**	**5.25**	**5.56**	**5.80**	**5.99**	**6.16**	**6.31**	**6.44**	**6.55**	**6.66**	**6.76**	**6.84**	**6.93**	**7.00**	**7.07**	**7.14**	**7.20**	**7.26**	

Escaneado con CamScanner

TABLA 4. Puntos porcentuales superiores de la amplitud estudentizada Q_p para α=0.05 y α=0.01 (en negrita) (Continuación)

υ \ p	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	p / υ
16	3.00	3.65	4.05	4.33	4.56	4.74	4.90	5.03	5.15	5.26	5.35	5.44	5.52	5.59	5.66	5.72	5.79	5.84	5.90	16
	4.13	**4.78**	**5.19**	**5.49**	**5.72**	**5.92**	**6.08**	6.22	6.35	6.46	6.56	6.66	6.74	6.82	6.90	6.97	7.03	7.09	7.15	
17	2.98	3.63	4.02	4.30	4.52	4.71	4.86	4.99	5.11	5.21	5.31	5.39	5.47	5.55	5.61	5.68	5.74	5.79	5.84	17
	4.10	**4.74**	**5.14**	**5.43**	**5.66**	**5.85**	6.01	6.15	6.27	6.38	6.48	6.57	6.66	6.73	6.80	6.87	6.94	7.00	7.05	
18	2.97	3.61	4.00	4.28	4.49	4.67	4.82	4.96	5.07	5.17	5.27	5.35	5.43	5.50	5.57	5.63	5.69	5.74	5.79	18
	4.07	**4.70**	**5.09**	**5.38**	**5.60**	5.79	5.94	6.08	6.20	6.31	6.41	6.50	6.58	6.65	6.72	6.79	6.85	6.91	6.96	
19	2.96	3.59	3.98	4.25	4.47	4.65	4.79	4.92	5.04	5.14	5.23	5.32	5.39	5.46	5.53	5.59	5.65	5.70	5.75	19
	4.05	**4.67**	**5.05**	**5.33**	**5.55**	5.73	**5.89**	6.02	6.14	6.25	6.34	6.43	6.51	6.58	6.65	6.72	6.78	6.84	6.89	
20	2.95	3.58	3.96	4.23	4.45	4.62	4.77	4.90	5.01	5.11	5.20	5.28	5.36	5.43	5.49	5.55	5.61	5.66	5.71	20
	4.02	**4.64**	**5.02**	**5.29**	**5.51**	5.69	**5.84**	5.97	6.09	6.19	6.29	6.37	6.45	6.52	6.59	6.65	6.71	6.76	6.82	
24	2.92	3.53	3.90	4.17	4.37	4.54	4.68	4.81	4.92	5.01	5.10	5.18	5.25	5.32	5.38	5.44	5.50	5.54	5.59	24
	3.96	**4.54**	**4.91**	**5.17**	**5.37**	5.54	**5.69**	5.81	5.92	6.02	6.11	6.19	6.26	6.33	6.39	6.45	6.51	6.56	6.61	
30	2.89	3.49	3.84	4.10	4.30	4.46	4.60	4.72	4.83	4.92	5.00	5.08	5.15	5.21	5.27	5.33	5.38	5.43	5.48	30
	3.89	**4.45**	**4.80**	**5.05**	**5.24**	**5.40**	5.54	5.65	5.76	5.85	5.93	6.01	6.08	6.14	6.20	6.26	6.31	6.36	6.41	
40	2.86	3.44	3.79	4.04	4.23	4.39	4.52	4.63	4.74	4.82	4.91	4.98	5.05	5.11	5.16	5.22	5.27	5.31	5.36	40
	3.82	**4.37**	**4.70**	**4.93**	**5.11**	**5.27**	5.39	5.50	5.60	5.69	5.77	5.84	5.90	5.96	6.02	6.07	6.12	6.17	6.21	
60	2.83	3.40	3.74	3.98	4.16	4.31	4.44	4.55	4.65	4.73	4.81	4.88	4.94	5.00	5.06	5.11	5.16	5.20	5.24	60
	3.76	**4.28**	**4.60**	**4.82**	**4.99**	**5.13**	**5.25**	5.36	5.45	5.53	5.60	5.67	5.73	5.79	5.84	5.89	5.93	5.98	6.02	
120	2.80	3.36	3.69	3.92	4.10	4.24	4.36	4.48	4.56	4.64	4.72	4.78	4.84	4.90	4.95	5.00	5.05	5.09	5.13	120
	3.70	**4.20**	**4.50**	**4.71**	**4.87**	**5.01**	**5.12**	**5.21**	**5.30**	**5.38**	**5.44**	**5.51**	**5.56**	**5.61**	**5.66**	**5.71**	**5.75**	**5.79**	**5.83**	
∞	2.77	3.31	3.63	3.86	4.03	4.17	4.29	4.39	4.47	4.55	4.62	4.68	4.74	4.80	4.85	4.89	4.93	4.97	5.01	∞
	3.64	**4.12**	**4.40**	**4.60**	**4.76**	**4.88**	**4.99**	**5.08**	**5.16**	**5.23**	**5.29**	**5.35**	**5.40**	**5.45**	**5.49**	**5.54**	**5.57**	**5.61**	**5.65**	

Escaneado con CamScanner

TABLA 5. VALORES $Q_{(\alpha,p,\upsilon)}$ DE DUNNETT, para comparaciones de dos colas entre p tratamientos y un control. p es el número de medias de tratamientos sin incluir el control

$\alpha = 0.05$

υ \ p	1	2	3	4	5	6	7	8	9
5	2.57	3.03	3.39	3.66	3.88	4.06	4.22	4.36	4.49
6	2.45	2.86	3.18	3.41	3.60	3.75	3.88	4.00	4.11
7	2.36	2.75	3.04	3.24	3.41	3.54	3.66	3.76	3.86
8	2.31	2.67	2.94	3.13	3.28	3.40	3.51	3.60	3.68
9	2.26	2.61	2.86	3.04	3.18	3.29	3.39	3.48	3.55
10	2.23	2.57	2.81	2.97	3.11	3.21	3.31	3.39	3.46
11	2.20	2.53	2.76	2.92	3.05	3.15	3.24	3.31	3.38
12	2.18	2.50	2.72	2.88	3.00	3.10	3.18	3.25	3.32
13	2.16	2.48	2.69	2.84	2.96	3.06	3.14	3.21	3.27
14	2.14	2.46	2.67	2.81	2.93	3.02	3.10	3.17	3.23
15	2.13	2.44	2.64	2.79	2.90	2.99	3.07	3.13	3.19
16	2.12	2.42	2.63	2.77	2.88	2.96	3.04	3.10	3.16
17	2.11	2.41	2.61	2.75	2.85	2.94	3.01	3.08	3.13
18	2.10	2.40	2.59	2.73	2.84	2.92	2.99	3.05	3.11
19	2.09	2.39	2.58	2.72	2.82	2.90	2.97	3.04	3.09
20	2.09	2.38	2.57	2.70	2.81	2.89	2.96	3.02	3.07
24	2.06	2.35	2.53	2.66	2.76	2.84	2.91	2.96	3.01
30	2.04	2.32	2.50	2.62	2.72	2.79	2.86	2.91	2.96
40	2.02	2.29	2.47	2.58	2.67	2.75	2.81	2.86	2.90
60	2.00	2.27	2.43	2.55	2.63	2.70	2.76	2.81	2.85
120	1.98	2.24	2.40	2.51	2.59	2.66	2.71	2.76	2.80
∞	1.96	2.21	2.37	2.47	2.55	2.62	2.67	2.71	2.75

$\alpha = 0.01$

υ \ p	1	2	3	4	5	6	7	8	9
5	4.03	4.63	5.09	5.44	5.73	5.97	6.18	6.36	6.53
6	3.71	4.22	4.60	4.88	5.11	5.30	5.47	5.61	5.74
7	3.50	3.95	4.28	4.52	4.71	4.87	5.01	5.13	5.24
8	3.36	3.77	4.06	4.27	4.44	4.58	4.70	4.81	4.90
9	3.25	3.63	3.90	4.09	4.24	4.37	4.48	4.57	4.65
10	3.17	3.53	3.78	3.95	4.10	4.21	4.31	4.40	4.47
11	3.11	3.45	3.68	3.85	3.98	4.09	4.18	4.26	4.33
12	3.05	3.39	3.61	3.76	3.89	3.99	4.08	4.15	4.22
13	3.01	3.33	3.54	3.69	3.81	3.91	3.99	4.06	4.13
14	2.98	3.29	3.49	3.64	3.75	3.84	3.92	3.99	4.05
15	2.95	3.25	3.45	3.59	3.70	3.79	3.86	3.93	3.99
16	2.92	3.22	3.41	3.55	3.65	3.74	3.82	3.88	3.93
17	2.90	3.19	3.38	3.51	3.62	3.70	3.77	3.83	3.89
18	2.88	3.17	3.35	3.48	3.58	3.67	3.74	3.80	3.85
19	2.86	3.15	3.33	3.46	3.55	3.64	3.70	3.76	3.81
20	2.85	3.13	3.31	3.43	3.53	3.61	3.67	3.73	3.78
24	2.80	3.07	3.24	3.36	3.45	3.52	3.58	3.64	3.69
30	2.75	3.01	3.17	3.28	3.37	3.44	3.50	3.55	3.59
40	2.70	2.95	3.10	3.21	3.29	3.36	3.41	3.46	3.50
60	2.66	2.90	3.04	3.14	3.22	3.28	3.33	3.38	3.42
120	2.62	2.84	2.98	3.08	3.15	3.21	3.25	3.30	3.33
∞	2.58	2.79	2.92	3.01	3.08	3.14	3.18	3.22	3.25

Escaneado con CamScanner

TABLA 6. Coeficientes de polinomios ortogonales para tratamientos igualmente espaciados

Número de tratamientos	Grado del polinomio	Coeficientes									$\sum c_i^2$
		c_1	c_2	c_3	c_4	c_5	c_6	c_7	c_8	c_9	
2	1	- 1	+ 1								2
3	1	- 1	0	+ 1							2
	2	+ 1	- 2	+ 1							6
4	1	- 3	- 1	+ 1	+ 3						20
	2	+ 1	- 1	- 1	+ 1						4
	3	- 1	+ 3	- 3	+ 1						20
5	1	- 2	- 1	0	+ 1	+ 2					10
	2	+ 2	- 1	- 2	- 1	+ 2					14
	3	- 1	+ 2	0	- 2	+ 1					10
	4	+ 1	- 4	+ 6	- 4	+ 1					70
6	1	- 5	- 3	- 1	+ 1	+ 3	+ 5				70
	2	+ 5	- 1	- 4	- 4	- 1	+ 5				84
	3	- 5	+ 7	+ 4	- 4	- 7	+ 5				180
	4	+ 1	- 3	+ 2	+ 2	- 3	+ 1				28
	5	- 1	+ 5	-10	+10	- 5	+ 1				252
7	1	- 3	- 2	- 1	0	+ 1	+ 2	+ 3			28
	2	+ 5	0	- 3	- 4	- 3	0	+ 5			84
	3	- 1	+ 1	+ 1	0	- 1	- 1	+ 1			6
	4	+ 3	- 7	+ 1	+ 6	+ 1	- 7	+ 3			154
	5	- 1	+ 4	- 5	0	+ 5	- 4	+ 1			84
	6	+ 1	- 6	+ 15	- 20	+ 15	- 6	+ 1			924
8	1	- 7	- 5	- 3	- 1	+ 1	+ 3	+ 5	+ 7		168
	2	+ 7	+ 1	- 3	- 5	- 5	- 3	+ 1	+ 7		168
	3	- 7	+ 5	+ 7	+ 3	- 3	- 7	- 5	+ 7		264
	4	+ 7	- 13	- 3	+ 9	+ 9	- 3	- 13	+ 7		616
	5	- 7	+23	-17	- 15	+ 15	+ 17	- 23	+ 7		2184
	6	+1	- 5	+ 9	- 5	- 5	+ 9	- 5	+ 1		264
9	1	- 4	- 3	- 2	- 1	0	+ 1	+ 2	+ 3	+ 4	60
	2	+ 28	+ 7	- 8	- 17	- 20	- 17	- 6	+ 7	+ 28	2772
	3	- 14	+ 7	+13	+ 9	0	- 9	- 13	- 7	+ 14	990
	4	+14	- 21	-11	+ 9	+18	+ 9	- 11	- 21	+ 14	2002
	5	- 4	+11	- 4	- 9	0	+ 9	+ 4	- 11	+ 4	468
	6	+ 4	- 17	+22	+ 1	- 20	+ 1	+ 22	- 17	+ 4	1980

Nota: Las tablas presentadas en este texto han sido adaptadas desde la literatura citada.

Escaneado con CamScanner

BIBLIOGRAFÍA DE BASE

1. AYALA S., M.J. 2007. Inducción de mutaciones con radiaciones en Naranjilla *Solanum quitoense* Lam. Tendiente a obtener resistencia al nemétodo *Meloidogyne incognita* (Chitwood,1949). Tesis de Licenciatura de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ecuador. 98p.

2. BASTIDAS Z., O. 1998. Germinabilidad, características de almacenamiento y viabilidad de la semilla botánica de oca (*Oxalis tuberosa* Molina)(Geraniales: Oxalidaceae) y de achira (*Canna edulis* Ker-Gawler)(Zingiberales: Cannaceae). Tesis de Licenciatura de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ecuador. 117p.

3. CÁCERES F., F. 1995. Selección de copépodos de agua dulce para alimento de truchas. Tesis de Licenciatura de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ecuador. 87p.

4. CHING CHUN LI. 1969. Introducción a la Estadística Experimental. Edit. OMEGA. Barcelona. 496p.

5. COCHRAN, W.G. y G.M. COX. 1971. Diseños Experimentales. Edit. Trillas. México. 661p.

6. EBERHART, S.A. y W.A. RUSSELL. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science 6: 36-40.

7. GONZALES, B.G. 1985. Métodos Estadísticos y Principios de Diseño Experimental. Edit. Universitaria. Quito. 371p.

8. GUTIÉRREZ, P., H. ; R. DE LA VARA S. 2004. Análisis y Diseño de Experimentos. Mc GrawHill/Interamericana. México. 571p.

9. HERNÁNDEZ SAMPIERI, R.; C. FERNÁNDEZ C. y P. BAPTISTA L. 2003. Metodología de la Investigación. 3ra Edición. Mc GrawHill. México. 750p.

10. LE CLERG, E. L.; W.H. LEONARD y A.G. CLARK. 1962. Field Plot Technique. Edit. Burgess Publishing Co. Minnesota, USA. 373p.

11. LITTLE, T.M. y F. JACKSON HILLS. 1976. Métodos Estadísticos para la Investigación en la Agricultura. Edit. Trillas. México. 270p.

12. MARÍN F., X. 1997. Caracterización biológica de las variantes del virus del enanismo amarillo de la cebada (BYDV) en los cultivos de cereales de la Estación Experimental Santa Catalina INIAP y zonas aledañas. Tesis de Licenciatura de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ecuador. 88p.

13. MARTÍNEZ G, A. 1988. Diseños Experimentales. Métodos y Elementos de Teoría. Edit. Trillas. México. 756p.

14. MATHER, K. 1966. Statistical Analysis in Biology. Edit. Methuen & Co Ltd. London. 267p.

Escaneado con CamScanner

15. MILLER, I. y J.E. FREUND. 1978. Probabilidad y Estadística para Ingenieros. 1ra Edición en español. Edit. REVERTÉ, S.A. México. 405p.

16. MONTGOMERY, D. 1984. Design and Analysis of Experiments. Edit. John Wiley & Sons. New York. 538p.

17. MUNRO, B. H.; M.A. VISINTAINER; E.B. PAGE. 1986. Statistical Methods for Health Care Research. Edit. J.B. Lippincott Company. Philadelphia. 381p.

18. PAZ Y MIÑO M., M.I. 1998. El significado de hospederos alternativos de *Phytophthora infestans* y su consecuencia en relación al manejo del tizón tardío en papa. Tesis de Licenciatura de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Ecuador. 110p.

19. PRAT BARTÉS, A.; X. TORT-MARTORELL LI; P. GRIMA C.; L. POZUETA F. 2000. Métodos Estadísticos. Control y Mejora de la Calidad. Alfaomega. México. 300p.

20. SALKIND NEIL, J. 1999. Métodos de Investigación. 3ra Edición. Prentice Hall. México. 380p.

21. SÁNCHEZ O, J. 2009. Introducción al Diseño Experimental. Quality Print. Ecuador. 235p.

22. SNEDECOR, G.W. & W.G. COCHRAN. 1980. Statistical Methods Edit. The Iowa State University Press. Iowa, USA. 507p.

23. SOKAL, R.R. y F.J. ROHLF. 1995. BIOMETRY The Principles and Practice of Statistics in Biological Research. Edit. W. H. Freeman and Company. New York. 887p.

24. STEEL, R.G. y J.H. TORRIE. 1993. BIOESTADÍSTICA: Principios y Procedimientos. 2da Edic. (1ra en español). Edit. McGraw-Hill. México. 622p.

25. VISAUTA V., B. 1998. Análisis Estadístico con SPSS para Windows ®. Volumen I. Estadística Básica. Mc GrawHill. España. 304p.

26. _____ 1998. Análisis Estadístico con SPSS para Windows ®. Volumen II. Estadística Multivariante. Mc GrawHill. España. 358p.

27. YAMANE, T. 1974. Estadística. 3ra Edición (1ra en español). Edit. HARLA S.A. México. 573p.

28. ZAR, JERROLD H. 1996. Biostatistical Analysis. Edit. Prentice-Hall, Inc. New Jersey. 662p.

Escaneado con CamScanner

APÉNDICE DE

ANEXOS

ANEXO 1. Tests para comprobación de supuestos del ANOVA 157

ANEXO 2. Planes de investigación (formato y contenido) 160

ANEXO 3. Guía de prácticas de Diseño Experimental con SPSS® 165

ANEXO 4. Solución de trabajos 202

ANEXO 5. Fórmulas para el cálculo abreviado del ANOVA 235

Escaneado con CamScanner

ANEXO 1. Test para comprobación de supuestos del ANOVA

- **Test de χ^2 de Bartlett para la igualdad de variancias (homoscedasticidad)**

Ho: $S_1^2 = S_2^2 = \ldots = S_n^2$; las variancias son iguales

H1: $S_1^2 \neq S_2^2 \neq \ldots \neq S_n^2$; al menos un par de variancias son desiguales

La fórmula de χ^2 de Bartlett es la siguiente:

$$\chi^2 = Q/f \tag{A1.1}$$

Donde,

$$Q = (N-n)\ln S_e^2 - \sum_{i=1}^{n}(r_i - 1)\ln S_i^2 \tag{A1.2}$$

$$S_e^2 = \text{variancia ponderada del Error} = \frac{\sum (r_i - 1)S_i^2}{N-n} \tag{A1.3}$$

$$f = \text{factor de ajuste} = 1 + \frac{1}{3(n-1)}\left[\left(\sum \frac{1}{r_i - 1}\right) - \left(\frac{1}{N-n}\right)\right] \tag{A1.4}$$

Ejemplo A1.1 Si de un experimento en DCA con diferente tamaño de muestras para tratamientos, se ha obtenido las siguientes variancias dentro de cada grupo (S_i^2). Determínese la igualdad de las mismas.

Cuadro A1.1 Variancias de 4 tratamientos y cálculos para el test de χ^2 de Bartlett

Trat.	$(r_i - 1)$	S_i^2	$(r_i - 1)\,S_i^2$	$(r_i - 1)\ln S_i^2$	$\left(\frac{1}{r_i - 1}\right)$	OTROS DATOS
						n=4
1	7	**54.1696**	379.1872	27.9448	0.1429	N=37
2	9	**142.0864**	1278.7776	44.6079	0.1111	S_e^2 = 114.5038
3	12	**79.5664**	954.7968	52.5191	0.0833	$\ln S_e^2$ = 4.7406
4	5	**233.1729**	1165.8645	27.2589	0.2000	N-n = 33
$\sum$	**33**		**3778.6261**	**152.3307**	**0.5373**	

$$S_e^2 = 3778.6261/33 = 114.5038$$

$$Q = 33(4.7406) - 152.3307 = 4.1091$$

$$f = 1 + \frac{1}{3(4-1)}\left[0.5373 - \frac{1}{33}\right] = 1.05633$$

$$\chi^2 = 4.1091/1.05633 = 3.89$$

Para la significación estadística, este valor es comparado con el crítico de χ^2 con n-1 grados de libertad. En este caso, puesto que **$\chi^2 = 3.89$ es menor que $\chi^2_{0.05,\ 3gl,\ 0.05} = 7.81$** no se ha encontrado diferencias significativas; es decir, las variancias han sido estadísticamente consideradas iguales, y es idónea la estimación de la variancia combinada y por tanto la aplicación del ANOVA en este experimento.

- **Test de Levene para verificar homogeneidad de variancias**

Según este método se realiza un ANOVA sobre las diferencias absolutas de cada dato con respecto de la media de su grupo, y luego se determina su significación.

Escaneado con CamScanner

Ejemplo A1.2 Sobre el ejemplo 4.1 (págs. 19-20), determinar la homogeneidad de las variancias: Con los datos del cuadro 4.2 correspondientes al ejemplo 4.1, en el siguiente cuadro se presentan los valores absolutos de las diferencias de esos datos con respecto a cada promedio, y en el cuadro A1.3 el ANOVA correspondiente:

Cuadro A1.2 Valores absolutos de las diferencias de los porcentajes de germinación de semillas de Achira (*Canna edulis*), con respecto a las medias de cada tratamiento

TRATAMIENTOS	Repeticiones u Observaciones 1	2	3	4	Y_i	$\bar{Y}_i$
1. Remoción de la Tapa de imbibición	3.25	2.95	1.25	0.95	8.40	2.10
2. Escarificación con H2SO4	1.90	0.00	5.90	4.00	11.80	2.95
3. Pre-aplicación de KNO3	0.55	0.25	0.25	0.05	1.10	0.28
4. Escarificación con papel lija	5.50	4.80	1.10	1.80	13.20	3.30
5. Control (sin tratamiento)	0.08	0.02	0.48	0.52	1.10	0.28
TOTAL: $\sum\sum y_{ij} = \sum Y_i =$					35.60	
MEDIA GENERAL: $(\sum Y_i)/N = (\sum \bar{Y}_i)/m =$						1.78

Cálculos básicos:

1. $FC = (\sum\sum y_{ij})^2 / N = 35.60^2 / 20 = 63.368$
2. $SC_{TOT} = \sum\sum y_{ij}^2 - FC = 134.8276 - 63.368 = 71.4596$
3. $SC_{Tr} = \dfrac{\sum Y_i^2}{n} - FC = \dfrac{8.40^2 + ... + 1.10^2}{4} - 63.368 = 96.615 - 63.368 = 33.247$
4. $SC_e = Diferencia = SC_{TOT} - SC_{Tr} = 714.596 - 33.247 = 38.2126$

Cuadro A1.3 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F calc.	F crítico .05	F crítico .01
TOTAL	19	71.4596				
TRATAM.	4	33.2470	8.312	3.26 *	3.06	4.89
ERROR E.	15	38.2126	2.548			

El ANOVA indica que las variancias de estos tratamientos no son homogéneas con un $\alpha = 0.05$.

- **Test de Tukey para la no-aditividad**

Para un Diseño de Bloques Completos al Azar, La Suma de Cuadrados del Error Experimental es separada en dos componentes: La no-aditividad, con un grado de libertad y el Residual por diferencia. El método de Tukey para la no-aditividad en DBCA es el siguiente:

$$SC_{na} = \frac{nmQ^2}{SC_{tr} x SC_B} \qquad (A1.5)$$

Donde,

SC_{na} = Suma de Cuadrados para la no-aditividad

$$Q = \sum_j \left(\bar{Y}_j - \bar{Y}\right) Q_j \qquad (A1.6)$$

Escaneado con CamScanner

$$Q_j = \sum_{j=1}^{m}\sum_{i=1}^{n}(\bar{Y}_i - \bar{Y})y_{ij} \qquad \text{(A1.7)}$$

SC_{Tr} = Suma de Cuadrados de Tratamientos

SC_B = Suma de Cuadrados de Bloques

m = número de tratamientos

n = número de bloques

Ejemplo A1.3 Con los datos siguientes sobre incremento de tamaño (mm) de plántulas *in-vitro* de 6 clones de *Arracacia xanthorrhiza* sometidas a 4 niveles de temperatura. (datos de Ma. E. Guerrero). Determínese la no-aditividad para un DBCA.

