

Diseño de experimentos.
Ejemplos resueltos con **R**

Alex Sánchez

3 de febrero de 2013

Índice general

1. Diseño completamente aleatorizado (DCA)	3
1.1. El modelo de un factor	3
1.2. Ejemplo	3
2. Comparaciones entre tratamientos	7
2.1. Comparaciones múltiples: contrastes <i>a posteriori</i>	7
2.1.1. Ejemplo: Comparación entre sistemas para el almacenamiento de carne . .	7
2.2. Realización de las comparaciones múltiples	9
2.2.1. Implementación manual de los cálculos	9
2.2.2. Realización de los cálculos con el paquete Agricolae	10
2.2.3. Realización de los cálculos con el paquete multcomp	11
3. Análisis de componentes de la varianza	
(Diseños de Factores Aleatorios)	14
3.1. Análisis de componentes de la varianza	14
3.1.1. Ejemplo	15
3.2. Un enfoque más general: Modelos mixtos	17
4. Diseño en bloque completamente aleatorizado(RCBD)	19
4.1. Introducción	19
4.2. Ejemplo	19
4.3. Eficiencia del bloqueo	22
4.4. Diseño en bloque aleatorizado generalizado (GRBD)	23
4.5. Ejemplo	24
4.5.1. Aleatorización de los tratamientos	24
4.6. Más ejemplos	26
4.7. Diseño de cuadrados latinos	28
4.8. EXEMPLE 2 (Montgomery C.4.2)	28
5. Diseños factoriales	32
5.1. Ejemplo	32
5.1.1. Análisis de la interacción	33
5.1.2. Efectos simples	33
5.1.3. Comparaciones múltiples	35
5.1.4. Aleatorización de los tratamientos	36
5.2. Modelos factoriales de efectos aleatorios y modelos mixtos	37
5.3. Análisis de un modelo mixto	37
5.3.1. Ejemplo (Neter et al., 3 ^o ed. Problema 22)	37
5.3.2. Análisis mediante modelos ANOVA	40
5.3.3. Análisis mediante nlme	42

6. Diseños anidados	46
6.1. Introducción	46
6.2. Ejemplo	46
7. Análisis de la covarianza	49
7.1. Introducción	49
7.2. Ejemplo	49
7.2.1. Análisis con R	49

Capítulo 1

Diseño completamente aleatorizado (DCA)

1.1. El modelo de un factor

El modelo lineal básico para experimentos de un factor es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu_i + e_{ij} = \mu + \tau_i + e_{ij}$$

El análisis de dicho modelo se basa en la descomposición de la variabilidad total en la variabilidad –expresada en la suma de cuadrados– atribuible al tratamiento y la variabilidad atribuible al error:

$$SS_{Total} = SS_{Tratamientos} + SS_{Error}.$$

A partir de dicha descomposición se construye la tabla de análisis de la varianza que podemos utilizar para contrastar la hipótesis nula de ausencia de efecto de los tratamientos.

Tabla 2.5 Tabla de análisis de varianza para tratamientos con un solo factor, en un diseño totalmente aleatorizado

<i>Fuente de variación</i>	<i>Grados de libertad</i>	<i>Suma de cuadrados</i>	<i>Cuadrados medios</i>
Total	$N - 1$	$SC \text{ total}$	
Tratamientos	$t - 1$	$SC \text{ tratamiento}$	$CMT = \frac{SCT}{t - 1}$
Error	$N - t$	$SC \text{ error}$	$CME = \frac{SCE}{N - t}$

Figura 1.1: Tabla de análisis de la varianza para un diseño de un factor de efectos fijos

1.2. Ejemplo

La duración de las carnes almacenadas es el tiempo que un corte previamente envasado permanece vendible, sano y nutritivo. El embalaje estándar en ambiente normal tiene una duración

de aproximadamente 48 horas. Después la calidad de carne comienza a deteriorarse por causa de la contaminación microbiana provocando decoloración y encogimiento. El embalaje de vacío es eficaz en la supresión del crecimiento microbiano pero otras pérdidas de calidad permanecen, pese a todo.

Estudios recientes sugirieron atmósferas controladas de gas como alternativas posibles al embalaje tradicional

Los ingenieros de la compañía consideraron que alguna forma de atmósfera controlada de gas proporcionaría un ambiente más eficaz de embalaje para el almacenaje de carne. Para decidir acerca de esta hipótesis se diseñó y realizó el experimento siguiente:

- **Tratamientos:** El diseño de tratamientos incluye embalajes con (1) el aire ambiental en un abrigo comercial plástico, (2) al vacío, (3) una mezcla de gases que consisten en una mezcla del 1 % de CO, un 40 % de O y un 59 % de N y (4) Un 100 % de N. El aire ambiental y embalajes vacíos realizaron el papel de tratamientos de control porque ambos eran embalajes estándar.
- **Diseño de Control de Error:** Tres filetes de ternera de aproximadamente el mismo tamaño fueron asignados al azar a cada una de las cuatro condiciones de embalaje. Cada filete fue embalado separadamente en sus condiciones asignadas. Como medida de eficacia en la supresión del crecimiento microbiano se tomó el número de colonias de bacterias que se desarrollaban sobre la carne después de nueve días de almacenaje.

Los datos se transformaron tomando logaritmos a fin de mejorar el cumplimiento de las suposiciones del análisis de la varianza. El código para el análisis es el siguiente:

```
> LOG_CNT<-c(7.66, 6.98, 7.80, 5.26, 5.44, 5.80, 7.41, 7.33, 7.04, 3.51, 2.91, 3.66)
> meat<-rep(1:4, each=3)
> dades<-data.frame (meat, LOG_CNT)
> dades$meat<-as.factor(dades$meat)
> levels(dades$meat)<-c("Commercial", "Vacuum", "Mixed Gas", "CO2")
> dades
```

	meat	LOG_CNT
1	Commercial	7.66
2	Commercial	6.98
3	Commercial	7.80
4	Vacuum	5.26
5	Vacuum	5.44
6	Vacuum	5.80
7	Mixed Gas	7.41
8	Mixed Gas	7.33
9	Mixed Gas	7.04
10	CO2	3.51
11	CO2	2.91
12	CO2	3.66

```
> #attach(dades)
```

El modelo lineal que describe el experimento es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu_i + e_{ij} = \mu + \tau_i + e_{ij}$$

La formulación de este modelo en R es:

```
> model<- dades$LOG_CNT ~ dades$meat
```

El básico se lleva a cabo mediante la instrucción `aov`. Para visualizar la tabla del análisis de la varianza utilizamos `summary`.

```
> aov1<-aov (model, data=dades)
> summary(aov1)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
dades$meat  3  32.87  10.958    94.58 1.38e-06 ***
Residuals   8   0.93   0.116
---

```

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

Los efectos de los factores se estiman mediante la instrucción `model.tables` que muestra la estimación de cada factor (α_i) o el efecto medio de éste ($\mu + \alpha_i$).

```
> model.tables(aov1)
```

Tables of effects

```
      dades$meat
dades$meat
Commercial      Vacuum  Mixed Gas      CO2
      1.58      -0.40      1.36      -2.54
```

```
> model.tables(aov1,type="means") # Mitjanes dels grups
```

Tables of means

Grand mean

5.9

```
      dades$meat
dades$meat
Commercial      Vacuum  Mixed Gas      CO2
      7.48      5.50      7.26      3.36
```

Al ser significativas las diferencias entre los tratamientos podemos hacer comparaciones múltiples:

```
> (hsd=TukeyHSD(aov1,which="dades$meat",conf=0.95))
```