Cuadro A1.4 Incremento de tamaño, en mm, de plántulas de zanahoria blanca

Tratamientos	Repeticiones						$\bar{Y}_i$	$\bar{Y}_i - \bar{Y}..$
	1	2	3	4	5	6		
1. 39°C	0	0	0	0	0	0	0.000	- 2.667
2. 37°C	4	7	1	6	4	5	4.500	1.833
3. 35°C	0	6	2	0	0	1	1.500	- 1.167
4. 22□4°C	7	11	0	0	0	10	4.667	2.000
$\bar{Y}_j$	2.750	6.000	0.750	1.500	1.000	4.000	$\bar{Y}..$ = 2.667	
$\bar{Y}_j - \bar{Y}..$	0.083	3.333	-1.917	-1.167	-1.667	1.333		$\sum$ = 0.000
Q_j	21.332	27.829	-0.501	10.998	7.332	27.998		

$Q_{j=1} = -2.667(0) + 1.833(4) - 1.167(0) + 2(7) = 21.332$

Cálculo de Q.- $Q = 0.083(21.332) + 3.333(27.829) + \ldots + 1.333(27.998) = 107.75$

Adicionalmente, con algunos resultados del ANOVA del cuadro A1.5, obtenemos,

$$SC_{na} = \frac{4(6)(107.75)^2}{95(82.83)} = 35.41$$

Cuadro A1.5 Resultados del ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F	PROBABILIDAD
Bloques	5	82.83	16.567	2.36	0.0911
Tratamientos	3	95.00	31.667	4.50	0.0192
Error	15	105.50	7.033		
No-aditividad	**1**	**35.41**	**35.410**	**7.07***	**> 0.01**
Residual	14	70.09	5.006		
Total	23	283.33			

CV = 99.45%

Conforme los resultados del ANOVA, se ha encontrado un coeficiente de variación muy elevado; además, la no-aditividad es significativa. A pesar de que los bloques no resultaron significativos, bloques y tratamientos no demuestran aditividad, pudiendo existir interacción entre estos dos factores: clones y temperatura.

Escaneado con CamScanner

ANEXO 2: PLANES DE INVESTIGACIÓN (formato y contenido)

A2.1 FORMATO PARA LA PRESENTACIÓN DE PROPUESTAS DE INVESTIGACIÓN

Los proyectos son presentados a través de diferentes formatos, mismos que obedecen a los requerimientos de cada Institución. Sin embargo, las propuestas de investigación, en forma general, deben contener la siguiente información:

INSTITUCIÓN: _____

FACULTAD (si la Institución es una Universidad): _____

_____

UNIDAD RESPONSABLE DEL PROYECTO: _____

_____

EJECUTOR DEL PROYECTO: _____

DIRECTOR DEL PROYECTO: _____

COLABORADORES: _____

_____

ÁREA EN LA QUE SE INSCRIBE LA INVESTIGACIÓN: _____

_____

TÍTULO DEL PROYECTO: _____

_____

DURACIÓN DEL PROYECTO: _____ **meses**

COSTO DEL PROYECTO: _____

AUSPICIO FINANCIERO (fuente de recursos): _____

_____

NOTA: Esta información de identificación, presentarla en la primera página en forma separada del resto del contenido del proyecto.

Escaneado con CamScanner

I. **ANTECEDENTES (Problema)**

II. **OBJETIVOS**

- **A.** General
- **B.** Específicos y Metas

III. **RESULTADOS ESPERADOS**

IV. **HIPÓTESIS**

V. **MATERIALES Y MÉTODOS - O METODOLOGÍA -**

- **A.** Población
- **B.** Factores en Estudio
- **C.** Tratamientos
- **D.** Procedimientos
  1. Diseño Experimental o Plan de Muestreo
     - **a.** Tipo de Diseño o Estrategia de Muestreo
     - **b.** Definición de la Unidad Experimental
     - **c.** Número de Repeticiones o tamaño de muestra
  2. Esquema del Análisis Estadístico
     - **a.** Esquema del Análisis de Variancia, Covariancia, etc.
     - **b.** Análisis Funcional: Pruebas de Significación, Polinomios o Comparaciones Ortogonales
     - **c.** Correlaciones, Regresiones - simples, múltiples, etc.
     - **d.** Coeficiente de Variación, etc.
  3. Características del Área y/o Condiciones Experimentales. Para un ensayo de campo presentar:

     3.1 Características del Área Experimental
     - **a.** Área total y neta de la parcela
     - **b.** Forma de las parcelas
     - **c.** Distancia de plantación - entre surcos y sitios
     - **d.** Control de parcelas adyacentes - bordes
     - **e.** Área del ensayo - total y neta

     3.2 Condiciones Experimentales
     - **a.** pH.
     - **b.** Declive
     - **c.** Drenaje
     - **d.** Condiciones físico-químicas del suelo, agua, etc.
     - **e.** Uso anterior del suelo - cultivos y fertilización
     - **f.** Otros datos relacionados de interés
  4. Métodos Específicos del Manejo del Experimento

Escaneado con CamScanner

5. Actividades complementarias a realizarse. En un ensayo agrícola generalmente se realizan las siguientes actividades:

   a. Análisis del suelo
   b. Preparación del terreno
   c. Labores culturales
   d. Fertilización
   e. Controles fitosanitarios
   f. Riegos
   g. Otros

6. Datos a tomarse y Métodos de Evaluación

VI. CRONOGRAMA DE EJECUCIÓN

VII. EQUIPO TÉCNICO

VIII. CAPACIDAD INSTITUCIONAL

IX. CUADRO DE PRESUPUESTO

X. DIFUSIÓN DE RESULTADOS

XI. BIBLIOGRAFÍA

A2.2 CONTENIDO DEL FORMATO PARA LA PRESENTACIÓN DE PROPUESTAS DE INVESTIGACIÓN

I. Identificación del proyecto

1.A Información Institucional

1. **Institución:** Menciona el nombre de la entidad pública, Universidad, Escuela Politécnica o instituciones sean públicas o privadas dedicadas a la investigación científica, y/o al desarrollo tecnológico, que consta como ejecutora del proyecto propuesto.
2. **Unidad Responsable del Proyecto:** Corresponde al Instituto de Investigación, laboratorio o, en general, a la unidad interna existente en la Institución, que será la responsable de la ejecución del proyecto.
3. **Ejecutor(es) del Proyecto:** Nombre(s) del(los) investigador(es) que llevará(n) a cabo la investigación.
4. **Director del Proyecto:** Nombre del investigador o funcionario que dirige la ejecución del proyecto y responsable del mismo.

1.B Características Generales del Proyecto

1. **Título del Proyecto:** Este título debe ser corto y reflejar el problema que se trata de resolver. Muchas veces un proyecto puede contener algunas actividades o ensayos.

Escaneado con CamScanner

2. **Área en la que se inscribe la investigación:** Se relaciona a la disciplina o campo de aplicación que beneficiarán los resultados obtenidos.
3. **Duración del Proyecto:** Define el período de ejecución de la investigación.
4. **Costo del Proyecto:** Incluye todos los costos (no incluye equipos y otros costos fijos, si éstos existen) requeridos para la realización de la investigación.
5. **Auspicio financiero:** Señalar la fuente de financiamiento para la realización del trabajo.

II. CARACTERÍSTICAS ESPECÍFICAS DEL PROYECTO

1. ANTECEDENTES

Hace relación al problema que se quiere resolver con la investigación propuesta, destacándose su importancia en el entorno socio-económico, área de influencia regional o subregional, y avances de la ciencia con respecto a la temática (marco teórico). Esta información sería la base sobre la cual guiar la investigación planteada.

2. OBJETIVOS

A. GENERAL

Debe guardar estrecha relación con el Título del Proyecto, y con el conjunto de actividades a ser desarrolladas en el mismo. Los objetivos, tanto generales como específicos, deben expresarse usando verbos en infinitivo como: realizar ...; verificar ...; disponer ...; etc.

B. ESPECIFÍCOS Y METAS

Describe en forma clara y realista los objetivos específicos de la propuesta, cuantificando las metas correspondientes vinculadas a cada uno de los objetivos, y en consideración al tiempo necesario para cumplirlas. Los objetivos específicos deben estar vinculados con las diversas actividades establecidas en el proyecto.

3. RESULTADOS ESPERADOS

Relación de los principales productos, tecnologías, métodos, estrategias, etc., que se espera lograr conforme a los objetivos planteados.

4. HIPÓTESIS

Es un supuesto relacionado con las causas del problema o con las características de una o más poblaciones bajo estudio, cuya formulación sería comprobable por métodos experimentales o estadísticos. Las relaciones planteadas en las hipótesis deben orientarse a la solución del problema o reflejar las inquietudes o interrogantes del tema a investigarse.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

Señala la ubicación donde se llevará a cabo el experimento o la investigación, y especifica los métodos que serán utilizados para dar cumplimiento a los objetivos y metas planteadas, y el logro de los resultados previstos, así como también una relación de insumos y materiales que serán usados.

Escaneado con CamScanner

Incluye la definición de:

5.1 Población
5.2 Factores en estudio
5.3 Tratamientos
5.4 Diseño Experimental
5.5 Esquema del Análisis Estadístico
5.6 Características del Área y condiciones experimentales
5.7 Métodos específicos del manejo del experimento
5.8 Actividades a realizarse
5.9 Datos a tomarse y métodos de evaluación

6. CRONOGRAMA DE EJECUCIÓN

Señala las principales actividades a ser desarrolladas en cada mes o período establecido (diagrama de Gantt) especificando los lugares donde las mismas serán ejecutadas, de ser el caso.

7. EQUIPO TÉCNICO

Incluir los nombres de los investigadores que van a participar efectivamente en el proyecto, el nivel de responsabilidad y el tiempo de dedicación al mismo, esto en los casos correspondientes.

8. CAPACIDAD INSTITUCIONAL

Describe la capacidad del Director-Ejecutor (o co-ejecutores) involucrados en el desarrollo del proyecto de investigación propuesto. Incluyen las principales referencias bibliográficas, relacionadas a la temática del proyecto, publicadas por el ejecutor (o ejecutores).

9. CUADRO DE PRESUPUESTO

El presupuesto especifica una relación de costos necesarios para la ejecución del proyecto. Sobre los gastos se aclara el número días/mes de honorarios o viáticos, tipo de equipos, materiales e insumos requeridos, localización de las actividades, etc. Cuando los proyectos son financiados por organismos internacionales, en el cuadro de presupuesto se separa, los gastos correspondientes al financiamiento exterior y los de la contraparte local.

10. ESTRATEGIA DE DIVULGACIÓN

Especifica las actividades que el ejecutor realizará para difundir los resultados de la investigación.

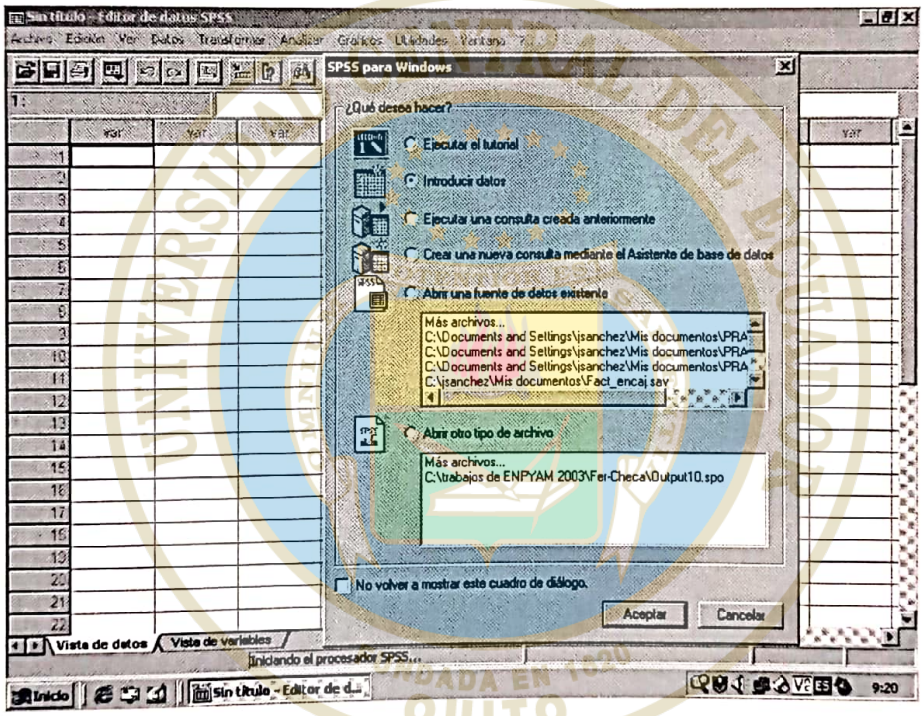
11. BIBLIOGRAFÍA

Incluye una lista de las principales referencias bibliográficas utilizadas para la preparación de la propuesta de investigación.

Escaneado con CamScanner

ANEXO 3. GUÍA DE PRÁCTICAS DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CON



SPSS®

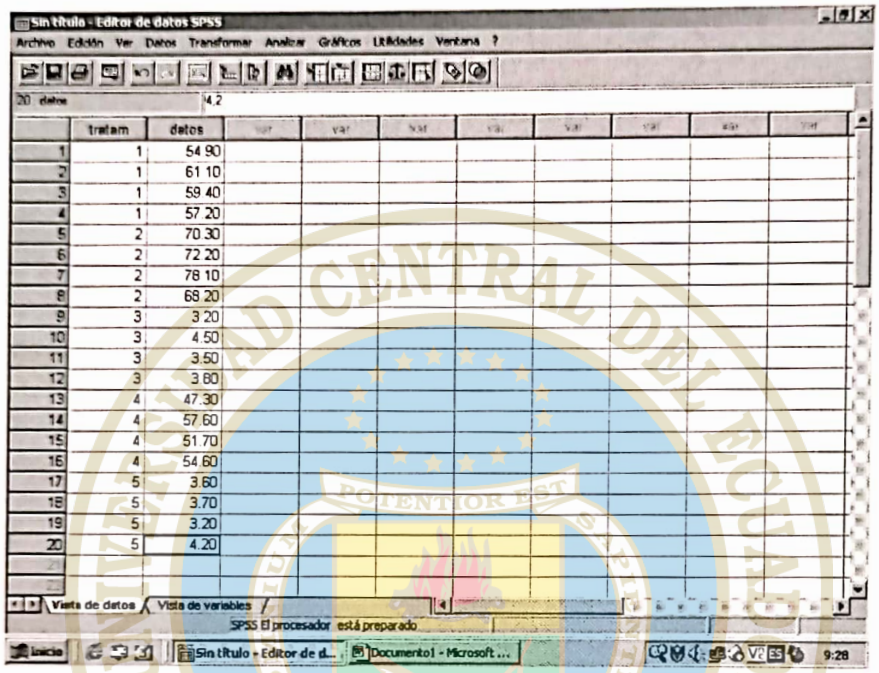
Statistical Package for the Social Sciences

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 1 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 4.1 (Cuadro 4.2- Pág. 19-20). ANOVA DE UN FACTOR. DCA CON IGUAL TAMAÑO DE MUESTRAS

1. Ingresar al SPSS: botón de Inicio. Programas. SPSS for Windows. SPSS 11.5 para Windows
2. Ingresar los datos:



Donde: Columna 1 (tratam) es la variable grupal o variable del factor independiente
Columna 2 (datos) es la variable dependiente

Editar nombres y formato de columnas (variables) desde "vista de variables"

3. Elija en los menús
   Analizar
   Comparar medias
   ANOVA de un factor
   Seleccione la variable dependiente (datos) y pulse ▶
   Seleccione la variable del factor independiente o grupal (tratam) y pulse ▶
   Opciones
   Descriptivo
   Prueba de homogeneidad de la variancia
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

Nota: Los numerales 5, 6 y 7 deben realizarse cuando se requiera entregar informes del análisis.

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:
Oneway

ONEWAY Descriptives

DATOS

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error	95% Confidence Interval for Mean		Minimum	Maximum
					Lower Bound	Upper Bound		
1,00	4	58.1500	2.69134	1.34567	53.8675	62.4325	54.90	61.10
2,00	4	72.2000	4.25911	2.12955	65.4228	78.9772	68.20	78.10
3,00	4	3.7500	.55678	.27839	2.8640	4.6360	3.20	4.50
4,00	4	52.8000	4.38710	2.19355	45.8191	59.7809	47.30	57.60
5,00	4	3.6750	.41130	.20565	3.0205	4.3295	3.20	4.20
Total	20	38.1150	29.66386	6.63304	24.2319	51.9981	3.20	78.10

Test of Homogeneity of Variances

DATOS

Levene Statistic	df1	df2	Significance
3,107	4	15	,048

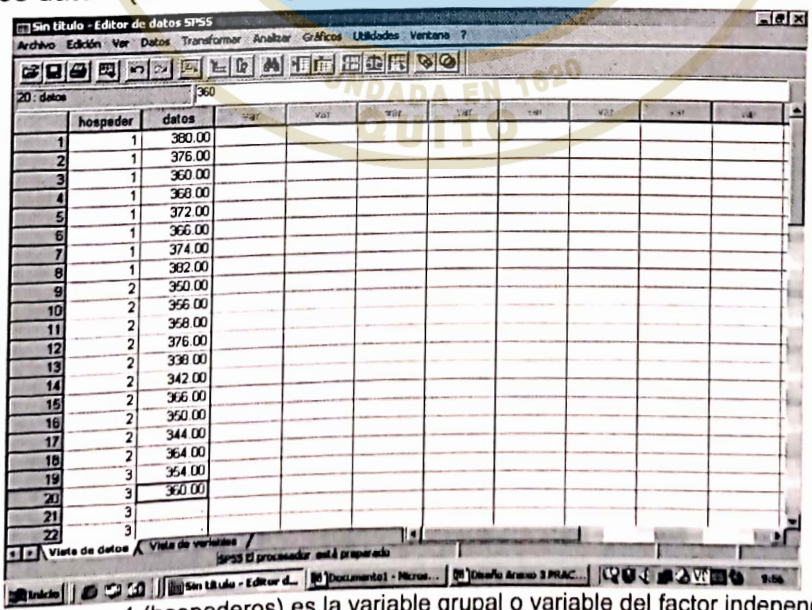
ONEWAY ANOVA

DATOS

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Significance
Between Groups	16583,618	4	4145,905	459,541	,000
Within Groups	135,327	15	9,022		
Total	16718,946	19			

CASO 2: EJEMPLO 4.2 (Cuadro 4.7- Pág. 23). ANOVA DE UN FACTOR. DCA CON TAMAÑO DESIGUAL DE MUESTRAS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (los datos siguientes son parciales)



Donde, Columna 1 (hospederos) es la variable grupal o variable del factor independiente
Columna 2 (datos) es la variable dependiente

Escaneado con CamScanner

3. Elija en los menús
   Analizar
      Comparar medias
         ANOVA de un factor
   Seleccione la variable dependiente (datos)
   Seleccione la variable del factor independiente o grupal (hospeder)
   Opciones
      Descriptivo
      Prueba de homogeneidad de la variancia
      Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)

5. Elija en los menús
   Analizar
      Modelo Lineal General
         Componentes de la variancia...
   Seleccione una variable dependiente (datos)
   Seleccione la variable de factores aleatorios (hospeder)
   Opciones
      ANOVA
      Suma de cuadrados: Tipo I
      Mostrar: Suma de cuadrados
      Continuar
6. Ejecutar (Aceptar)

7. Copiar objetos a Word

8. Editar

9. Imprimir

RESULTADOS:

Oneway

ONEWAY Descriptives

DATOS

	N	Mean	Std. Deviation	Std. Error	95% Confidence Interval for Mean		Minimum	Maximum
					Lower Bound	Upper Bound		
1	8	372,2500	7,36304	2,60323	366,0943	378,4057	360,00	382,00
2	10	354,4000	11,91824	3,76888	345,8742	362,9258	338,00	376,00
3	13	355,3077	8,91987	2,47393	349,9175	360,6979	342,00	372,00
4	6	361,3333	15,26652	6,23253	345,3121	377,3546	342,00	376,00
Total	37	359,7027	12,45629	2,04780	355,5496	363,8558	338,00	382,00

Escaneado con CamScanner

Test of Homogeneity of Variances

DATOS

Levene Statistic	df1	df2	Significance
2,309	3	33	,094

ONEWAY ANOVA

DATOS

	Sum of Squares	df	Mean Square	F	Significance
Between Groups	1807,727	3	602,576	5,263	,004
Within Groups	3778,003	33	114,485		
Total	5585,730	36			

Variance Components Estimation

Factor Level Information

		N
HOSPEDER	1	8
	2	10
	3	13
	4	6

Dependent Variable DATOS

ANOVA

Source	Type I Sum of Squares	df	Mean Square
Corrected Model	1807,727	3	602,576
Intercept	4787283,3	1	4787283,270
HOSPEDER	1807,727	3	602,576
Error	3778,003	33	114,485
Total	4792869,0	37	
Corrected Total	5585,730	36	

Dependent Variable DATOS

Variance Estimates

Component	Estimate
Var(HOSPEDER)	54,178
Var(Error)	114,485

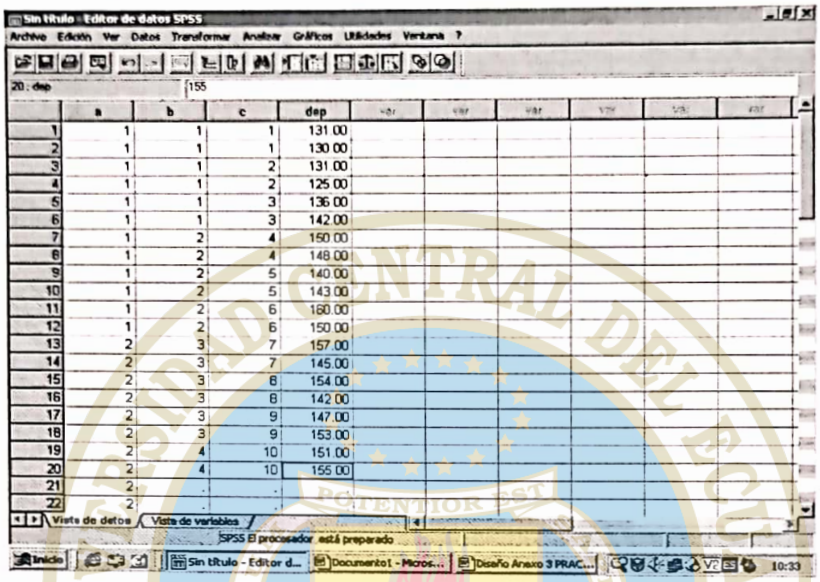
Dependent Variable DATOS ANOVA1 ...

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 2 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 5.2 (Cuadro 5.3- Pág. 32). ANOVA ENCAJADO A TRES NIVELES, MODELO MIXTO-EQUILIBRADO (CON IGUAL TAMAÑO DE SUBMUESTRAS)

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la lista de datos siguiente es parcial)



Donde, Columna 1 (a) es la variable grupal o variable del factor independiente Tratamientos
Columna 2 (b) es la variable grupal o variable del factor independiente Ratas
Columna 3 (c) es la variable grupal o variable del factor independiente Preparaciones
Columna 4 (dep) es la variable dependiente: Lecturas de contenidos de glucógeno

3. Analizar
   - Modelo Lineal General
     - Univariante
       - Seleccione la variable dependiente: dep
       - Seleccione el factor fijo: a
       - Seleccione los factores aleatorios: b y c (en este orden)
       - Modelo:
         - Personalizado
         - Construir términos(incluir en modelo): a, b, c (en este orden)
           - Tipo: Efectos principales
           - Suma de cuadrados: TIPO I
           - Incluir intersección en el modelo
           - continuar
       - Post_hoc
         - Contraste Post_hoc para: a
         - Tukey
         - Continuar
       - Aceptar

Analizar
- Modelo Lineal General
  - Componentes de la variancia
    - Seleccione la variable dependiente: dep
    - Seleccione el factor fijo: a

Escaneado con CamScanner

- Seleccione los factores aleatorios: b y c (en este orden)
- Modelo...
  - Personalizado
  - Construir términos (incluir en modelo): a, b, c (en este orden)
    - Tipo: Efectos principales
    - Continuar
- Opciones...
  - Método: ANOVA
  - Suma de cuadrados: Tipo I
  - Continuar
- Aceptar

4. Copiar objetos a Word, Editar e Imprimir

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DEP

Fuente		Suma de cuadrados tipo I	gl	Media cuadrática	F	Significación
Intersección	Hipótesis	728177,778	1	728177,778	2738,654	,000
	Error	797,667	3	265,889[a]		
A	Hipótesis	1557,556	2	778,778	2,929	,197
	Error	797,667	3	265,889[a]		
B	Hipótesis	797,667	3	265,889	5,371	,014
	Error	594,000	12	49,500[b]		
C	Hipótesis	594,000	12	49,500	2,339	,050
	Error	381,000	18	21,167[c]		

a. MS(B)
b. MS(C)
c. MS(Error)

Subconjuntos homogéneos

DEP

DHS de Tukey[a,b]

A	N	Subconjunto 1	2	3
3.00	12	135.1667		
1.00	12		140.5000	
2.00	12			151.0000
Sig.		1.000	1.000	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type I Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 21.167.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 12.000
b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

Componentes de la varianza

Variance Estimates

Component	Estimate
Var(B)	36,065
Var(C)	14,167
Var(Error)	21,167

Dependent Variable: DEP
Method: ANOVA (Type I Sum of Squares)

Notas:

1. Si se requiere conocer la componente de variancia del factor fijo, considerarlo como aleatorio en las especificaciones del cálculo de las componentes de variancia.
2. Los resultados del post hoc (*tukey*) no coinciden con los resultados del ANOVA, esto se debe a que el programa toma como término de error a un cuadrado medio no correspondiente. Al probar manualmente esta prueba de significación utilizando como término de error al cuadrado medio para ratas, puesto que éste es el denominador en el cálculo de F para tratamientos, se tiene:

   Prueba de significación de *Tukey* al 0.05:

   $$T = Q_{(0.05;3;3)}\sqrt{265.89/12} = 4.65(4.71) = 21.9$$

   donde, 12 es el tamaño de las muestras de donde provienen las medias a comparar.

Trat.	Rangos	$\bar{Y}_i$ ordenadas	151.00	140.50	135.17
T2	A	151.00	.....		
T1	A	140.50	10.50 NS	..... NS	
T3	A	135.17	15.83 NS	5.33 NS	.....