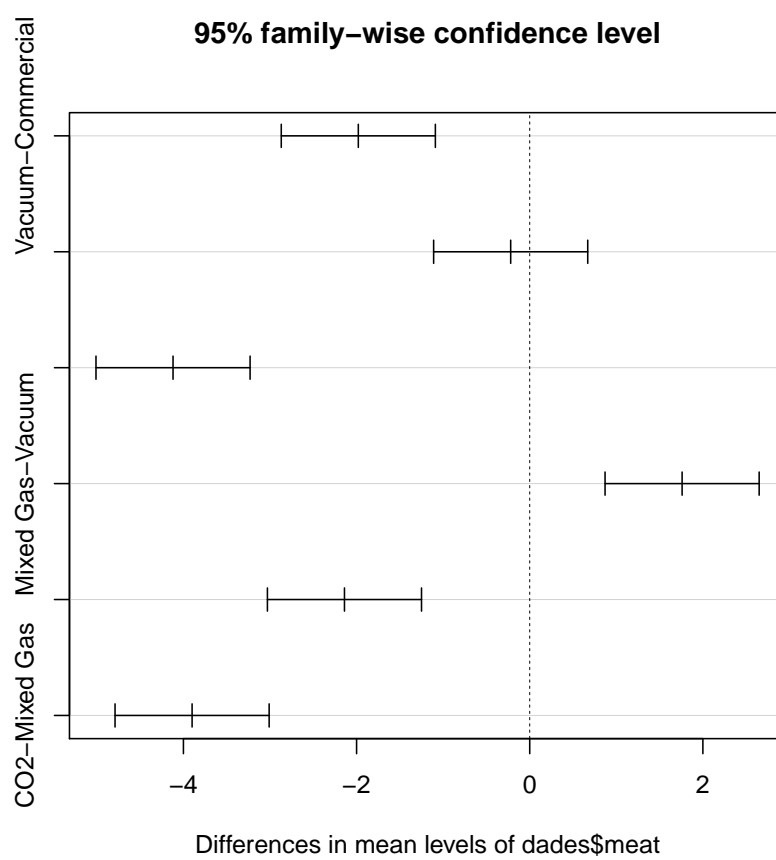
```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = model, data = dades)
```

```
$`dades$meat`
          diff      lwr      upr    p adj
Vacuum-Commercial -1.98 -2.869962 -1.090038 0.0004549
Mixed Gas-Commercial -0.22 -1.109962  0.669962 0.8563618
CO2-Commercial      -4.12 -5.009962 -3.230038 0.0000020
Mixed Gas-Vacuum      1.76  0.870038  2.649962 0.0010160
CO2-Vacuum          -2.14 -3.029962 -1.250038 0.0002639
CO2-Mixed Gas       -3.90 -4.789962 -3.010038 0.0000031
```

```
> rm(dades)
```

```
> plot(hsd)
```



Capítulo 2

Comparaciones entre tratamientos

El análisis de la varianza nos permite descomponer la variabilidad global en diversas componentes dependiendo del modelo subyacente, y el test F asociado nos permite decidir si el modelo completo resulta más explicativo que el reducido en donde algunas de las fuentes de variabilidad no se consideran.

Normalmente, tras decidir que una fuente de variabilidad es significativa deseamos conocer a cual de sus componentes debemos atribuir esta significación. Para ello debemos realizar comparaciones entre tratamientos también denominadas *comparaciones múltiples*.

Solemos diferenciar distintos tipos de comparaciones

- Las comparaciones o contrastes planeados *a priori*.
- Las comparaciones entre niveles de un factor cuantitativo o contrastes *polinomiales ortogonales*.
- Las comparaciones de distintos tipos entre tratamientos o contrastes *a posteriori*.

En esta sección se discuten las comparaciones *a posteriori*.

2.1. Comparaciones múltiples: contrastes *a posteriori*

Una vez hemos decidido mediante un ANOVA que existen diferencias entre los niveles de un factor debemos decidir a que niveles pueden atribuirse éstas.