3. TIPOS DE SUMA DE CUADRADOS

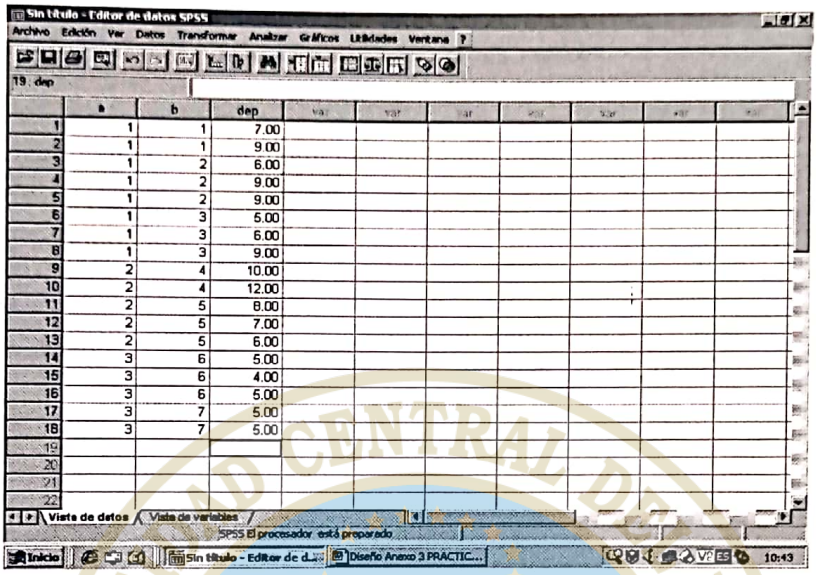
- **Tipo I**. En este método, conocido como de descomposición jerárquica, cada término se corrige sólo respecto al término que le precede en el modelo. Se utiliza en los modelos anidados y en los modelos equilibrados (casillas con tamaños iguales) en los que cualquier efecto principal se evalúa antes que cualquier efecto de interacción de primer orden, la interacción de primer orden antes que la interacción de segundo orden, y así sucesivamente.
- **Tipo II**. Se obtienen sólo en base a los efectos pertinentes, entendiéndose como un efecto pertinente a aquel que no está contenido en el efecto que se está evaluando. En un par de efectos E1 y E2, se dice que E1 está contenido en E2 si,
  1) Ambos efectos tienen la misma covariable
  2) E2 consta de más factores que E1, o
  3) Todos los factores presentes en E1 lo están en E2

  Si sólo se evalúan efectos principales (en modelos que no incluyen interacción), cada efecto se ajustará teniendo en cuenta el resto de efectos presentes en el modelo. Esta Suma de Cuadrados se utiliza normalmente en los modelos equilibrados.
- **Tipo III**. Ajustan cada efecto tomando en cuenta cualquier otro efecto que no lo contenga y de forma independiente de cualquier efecto que lo contenga, si existe. Este tipo de *suma de cuadrados* es útil para los modelos no equilibrados sin casillas vacías, puesto que las sumas no se alteran por las variaciones del tamaño muestral de las casillas. Es el modo por defecto (default) del SPSS.
- **Tipo IV.** Se usa para modelos equilibrados y no equilibrados cuando existen casillas vacías.

Escaneado con CamScanner

CASO 2: EJEMPLO 5.3 (Cuadro 5.5- Pág. 34). ANOVA JERÁRQUICO A DOS NIVELES-NO EQUILIBRADO (CON TAMAÑO DESIGUAL DE SUBMUESTRAS)

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos:



Donde, Columna 1 (a) es la variable grupal o variable del factor independiente Localidades
Columna 2 (b) es la variable grupal o variable del factor independiente Cuadrantes
Columna 3 (dep) es la variable dependiente: Determinaciones de nitrógeno en %.

3. Analizar
   - Modelo Lineal General
     - Univariante
       - Seleccione la variable dependiente: dep
       - Seleccione los factores aleatorios: a y b (en este orden)
       - Modelo...
         - Personalizado
         - Construir términos(incluir en modelo): a, b (en este orden)
           - Tipo: Efectos principales
           - Suma de cuadrados: TIPO I
           - Incluir intersección en el modelo
           - Continuar
       - Aceptar

Analizar
- Modelo Lineal General
  - Componentes de la variancia
    - Seleccione la variable dependiente: dep
    - Seleccione los factores aleatorios: a y b (en este orden)
    - Modelo...
      - Personalizado
      - Construir términos (incluir en modelo): a, b (en este orden)
        - Tipo: Efectos principales
        - Continuar
    - Opciones...
      - Método: ANOVA
      - Suma de cuadrados: Tipo I
      - Continuar
    - Aceptar

Escaneado con CamScanner

4. Copiar objetos a Word, Editar e Imprimir

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DEP

Fuente		Suma de cuadrados tipo I	gl	Media cuadrática	F	Significación
Intersección	Hipótesis	896,056	1	896,056	43,337	,025
	Error	39,544	1,913	20,676[a]		
A	Hipótesis	38,944	2	19,472	3,324	,145
	Error	22,653	3,867	5,858[b]		
B	Hipótesis	22,667	4	5,667	2,922	,072
	Error	21,333	11	1,939[c]		

a. 1,086 MS(A) - ,080 MS(B) - ,006 MS(Error)

b. 1,051 MS(B) - ,051 MS(Error)

c. MS(Error)

Nota: observe que la Suma de Cuadrados del error del factor A no coincide con la Suma de Cuadrados de la hipótesis del factor B. Esto se debe a que el cálculo es ajustado debido a los diferentes tamaños de muestra.

Componentes de la varianza

Información sobre los niveles de los factores

		N
A	1.00	8
	2.00	5
	3.00	5
B	1.00	2
	2.00	3
	3.00	3
	4.00	2
	5.00	3
	6.00	3
	7.00	2

Variable dependiente: DEP

Variance Estimates

Component	Estimate
Var(A)	2,334
Var(B)	1,483
Var(Error)	1,939

Dependent Variable: DEP
Method: ANOVA (Type I Sum of Squares)

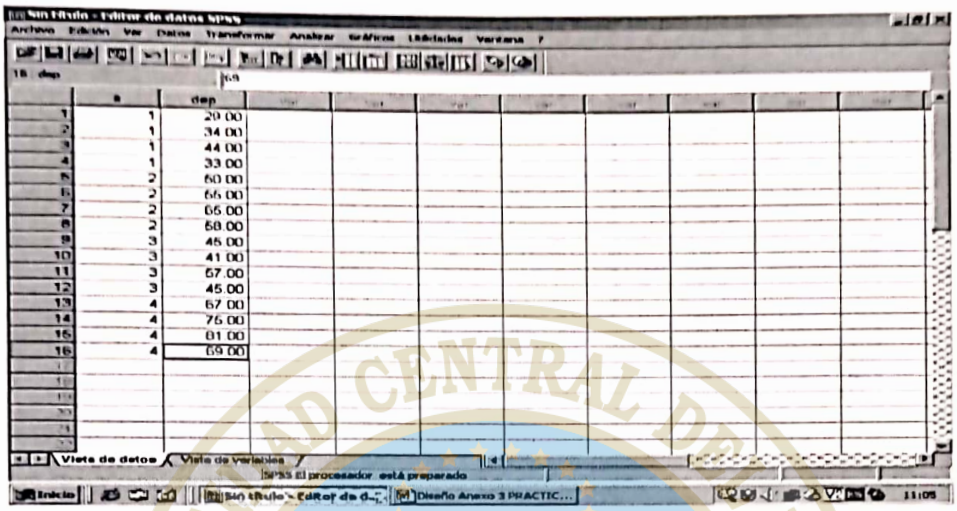
Las estimaciones de los componentes se basan en el cálculo de coeficientes ponderados, por los diferentes tamaños de muestra.

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 3 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: PRUEBAS DE SIGNIFICACIÓN (POST HOC). EXPERIMENTO EN DCA EQUILIBRADO. ANOVA DE UN FACTOR

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos:



	a	dep
1	1	20.00
2	1	34.00
3	1	44.00
4	1	33.00
5	2	60.00
6	2	66.00
7	2	65.00
8	2	58.00
9	3	45.00
10	3	41.00
11	3	57.00
12	3	45.00
13	4	67.00
14	4	75.00
15	4	81.00
16	4	69.00

Donde, Columna 1 (a) es la variable grupal o variable del factor independiente Hormonas
Columna 2 (dep) es la variable dependiente: Ganancia de peso.

3. Elija en los menús
   Analizar
   Comparar medias
   ANOVA de un factor
   Seleccione la variable dependiente (dep)
   Seleccione la variable del factor independiente o grupal (a)
   Post hoc
   Seleccione: DMS, DUNCAN, S-N-K, TUKEY, Scheffé
   Continuar
   Opciones
   Seleccione: Descriptivos
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

RESULTADOS:

ANOVA de un factor

ANOVA

		Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
DEP	Inter-grupos	3104.000	3	1034.667	24.635	.000
	Intra-grupos	504.000	12	42.000		
	Total	3608.000	15			

Escaneado con CamScanner

Comparaciones múltiples

Variable dependiente: DEP

	(I) A	(J) A	Diferencia de medias (I-J)	Error típico	Sig.	Intervalo de confianza al 95%	
						Límite inferior	Límite superior
HSD de Tukey	1.00	2.00	-22.0000*	4.583	.002	-35.6054	-8.3946
		3.00	-12.0000	4.583	.091	-25.6054	1.6054
		4.00	-38.0000*	4.583	.000	-51.6054	-24.3946
	2.00	1.00	22.0000*	4.583	.002	8.3946	35.6054
		3.00	10.0000	4.583	.183	-3.6054	23.6054
		4.00	-16.0000*	4.583	.020	-29.6054	-2.3946
	3.00	1.00	12.0000	4.583	.091	-1.6054	25.6054
		2.00	-10.0000	4.583	.183	-23.6054	3.6054
		4.00	-26.0000*	4.583	.001	-39.6054	-12.3946
	4.00	1.00	38.0000*	4.583	.000	24.3946	51.6054
		2.00	16.0000*	4.583	.020	2.3946	29.6054
		3.00	26.0000*	4.583	.001	12.3946	39.6054
Scheffé	1.00	2.00	-22.0000*	4.583	.004	-36.8286	-7.1714
		3.00	-12.0000	4.583	.131	-26.8286	2.8286
		4.00	-38.0000*	4.583	.000	-52.8286	-23.1714
	2.00	1.00	22.0000*	4.583	.004	7.1714	36.8286
		3.00	10.0000	4.583	.244	-4.8286	24.8286
		4.00	-16.0000*	4.583	.033	-30.8286	-1.1714
	3.00	1.00	12.0000	4.583	.131	-2.8286	26.8286
		2.00	-10.0000	4.583	.244	-24.8286	4.8286
		4.00	-26.0000*	4.583	.001	-40.8286	-11.1714
	4.00	1.00	38.0000*	4.583	.000	23.1714	52.8286
		2.00	16.0000*	4.583	.033	1.1714	30.8286
		3.00	26.0000*	4.583	.001	11.1714	40.8286
DMS	1.00	2.00	-22.0000*	4.583	.000	-31.9846	-12.0154
		3.00	-12.0000*	4.583	.022	-21.9846	-2.0154
		4.00	-38.0000*	4.583	.000	-47.9846	-28.0154
	2.00	1.00	22.0000*	4.583	.000	12.0154	31.9846
		3.00	10.0000*	4.583	.050	1.543E-02	19.9846
		4.00	-16.0000*	4.583	.004	-25.9846	-6.0154
	3.00	1.00	12.0000*	4.583	.022	2.0154	21.9846
		2.00	-10.0000*	4.583	.050	-19.9846	-1.54E-02
		4.00	-26.0000*	4.583	.000	-35.9846	-16.0154
	4.00	1.00	38.0000*	4.583	.000	28.0154	47.9846
		2.00	16.0000*	4.583	.004	6.0154	25.9846
		3.00	26.0000*	4.583	.000	16.0154	35.9846

*. La diferencia entre las medias es significativa al nivel .05.

Escaneado con CamScanner

Subconjuntos homogéneos

DEP

	A	N	Subset for alpha = .05			
			1	2	3	4
Student-Newman-Keuls[a]	1.00	4	35.0000			
	3.00	4		47.0000		
	2.00	4			57.0000	
	4.00	4				73.0000
	Sig.		1.000	1.000	1.000	1.000
HSD de Tukey[a]	1.00	4	35.0000			
	3.00	4	47.0000	47.0000		
	2.00	4		57.0000		
	4.00	4			73.0000	
	Sig.		.091	.183	1.000	
Duncan[a]	1.00	4	35.0000			
	3.00	4		47.0000		
	2.00	4			57.0000	
	4.00	4				73.0000
	Sig.		1.000	1.000	1.000	1.000
Scheffé[a]	1.00	4	35.0000			
	3.00	4	47.0000	47.0000		
	2.00	4		57.0000		
	4.00	4			73.0000	
	Sig.		.131	.244	1.000	

Se muestran las medias para los grupos en los subconjuntos

a. Uses Harmonic Mean Sample Size = 4.000

Según estos resultados podemos construir, de otra forma, los siguientes rangos de significación:

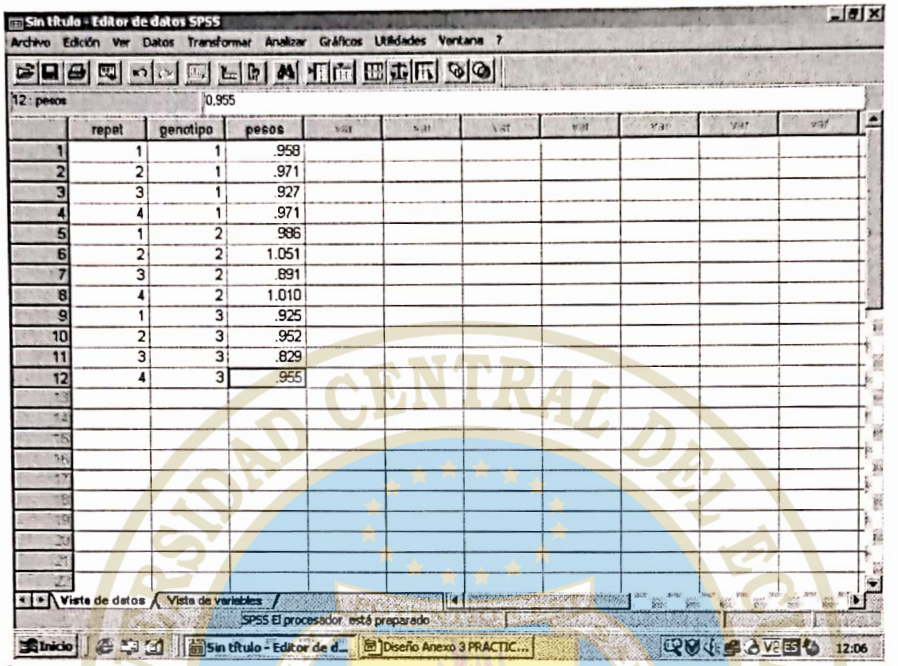
No. Trat.	Medias Ordenadas	DMS DUNCAN SNK	TUKEY SCHEFFÉ
4	73.00	a	a
2	57.00	b	b
3	47.00	c	b c
1	35.00	d	c

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 4 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 7.1 (Cuadro 7.3- Pág. 50). ANOVA EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos:



3. Elija en los menús
   Analizar
   Modelo Lineal General
   Univariante
   Seleccione la variable dependiente (pesos)
   Seleccione Factores fijos: genotipo
   Seleccione Factores aleatorios: repet
   Modelo
   Personalizado Modelo: repet
   genotipo
   Construir términos: Efectos principales
   Suma de cuadrados: Tipo III
   No intersección en el modelo: quitar señal
   Continuar
   Post hoc
   Contrastes post hoc para: genotipo
   Seleccione: TUKEY
   Continuar
   Opciones
   Mostrar medias para: Global, genotipos y repet
   Descriptivos
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar Resultados como objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: PESOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
REPET	Hipótesis	,021	3	,007	10,226	,009
	Error	,004	6	,001[a]		
GENOTIPO	Hipótesis	,010	2	,005	6,968	,027
	Error	,004	6	,001[a]		

a. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{0.0006973}}{0.95217} * 100 = 2.8\%$$

Medias marginales estimadas

1. Grand Mean

Variable dependiente: PESOS

Media	Error típ.
.95217	.008

2. GENOTIPO

Variable dependiente: PESOS

GENOTIPO	Media	Error típ.
1.00	.95675	.013
2.00	.98450	.013
3.00	.91525	.013

Pruebas post hoc: Subconjuntos homogéneos

PESOS

DHS de Tukey[a,b]

GENOTIPO	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2
3.00	4	.91525	
1.00	4	.95675	.95675
2.00	4		.98450
Sig.		.145	.361

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 6.973E-04.

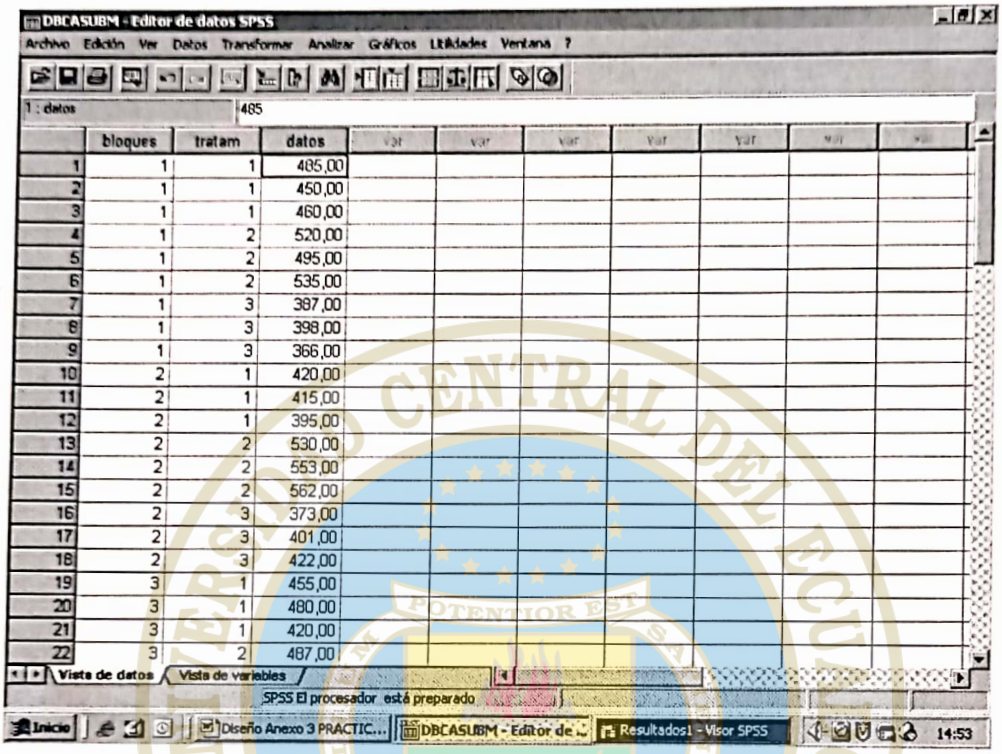
a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 4.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

CASO 2: EJEMPLO 7.4 (Cuadro 7.12- Pág. 56-57). ANOVA EN DBCA CON SUBMUESTRAS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la lista de datos siguiente es parcial)



3. Elija en los menús
   Analizar
   Modelo Lineal General
   Univariante
   Seleccione la variable dependiente (datos)
   Seleccione Factores fijos: tratam
   Seleccione Factores aleatorios: bloques
   Modelo
   Personalizado Modelo: Bloques (A)
   Tratam (F)
   Bloques*Tratam
   Suma de cuadrados: Tipo III
   No intersección en el modelo: quitar señal
   Continuar
   Post hoc
   Contrastes post hoc para: Tratam
   Seleccione: TUKEY
   Continuar
   Opciones
   Mostrar medias para: Global y Tratam
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar Resultados como objetos a Word, editar e imprimir, de ser necesario

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Univariate Analysis of Variance

Tests of Between-Subjects Effects

Dependent Variable: DATOS

Source		Type III Sum of Squares	df	Mean Square	F	Sig.
BLOQUES	Hypothesis	2056,356	4	514,089	,397	,805
	Error	10348,978	8	1293,622[a]		
TRATAM	Hypothesis	124724,133	2	62362,067	48,207	,000
	Error	10348,978	8	1293,622[a]		
TRATAM * BLOQUES	Hypothesis	10348,978	8	1293,622	3,852	,003
	Error	10075,333	30	335,844[b]		

a. MS(TRATAM * BLOQUES)

b. MS(Error)

Nota: E.E. = Tratam * Bloques

Estimated Marginal Means

1. Grand Mean

Dependent Variable: DATOS

Mean	Std. Error	95% Confidence Interval	
		Lower Bound	Upper Bound
448,733	2,732	443,154	454,313

2. TRATAM

Dependent Variable: DATOS

TRATAM	Mean	Std. Error	95% Confidence Interval	
			Lower Bound	Upper Bound
1	440,000	4,732	430,336	449,664
2	517,133	4,732	507,470	526,797
3	389,067	4,732	379,403	398,730

Post Hoc Tests. Homogeneous Subsets

TRATAM

DATOS

Tukey HSD[a,b]

TRATAM	N	Subset		
		1	2	3
3	15	389,0667		
1	15		440,0000	
2	15			517,1333
Sig.		1,000	1,000	1,000

Means for groups in homogeneous subsets are displayed.
Based on Type III Sum of Squares
The error term is Mean Square(Error) = 335,844.

a. Uses Harmonic Mean Sample Size = 15,000.

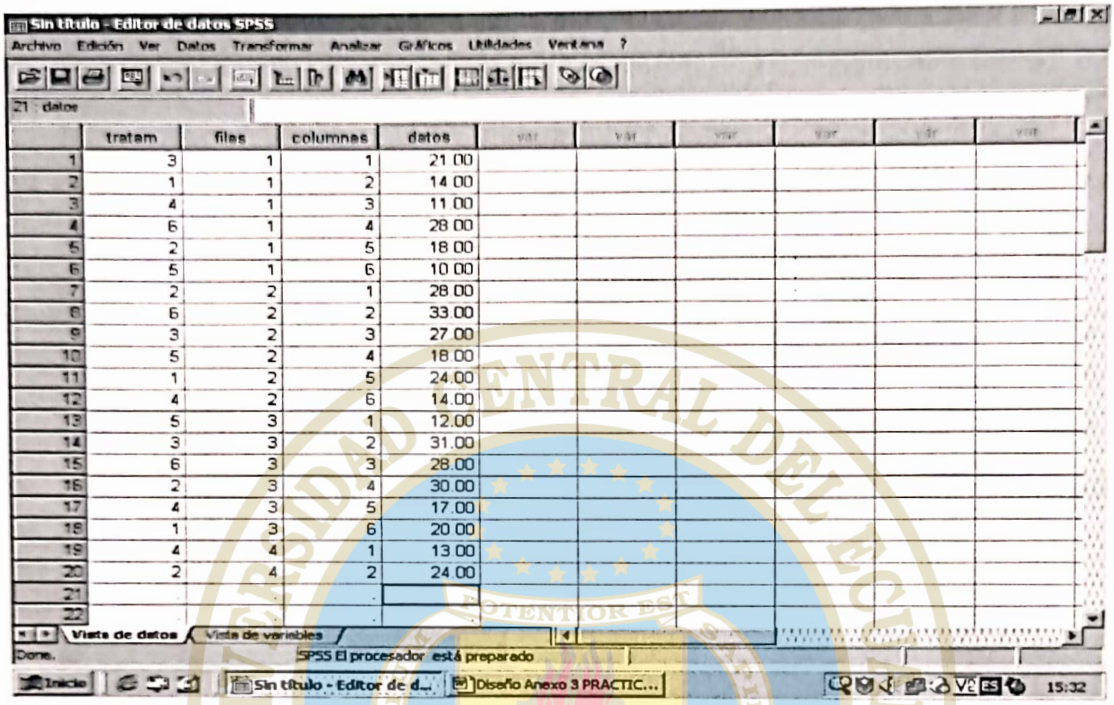
b. Alpha = ,05.

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 5 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 8.1 (Cuadro 8.2- Pág. 61-62). ANOVA EN DCL

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos (la lista de datos siguiente es parcial):



	tratam	filas	columnas	datos
1	3	1	1	21.00
2	1	1	2	14.00
3	4	1	3	11.00
4	6	1	4	28.00
5	2	1	5	18.00
6	5	1	6	10.00
7	2	2	1	28.00
8	6	2	2	33.00
9	3	2	3	27.00
10	5	2	4	18.00
11	1	2	5	24.00
12	4	2	6	14.00
13	5	3	1	12.00
14	3	3	2	31.00
15	6	3	3	28.00
16	2	3	4	30.00
17	4	3	5	17.00
18	1	3	6	20.00
19	4	4	1	13.00
20	2	4	2	24.00
21				
22				

3. Elija en los menús
   Analizar
   Modelo Lineal General
   Univariante
   Seleccione la variable dependiente (datos)
   Seleccione Factores fijos: tratam
   Seleccione Factores aleatorios: filas
   columnas
   Modelo
   Personalizado Modelo: filas (A)
   columnas (A)
   tratam
   Construir términos: Efectos principales
   Suma de cuadrados: Tipo III
   No intersección en el modelo: quitar señal
   Continuar
   Opciones
   Mostrar medias para: Global (OVERALL)
   Continuar
   Post hoc
   Contrastes post hoc para: tratam
   Seleccione: TUKEY
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar resultados a Word, editar e imprimir (si fuera necesario).