Existe un gran número de pruebas de comparaciones múltiples que difieren entre ellas, bien por la forma en que se plantea la comparación o bien por diferencias en el estadístico de contraste o la distribución de referencia.

Aunque el sistema base de R solo implementa los intervalos de confianza de Tukey podemos utilizar el paquete *multcomp* o el paquete *agricolae* para realizar muchas de éstas comparaciones.

2.1.1. Ejemplo: Comparación entre sistemas para el almacenamiento de carne

Volvemos a recuperar el ejemplo de los tratamientos contra la diabetes

```
> trac <- c(rep(1,8),rep(2,8),rep(3,8))
> resp <- c(4,2,6,6,5,6,2,6,7,6,5,7,6,4,7,5,9,12,6,11,10,11,9,10)
> myData <- data.frame(trac,resp)
> myData[,1] <- as.factor(myData[,1])
```

EL método implementado por defecto es el de la “diferencia honestamente significativa” de Tukey que compara todos los grupos entre sí.


```

> aov2<-aov (resp~trac, data=myData)
> (tanova<-summary(aov2))

            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
trac          2  114.25    57.12   22.11 6.79e-06 ***
Residuals    21   54.25     2.58
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> (hsd<-TukeyHSD(aov2) )

    Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level

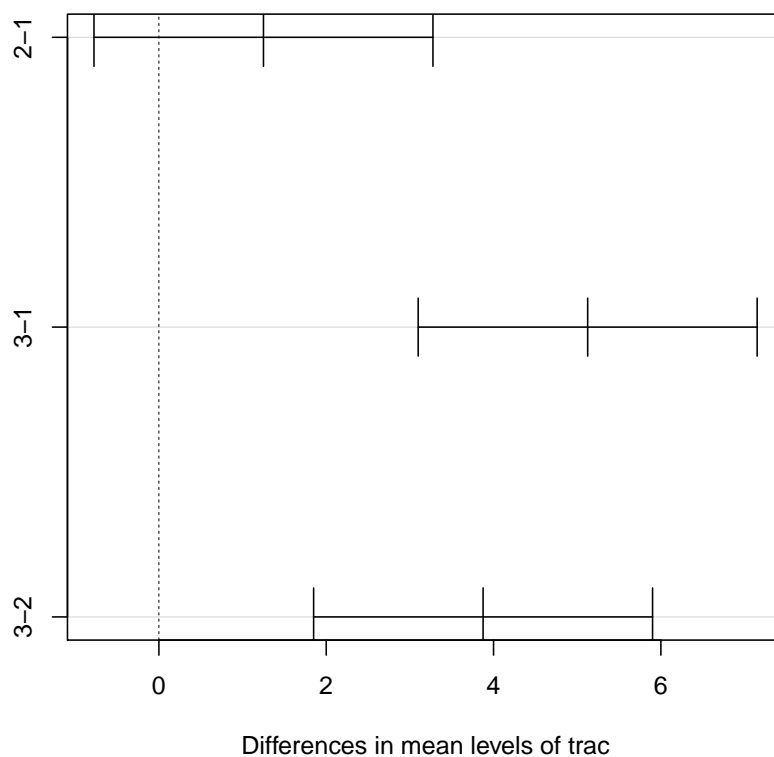
Fit: aov(formula = resp ~ trac, data = myData)

$trac
      diff       lwr       upr      p adj
2-1  1.250 -0.7756249  3.275625 0.2865063
3-1  5.125  3.0993751  7.150625 0.0000073
3-2  3.875  1.8493751  5.900625 0.0002592

> plot(hsd)
> rm(hsd)

```

95% family-wise confidence level



2.2. Realización de las comparaciones múltiples

Algunos paquetes como `Agricolae` o `multcomp` implementan funciones específicas para la realización de las comparaciones múltiples.