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
FILAS	Hipótesis	288,000	5	57,600	4,056	,011
	Error	284,000	20	14,200[a]		
COLUMNAS	Hipótesis	144,000	5	28,800	2,028	,118
	Error	284,000	20	14,200[a]		
TRATAM	Hipótesis	912,000	5	182,400	12,845	,000
	Error	284,000	20	14,200[a]		

a. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{14.2}}{20} * 100 = 18.8\%$$

Medias marginales estimadas

Gran media

Variable dependiente:datos

Media	Error típ.	Intervalo de confianza 95%	
		Límite inferior	Límite superior
20.000	.628	18.690	21.310

Subconjuntos homogéneos

atos

DHS de Tukey[a,,b]

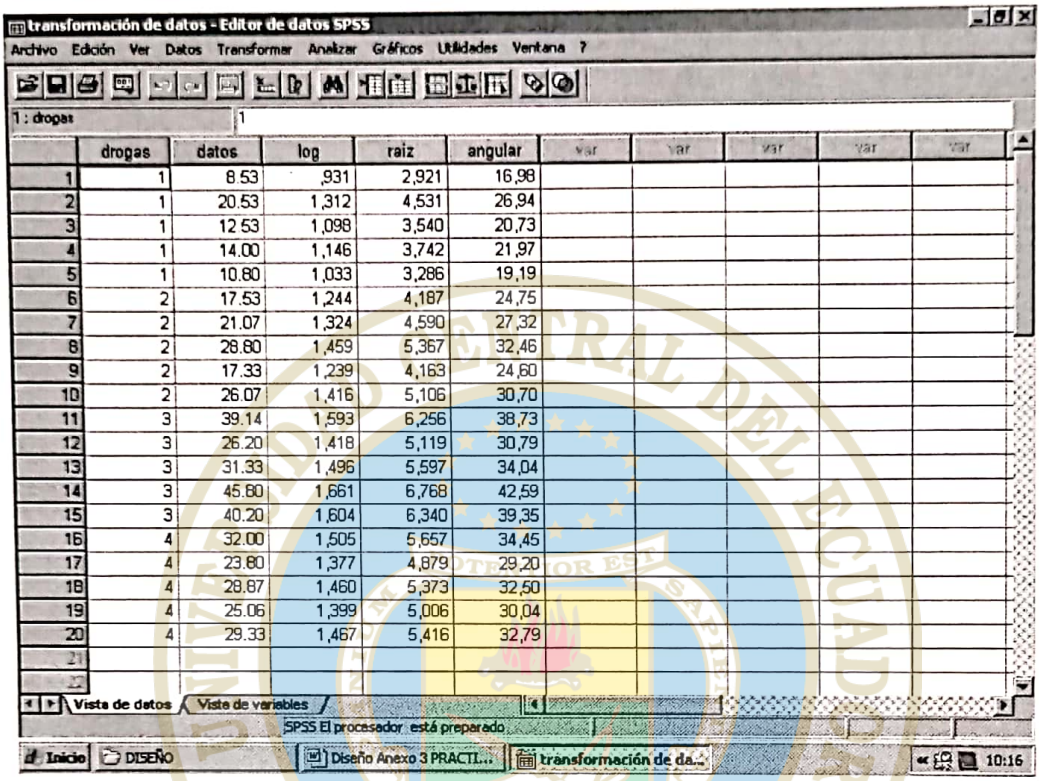
tratam	N	Subconjunto		
		1	2	3
5.00	6	13.0000		
4.00	6	15.0000		
1.00	6	18.0000	18.0000	
2.00	6		23.0000	23.0000
3.00	6		24.0000	24.0000
6.00	6			27.0000
Sig.		.240	.107	.465

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 6 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEmplo 9.1 (Cuadro 9.1- Pág. 67-68). ANOVA DE UN FACTOR PARA DATOS ORIGINALES Y TRANSFORMADOS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos:



	drogas	datos	log	raiz	angular
1	1	8.53	,931	2,921	16,98
2	1	20.53	1,312	4,531	26,94
3	1	12.53	1,098	3,540	20,73
4	1	14.00	1,146	3,742	21,97
5	1	10.80	1,033	3,286	19,19
6	2	17.53	1,244	4,187	24,75
7	2	21.07	1,324	4,590	27,32
8	2	28.80	1,459	5,367	32,46
9	2	17.33	1,239	4,163	24,60
10	2	26.07	1,416	5,106	30,70
11	3	39.14	1,593	6,256	38,73
12	3	26.20	1,418	5,119	30,79
13	3	31.33	1,496	5,597	34,04
14	3	45.80	1,661	6,768	42,59
15	3	40.20	1,604	6,340	39,35
16	4	32.00	1,505	5,657	34,45
17	4	23.80	1,377	4,879	29,20
18	4	28.87	1,460	5,373	32,50
19	4	25.06	1,399	5,006	30,04
20	4	29.33	1,467	5,416	32,79

Nota: NO ingrese los datos de las columnas 3, 4 y 5. Estos son calculados

3. Elija en los menús
   - Transformar
     - Calcular
       - Variable destino: **log**
       - Funciones: seleccionar LG10(expr_num) y confirmar con ↵
       - Expresión numérica (?) : seleccionar datos y confirmar con →
       - Aceptar
   - Transformar
     - Calcular
       - Variable destino: **raiz**
       - Funciones: seleccionar SQRT(expr_num) [a]
       - confirmar Expresión numérica: ↵
       - seleccionar datos y confirmar con →
       - Aceptar
   - Transformar
     - Calcular
       - Variable destino: **angular**
       - Funciones: seleccionar ARSIN(expr_num)

---

[a] **Borre la función anterior para introducir la nueva función.**

Escaneado con CamScanner

confirmar Expresión numérica:
seleccionar datos y confirmar con
Editar la función: ARSIN(SQRT(datos/100))*180/3.1416 (b)
Aceptar

4. Realizar el ANOVA DE UN FACTOR para datos y datos transformados: log, raiz y angular
   Elija en los menús
   Analizar
   Comparar medias
   ANOVA de un factor
   Seleccione las variables dependientes: datos, log, raiz, angular
   Seleccione la variable del factor independiente o grupal (tratam)
   Opciones
   Descriptivo
   Prueba de homogeneidad de variancias
   Continuar
5. Ejecutar (Aceptar)
6. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de requerirse

RESULTADOS:

ANOVA de un factor

Descriptivos

		N	Media	Desviación típica	Error típico	Intervalo de confianza para la media al 95%		Mínimo	Máximo
						Límite inferior	Límite superior		
DATOS	1	5	13.2780	4.53752	2.02924	7.6439	18.9121	8.53	20.53
	2	5	22.1600	5.13156	2.29490	15.7883	28.5317	17.33	28.80
	3	5	36.5340	7.74537	3.46383	26.9169	46.1511	26.20	45.80
	4	5	27.8120	3.34038	1.49387	23.6644	31.9596	23.80	32.00
	Total	20	24.9460	10.01126	2.23859	20.2606	29.6314	8.53	45.80
LOG	1	5	1,1042	,14157	,06331	,9284	1,2799	,93	1,31
	2	5	1,3364	,09969	,04458	1,2126	1,4601	1,24	1,46
	3	5	1,5544	,09646	,04314	1,4346	1,6742	1,42	1,66
	4	5	1,4417	,05268	,02356	1,3763	1,5071	1,38	1,51
	Total	20	1,3592	,19474	,04355	1,2680	1,4503	,93	1,66
RAIZ	1	5	3,6039	,60215	,26929	2,8562	4,3515	2,92	4,53
	2	5	4,6825	,54113	,24200	4,0106	5,3544	4,16	5,37
	3	5	6,0160	,65353	,29227	5,2045	6,8275	5,12	6,77
	4	5	5,2660	,31796	,14219	4,8712	5,6608	4,88	5,66
	Total	20	4,8921	1,03279	,23094	4,4087	5,3755	2,92	6,77
ANGULAR	1	5	21,1627	3,72970	1,66797	16,5316	25,7937	16,98	26,94
	2	5	27,9671	3,52568	1,57673	23,5894	32,3448	24,60	32,46
	3	5	37,0983	4,66576	2,08659	31,3050	42,8916	30,79	42,59
	4	5	31,7960	2,14215	,95800	29,1362	34,4558	29,20	34,45
	Total	20	29,5060	6,82537	1,52620	26,3116	32,7004	16,98	42,59

(b) **Editar el comando como se ha señalado para ser ejecutado.**

Escaneado con CamScanner

Prueba de homogeneidad de varianzas

	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
DATOS	1,887	3	16	,173
LOG	,986	3	16	,424
RAIZ	,892	3	16	,466
ANGULAR	1,117	3	16	,371

ANOVA

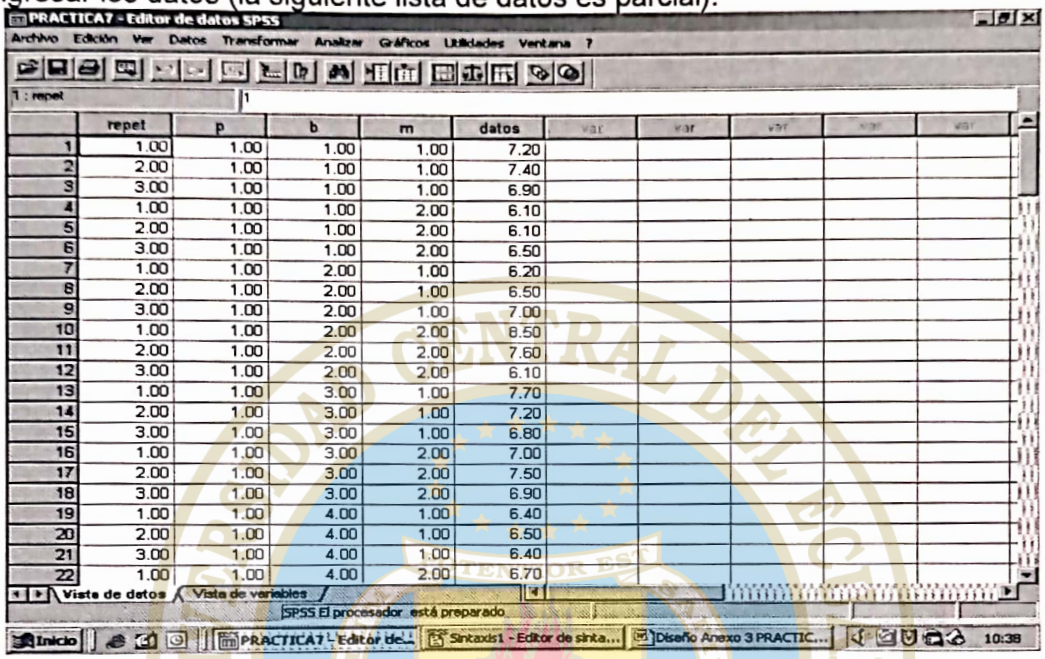
		Suma de cuadrados	gl	Cuadrados medios	F	Sig.	CV%
DATOS	Inter-grupos	1431.999	3	477.333	16.171	.000	21.8
	Intra-grupos	472.283	16	29.518			
	Total	1904.282	19				
LOG	Inter-grupos	.552	3	.184	17.511	.000	7.7
	Intra-grupos	.168	16	.011			
	Total	.721	19				
RAIZ	Inter-grupos	15.532	3	5.177	17.497	.000	11.1
	Intra-grupos	4.734	16	.296			
	Total	20.267	19				
ANGULAR	Inter-grupos	674.332	3	224.777	17.061	.000	12.3
	Intra-grupos	210.797	16	13.175			
	Total	885.129	19				

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 7 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 11.3 (Cuadro 11.14- Pág. 93). ANOVA DE UN EXPERIMENTO FACTORIAL 4x4x2 CON 3 REP. EN DCA. INCLUYE COMPARACIONES Y POLINOMIOS ORTOGONALES

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos (la siguiente lista de datos es parcial):



	repet	p	b	m	datos
1	1.00	1.00	1.00	1.00	7.20
2	2.00	1.00	1.00	1.00	7.40
3	3.00	1.00	1.00	1.00	6.90
4	1.00	1.00	1.00	2.00	6.10
5	2.00	1.00	1.00	2.00	6.10
6	3.00	1.00	1.00	2.00	6.50
7	1.00	1.00	2.00	1.00	6.20
8	2.00	1.00	2.00	1.00	6.50
9	3.00	1.00	2.00	1.00	7.00
10	1.00	1.00	2.00	2.00	6.50
11	2.00	1.00	2.00	2.00	7.60
12	3.00	1.00	2.00	2.00	6.10
13	1.00	1.00	3.00	1.00	7.70
14	2.00	1.00	3.00	1.00	7.20
15	3.00	1.00	3.00	1.00	6.80
16	1.00	1.00	3.00	2.00	7.00
17	2.00	1.00	3.00	2.00	7.50
18	3.00	1.00	3.00	2.00	6.90
19	1.00	1.00	4.00	1.00	6.40
20	2.00	1.00	4.00	1.00	6.50
21	3.00	1.00	4.00	1.00	6.40
22	1.00	1.00	4.00	2.00	6.70

Nota: Observe que los datos anteriores son parciales. La secuencia de la primera columna va hasta el dato 96; en la segunda columna habrán 24 unos, 24 dos, 24 tres y 24 cuatros; en la tercera columna deben haber seis unos, seis dos, seis tres y seis cuatros, y se repite esta secuencia para los cuatro niveles del factor b; de la misma manera proceder con la cuarta columna.

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
       - Seleccione la variable dependiente: datos
       - Seleccione las variables de los factores independientes o grupales (Factores fijos): p, b, m
       - Modelo
         - Suma de Cuadrados Tipo III
         - Continuar
       - Opciones
         - Mostrar medias para:Global, p, b, m
         - Marcar Estadísticos descriptivos
       - Continuar
4. PEGAR (en el archivo sintaxis adjuntar los siguientes comandos:)
   /CONTRAST (p)=special(-3 1 1 1)
   /CONTRAST (p)=special(0 -2 1 1)
   /CONTRAST (p)=special(0 0 -1 1). (El punto debe ir al final de todos los comandos)
   EJECUTAR: TODO
5. Copiar objetos a Word, Editar e imprimir, en caso de requerirse

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS: UNIANOVA

Estadísticos descriptivos

	P	B	M	Media	Desv. tip	N
DATOS	1.00	1.00	1.00	7.1667	.2517	3
			2.00	6.2333	.2309	3
			Total	6.7000	.5550	6
		2.00	1.00	6.5667	.4041	3
			2.00	7.4000	1.2124	3
			Total	6.9833	.9283	6
		3.00	1.00	7.2333	.4509	3
			2.00	7.1333	.3215	3
			Total	7.1833	.3545	6
		4.00	1.00	6.4333	5.774E-02	3
			2.00	6.6333	.6028	3
			Total	6.5333	.3983	6
		Total	1.00	6.8500	.4642	12
			2.00	6.8500	.7634	12
			Total	6.8500	.6179	24
	2.00	1.00	1.00	6.5000	.7550	3
			2.00	5.2667	1.6743	3
			Total	5.8833	1.3438	6
		2.00	1.00	6.7000	.4583	3
			2.00	7.1000	1.3454	3
			Total	6.9000	.9252	6
		3.00	1.00	7.3667	.5859	3
			2.00	7.0333	.2517	3
			Total	7.2000	.4427	6
		4.00	1.00	6.9333	.9074	3
			2.00	7.6667	.8145	3
			Total	7.3000	.8695	6
		Total	1.00	6.8750	.6837	12
			2.00	6.7667	1.3620	12
			Total	6.8208	1.0554	24
	3.00	1.00	1.00	5.6000	.9165	3
			2.00	5.8667	.6110	3
			Total	5.7333	.7118	6
		2.00	1.00	6.6667	.2309	3
			2.00	5.9667	.6110	3
			Total	6.3167	.5636	6
		3.00	1.00	6.7667	.3512	3
			2.00	7.4333	.3055	3
			Total	7.1000	.4690	6
		4.00	1.00	6.4000	.4359	3
			2.00	6.6667	.6110	3
			Total	6.5333	.4967	6
		Total	1.00	6.3583	.6694	12
			2.00	6.4833	.8077	12
			Total	6.4208	.7283	24
	4.00	1.00	1.00	5.4667	.5686	3
			2.00	5.6333	5.774E-02	3
			Total	5.5500	.3728	6
		2.00	1.00	6.1000	.8660	3
			2.00	6.1000	.7000	3
			Total	6.1000	.7043	6
		3.00	1.00	7.1667	.5859	3
			2.00	7.0000	.4359	3
			Total	7.0833	.4708	6
		4.00	1.00	6.4000	.2000	3
			2.00	6.1667	.5508	3
			Total	6.2833	.3920	6
		Total	1.00	6.2833	.8200	12
			2.00	6.2250	.6662	12
			Total	6.2542	.7313	24
	Total	1.00	1.00	6.1833	.9223	12
			2.00	5.7500	.8501	12
			Total	5.9667	.8952	24
		2.00	1.00	6.5083	.5265	12
			2.00	6.6417	1.0825	12
			Total	6.5750	.8352	24
		3.00	1.00	7.1333	.4887	12
			2.00	7.1500	.3371	12
			Total	7.1417	.4106	24
		4.00	1.00	6.5417	.4981	12
			2.00	6.7833	.7975	12
			Total	6.6625	.6619	24
		Total	1.00	6.5917	.7056	48
			2.00	6.5813	.9430	48
			Total	6.5865	.8284	96

Escaneado con CamScanner

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente:datos

Fuentes de variación	Suma de cuadrados tipo III	gl	Cuadrado medio	F	Sig.
Modelo corregido	36.046[a]	31	1.163	2.553	.001
Intersección	4164.618	1	4164.618	9144.632	.000
p	6.294	3	2.098	4.607	.006
b	16.759	3	5.586	12.267	.000
m	.003	1	.003	.006	.940
p * b	5.294	9	.588	1.292	.259
p * m	.182	3	.061	.133	.940
b * m	1.583	3	.528	1.159	.333
p * b * m	5.931	9	.659	1.447	.187
Error	29.147	64	.455		
Total	4229.810	96			
Total corregida	65.192	95			

a. R cuadrado = ,553 (R cuadrado corregida = ,336)

$$CV = \frac{\sqrt{0.455}}{6.5865} * 100 = 10.24\%$$

COMPARACIONES ORTOGONALES (C.O.)

Resultados de la prueba: Contraste 1

Variable dependiente:datos

Origen	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Contraste	2.223	1	2.223	4.880	.031
Error	29.147	64	.455		

Resultados de la prueba: Contraste 2

Variable dependiente:datos

Origen	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Contraste	3.738	1	3.738	8.207	.006
Error	29.147	64	.455		

Resultados de la prueba: Contraste 3

Variable dependiente:datos

Origen	Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Contraste	.333	1	.333	.732	.395
Error	29.147	64	.455		

Escaneado con CamScanner

Medias marginales estimadas

1. Gran media

Variable dependiente:datos

Media	Error típ.	Intervalo de confianza 95%	
		Límite inferior	Límite superior
6.586	.069	6.449	6.724

2. p

Variable dependiente:datos

p	Media	Error típ.	Intervalo de confianza 95%	
			Límite inferior	Límite superior
1.00	6.850	.138	6.575	7.125
2.00	6.821	.138	6.546	7.096
3.00	6.421	.138	6.146	6.696
4.00	6.254	.138	5.979	6.529

3. b

Variable dependiente:datos

b	Media	Error típ.	Intervalo de confianza 95%	
			Límite inferior	Límite superior
1.00	5.967	.138	5.691	6.242
2.00	6.575	.138	6.300	6.850
3.00	7.142	.138	6.866	7.417
4.00	6.663	.138	6.387	6.938

4. m

Variable dependiente:datos

m	Media	Error típ.	Intervalo de confianza 95%	
			Límite inferior	Límite superior
1.00	6.592	.097	6.397	6.786
2.00	6.581	.097	6.387	6.776

POLINOMIOS ORTOGONALES (P.O.)

Para obtener los polinomios ortogonales correr un ANOVA 1 para el factor b, con la opción Contrastes-Polinómico-Cúbico (ACEPTAR). Luego habrá que encontrar la significación de los polinomios con el Cuadrado Medio del Error del ANOVA factorial:

ONEWAY ANOVA

DATOS

			Sum of Squares	df	Mean Square	F	Significance
Between Groups	(Combined)		16,759	3	5,586	10,612	,000
	Linear Term	Contrast	8,454	1	8,454	16,058	,000
		Deviation	8,306	2	4,153	7,889	,001
	Quadratic Term	Contrast	7,096	1	7,096	13,479	,000
		Deviation	1,210	1	1,210	2,298	,133
	Cubic Term	Contrast	1,210	1	1,210	2,298	,133
Within Groups			48,433	92	,526		
Total			65,192	95			

Escaneado con CamScanner

CASO 2: EJEMPLO 11.3 (Cuadro 11.14- Pág. 93). ANOVA DE UN EXPERIMENTO FACTORIAL 4x4x2 CON 3 REP. EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: Igual que en caso 1
3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
       - Seleccione la variable dependiente (datos)
       - Seleccione las variables de los factores independientes, grupales o factores fijos: proced (p), bap (b), medios (m).
       - Seleccione el factor aleatorio: repet
       - Modelo
         - Personalizado
           - Interacción
             - Construir términos:
               - repet (A)
               - p
               - b
               - b * p
               - m
               - m * p
               - b * m
               - b * m * p
             - Suma de Cuadrados Tipo III
             - Quitar señal de incluir la intersección en el modelo
             - Continuar
       - Post hoc: Tukey, para
         - p
         - b
         - Continuar
       - Opciones
         - Mostrar medias para: Global, p, b, m
       - Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Modelo lineal general

Factores inter-sujetos

		Etiqueta del valor	N
P	1.00		24
	2.00		24
	3.00		24
	4.00		24
B	1.00		24
	2.00		24
	3.00		24
	4.00		24
M	1.00		48
	2.00		48
REPET	1.00		32
	2.00		32
	3.00		32

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
REPET	Hipótesis	1,310	2	,655	1,459	,240
	Error	27,836	62	,449[a]		
P	Hipótesis	6,294	3	2,098	4,673	,005
	Error	27,836	62	,449[a]		
B	Hipótesis	16,759	3	5,586	12,443	,000
	Error	27,836	62	,449[a]		
P * B	Hipótesis	5,294	9	,588	1,310	,250
	Error	27,836	62	,449[a]		
M	Hipótesis	,003	1	,003	,006	,940
	Error	27,836	62	,449[a]		
P * M	Hipótesis	,182	3	,061	,135	,939
	Error	27,836	62	,449[a]		
B * M	Hipótesis	1,583	3	,528	1,175	,326
	Error	27,836	62	,449[a]		
P * B * M	Hipótesis	5,931	9	,659	1,468	,180
	Error	27,836	62	,449[a]		

a. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{0.449}}{6.5865} * 100 = 10.17\%$$

Escaneado con CamScanner

Medias marginales estimadas

1. Grand Mean

Variable dependiente: DATOS

Media	Error típ.
6.5865	.068

2. P

Variable dependiente: DATOS

P	Media	Error típ.
1.00	6.8500	.137
2.00	6.8208	.137
3.00	6.4208	.137
4.00	6.2542	.137

3. B

Variable dependiente: DATOS

B	Media	Error típ.
1.00	5.9667	.137
2.00	6.5750	.137
3.00	7.1417	.137
4.00	6.6625	.137

4. M

Variable dependiente: DATOS

M	Media	Error típ.
1.00	6.5917	.097
2.00	6.5812	.097

Pruebas post hoc: Subconjuntos homogéneos

P

DATOS

DHS de Tukey [a,b]

P	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2
4.00	24	6.2542	
3.00	24	6.4208	6.4208
2.00	24		6.8208
1.00	24		6.8500
Sig.		.824	.129

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = .449.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 24.000

b. Alfa = .05.

B

DATOS

DHS de Tukey [a,b]

B	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2	Subconjunto 3
1.00	24	5.9667		
2.00	24		6.5750	
4.00	24		6.6625	6.6625
3.00	24			7.1417
Sig.		1.000	.969	.074

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = .449.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 24.000

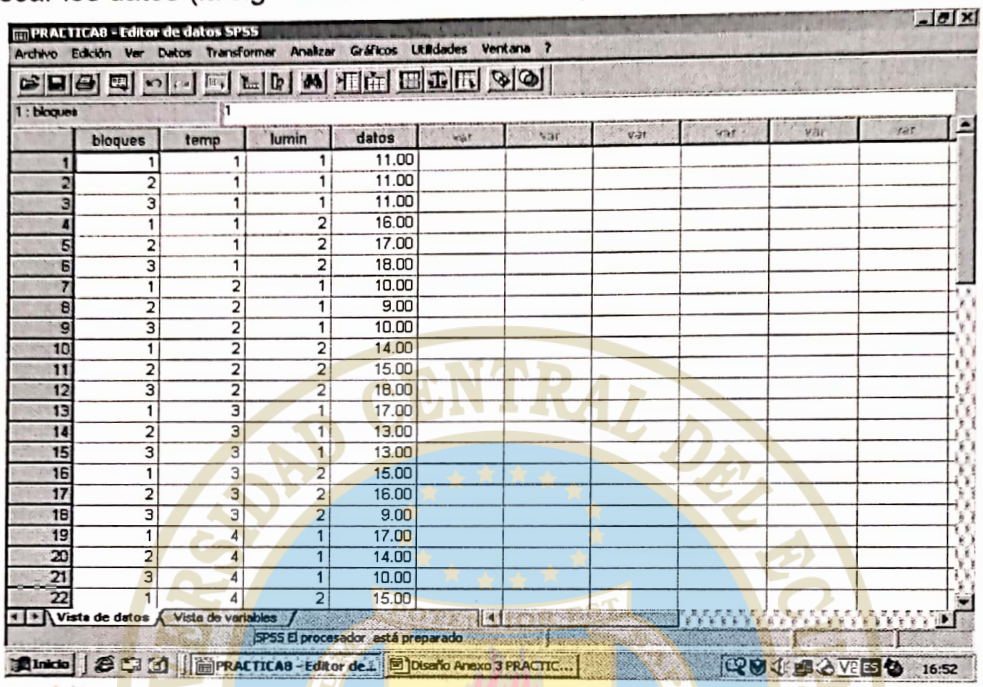
b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 8 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

CASO 1: EJEMPLO 12.1 (Cuadro 12.2- Pág. 105). ANOVA EN PARCELAS DIVIDIDAS 4x2 CON 3 REP. EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos (la siguiente lista de datos es parcial):



	bloques	temp	lumin	datos
1	1	1	1	11.00
2	2	1	1	11.00
3	3	1	1	11.00
4	1	1	2	16.00
5	2	1	2	17.00
6	3	1	2	18.00
7	1	2	1	10.00
8	2	2	1	9.00
9	3	2	1	10.00
10	1	2	2	14.00
11	2	2	2	15.00
12	3	2	2	18.00
13	1	3	1	17.00
14	2	3	1	13.00
15	3	3	1	13.00
16	1	3	2	15.00
17	2	3	2	16.00
18	3	3	2	9.00
19	1	4	1	17.00
20	2	4	1	14.00
21	3	4	1	10.00
22	1	4	2	15.00

3. Elija en los menús

Analizar

Modelo Lineal General

Univariante

Seleccionar: datos ▸ Dependiente
temp ▸ Factores fijos
lumin ▸ Factores fijos
bloques ▸ Factores aleatorios

Modelo

Personalizado: (Interacción)
bloques
temp
Bloques * temp
lumin
lumin * temp

Suma de Cuadrados Tipo III

Quitar señal de incluir la intersección en el modelo

Continuar

Opciones

Mostrar medias para:
Global
temp
lumin

Nota: En el modelo personalizado, bajo **lumin** insertar **Bloques*lumin** (que es el error b) para obtener el Diseño de Bloques Divididos.

Escaneado con CamScanner

lumin*temp

Continuar

4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de requerirse

RESULTADOS: Modelo lineal general

Factores inter-sujetos

		Etiqueta del valor	N
TEMP	1.00		6
	2.00		6
	3.00		6
	4.00		6
LUMIN	1.00		12
	2.00		12
BLOQUES	1.00		8
	2.00		8
	3.00		8

ANOVA DEL DISEÑO EN PARCELAS DIVIDIDAS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
BLOQUES	Hipótesis	7,583	2	3,792	,608	,575
	Error	37,417	6	6,236[a]		
TEMP	Hipótesis	8,333	3	2,778	,445	,729
	Error	37,417	6	6,236[a]		
TEMP * BLOQUES	Hipótesis	37,417	6	6,236	1,609	,260
	Error	31,000	8	3,875[b]		
LUMIN	Hipótesis	54,000	1	54,000	13,935	,006
	Error	31,000	8	3,875[b]		
TEMP * LUMIN	Hipótesis	57,000	3	19,000	4,903	,032
	Error	31,000	8	3,875[b]		

a. MS(TEMP * BLOQUES)

b. MS(Error)

$$CV(b) = \frac{\sqrt{3.875}}{13.6667} * 100 = 14.4\%$$

Medias marginales estimadas

1. Grand Mean

Variable dependiente: DATOS

Media	Error típ.
13.6667	.402

2. TEMP

Variable dependiente: DATOS

TEMP	Media	Error típ.
1.00	14.0000	.804
2.00	12.6667	.804
3.00	13.8333	.804
4.00	14.1667	.804

Nota: La fuente de variación **Temperatura * Bloques** corresponde al Error (a)

Escaneado con CamScanner

3. LUMIN

Variable dependiente: DATOS

LUMIN	Media	Error típ.
1.00	12.1667	.568
2.00	15.1667	.568

4. LUMIN * TEMP

Variable dependiente: DATOS

LUMIN	TEMP	Media	Error típ.
1.00	1.00	11.0000	1.137
	2.00	9.6667	1.137
	3.00	14.3333	1.137
	4.00	13.6667	1.137
2.00	1.00	17.0000	1.137
	2.00	15.6667	1.137
	3.00	13.3333	1.137
	4.00	14.6667	1.137

ANOVA DEL DISEÑO EN BLOQUES DIVIDIDOS:

Usar protocolo del ANOVA en DPD: incluir la fuente LUMIN*BLOQUES bajo LUMIN (error de este factor)

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente:datos

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.
bloques	Hipótesis	7.583	2	3.792	.524	.642
	Error	19.564	2.704	7.236[a]		
temp	Hipótesis	8.333	3	2.778	.445	.729
	Error	37.417	6	6.236[b]		
temp * bloques	Hipótesis	37.417	6	6.236	1.720	.263
	Error	21.750	6	3.625[c]		
lumin	Hipótesis	54.000	1	54.000	11.676	.076
	Error	9.250	2	4.625[d]		
lumin * bloques	Hipótesis	9.250	2	4.625	1.276	.345
	Error	21.750	6	3.625[c]		
temp * lumin	Hipótesis	57.000	3	19.000	5.241	.041
	Error	21.750	6	3.625[c]		

a. MS(temp * bloques) + MS(lumin * bloques) - MS(Error)

b. MS(temp * bloques)

c. MS(Error)

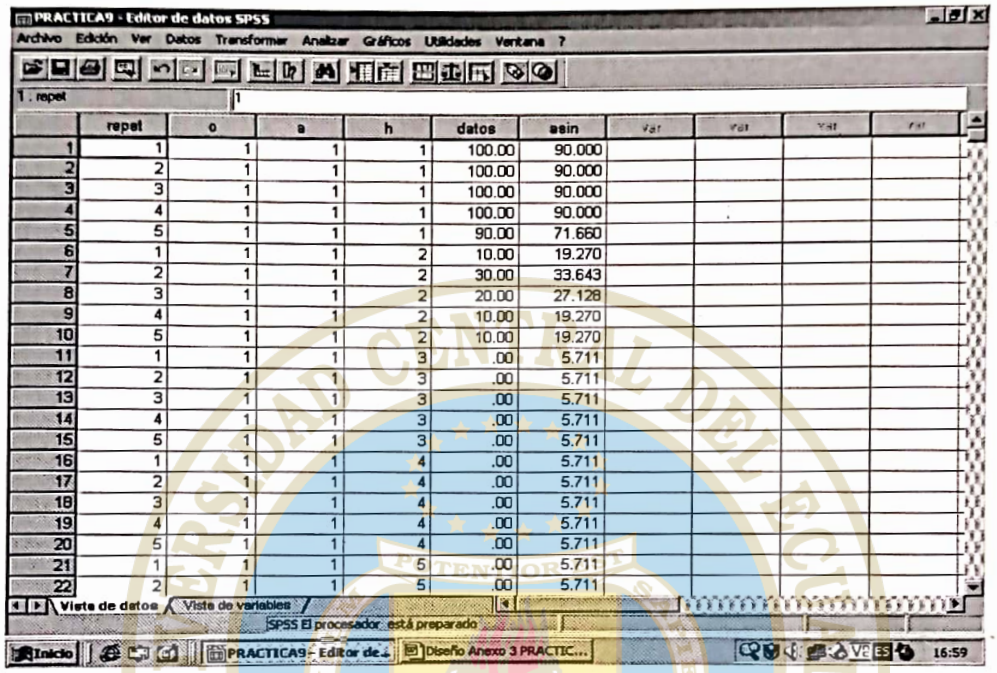
d. MS(lumin * bloques)

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 9 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

EJEMPLO 13.1 (Cuadro 13.5 – Pág.116). ANOVA PARA UN DISEÑO CRUZADO-ANIDADO

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar datos *: (la lista de datos de la pantalla siguiente es parcial)



	repet	o	a	h	datos	asin	var	var	var	var
1	1	1	1	1	100.00	90.000				
2	2	1	1	1	100.00	90.000				
3	3	1	1	1	100.00	90.000				
4	4	1	1	1	100.00	90.000				
5	5	1	1	1	90.00	71.660				
6	1	1	1	2	10.00	19.270				
7	2	1	1	2	30.00	33.643				
8	3	1	1	2	20.00	27.128				
9	4	1	1	2	10.00	19.270				
10	5	1	1	2	10.00	19.270				
11	1	1	1	3	.00	5.711				
12	2	1	1	3	.00	5.711				
13	3	1	1	3	.00	5.711				
14	4	1	1	3	.00	5.711				
15	5	1	1	3	.00	5.711				
16	1	1	1	4	.00	5.711				
17	2	1	1	4	.00	5.711				
18	3	1	1	4	.00	5.711				
19	4	1	1	4	.00	5.711				
20	5	1	1	4	.00	5.711				
21	1	1	1	5	.00	5.711				
22	2	1	1	5	.00	5.711				

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente: asin
           Factores fijos: o, h. (orígenes, hospederos)
           Factores aleatorios: a (aislados)
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Interacción
           - Construir términos: o, a*o, h, h*o, a*h*o
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word
5. Editar
6. Imprimir

---

* Abrir el archivo Fact-Encaj

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultadd de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: ASIN

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
O	Hipótesis	58068,234	4	14517,059	4,226	,012
	Error	68695,592	20	3434,780[a]		
O * A	Hipótesis	68695,592	20	3434,780	2,533	,002
	Error	108492,996	80	1356,162[b]		
H	Hipótesis	144055,700	4	36013,925	26,556	,000
	Error	108492,996	80	1356,162[b]		
O * H	Hipótesis	250623,970	16	15663,998	11,550	,000
	Error	108492,996	80	1356,162[b]		
O * H * A	Hipótesis	108492,996	80	1356,162	8,193	,000
	Error	82764,131	500	165,528[c]		

a. MS(O * A)

b. MS(O * H * A)

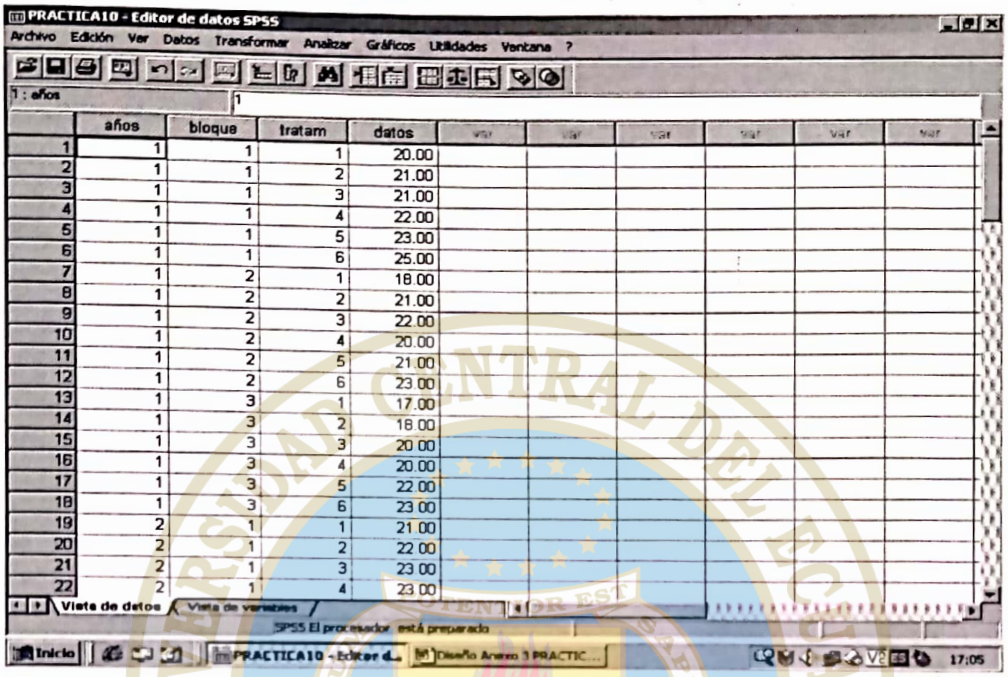
c. MS(Error)

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 10 DE DISEÑO EXPERIMENTAL

EJEMPLO 14.1 (Cuadro 14.1 – Pág. 121). ANOVA PARA EXPERIMENTOS COMBINADOS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la siguiente lista de datos es parcial)



	años	bloque	tratam	datos
1	1	1	1	20.00
2	1	1	2	21.00
3	1	1	3	21.00
4	1	1	4	22.00
5	1	1	5	23.00
6	1	1	6	25.00
7	1	2	1	18.00
8	1	2	2	21.00
9	1	2	3	22.00
10	1	2	4	20.00
11	1	2	5	21.00
12	1	2	6	23.00
13	1	3	1	17.00
14	1	3	2	18.00
15	1	3	3	20.00
16	1	3	4	20.00
17	1	3	5	22.00
18	1	3	6	23.00
19	2	1	1	21.00
20	2	1	2	22.00
21	2	1	3	23.00
22	2	1	4	23.00

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente:datos
           Factores fijos: años, tratam
           Factores aleatorios: bloque
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Interacción
           - Construir términos: años, bloque*años, tratam, años*tratam
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Opciones
           - Mostrar medias para: Global, tratam
           - Continuar
         - Post hoc
           - Tukey para: tratam
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de requerirse.

RESULTADOS:

Escaneado con CamScanner

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
AÑOS	Hipótesis	9,667	3	3,222	,389	,764
	Error	66,333	8	8,292[a]		
AÑOS * BLOQUE	Hipótesis	66,333	8	8,292	6,958	,000
	Error	47,667	40	1,192[b]		
TRATAM	Hipótesis	192,667	5	38,533	32,336	,000
	Error	47,667	40	1,192[b]		
AÑOS * TRATAM	Hipótesis	9,667	15	,644	,541	,901
	Error	47,667	40	1,192[b]		

a. MS(AÑOS * BLOQUE)

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{1.192}}{21.33} = 5.1\%$$

Medias marginales estimadas

1. Grand Mean

Variable dependiente: DATOS

Media	Error típ.
21.3333	.129

3. TRATAM

Variable dependiente: DATOS

TRATAM	Media	Error típ.
1.00	19.0833	.315
2.00	20.4167	.315
3.00	21.0833	.315
4.00	20.8333	.315
5.00	22.2500	.315
6.00	24.3333	.315

Pruebas post hoc (Subconjuntos homogéneos)

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

TRATAM	N	Subconjunto 1	2	3	4
1.00	12	19.0833			
2.00	12	20.4167	20.4167		
4.00	12		20.8333		
3.00	12		21.0833	21.0833	
5.00	12			22.2500	
6.00	12				24.3333
Sig.		.050	.669	.116	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 1.192.

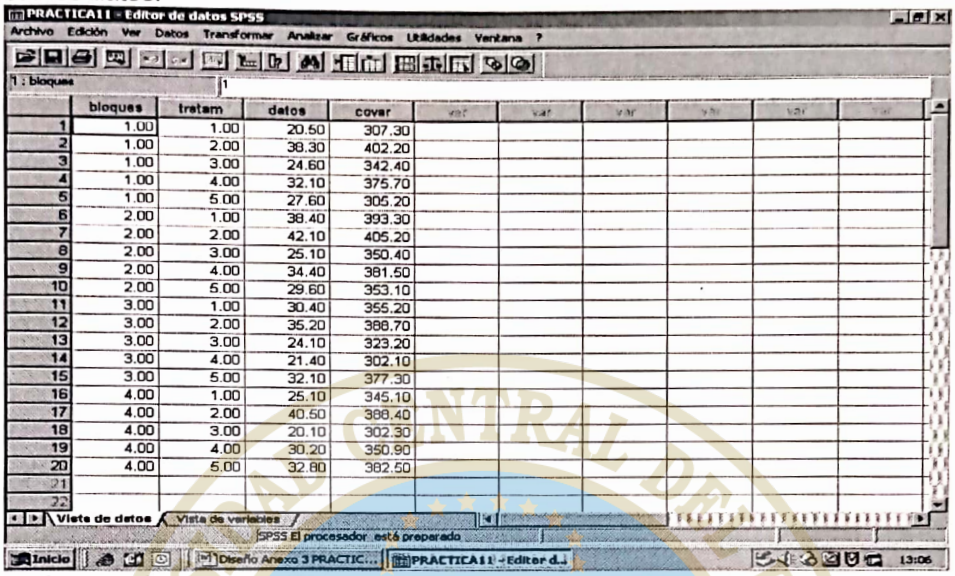
a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 12.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

PRÁCTICA No. 11 DE DISEÑO EXPERIMENTAL
EJEMPLO 15.1 (Cuadro 15.2 – Pág. 129). ANCOVA EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos:



	bloques	tratam	datos	covar
1	1.00	1.00	20.50	307.30
2	1.00	2.00	38.30	402.20
3	1.00	3.00	24.60	342.40
4	1.00	4.00	32.10	375.70
5	1.00	5.00	27.60	305.20
6	2.00	1.00	38.40	393.30
7	2.00	2.00	42.10	405.20
8	2.00	3.00	25.10	350.40
9	2.00	4.00	34.40	381.50
10	2.00	5.00	29.60	353.10
11	3.00	1.00	30.40	355.20
12	3.00	2.00	35.20	388.70
13	3.00	3.00	24.10	323.20
14	3.00	4.00	21.40	302.10
15	3.00	5.00	32.10	377.30
16	4.00	1.00	25.10	345.10
17	4.00	2.00	40.50	388.40
18	4.00	3.00	20.10	302.30
19	4.00	4.00	30.20	350.90
20	4.00	5.00	32.80	382.50
21				
22				

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente:datos
           Factores fijos: tratam
           Factores aleatorios: bloques
           Covariables: covar
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Construir términos: bloques, tratam, covar
           - Efectos principales
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de requerirse

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Significación
BLOQUES	Hipótesis	7,022	3	2,341	,368	,777
	Error	69,900	11	6,355[a]		
TRATAM	Hipótesis	55,074	4	13,769	2,167	,140
	Error	69,900	11	6,355[a]		
COVAR	Hipótesis	168,768	1	168,768	26,559	,000
	Error	69,900	11	6,355[a]		

a. MS(Error)

Escaneado con CamScanner

ANEXO 4 SOLUCIÓN DE TRABAJOS

TRABAJO No. 1

Como parte de un estudio se determinó el contenido de potasio por gramo de almidón de una especie (en base seca) sometida a dos regímenes de temperatura. Se obtuvieron los siguientes resultados:

Cuadro A4.1 Resultados de contenido de potasio en µg/g

Regímenes de Temperatura	$\bar{Y}_i$	s_i	r_i
1	18.58	0.85	26
2	17.65	0.72	19

Con los niveles de significación del 0.05 y 0.01, se desea saber (a) si las variancias son significativas y (b) si la temperatura tiene algún efecto sobre esta variable.

Solución:

a)

Ho: $s_1^2 = s_2^2$, si las variancias son iguales

H_1: $s_1^2 > s_2^2$, si las variancias son significativas

datos: $s_1^2 = 0.85^2 = 0.7225$

$s_2^2 = 0.72^2 = 0.5184$

$r_1 = 26$

$r_2 = 19$

$F_{.05(25,18)} = 2.14$

$F_{.01(25,18)} = 2.98$

$$F = \frac{0.7225}{0.5184} = 1.39^{NS}$$

Se observa que, $Fc < F_{.05} < F_{.01}$, por tanto se concluye que las variancias de las muestras no son significativas, es decir, sí estiman una misma variancia.

b)

Ho: $s_E^2 = s_e^2$, es decir, la temperatura (ensayada) no tiene efecto sobre el contenido de potasio.

H_1: $s_E^2 > s_e^2$, es decir, hay aporte a la variación, en el contenido de potasio, por la diferencia de temperatura.

Datos: $\bar{Y}_1 = 18.58$ $\bar{Y}_2 = 17.65$ m=2 (dos medias)

Cálculos:

$$\bar{Y} = \frac{r_1\bar{Y}_1 + r_2\bar{Y}_2}{r_1 + r_2} = \frac{26(18.58) + 19(17.65)}{26 + 19} = 18.1873$$

$$s_e^2 = \frac{\sum^m (r_i - 1)s_i^2}{\sum^m (r_i - 1)} = \frac{25(0.7225) + 18(0.5184)}{25 + 18} = 0.6371$$

$$s_{\bar{Y}}^2 = \frac{\sum^m (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2}{m - 1} = \frac{(18.58 - 18.1873)^2 + (17.65 - 18.1873)^2}{2 - 1} = 0.4429$$

Escaneado con CamScanner

$$n = \frac{2r_1r_2}{r_1 + r_2} = \frac{2(26)(19)}{45} = 21.96$$

$$s_E^2 = ns_{\bar{Y}}^2 = 21.96(0.4429) = 9.73$$

También,

$$Y_1 = 18.58(26) = 483.08$$
$$Y_2 = 17.65(19) = 335.35$$
$$Y_{..} = Y_1 + Y_2 = 818.43$$

$$s_E^2 = \frac{\Sigma \frac{Y_i^2}{r_i} - \frac{(\Sigma Y)^2}{N}}{m-1} = \frac{\left(\frac{483.08^2}{26} + \frac{335.35^2}{19}\right) - \frac{818.43^2}{45}}{2-1} = 9.5$$

$$F = \frac{9.73}{0.64} = 15.20^{**}$$

gl para el numerador = m-1 = 2-1 = 1

gl para el denominador = $(r_1 - 1) + (r_2 - 1)$ = (26-1) + (19-1) = 43 o = N-m = 45-2 = 43

Con estos grados de libertad, encontramos los valores tabulares de F (Tabla 2):

$F_{.05(1,43)} = 4.07$
$F_{.01(1,43)} = 7.27$

Conclusión.- Se concluye que las dos muestras corresponden a poblaciones con medias diferentes; es decir, que la temperatura si tiene incidencia sobre las concentraciones de potasio en esta especie.