2.2.1. Implementación manual de los cálculos

Una vez hemos visto que el efecto tratamiento es significativo deseamos comparar por ejemplo el primer y el tercer tratamiento entre ellos.

Para ello empezamos realizando los cálculos “manualmente” –a partir de las fórmulas descritas en la tabla 2.1.

<i>Bonferroni</i>	$t_{\alpha/q, (r_i+r_j-2)}$	$\sqrt{S_{i,j}^2 \left(\frac{1}{r_i} + \frac{1}{r_j} \right)}$
<i>Tukey – Kramer</i>	$q_{\alpha, (a, n-a)}$	$\sqrt{MS_E \left(\frac{1}{r_i} + \frac{1}{r_j} \right)}$
<i>FPLSD</i>	$t_{\alpha, (n-a)}$	$\sqrt{MS_E \left(\frac{1}{r_i} + \frac{1}{r_j} \right)}$

Figura 2.1: Fórmulas para las comparaciones múltiples según los métodos de Bonferroni, Tukey o Dunnett

```
> S2A <- var(xA)
> S2C <- var(xC)
> S2.CvsA <- (((nA-1)*S2A+(nC-1)*S2C)/(nA+nC-2))
> sdBONF1 <- sqrt(S2.CvsA *(1/nA+1/nC))
> # Una forma alternativa de calcular S2CvsA: A partir del test de student de 2 mostres
> t2<-t.test(xA,xC, var.equal=TRUE)
> varBONF2<- varT2 <- ((t2$estimate[1]-t2$estimate[2])/t2$statistic)^2
> sdBONF2<-sqrt(varBONF2)
> # Una tercera aproximación: basar-se en el MSE
> # Observem que si ens basem en el MSE multiplicarem per "sqrt(1/nA+1/nC)" pero
> # si ens basem en la variància de la t de Student no cal
> varBONF3 <- MSE <- tanova[[1]]["Residuals", "Mean Sq"]
> sdBONF3 <- sqrt(varBONF3)*sqrt(1/nA+1/nC)
> # Graus de llibertat de Bonferroni
> dfBONF <- dfERR <- tanova[[1]]["Residuals", "Df"]
> # Valor crític per Bonferroni
> tcritBONF<-qt(p=1-alfa/(choose(numClasses,2)*2), df=dfBONF)
> Bonf <- tcritBONF * sdBONF3
> Bonf2 <-tcritBONF * sdBONF2

> #Per Tukey
> dfTUK <- dfERR
```

```

> tcritTUK <- qtkey(p=1-alfa, nmeans=numClasses, df=dfTUK)
> tukeySD <- sqrt(MSE * (1/nA+1/nC)*(1/2)) # El terme 1/2 no apareix arreu!
> Tuk <- tcritTUK * tukeySD

> #Per Fisher
> dfLSD <- dfERR
> fishercrit <- qt(p=1-alfa/2, df=dfLSD)
> fisherSD <- sqrt(MSE * (1/nA+1/nC))
> Fish <- fishercrit * fisherSD

```

Una vez aplicadas las fórmulas anteriores podemos ver los valores críticos asociados a cada test

```

> Bonf
[1] 2.090543

> Tuk
[1] 2.025625

> Fish
[1] 1.671256

```

2.2.2. Realización de los cálculos con el paquete Agricolae

Una opción sencilla es la que proporciona el paquete agricolae

```

> require(agricolae)
> (HSD.test(aov2,"trac", group=TRUE)) # Tukey

```

Study:

HSD Test for resp

Mean Square Error: 2.583333

trac, means

	resp	std.err	replication
1	4.625	0.6250000	8
2	5.875	0.3980982	8
3	9.750	0.6477985	8

alpha: 0.05 ; Df Error: 21

Critical Value of Studentized Range: 3.564625

Honestly Significant Difference: 2.025625

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means

a	3	9.75
b	2	5.875
b	1	4.625

	trt	means	M	N	std.err
1	3	9.750	a	8	0.6477985
2	2	5.875	b	8	0.3980982
3	1	4.625	b	8	0.6250000

```

> (LSD.test(aov2,"trac", group=TRUE)) # Fisher

Study:

LSD t Test for resp

Mean Square Error:  2.583333

trac, means and individual ( 95 %) CI

      resp  std.err replication      LCL      UCL
1  4.625  0.6250000          8  3.325241  5.924759
2  5.875  0.3980982          8  5.047110  6.702890
3  9.750  0.6477985          8  8.402829 11.097171

alpha: 0.05 ; Df Error: 21
Critical Value of t: 2.079614

Least Significant Difference 1.671256
Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a          3          9.75
b          2          5.875
b          1          4.625
  trt means M N  std.err      LCI      UCI
1   3 9.750 a  8  0.6477985 8.402829 11.097171
2   2 5.875 b  8  0.3980982 5.047110  6.702890
3   1 4.625 b  8  0.6250000 3.325241  5.924759

```

2.2.3. Realización de los cálculos con el paquete multcomp

Otra alternativa para hacer distintos tipos de comparaciones múltiples está en el paquete `multcomp`. Este paquete implementa todo tipo de comparaciones utilizando el modelo lineal general del cual el análisis de la varianza es un caso particular.

En primer lugar se debe estimar el modelo lineal

```

> lmod <- lm(myData$resp~myData$trac)
> K <- diag(length(coef(lmod)))[-1,]
> rownames(K) <- names(coef(lmod))[-1]
> K

```

```

      [,1] [,2] [,3]
myData$trac2    0    1    0
myData$trac3    0    0    1

```

A continuación se construye una matriz de contrastes que represente alguna “hipótesis lineal”. La más sencilla es la que asigna un uno a cada coeficiente o la que compara cada coeficiente con un valor de referencia, habitualmente el primer nivel.

```

> stopifnot(require(multcomp))
> hipotLG<-glht(lmod, linfct = K)

```

A partir de esta “hipótesis lineal general” podemos obtener la significación de los coeficientes o intervalos de confianza para los parámetros del modelo lineal.

```
> summary(hipotLG)

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Fit: lm(formula = myData$resp ~ myData$trac)

Linear Hypotheses:

              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
myData$trac2 == 0    1.2500     0.8036   1.555    0.23
myData$trac3 == 0    5.1250     0.8036   6.377 4.99e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- single-step method)

> confint(hipotLG)
```

```
Simultaneous Confidence Intervals

Fit: lm(formula = myData$resp ~ myData$trac)

Quantile = 2.3703
95% family-wise confidence level
```

```
Linear Hypotheses:

              Estimate lwr      upr
myData$trac2 == 0  1.2500 -0.6548  3.1548
myData$trac3 == 0  5.1250  3.2202  7.0298
```

Aunque las comparaciones múltiples son un caso especial de hipótesis lineales generales no es posible especificarlas a través de un modelo como los anteriores, por lo que para aplicarlas debemos partir de un modelo ANOVA sobre el que efectuaremos las comparaciones que nos interesen.