Resolviendo el ejemplo anterior por **t de student** (puesto que se trata de dos grupos), se tiene:

$$t = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2}{s_{\bar{d}}} = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2}{s}\sqrt{\frac{r_1(r_2)}{r_1 + r_2}}$$

De los cálculos anteriores, $s_e^2 = 0.6371$, por tanto

$$t = \frac{18.58 - 17.65}{\sqrt{0.6371}}\sqrt{\frac{26(19)}{26 + 19}} = 3.9^{**}$$

Observe que, $F = t^2 = 3.9^2 = 15.2$

Los *gl* para la significación con **t** es igual a $(r_1\text{-}1)+(r_2\text{-}1)$ = 43. Con estos grados de libertad, los valores tabulares de **t** bilateral al 0.05 y 0.01 son: $t_{.05(43)2} = 2.018$ y $t_{.01(43)2} = 2.697$

Puesto que **t** calculada es mayor que los valores críticos al 0.05 y 0.01, las conclusiones son las mismas que las obtenidas anteriormente con la prueba de F.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 2 EJERCICIO 1. ANOVA de un factor

Descriptivos

			N	Media	Desviación típica	Error típico	Intervalo de confianza para la media al 95%		Mínimo	Máximo
							Límite inferior	Límite superior		
DATOS	VECTORES	1.00	4	46.5000	3.0000	1.5000	41.7264	51.2736	44.00	50.00
		2.00	4	44.0000	2.8284	1.4142	39.4994	48.5006	40.00	46.00
		3.00	4	42.5000	2.5166	1.2583	38.4956	46.5044	40.00	46.00
		Total	12	44.3333	3.0551	.8819	42.3922	46.2744	40.00	50.00

Prueba de homogeneidad de varianzas

	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
DATOS	.313	2	9	.739

ANOVA

		Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
DATOS	Inter-grupos	32.667	2	16.333	2.100	.178
	Intra-grupos	70.000	9	7.778		
	Total	102.667	11			

$$CV = \frac{\sqrt{7.778}}{44.33} * 100 = 6.29\%$$

EJERCICIO 2. ANOVA de un factor

Descriptivos

			N	Media	Desviación típica	Error típico	Intervalo de confianza para la media al 95%		Mínimo	Máximo
							Límite inferior	Límite superior		
DATOS	TRATAM	1.00	9	70.3333	4.1533	1.3844	67.1408	73.5258	65.00	76.00
		2.00	9	59.1111	1.6159	.5386	57.8690	60.3532	57.00	62.00
		3.00	9	58.2222	1.9861	.6620	56.6956	59.7488	56.00	61.00
		4.00	9	57.8889	1.4530	.4843	56.7720	59.0057	56.00	61.00
		5.00	9	63.7778	1.5635	.5212	62.5760	64.9796	62.00	66.00
		Total	45	61.8667	5.2984	.7898	60.2749	63.4585	56.00	76.00

Prueba de homogeneidad de varianzas

	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
DATOS	6.582	4	40	.000

ANOVA

		Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
DATOS	Inter-grupos	1008.311	4	252.078	44.441	.000
	Intra-grupos	226.889	40	5.672		
	Total	1235.200	44			

$$CV = \frac{\sqrt{5.672}}{61.86667} * 100 = 3.85\%$$

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 3 EJERCICIO 1. ANOVA de un factor: diferente tamaño de muestras

Descriptivos

			N	Media	Desviación típica	Error típico	Intervalo de confianza para la media al 95%		Mínimo	Máximo
							Límite inferior	Límite superior		
DATOS	TRATAM	1.00	6	10.0000	3.1623	1.2910	6.6814	13.3186	5.00	14.00
		2.00	4	9.0000	2.9439	1.4720	4.3156	13.6844	6.00	13.00
		3.00	5	14.0000	2.7386	1.2247	10.5996	17.4004	10.00	17.00
		Total	15	11.0667	3.5146	.9075	9.1203	13.0130	5.00	17.00

Prueba de homogeneidad de varianzas

	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
DATOS	.064	2	12	.938

ANOVA

		Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
DATOS	Inter-grupos	66.933	2	33.467	3.789	.053
	Intra-grupos	106.000	12	8.833		
	Total	172.933	14			

$$CV = \frac{\sqrt{8.833}}{11.0667} * 100 = 26.86\%$$

EJERCICIO 2. ANOVA de un factor: diferentes tamaños de muestras. Datos Agrupados. Solución manual

Cálculos:

1. $FC = 1604^2/224 = 11485.8$
2. $SC_{TOT} = 13124 - 11485.8 = 1638.2$
3. $SC_{TRAT} = (125^2/31+...+1037^2/133) - 11485.8 = 11845.6 - 11485.8 = 359.8$
4. SC_{ERROR} = Dif. = 1638.2 - 359.8 = 1278.4

ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F	F 0.05	F 0.01
TOTAL	223	1638.2				
TRATAMIENTOS	2	359.8	179.9	31.1 **	3.0	4.61
ERROR EXP.	221	1278.4	5.78			

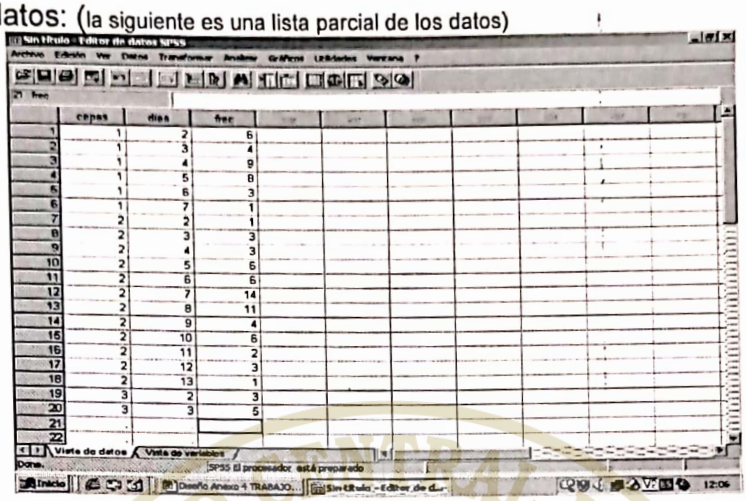
Media General = 1604/224 = 7.16 días

$$CV = \frac{\sqrt{5.78}}{7.16} * 100 = 33.6\%$$

Escaneado con CamScanner

EJERCICIO 2. ANOVA de un factor: diferentes tamaños de muestras. Datos agrupados. SPSS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la siguiente es una lista parcial de los datos)



	cepas	dias	frec
1	1	2	6
2	1	3	4
3	1	4	9
4	1	5	8
5	1	6	3
6	1	7	1
7	2	2	1
8	2	3	3
9	2	4	3
10	2	5	6
11	2	6	6
12	2	7	14
13	2	8	11
14	2	9	4
15	2	10	6
16	2	11	2
17	2	12	3
18	2	13	1
19	3	2	3
20	3	3	5
21			
22			

Donde, Columna 1 (cepas) es la variable grupal o variable del factor independiente
Columna 2 (días) es la variable dependiente
Columna 3 (frec) es la frecuencia

3. Elija en los menús
   - Datos
     - Ponderar casos: Ponderar casos mediante
       - Seleccionar e introducir variable de frecuencia: frec
       - Aceptar
4. Analizar
   - Comparar medias
     - Anova de 1 factor
       - Seleccione la variable dependiente: DIAS
       - Seleccione el factor : CEPAS
       - Post hoc
         - DMS, tukey-b, Scheffe
         - Continuar
       - Opciones
         - Descriptivos
         - Homogeneidad de variancias
         - Continuar
5. Copiar objetos a Word, Editar e imprimir, en caso de requerirse

RESULTADOS: ANOVA de un factor

Descriptivos

			N	Media	Desviación típica	Error típico	Intervalo de confianza para la media al 95%		Mínimo	Máximo
							Límite inferior	Límite superior		
DIAS	CEPAS	1.00	31	4.0323	1.3780	.2475	3.5268	4.5377	2.00	7.00
		2.00	60	7.3667	2.4214	.3126	6.7411	7.9922	2.00	13.00
		3.00	133	7.7970	2.5754	.2233	7.3553	8.2387	2.00	14.00
		Total	224	7.1607	2.7104	.1811	6.8038	7.5176	2.00	14.00

Escaneado con CamScanner

Prueba de homogeneidad de varianzas

	Estadístico de Levene	gl1	gl2	Sig.
DIAS	5.318	2	221	.006

ANOVA

		Suma de cuadrados	gl	Media cuadrática	F	Sig.
DIAS	Inter-grupos	359.794	2	179.897	31.099	.000
	Intra-grupos	1278.420	221	5.785		
	Total	1638.214	223			

Pruebas post hoc

Comparaciones múltiples

Variable dependiente: DIAS

	(I) CEPAS	(J) CEPAS	Diferencia de medias (I-J)	Error típico	Sig.	Intervalo de confianza al 95% Límite inferior	Límite superior
Scheffé	1.00	2.00	-3.3344*	.532	.000	-4.6455	-2.0234
		3.00	-3.7647*	.480	.000	-4.9469	-2.5826
	2.00	1.00	3.3344*	.532	.000	2.0234	4.6455
		3.00	-.4303	.374	.517	-1.3521	.4915
	3.00	1.00	3.7647*	.480	.000	2.5826	4.9469
		2.00	.4303	.374	.517	-.4915	1.3521
DMS	1.00	2.00	-3.3344*	.532	.000	-4.3828	-2.2860
		3.00	-3.7647*	.480	.000	-4.7101	-2.8194
	2.00	1.00	3.3344*	.532	.000	2.2860	4.3828
		3.00	-.4303	.374	.251	-1.1675	.3068
	3.00	1.00	3.7647*	.480	.000	2.8194	4.7101
		2.00	.4303	.374	.251	-.3068	1.1675

*. La diferencia entre las medias es significativa al nivel .05.

Subconjuntos homogéneos

DIAS

	CEPAS	N	Subset for alpha = .05 1	2
B de Tukey [a,b]	1.00	31	4.0323	
	2.00	60		7.3667
	3.00	133		7.7970
Scheffé [a,b]	1.00	31	4.0323	
	2.00	60		7.3667
	3.00	133		7.7970
	Sig.		1.000	.654

Se muestran las medias para los grupos en los subconjuntos homogéneos.

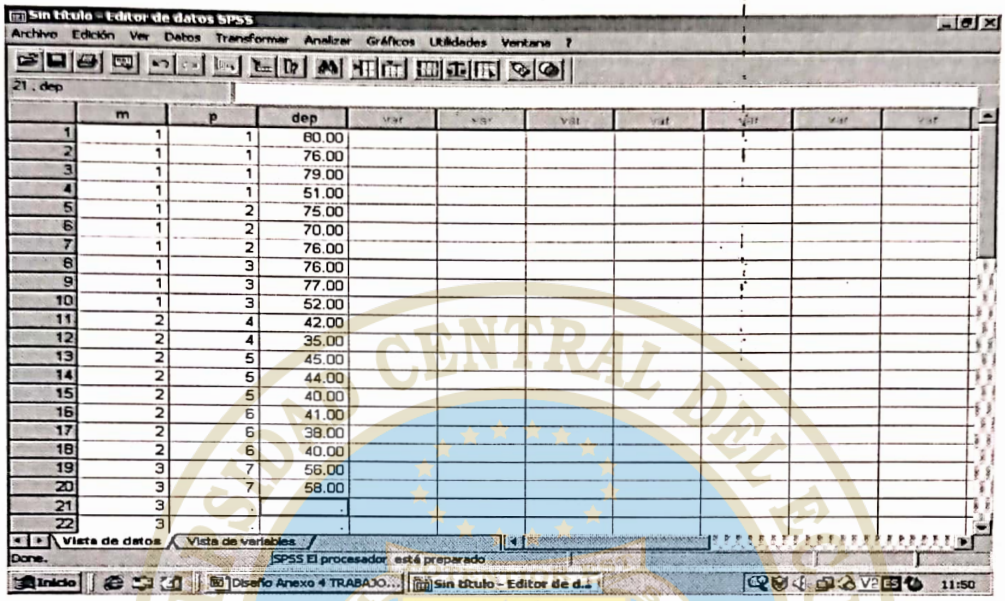
a. Uses Harmonic Mean Sample Size = 53.150

b. Los tamaños de los grupos no son iguales. Se utilizará la media armónica de los tamaños de los grupos. Los niveles de error del tipo I no están garantizados.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 4 Ejercicio1 (Cuadro 5.10- Pág. 37). ANOVA ANIDADO A DOS NIVELES, MODELO MIXTO NO EQUILIBRADO (CON TAMAÑO DESIGUAL DE SUBMUESTRAS)

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la siguiente es una lista parcial de los datos)



Donde, Columna 1 (m) es la variable grupal o variable del factor independiente Microorganismos
Columna 2 (p) es la variable grupal o variable del factor independiente Porciones
Columna 3 (dep) es la variable dependiente: Determinaciones de ácido láctico

3. Analizar
   - Modelo Lineal General
     - Univariante
       - Seleccione la variable dependiente: dep
       - Seleccione el factor fijo: m
       - Seleccione los factores aleatorios: p
       - Modelo:
         - Personalizado
         - Construir términos: m, p
           - Efectos principales
           - SC TIPO I
           - Incluir intersección en el modelo
           - Continuar
       - Post_hoc
         - Contraste Post_hoc para: m
         - DMS, Tukey-b, Scheffe
         - Continuar
       - Aceptar

Analizar
- Modelo Lineal General
  - Componentes de la variancia
    - Seleccione la variable dependiente: DEP
    - Seleccione los factores aleatorios: m, p
    - Modelo...
      - Personalizado
      - Construir términos (incluir en modelo): m, p (en este orden)

Escaneado con CamScanner

- Tipo: Efectos principales
- Continuar

- Opciones...
  - Método: ANOVA
  - Suma de cuadrados: Tipo I
  - Continuar
  - Aceptar

4. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de requerirse

RESULTADOS:

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DEP

Fuente		Suma de cuadrados tipo I	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
Intersección	Hipótesis	97356.033	1	97356.033	7203.161	.000	7203.161	1.000
	Error	52.453	3.881	13.516[b]				
M	Hipótesis	4173.492	2	2086.746	145.783	.000	291.567	1.000
	Error	64.534	4.508	14.314[c]				
P	Hipótesis	118.558	7	16.937	.230	.973	1.612	.098
	Error	1470.917	20	73.546[d]				

a. Calculado con alfa = .05

b. 1.060 MS(P) - 6.044E-02 MS(Error)

c. 1.046 MS(P) - 4.633E-02 MS(Error)

d. MS(Error)

Nota: Observe que el cuadrado medio del error de M no coincide con el cuadrado medio de la Hipótesis de P debido a que los grados de libertad son ponderados cuando los tamaños de muestra son diferentes.

$$\text{Media General} = 56.97 \qquad CV = \frac{\sqrt{16.94}}{56.97} * 100 = 7.22\%$$

Pruebas post hoc: M

Comparaciones múltiples

Variable dependiente: DEP

	(I) M	(J) M	Diferencia entre medias (I-J)	Error típ.	Sig.	Intervalo de confianza al 95%. Límite inferior	Límite superior
Scheffe	1.00	2.00	30.5750*	4.068	.000	19.8234	41.3266
		3.00	15.2000*	3.672	.002	5.4948	24.9052
	2.00	1.00	-30.5750*	4.068	.000	-41.3266	-19.8234
		3.00	-15.3750*	3.914	.003	-25.7208	-5.0292
	3.00	1.00	-15.2000*	3.672	.002	-24.9052	-5.4948
		2.00	15.3750*	3.914	.003	5.0292	25.7208
DMS	1.00	2.00	30.5750*	4.068	.000	22.0895	39.0605
		3.00	15.2000*	3.672	.001	7.5404	22.8596
	2.00	1.00	-30.5750*	4.068	.000	-39.0605	-22.0895
		3.00	-15.3750*	3.914	.001	-23.5402	-7.2098
	3.00	1.00	-15.2000*	3.672	.001	-22.8596	-7.5404
		2.00	15.3750*	3.914	.001	7.2098	23.5402

Basado en medias observadas. El término error es Error.

*. La diferencia de medias es significativa al nivel .05.

Escaneado con CamScanner

Subconjuntos homogéneos

DEP

	M	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2	Subconjunto 3
B de Tukey[a,b,c]	2.00	8	40.6250		
	3.00	12		56.0000	
	1.00	10			71.2000
Scheffe[a,b,c]	2.00	8	40.6250		
	3.00	12		56.0000	
	1.00	10			71.2000
	Sig.		1.000	1.000	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type I Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 73.546.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 9.730

b. Los tamaños de los grupos son distintos. Se empleará la media armónica de los tamaños de los grupos. No se garantizan los niveles de error tipo I.

c. Alfa = .05.

Estimación de los componentes de la variancia

Factores Inter-sujetos

		Etiqueta del valor	N
M	1.00		10
	2.00		8
	3.00		12
P	1.00		4
	2.00		3
	3.00		3
	4.00		2
	5.00		3
	6.00		3
	7.00		4
	8.00		3
	9.00		3
	10.00		2

Variance Estimates

Component	Estimate
Var(M)	210,044
Var(P)	-19,159[a]
Var(Error)	73,546

Dependent Variable: DEP
Method: ANOVA (Type I Sum of Squares)

a. For the ANOVA and MINQUE methods, negative variance component estimates may occur. Some possible reasons for their occurrence are: (a) the specified model is not the correct model, or (b) the true value of the variance equals zero.

Escaneado con CamScanner

CÁLCULO MANUAL DE LAS PRUEBAS DE SIGNIFICACIÓN

TRATAM	n_i	$\bar{Y}_i$	71.2	56.0	40.6	RANGOS
M1	10	71.2	-----			A
M3	12	56.0	15.2	-----		B
M2	8	40.6	30.6	15.4	-----	C

DMS:

$$DMS_{1-3} = t_{0.05(2)7}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_3}\right)} = 2.365\sqrt{16.94\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{12}\right)} = 4.2$$

$$DMS_{1-2} = t_{0.05(2)7}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)} = 2.365\sqrt{16.94\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{8}\right)} = 4.6$$

$$DMS_{3-2} = t_{0.05(2)7}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_3}+\frac{1}{n_2}\right)} = 2.365\sqrt{16.94\left(\frac{1}{12}+\frac{1}{8}\right)} = 4.4$$

T - K:

$$T-K_{1-3} = Q_{(0.05,3,7}\sqrt{\frac{CMe}{2}\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_3}\right)} = 4.16\sqrt{\frac{16.94}{2}\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{12}\right)} = 5.2$$

$$T-K_{1-2} = Q_{(0.05,3,7}\sqrt{\frac{CMe}{2}\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)} = 4.16\sqrt{\frac{16.94}{2}\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{8}\right)} = 5.7$$

$$T-K_{3-2} = Q_{(0.05,3,7}\sqrt{\frac{CMe}{2}\left(\frac{1}{n_3}+\frac{1}{n_2}\right)} = 4.16\sqrt{\frac{16.94}{2}\left(\frac{1}{12}+\frac{1}{8}\right)} = 5.5$$

SCH:

$$SCH_{1-3} = \sqrt{(3-1)F_{0.05,2,7}}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_3}\right)} = \sqrt{2(4.74)}\sqrt{16.94\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{12}\right)} = 5.4$$

$$SCH_{1-2} = \sqrt{(3-1)F_{0.05,2,7}}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_1}+\frac{1}{n_2}\right)} = \sqrt{2(4.74)}\sqrt{16.94\left(\frac{1}{10}+\frac{1}{8}\right)} = 6.0$$

$$SCH_{3-2} = \sqrt{(3-1)F_{0.05,2,7}}\sqrt{CMe\left(\frac{1}{n_3}+\frac{1}{n_2}\right)} = \sqrt{2(4.74)}\sqrt{16.94\left(\frac{1}{12}+\frac{1}{8}\right)} = 5.8$$

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 4 Ejercicio 2 (Cuadro 5.11- Pág. 38). AMOVA

SOLUCIÓN MANUAL:

N=3(15)(2)=90

$$FC = 50^2/90 = 27.78$$

$$SC_{TOT} = \left(1^2 + 1^2 + \ldots + 0^2\right) - 27.78 = 50 - 27.78 = 22.22$$

$$SC_A = \left(16^2 + 15^2 + 19^2\right)/30 - 27.78 = 28.08 - 27.78 = 0.287$$

$$SC_{B(A)} = \left(1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 0^2 + 2^2 + \ldots + 1^2\right)/2 - \left(16^2 + 15^2 + 19^2\right)/30 = 35 - 28.07 = 6.93$$

$$SC_{W(B)} = \left(1^2 + 1^2 + \ldots + 0^2\right) - \left(1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 0^2 + 2^2 + \ldots + 1^2\right)/2 = 50 - 35 = 15$$

También,

$$SC_{W(B)} = 22.22 - 0.287 - 6.93 = 15$$

Cuadro 17.4 Resultados del AMOVA

Fuentes	gl	SC	CM
Poblaciones	2	0.287	0.1435
Indiv./población	42	6.930	0.1650
Dentro de individuos	45	15.000	0.3333

COMPONENTES:

$$\sigma_W^2 = 0.3333$$

$$\sigma_B^2 = \frac{0.1650 - 0.3333}{2} = -0.08415 \cong 0$$

$$\sigma_A^2 = \frac{0.1435 - 0.1650}{30} = -0.00072 \cong 0$$

$$\sigma^2 = 0.3333 + 0.0 + 0.0 = 0.3333$$

ESTADISTICOS F:

$$F_{ST} = \sigma_A^2/\sigma^2 = 0/0.3333 = 0$$

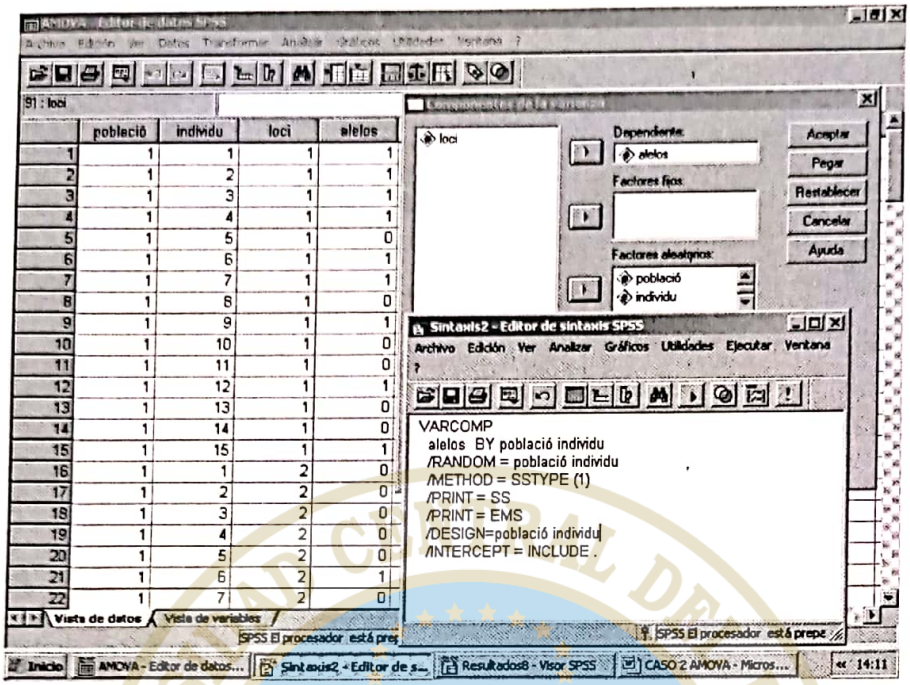
$$F_{IT} = \left(\sigma_A^2 + \sigma_B^2\right)/\sigma^2 = (0+0)/0.3333 = 0$$

$$F_{IS} = \sigma_B^2/\left(\sigma_B^2 + \sigma_W^2\right) = 0/(0 + 0.3333) = 0$$

Conclusión: Con las estimaciones de las variancias se han calculado los componentes de la variación con respecto a la variancia total, observándose que el 100% de la variación corresponde a la producida dentro de los individuos, es decir entre locus. Los componentes de la variancia permiten determinar la importancia de cada uno de éstos y conocer a qué nivel se tienen frecuencias alélicas homogéneas y divergentes. No se encontraron diferencias en las frecuencias alélicas de las tres poblaciones ($F_{ST} = 0$) y muy probablemente se deba a que estos datos son hipotéticos (al azar). Igualmente, no se verificó exceso o deficiencia de heterocigotos promedio ni en todas las poblaciones ni en cada una de ellas ($F_{IT} = 0$ y $F_{IS} = 0$, respectivamente). Una mejor conclusión podría obtenerse si se analizara un mayor número de loci.

Escaneado con CamScanner

SOLUCIÓN CON SPSS:



	población	individu	loci	alelos
1	1	1	1	1
2	1	2	1	1
3	1	3	1	1
4	1	4	1	1
5	1	5	1	0
6	1	6	1	1
7	1	7	1	1
8	1	8	1	0
9	1	9	1	1
10	1	10	1	0
11	1	11	1	0
12	1	12	1	1
13	1	13	1	0
14	1	14	1	0
15	1	15	1	1
16	1	1	2	0
17	1	2	2	0
18	1	3	2	0
19	1	4	2	0
20	1	5	2	0
21	1	6	2	1
22	1	7	2	0

Estimación de componentes de la variancia

ANOVA

Fuente	Suma de cuadrados tipo I	gl	Media cuadrática
Modelo corregido	7,222	44	,164
Intersección	27,778	1	27,778
POBLACIÓ	,289	2	,144
INDIVIDU	6,933	42	,165
Error	15,000	45	,333
Total	50,000	90	
Total corregido	22,222	89	

Variable dependiente: ALELOS

Estimaciones de la varianza

Componente	Estimación
Var(POBLACIÓ)	-,001[a]
Var(INDIVIDU)	-,084[a]
Var(Error)	,333

Variable dependiente: ALELOS
Método: ANOVA (Tipo I Suma de cuadrados)

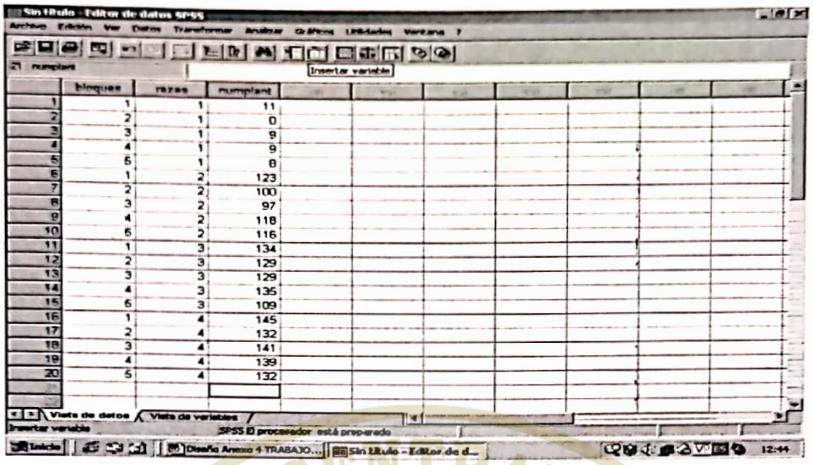
a. Con los métodos ANOVA y MINQUE pueden producirse estimaciones negativas de la componente de la varianza. Algunas razones para ello son: (a) el modelo especificado no es el correcto, o (b) el valor real de la varianza es igual a cero.

Nota: Seguir los pasos correspondientes al cálculo de los componentes de la variancia de la Práctica No. 2.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 5 (Cuadro 7.5- Pág. 51-52). ANOVA EN DBCA

Datos: (1=raza 67 2=raza 128 3=raza 134 4=T)



	bloques	razas	numplant
1	1	1	11
2	2	1	0
3	3	1	9
4	4	1	9
5	5	1	8
6	1	2	123
7	2	2	100
8	3	2	97
9	4	2	118
10	5	2	116
11	1	3	134
12	2	3	129
13	3	3	129
14	4	3	135
15	6	3	109
16	1	4	145
17	2	4	132
18	3	4	141
19	4	4	139
20	5	4	132

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: NUMPLANT

Fuente		Suma de cuadrados tipo II	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
RAZAS	Hipótesis	53947.600	3	17982.533	325.279	.000	975.838	1.000
	Error	663.400	12	55.283[b]				
BLOQUES	Hipótesis	520.200	4	130.050	2.352	.113	9.410	.503
	Error	663.400	12	55.283[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{55.283}}{95.8} * 100 = 7.8\%$$

Subconjuntos homogéneos:

$$T = Q_{(0.05,4,12)}\sqrt{\frac{55.283}{5}} = 4.20(3.325) = 13.97$$

NUMPLANT

DHS de Tukey [a,b]

RAZAS	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2	Subconjunto 3
1.00	5	7.4000		
2.00	5		110.8000	
3.00	5			127.2000
4.00	5			137.8000
Sig.		1.000	1.000	.164

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.

Based on Type II Sum of Squares

El término error es Media cuadrática(Error) = 55.283.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 5.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 6 (Cuadro 7.10- Pág. 55). Estimación de valores faltantes de U.E. en DBCA

Ejercicio 1.

En el cuadro A4.2 (de doble entrada) constan los datos tabulados de seis tratamientos arreglados en cinco bloques.

Cuadro A4.2 Datos tabulados de seis tratamientos y cinco bloques, con tres datos faltantes

BLOQUE	TRATAMIENTOS A	B	C	D	E	F	Yj
1	a	16	15	17	18	13	79
2	14	18	14	18	16	11	91
3	17	17	16	19	b	12	81
4	14	16	15	19	15	12	91
5	14	16	17	18	c	12	77
Yi	59	83	77	91	49	60	$Y.. = 419$

Realizar:

1. Estimación por YATES de las unidades experimentales faltantes
2. ANOVA en DBCA

1.

$$\bar{b} = \frac{49/3 + 81/5}{2} = 16.27$$

$$\bar{c} = \frac{49/3 + 77/5}{2} = 15.87$$

Primer ciclo:

$$\hat{a} = \frac{6(59) + 5(79) - (419 + 15.87 + 16.27)}{5(4)} = 14.89$$

$$\hat{b} = \frac{6(49 + 15.87) + 5(81) - (419 + 14.89 + 15.87)}{5(4)} = 17.22$$

$$\hat{c} = \frac{6(49 + 17.22) + 5(77) - (419 + 14.89 + 17.22)}{5(4)} = 16.56$$

Segundo ciclo:

$$\hat{a} = \frac{6(59) + 5(79) - (419 + 17.22 + 16.56)}{5(4)} = 14.81$$

$$\hat{b} = \frac{6(49 + 16.56) + 5(81) - (419 + 14.81 + 16.56)}{5(4)} = 17.40$$

$$\hat{c} = \frac{6(49 + 17.40) + 5(77) - (419 + 14.81 + 17.40)}{5(4)} = 16.61$$

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

Tercer ciclo:

$$\hat{a} = \frac{6(59) + 5(79) - (419 + 17.40 + 16.61)}{5(4)} = 14.80$$

$$\hat{b} = \frac{6(49 + 16.61) + 5(81) - (419 + 14.80 + 16.61)}{5(4)} = 17.41$$

$$\hat{c} = \frac{6(49 + 17.41) + 5(77) - (419 + 14.80 + 17.41)}{5(4)} = 16.61$$

Cuarto ciclo:

$$\hat{a} = \frac{6(59) + 5(79) - (419 + 17.41 + 16.61)}{5(4)} = 14.80$$

$$\hat{b} = \frac{6(49 + 16.61) + 5(81) - (419 + 14.80 + 16.61)}{5(4)} = 17.41$$

$$\hat{c} = \frac{6(49 + 17.41) + 5(77) - (419 + 14.80 + 17.41)}{5(4)} = 16.61$$

Cuadro A4.3 Datos tabulados de seis tratamientos y cinco bloques, con tres datos faltantes calculados

BLOQUE	TRATAMIENTOS A	B	C	D	E	F	Yj
1	**14.80**	16	15	17	18	13	6 / **93.80**
2	14	18	14	18	16	11	91
3	17	17	16	19	**17.41**	12	**98.41**
4	14	16	15	19	15	12	91
5	14	16	17	18	**16.61**	12	**93.61**
Yi	5 / **73.80**	83	77	91	**83.02**	60	Y.. = **467.82**

2.

Cuadro A4.4 Resultados del ANOVA

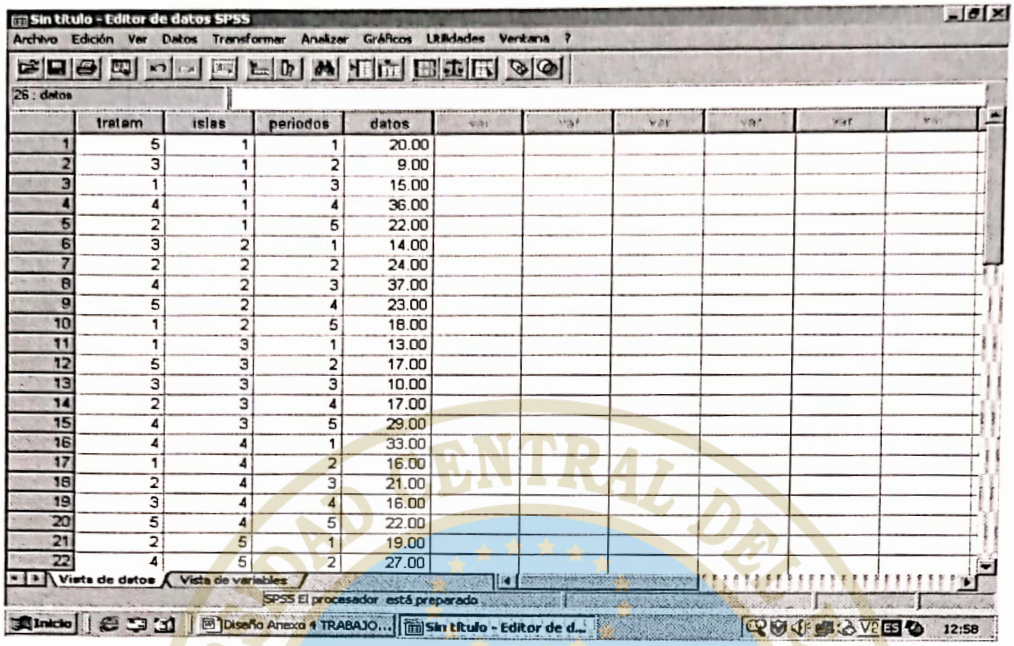
F de V	g.l.	SC	CM	F cal.	F esp. 0.05	F esp. 0.01
TOTAL	26	137.86				
BLOQUES	4	6.12	1.53	1.34 NS	2.96	4.67
TRATAM.	5	112.37	22.47	19.71 **	2.81	4.34
ERROR E.	17	19.37	1.14			

$$CV = \left(\sqrt{1.14} / 15.59\right) * 100 = 6.85\%$$

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 7 (Cuadro 8.5- Pág. 64). ANOVA EN DCL

Datos: (la siguiente es una lista parcial de los datos)



	tratam	islas	periodos	datos
1	5	1	1	20.00
2	3	1	2	9.00
3	1	1	3	15.00
4	4	1	4	36.00
5	2	1	5	22.00
6	3	2	1	14.00
7	2	2	2	24.00
8	4	2	3	37.00
9	5	2	4	23.00
10	1	2	5	18.00
11	1	3	1	13.00
12	5	3	2	17.00
13	3	3	3	10.00
14	2	3	4	17.00
15	4	3	5	29.00
16	4	4	1	33.00
17	1	4	2	16.00
18	2	4	3	21.00
19	3	4	4	16.00
20	5	4	5	22.00
21	2	5	1	19.00
22	4	5	2	27.00

Modelo lineal general

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo II	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
ISLAS	Hipótesis	132.800	4	33.200	8.300	.002	33.200	.978
	Error	48.000	12	4.000[b]				
PERIODO	Hipótesis	24.800	4	6.200	1.550	.250	6.200	.342
	Error	48.000	12	4.000[b]				
TRATAM	Hipótesis	1168.400	4	292.100	73.025	.000	292.100	1.000
	Error	48.000	12	4.000[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{4}}{20} \bullet 100 = 10\%$$

Medias marginales estimadas

1. TRATAM

Variable dependiente: DATOS

TRATAM	Media	Error típ.
1.00	15.4000	.894
2.00	20.6000	.894
3.00	12.4000	.894
4.00	32.4000	.894
5.00	19.2000	.894

Escaneado con CamScanner

Pruebas post hoc: TRATAM. Subconjuntos homogéneos

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

TRATAM	N	Subconjunto 1	2	3	4
3.00	5	12.4000			
1.00	5	15.4000	15.4000		
5.00	5		19.2000	19.2000	
2.00	5			20.6000	
4.00	5				32.4000
Sig.		.189	.068	.800	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type II Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 4.000.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 5.000

b. Alfa = .05.

DATOS

Duncan[a,b]

TRATAM	N	Subconjunto 1	2	3	4
3.00	5	12.4000			
1.00	5		15.4000		
5.00	5			19.2000	
2.00	5			20.6000	
4.00	5				32.4000
Sig.		1.000	1.000	.290	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type II Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 4.000.

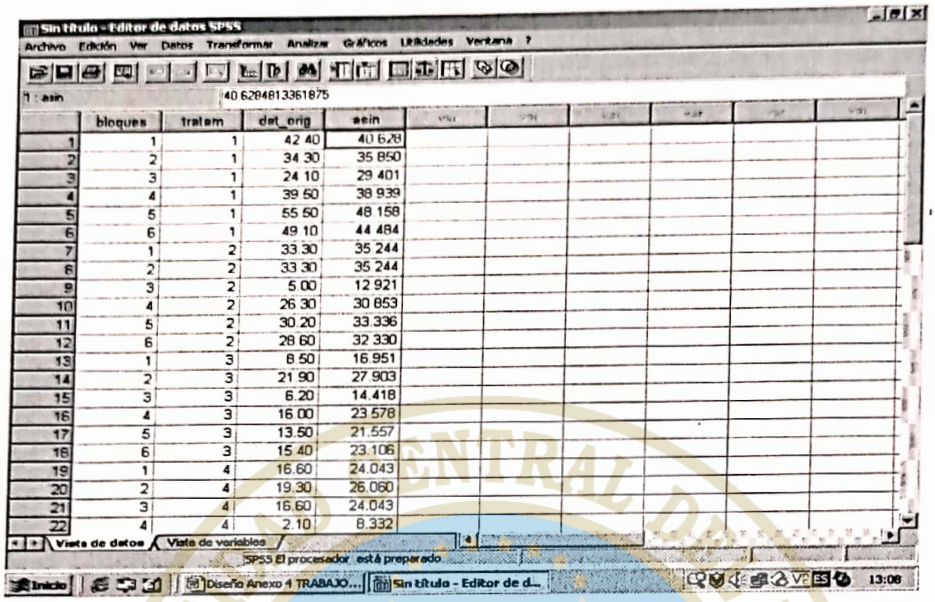
a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 5.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 8 (Cuadro 9.5- Pág. 71). ANOVA EN DBCA PARA DATOS ORIGINALES Y TRANSFORMADOS

Datos:



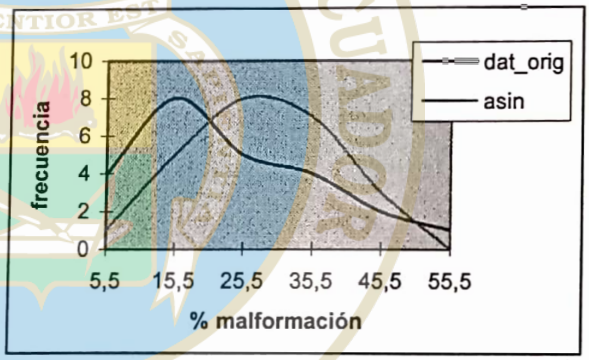
	bloques	tratam	dat_orig	asin
1	1	1	42.40	40.628
2	2	1	34.30	35.850
3	3	1	24.10	29.401
4	4	1	39.50	38.939
5	5	1	55.50	48.158
6	6	1	49.10	44.484
7	1	2	33.30	35.244
8	2	2	33.30	35.244
9	3	2	5.00	12.921
10	4	2	26.30	30.853
11	5	2	30.20	33.336
12	6	2	28.60	32.330
13	1	3	8.50	16.951
14	2	3	21.90	27.903
15	3	3	6.20	14.418
16	4	3	16.00	23.578
17	5	3	13.50	21.557
18	6	3	15.40	23.106
19	1	4	16.60	24.043
20	2	4	19.30	26.060
21	3	4	16.60	24.043
22	4	4	2.10	8.332

Vista de datos | Vista de variables

SPSS El procesador está preparado

Distribución de frecuencias para datos originales y transformados

Dat_orig		Asin	
Clases	Frec.	Clases	Frec.
0 .0 - 10.5	4	0.0 - 10.5	1
10.5 - 20.5	8	10.5 - 20.5	5
20.5 - 30.5	5	20.5 - 30.5	8
30.5 - 40.5	4	30.5 - 40.5	7
40.5 - 50.5	2	40.5 - 50.5	3
50.5 - 60.5	1		
TOTAL	24		24



Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DAT_ORIG

Fuente		Suma de cuadrados tipo II	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUES	Hipótesis	626.657	5	125.331	2.076	.125	10.378	.523
	Error	905.768	15	60.385[b]				
TRATAM	Hipótesis	3116.565	3	1038.855	17.204	.000	51.612	1.000
	Error	905.768	15	60.385[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{60.385}}{23.3292} * 100 = 33.3\%$$

Escaneado con CamScanner

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: ASIN

Fuente		Suma de cuadrados tipo II	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUES	Hipótesis	358.557	5	71.711	1.969	.142	9.845	.498
	Error	546.277	15	36.418[b]				
TRATAM	Hipótesis	1461.572	3	487.191	13.378	.000	40.133	.998
	Error	546.277	15	36.418[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{36.418}}{27.76252} * 100 = 21.7\%$$

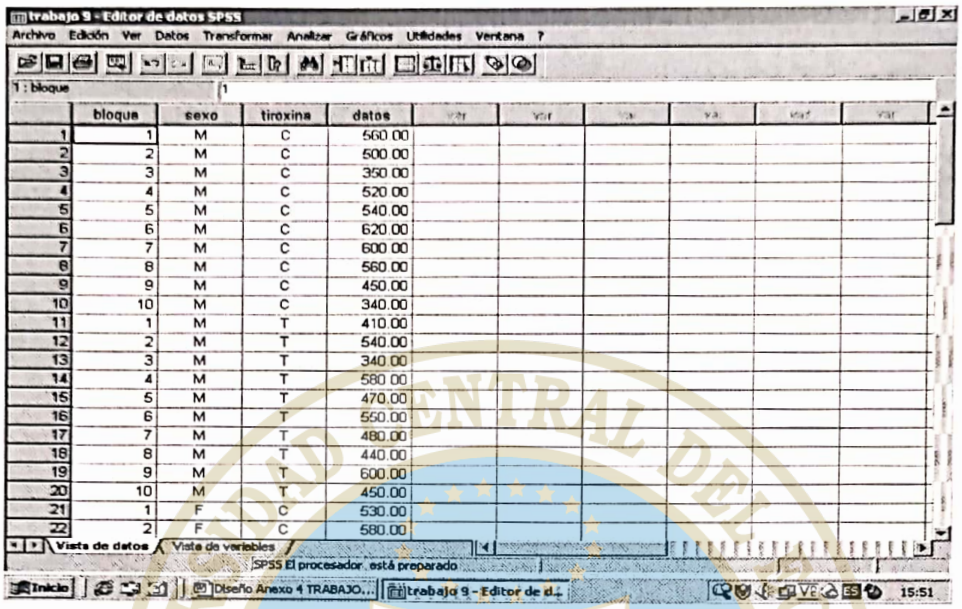
TABLA de medias y desviaciones típicas

Tratamientos	Datos originales		Datos transformados	
	Media	Desv. Tip.	Media	Desv. tip
1	40.8167	11.0487	39.57658	6.58280
2	26.1167	10.6957	29.98786	8.53200
3	13.5833	5.6333	21.25202	4.86572
4	12.8000	6.1871	20.23361	6.41586

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 9 (Cuadro 10.6- Pág. 77). ANOVA DE UN EXPERIMENTO FACTORIAL 2^2 CON 10 REPETICIONES EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (Tiroxina: C = control (sin tiroxina) T=tiroxina)



	bloque	sexo	tiroxina	datos
1	1	M	C	560.00
2	2	M	C	500.00
3	3	M	C	350.00
4	4	M	C	520.00
5	5	M	C	540.00
6	6	M	C	620.00
7	7	M	C	600.00
8	8	M	C	560.00
9	9	M	C	450.00
10	10	M	C	340.00
11	1	M	T	410.00
12	2	M	T	540.00
13	3	M	T	340.00
14	4	M	T	580.00
15	5	M	T	470.00
16	6	M	T	550.00
17	7	M	T	480.00
18	8	M	T	440.00
19	9	M	T	600.00
20	10	M	T	450.00
21	1	F	C	530.00
22	2	F	C	580.00

3. Elija en los menús
   Analizar
   Modelo Lineal General
   Univariante
   Seleccionar: datos ▸ Dependiente
   sexo ▸ Factores fijos
   tiroxina ▸ Factores fijos
   bloque ▸ Factores aleatorios
   Modelo
   Personalizado:
   bloque
   sexo
   tiroxina
   sexo * tiroxina (marcar con el mouse los dos)
   Quitar señal de incluir la intersección en el modelo
   Continuar
   Opciones
   Mostrar medias para:
   sexo
   tiroxina
   sexo * tiroxina
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUE	Hipótesis	114300.00	9	12700.000	2.496	.032	22.467	.833
	Error	137360.00	27	5087.407[b]				
SEXO	Hipótesis	1000.000	1	1000.000	.197	.661	.197	.071
	Error	137360.00	27	5087.407[b]				
TIROXINA	Hipótesis	2250.000	1	2250.000	.442	.512	.442	.098
	Error	137360.00	27	5087.407[b]				
SEXO * TIROXINA	Hipótesis	90.000	1	90.000	.018	.895	.018	.052
	Error	137360.00	27	5087.407[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{5087.407}}{500} * 100 = 14.27\%$$

Medias marginales estimadas

1. SEXO

Variable dependiente: DATOS

SEXO	Media	Error típ.
F	505.0000	15.949
M	495.0000	15.949

2. TIROXINA

Variable dependiente: DATOS

TIROXINA	Media	Error típ.
C	507.5000	15.949
T	492.5000	15.949

3. SEXO * TIROXINA

Variable dependiente: DATOS

SEXO	TIROXINA	Media	Error típ.
F	C	511.0000	22.555
	T	499.0000	22.555
M	C	504.0000	22.555
	T	486.0000	22.555

4. Grand Mean

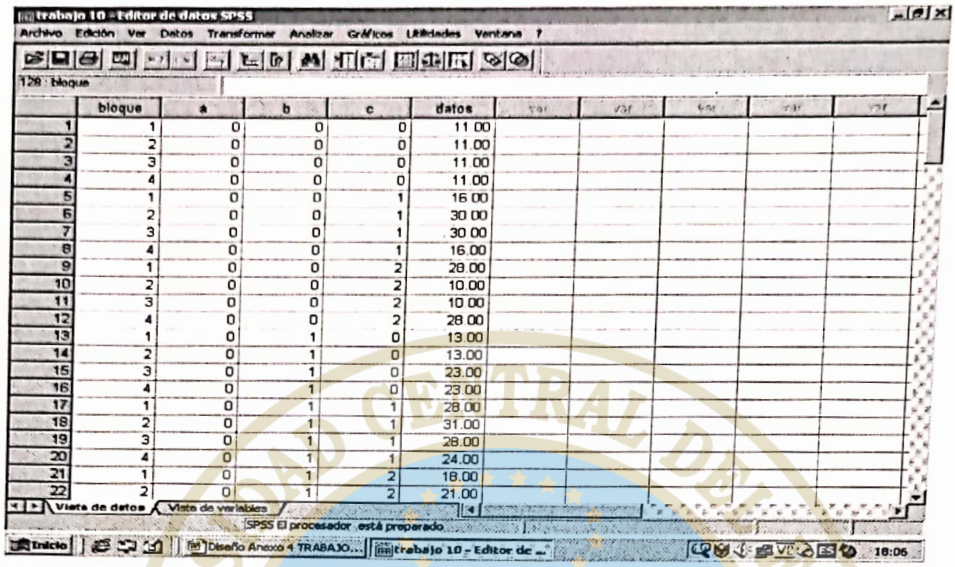
Variable dependiente: DATOS

Media	Error típ.
500.0000	11.278

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 10 (Cuadro 10.10- Pág. 81). ANOVA DE UN EXPERIMENTO FACTORIAL 3^3 CON 4 REPETICIONES EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la siguiente es una lista parcial de los datos)



	bloque	a	b	c	datos
1	1	0	0	0	11.00
2	2	0	0	0	11.00
3	3	0	0	0	11.00
4	4	0	0	0	11.00
5	1	0	0	1	16.00
6	2	0	0	1	30.00
7	3	0	0	1	30.00
8	4	0	0	1	16.00
9	1	0	0	2	28.00
10	2	0	0	2	10.00
11	3	0	0	2	10.00
12	4	0	0	2	28.00
13	1	0	1	0	13.00
14	2	0	1	0	13.00
15	3	0	1	0	23.00
16	4	0	1	0	23.00
17	1	0	1	1	28.00
18	2	0	1	1	31.00
19	3	0	1	1	28.00
20	4	0	1	1	24.00
21	1	0	1	2	18.00
22	2	0	1	2	21.00

3. Elija en los menús
   Analizar
   Modelo Lineal General
   Univariante
   Seleccionar: datos ▸ Dependiente
   A ▸ Factores fijos
   B ▸ Factores fijos
   C ▸ Factores fijos
   bloque ▸ Factores aleatorios
   Modelo
   Personalizado:
   bloque
   A
   B
   A* B (marcar con el mouse ambos factores)
   C
   A * C
   B * C
   A * B * C
   Quitar señal de incluir la intersección en el modelo
   Continuar
   Post hoc
   B, C
   Continuar
   Opciones
   Mostrar medias para:
   Global, B,C y B * C
   Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word
6. Editar
7. Imprimir

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUE	Hipótesis	.000	3	.000	.000	1.000	.000	.050
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
A	Hipótesis	15.500	2	7.750	.260	.772	.520	.090
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
B	Hipótesis	1064.000	2	532.000	17.832	.000	35.665	1.000
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
A * B	Hipótesis	78.833	4	19.708	.661	.621	2.642	.206
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
C	Hipótesis	936.000	2	468.000	15.687	.000	31.374	.999
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
A * C	Hipótesis	231.500	4	57.875	1.940	.112	7.760	.560
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
B * C	Hipótesis	1013.333	4	253.333	8.492	.000	33.966	.998
	Error	2327.000	78	29.833[b]				
A * B * C	Hipótesis	157.833	8	19.729	.661	.724	5.291	.285
	Error	2327.000	78	29.833[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{29.833}}{20} * 100 = 27.3\%$$

Medias marginales estimadas

8. Grand Mean

Variable dependiente: DATOS

Media	Error típ.
20.0000	.526

2. B

Variable dependiente: DATOS

B	Media	Error típ.
.00	15.6667	.910
1.00	21.3333	.910
2.00	23.0000	.910

3. C

Variable dependiente: DATOS

C	Media	Error típ.
.00	16.0000	.910
1.00	23.0000	.910
2.00	21.0000	.910

4. B * C

Variable dependiente: DATOS

B	C	Media	Error típ.
.00	.00	10.6667	1.577
	1.00	20.0000	1.577
	2.00	16.3333	1.577
1.00	.00	18.6667	1.577
	1.00	27.6667	1.577
	2.00	17.6667	1.577
2.00	.00	18.6667	1.577
	1.00	21.3333	1.577
	2.00	29.0000	1.577

Escaneado con CamScanner

Pruebas post hoc: Subconjuntos homogéneo

B

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

B	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2
.00	36	15.6667	
1.00	36		21.3333
2.00	36		23.0000
Sig.		1.000	.402

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 29.833.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 36.000

b. Alfa = .05.

$$T = Q_{(.05,3,78)}S_{\bar{Y}} = 3.38\sqrt{\frac{29.83}{36}} = 3.38(0.91) = 3.08$$

C

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

C	N	Subconjunto 1	Subconjunto 2
.00	36	16.0000	
2.00	36		21.0000
1.00	36		23.0000
Sig.		1.000	.272

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 29.833.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 36.000

b. Alfa = .05.

$$T = Q_{(.05,3,78)}S_{\bar{Y}} = 3.38\sqrt{\frac{29.83}{36}} = 3.38(0.91) = 3.08$$

B * C: $$T = Q_{(.05,9,78)}S_{\bar{Y}} = 4.52\sqrt{\frac{29.83}{12}} = 4.52(1.58) = 7.13$$

Trat.	Medias	Rangos
b2c2	29.00	|
b1c1	27.67	| |
b2c1	21.33	| |
b0c1	20.00	| |
b1c0	18.67	| |
b2c0	18.67	| |
b1c2	17.67	| |
b0c2	16.33	|
b0c0	10.67	|

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No.11 (Cuadros 11.26 -11.29- Pág. 101-103). COMPARACIONES Y POLINOMIOS ORTOGONALES

EJERCICIO 1: COMPARACIONES ORTOGONALES

	TRATAMIENTOS Control	glucosa	fructosa	glucosa + fructosa	Sucrosa				
Total:	633	532	524	521	574				
m:	9	9	9	9	9	Q	Q^2	$m\sum c_i^2$	SC
Comparaciones:	Coeficientes:								
Ctrol vs azúcares	-4	+1	+1	+1	+1	-381	145161	180	806.45
A.M. vs A.P.	0	+1	+1	-3	+1	67	4489	108	41.56
S vs G, F	0	+1	+1	0	-2	-92	8464	54	156.74
G vs F	0	-1	+1	0	0	-8	64	18	3.56

ANOVA

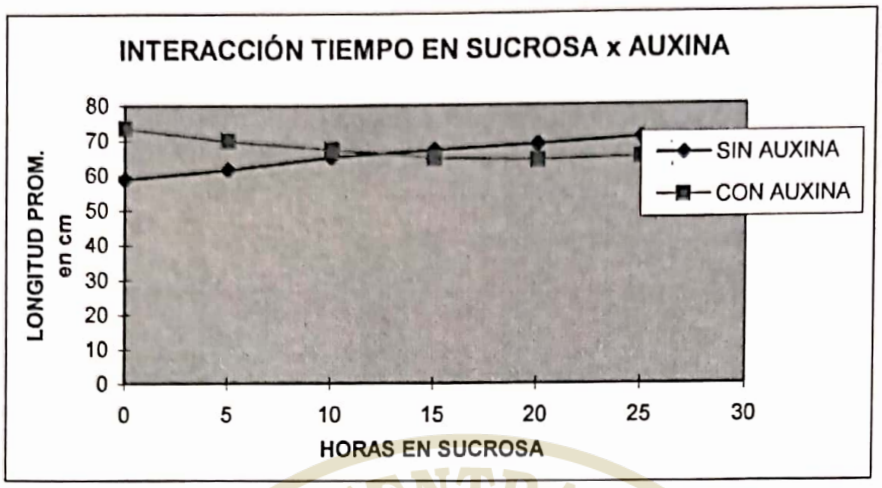
Fuentes	gl	SC	CM	F	F´ .05	F´ .01
TOTAL	44	1235.200				
TRATAMIENTOS	4	1008.311	252.078	44.44**	2.61	3.83
Control vs Azúcares	1	806.450	806.450	142.18***	4.08	7.31
A.M. vs A.P.	1	41.560	41.560	7.33**		
Entre Azúcares Puros	2	160.300	80.150	14.13**	3.23	5.18
ERROR EXP.	40	226.889	5.672			

CONCLUSIONES: Observando que tanto el control como los azúcares están actuando en presencia de Auxina, de la primera comparación se diría que, en forma general, los azúcares son antagónicos con la Auxina. Si observamos las medias de tratamientos, podemos concluir que la sucrosa tendría el menor efecto antagónico con esta hormona. De esta misma comparación podemos inferir que la Auxina promueve el crecimiento de los explantes; sin embargo, para tal aseveración habría sido necesaria su comparación frente a un control sin tratamiento.

La segunda comparación ortogonal, sugiere que existen diferencias altamente significativas al actuar los azúcares mezclados frente a los azúcares puros ensayados. Finalmente, la tercera comparación, permite observar diferencias altamente significativas entre los azúcares puros en presencia de auxina, siendo los mayormente antagónicos con esta hormona la glucosa y la fructosa, y en menor escala la sucrosa.

Escaneado con CamScanner

EJERCICIO 2 :



POLINOMIOS ORTOGONALES

FACTOR PRINCIPAL: HORAS EN SUCROSA

	HORAS EN SUCROSA									
	0	**5**	**10**	**15**	**20**	**25**				
Total:	1324	1315	1326	1318	1329	1357				
m:	20	20	20	20	20	20	Q	Q^2	$m\sum c_i^2$	SC
Efectos:	Coeficientes:									
Lineal	-5	-3	-1	+1	+3	+5	199	39601	1400	28.2864
Cuadrático	+5	-1	-4	-4	-1	+5	185	34225	1680	20.3720
Cúbico	-5	+7	+4	-4	-7	+5	99	9801	3600	2.7225

$SC_{Residual}$ = 56.5417 - 28.2864 - 20.3720 - 2.7225 = 5.1608

AUXINA AUSENTE ($\bar{Y}_{AA} = 65.4cm$)

	HORAS EN SUCROSA									
	0	**5**	**10**	**15**	**20**	**25**				
Total:	589	617	652	671	687	707				
m:	10	10	10	10	10	10	Q	Q^2	$m\sum c_i^2$	SC
Efectos:	Coeficientes:									
Lineal	-5	-3	-1	+1	+3	+5	819	670761	700	958.2300
Cuadrático	+5	-1	-4	-4	-1	+5	-116	13456	840	16.0190
Cúbico	-5	+7	+4	-4	-7	+5	24	576	1800	0.3200

Escaneado con CamScanner

AUXINA PRESENTE ($\bar{Y}_{AP} = 67.4cm$)

	HORAS EN SUCROSA 0	5	10	15	20	25				
Total:	735	698	674	647	642	650				
m:	10	10	10	10	10	10	Q	Q^2	$m\sum c_i^2$	SC
Efectos:	Coeficientes:									
Lineal	-5	-3	-1	+1	+3	+5	-620	384400	700	549.1429
Cuadrático	+5	-1	-4	-4	-1	+5	301	90601	840	107.8583
Cúbico	-5	+7	+4	-4	-7	+5	75	5625	1800	3.1250

ANOVA

Fuentes	gl	SC	CM	F	F´ .05	F´ .01
TOTAL	119	5072.0834				
TRATAMIENTOS	11	1767.0917	160.6447	5.25**	1.88	2.43
Tiempo en Sucrosa	5	56.5417	11.3083	0.37ns	2.30	3.20
E. Lineal	1	28.2864	28.2864	0.92ns	3.94	6.90
E. Cuadrático	1	20.3720	20.3720	0.67ns		
E. Cúbico	1	2.7225	2.7225	0.09ns		
Residual	2	5.1608	2.5804	0.08ns	3.09	4.82
Auxina	1	126.0750	126.0750	4.12*	3.94	6.90
Tiempo x Auxina	5	1584.4750	316.8950	10.36**	2.30	3.20
E. Lineal [1]	1	1479.0865	1479.0865	48.33**	3.94	6.90
s para Efecto Lineal	4	105.3885	26.3471	0.86ns	2.46	3.51
E. Cuadrático	1	103.5053	103.5053	3.38ns	3.94	6.90
E. Cúbico	1	0.7225	0.7225	0.02ns		
Residual	2	1.1607	0.5804	0.02ns	3.09	4.82
ERROR EXP.	108	3304.9917	30.6018			

1. SC del Efecto Lineal = 958.23 + 549.1429 - 28.2864 = 1479.0865

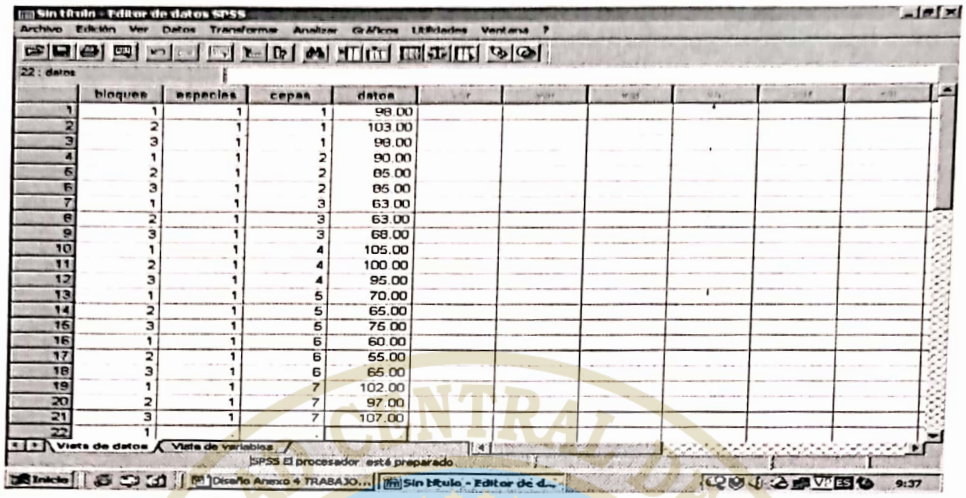
s para el Efecto Lineal = 1584.4750 - 1479.0865 = 105.3885

$$r^2 = \frac{1479.0865}{1584.4750} = 0.9335 \qquad r = 0.97$$

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 12 (Cuadro 12.10- Pág.109-110). ANOVA DE UN EXPERIMENTO EN PARCELAS DIVIDIDAS 2x4 CON 3 REPETICIONES EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la siguiente es una lista de datos parcial)



	bloques	especies	cepas	datos
1	1	1	1	98.00
2	2	1	1	103.00
3	3	1	1	98.00
4	1	1	2	90.00
5	2	1	2	85.00
6	3	1	2	85.00
7	1	1	3	63.00
8	2	1	3	63.00
9	3	1	3	68.00
10	1	1	4	105.00
11	2	1	4	100.00
12	3	1	4	95.00
13	1	1	5	70.00
14	2	1	5	65.00
15	3	1	5	76.00
16	1	1	6	60.00
17	2	1	6	55.00
18	3	1	6	65.00
19	1	1	7	102.00
20	2	1	7	97.00
21	3	1	7	107.00
22	1			

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
       - Seleccionar: datos ▸ Dependiente
         - Especies ▸ Factores fijos
         - Cepas ▸ Factores fijos
         - bloques ▸ Factores aleatorios
       - Modelo
         - Personalizado:
           - bloques (A)
           - Especies
           - Bloques * Especies (A)
           - Cepas
           - Cepas * Especies
         - Suma de Cuadrados Tipo III
         - Quitar señal de incluir la intersección en el modelo
         - Continuar
       - Post hoc: Tukey
         - Cepas
         - Continuar
       - Opciones
         - Mostrar medias para:
           - Global
           - Especies
           - Cepas
           - Especies * Cepas
       - Continuar
4. Ejecutar (Aceptar)
5. Copiar objetos a Word, editar e imprimir, en caso de ser necesario

Escaneado con CamScanner

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUES	Hipótesis	602.500	2	301.250	11.476	.080	22.952	.465
	Error	52.500	2	26.250[b]				
ESPECIES	Hipótesis	6303.750	1	6303.750	240.143	.004	240.143	1.000
	Error	52.500	2	26.250[b]				
ESPECIES * BLOQUES	Hipótesis	52.500	2	26.250	3.857	.030	7.714	.662
	Error	245.000	36	6.806[c]				
CEPAS	Hipótesis	7416.750	9	824.083	121.090	.000	1089.808	1.000
	Error	245.000	36	6.806[c]				
ESPECIES * CEPAS	Hipótesis	16078.750	9	1786.528	262.510	.000	2362.592	1.000
	Error	245.000	36	6.806[c]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(ESPECIES * BLOQUES)

c. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{6.806}}{75.25} * 100 = 3.5\%$$

Nota: La fuente de variación Especies * Bloques corresponde al Error (a)

Pruebas post hoc: CEPAS - Subconjuntos homogéneos

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

CEPAS	N	Subconjunto 1	2	3	4	5
3.00	6	66.3333				
10.00	6	68.0000	68.0000			
5.00	6	71.0000	71.0000	71.0000		
6.00	6	71.0000	71.0000	71.0000		
7.00	6		71.5000	71.5000	71.5000	
1.00	6		72.3333	72.3333	72.3333	
2.00	6			73.3333	73.3333	
4.00	6			75.0000	75.0000	
9.00	6				76.5000	
8.00	6					107.5000
Sig.		.093	.150	.230	.056	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 6.806.

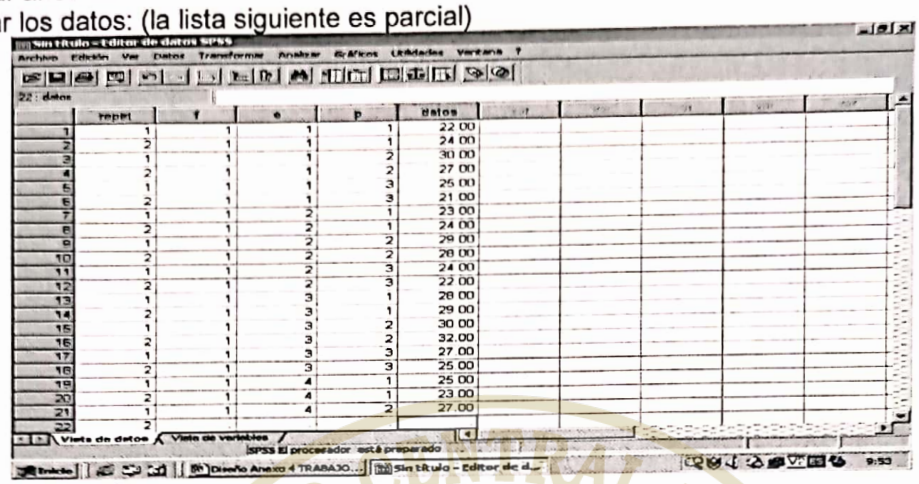
a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 6.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 13 (Cuadro 13.12 – Pág. 120). ANOVA PARA UN DISEÑO CRUZADO - ANIDADO

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la lista siguiente es parcial)



	repet	f	e	p	datos
1	1	1	1	1	22.00
2	2	1	1	1	24.00
3	1	1	1	2	30.00
4	2	1	1	2	27.00
5	1	1	1	3	25.00
6	2	1	1	3	21.00
7	1	1	2	1	23.00
8	2	1	2	1	24.00
9	1	1	2	2	29.00
10	2	1	2	2	28.00
11	1	1	2	3	24.00
12	2	1	2	3	22.00
13	1	1	3	1	28.00
14	2	1	3	1	29.00
15	1	1	3	2	30.00
16	2	1	3	2	32.00
17	1	1	3	3	27.00
18	2	1	3	3	25.00
19	1	1	4	1	25.00
20	2	1	4	1	23.00
21	1	1	4	2	27.00
22	2				

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente: datos
           Factores fijos: f, p. (familias, presas)
           Factores aleatorios: e (especies)
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Construir términos: f, e*f, p, f*p, e*f*p
           - Interacción
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word, editar e imprimir

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos Inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

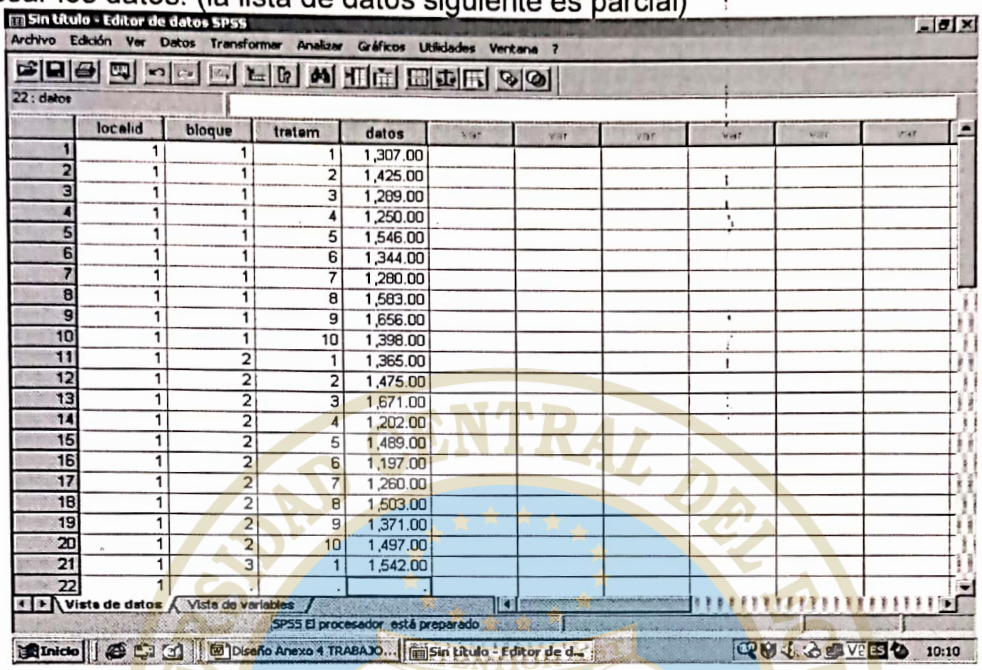
Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada [a]
F	Hipótesis	4.083	1	4.083	.341	.581	.341	.079
	Error	71.917	6	11.986[b]				
F * E	Hipótesis	71.917	6	11.986	2.185	.117	13.109	.541
	Error	65.833	12	5.486[c]				
P	Hipótesis	82.792	2	41.396	7.546	.008	15.091	.872
	Error	65.833	12	5.486[c]				
F * P	Hipótesis	19.042	2	9.521	1.735	.218	3.471	.293
	Error	65.833	12	5.486[c]				
F * P * E	Hipótesis	65.833	12	5.486	2.351	.036	28.214	.847
	Error	56.000	24	2.333[d]				

a. Calculado con alfa = .05
b. MS(F * E)
c. MS(F * P * E)
d. MS(Error)

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 14 (Cuadro 14.3 – Pág. 122). ANOVA PARA EXPERIMENTOS COMBINADOS

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la lista de datos siguiente es parcial)



	localid	bloque	tratam	datos
1	1	1	1	1,307.00
2	1	1	2	1,425.00
3	1	1	3	1,289.00
4	1	1	4	1,250.00
5	1	1	5	1,546.00
6	1	1	6	1,344.00
7	1	1	7	1,280.00
8	1	1	8	1,583.00
9	1	1	9	1,656.00
10	1	1	10	1,398.00
11	1	2	1	1,365.00
12	1	2	2	1,475.00
13	1	2	3	1,671.00
14	1	2	4	1,202.00
15	1	2	5	1,489.00
16	1	2	6	1,197.00
17	1	2	7	1,260.00
18	1	2	8	1,503.00
19	1	2	9	1,371.00
20	1	2	10	1,497.00
21	1	3	1	1,542.00
22	1	.	.	.

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente:datos
           Factores fijos: localid, tratam
           Factores aleatorios: bloque
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Construir términos: localid, bloque*localid, tratam, localid*tratam
           - Interacción
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Opciones
           - Mostrar medias para: Global, localid, tratam
           - Continuar
         - Post hoc
           - Tukey para: localid, tratam
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word
5. Editar
6. Imprimir

RESULTADOS:

Escaneado con CamScanner

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
LOCALID	Hipótesis	2684772.1	2	1342386	129.199	.000	258.398	1.000
	Error	62340.333	6	10390.056[b]				
LOCALID * BLOQUE	Hipótesis	62340.333	6	10390.056	.484	.817	2.907	.181
	Error	1158149.7	54	21447.216[c]				
TRATAM	Hipótesis	358057.83	9	39784.204	1.855	.079	16.695	.757
	Error	1158149.7	54	21447.216[c]				
LOCALID * TRATAM	Hipótesis	429614.60	18	23867.478	1.113	.366	20.031	.664
	Error	1158149.7	54	21447.216[c]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(LOCALID * BLOQUE)

c. MS(Error)

$$CV = \frac{\sqrt{21447.22}}{1416.17} = 10.3\%$$

Pruebas post hoc

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

LOCALID	N	Subconjunto 1	2	3
2.00	30	1206.1667		
1.00	30		1413.1333	
3.00	30			1629.2000
Sig.		1.000	1.000	1.000

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 21447.216.

a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 30.000

b. Alfa = .05.

DATOS

DHS de Tukey[a,b]

TRATAM	N	Subconjunto 1	2
4.00	9	1330.6667	
1.00	9	1369.8889	1369.8889
6.00	9	1373.7778	1373.7778
2.00	9	1394.7778	1394.7778
10.00	9	1396.6667	1396.6667
9.00	9	1403.3333	1403.3333
7.00	9	1406.4444	1406.4444
8.00	9	1436.2222	1436.2222
3.00	9	1483.8889	1483.8889
5.00	9		1566.0000
Sig.		.457	.149

Se mostrarán las medias de los grupos en subconjuntos homogéneos.
Based on Type III Sum of Squares
El término error es Media cuadrática(Error) = 21447.216.

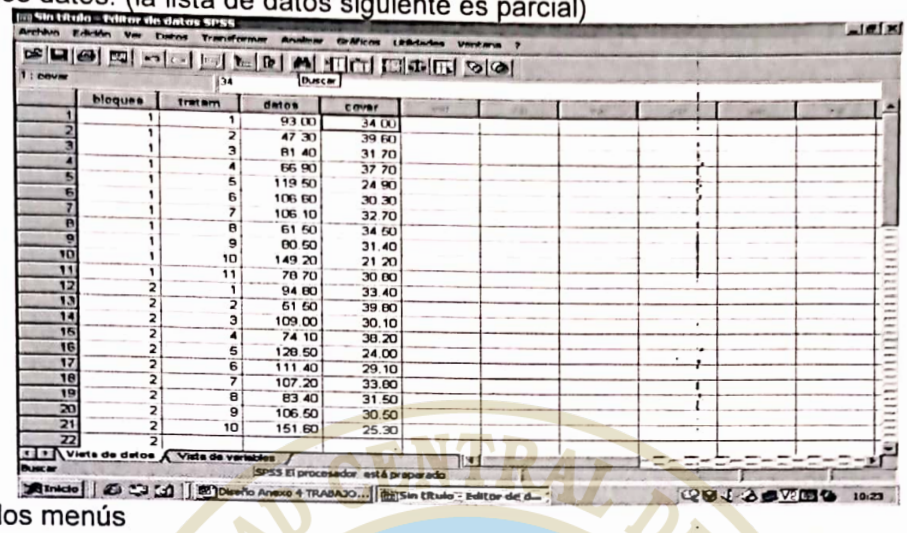
a. Usa el tamaño muestral de la media armónica = 9.000

b. Alfa = .05.

Escaneado con CamScanner

TRABAJO No. 15 (Cuadro 15.5 – Pág. 131). ANCOVA EN DBCA

1. Ingresar al SPSS
2. Ingresar los datos: (la lista de datos siguiente es parcial)



	bloques	tratam	datos	covar
1	1	1	93.00	34.00
2	1	2	47.30	39.60
3	1	3	81.40	31.70
4	1	4	66.90	37.70
5	1	5	119.50	24.90
6	1	6	106.60	30.30
7	1	7	106.10	32.70
8	1	8	61.50	34.50
9	1	9	80.50	31.40
10	1	10	149.20	21.20
11	1	11	78.70	30.80
12	2	1	94.80	33.40
13	2	2	61.50	39.80
14	2	3	109.00	30.10
15	2	4	74.10	38.20
16	2	5	128.50	24.00
17	2	6	111.40	29.10
18	2	7	107.20	33.80
19	2	8	83.40	31.50
20	2	9	106.50	30.50
21	2	10	151.60	25.30
22	2			

3. Elija en los menús
   - Analizar
     - Modelo Lineal General
       - Univariante
         - Seleccionar: Dependiente:datos
           Factores fijos: tratam
           Factores aleatorios: bloques
           Covariables: covar
         - Modelo
           - Personalizado:
           - Construir términos: bloques, tratam, covar
           - Efectos principales
           - Suma de Cuadrados Tipo III
           - Quitar señal: no incluir intersección en el modelo
           - Continuar
         - Opciones
           - mostrar medias (ajustadas) para: Global, Tratam
           - Continuar
         - Aceptar
4. Copiar objetos a Word, editar e imprimir

RESULTADOS:

Pruebas de los efectos inter-sujetos

Variable dependiente: DATOS

Fuente		Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.	Parámetro de no centralidad	Potencia observada[a]
BLOQUES	Hipótesis	756.392	4	189.098	3.347	.019	13.388	.797
	Error	2203.454	39	56.499[b]				
TRATAM	Hipótesis	7457.621	10	745.762	13.200	.000	131.996	1.000
	Error	2203.454	39	56.499[b]				
COVAR	Hipótesis	3743.850	1	3743.850	66.264	.000	66.264	1.000
	Error	2203.454	39	56.499[b]				

a. Calculado con alfa = .05

b. MS(Error)

Escaneado con CamScanner

ANEXO 5. Fórmulas para el cálculo abreviado del ANOVA de algunos diseños experimentales (en base a la medias)

1. ANOVA DE UN FACTOR (igual tamaño de muestras)

$$FC = N\bar{Y}^2$$
$$SC_{TOTAL} = (N-1)CM_{TOTAL}$$
$$SC_{TRAT} = \left(n\Sigma\bar{Y}_i^2\right) - FC$$
$$SCe = SC_{TOTAL} - SC_{TRAT}$$

2. ANOVA DE UN FACTOR (diferente tamaño de muestras)

$$FC = N\bar{Y}^2 \quad \{N = \Sigma r_i$$
$$SC_{TOTAL} = (N-1)CM_{TOTAL}$$
$$SC_{TRAT} = \left(\Sigma r_i\bar{Y}_i^2\right) - FC$$
$$SCe = SC_{TOTAL} - SC_{TRAT}$$

3. ANOVA EN DBCA

$$FC = N\bar{Y}^2$$
$$SC_{TOTAL} = (N-1)CM_{TOTAL}$$
$$SC_{BLOQ} = \left(t\Sigma\bar{Y}_j^2\right) - FC$$
$$SC_{TRAT} = \left(r\Sigma\bar{Y}_i^2\right) - FC$$
$$SCe = SC_{TOTAL} - SC_{BLOQ} - SC_{TRAT}$$

4. ANOVA EN DCL

$$FC = N\bar{Y}^2$$
$$SC_{TOTAL} = (N-1)CM_{TOTAL}$$
$$SC_F = \left(n\Sigma\bar{f}_i^2\right) - FC$$
$$SC_C = \left(n\Sigma\bar{c}_j^2\right) - FC$$
$$SC_{TRAT} = \left(n\Sigma\bar{t}_k^2\right) - FC$$
$$SCe = SC_{TOTAL} - SC_F - SC_C - SC_{TRAT}$$

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
Facultad de Ciencias Agrícolas
Campo Docente Experimental
"LA TOLA"
BIBLIOTECA

Escaneado con CamScanner

UNIVERSIDAD CENTRAL DEL ECUADOR
POTENTIOR EST OMNIUM SAPIENTIA
FUNDADA EN 1620
QUITO

10

Impreso en:
innovación Digital

ISBN 9978-42-520-9
9 789978 425206

Escaneado con CamScanner