Los tipos de contrastes se especifican como parámetro de la función `mcp` y pueden tomar múltiples valores entre los que cabe destacar Tukey o Dunnett entre otros. De hecho este aspecto está poco documentado: Es decir hay bastantes métodos pero no está bien explicado.

```
> amod <- aov(resp~trac, data = myData)
> summary(glht(amod, linfct = mcp(trac = "Tukey")))

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
```

```
Fit: aov(formula = resp ~ trac, data = myData)

Linear Hypotheses:

              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    1.2500     0.8036   1.555    0.286
3 - 1 == 0    5.1250     0.8036   6.377 <0.001 ***
3 - 2 == 0    3.8750     0.8036   4.822 <0.001 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- single-step method)

> summary(glht(amod, linfct = mcp(trac = "Dunnett"))) )
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Dunnett Contrasts

Fit: aov(formula = resp ~ trac, data = myData)

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
2 - 1 == 0	1.2500	0.8036	1.555	0.23
3 - 1 == 0	5.1250	0.8036	6.377	4.99e-06 ***

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

(Adjusted p values reported -- single-step method)

Capítulo 3

Análisis de componentes de la varianza (Diseños de Factores Aleatorios)

3.1. Análisis de componentes de la varianza

Un experimento en el que se analiza el efecto de un unico factor aleatorio suele tener por objetivo estudiar la varianza de este efecto.

El modelo lineal es:

$$y_{ij} = \mu + A_i + e_{ij}, \quad (3.1)$$

con

$$\begin{aligned} i &= 1, \dots, k \\ j &= 1, \dots, n \\ A_i &\sim N(0, \sigma_A^2) \\ e_{ij} &\sim N(0, \sigma_e^2) \end{aligned}$$

La tabla de análisis de la varianza es la siguiente:

Source	df	SS	MS	E(MS)
Trts (Groups)	$k - 1$	SSTrt	MSTrt	$\sigma_e^2 + n\sigma_A^2$
Error	$k(n - 1)$	SSErr	MSErr	σ_e^2
Total	$kn - 1$	SSTot		

Figura 3.1: Tabla de análisis de la varianza para un diseño de un factor aleatorio

Observese que en este caso se asume la siguiente descomposición de la varianza de las observaciones:

$$\sigma_y^2 = \sigma_A^2 + \sigma_e^2,$$

y el objetivo del estudio es:

- Contrastar la ausencia de efectos del factor, lo que equivale a contrastar la hipótesis: $\sigma_A^2 > 0$.

Este contraste se efectuará con el estadístico

$$F = \frac{MSTrt}{MSErr}$$

análogo al del diseño de efectos fijos.

- Estimar las componentes de la varianza σ_A^2 y σ_e^2 . σ_e^2 se estima con $MSErr$ y

$$\hat{\sigma}_A = \max \left\{ \frac{MSTrt - MSErr}{n}, 0 \right\}$$

3.1.1. Ejemplo

Se desea comparar si el procedimiento operatorio y post-operatorio asociado a una intervención vertebral es igualmente eficaz cuando es aplicado por diferentes equipos de cirugía de la red hospitalaria.

Para ello Se seleccionan al azar cuatro hospitales (nota: de forma genérica en este tema corresponderían a los 4 tratamientos)

La variable respuesta medida son los días hasta conseguir el alta definitiva. Asumiremos su normalidad.

Observamos que el número de niveles estudiados (4 hospitales) es inferior al número de tratamientos posibles (todos los hospitales) por lo que se trata claramente de un factor aleatorio.

```
> resp <-c(98, 97, 99, 96, 91, 90, 93, 92, 96, 95, 97, 95, 95, 96, 99, 98)
> tract <-as.factor(rep(1:4, each=4))
> (dades<-data.frame(resp, tract))
```

	resp	tract
1	98	1
2	97	1
3	99	1
4	96	1
5	91	2
6	90	2
7	93	2
8	92	2
9	96	3
10	95	3
11	97	3
12	95	3
13	95	4
14	96	4
15	99	4
16	98	4

El modelo y la tabla ANOVA son es el mismo que con el diseño de un factor de efectos fijos.

```
> model <- resp~tract
> aov1<-aov(model, data=dades)
> show(s<-summary(aov1))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
tract	3	89.19	29.729	15.68	0.000188 ***
Residuals	12	22.75	1.896		

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

Como puede verse la especificación del modelo no contiene información alguna sobre si se trata, o no de un factor aleatorio. En consecuencia las estimaciones de las componentes de la varianza no son suministradas por el programa sino que debemos construirlas “a mano” utilizando los valores de la tabla anova.

Recordemos que podemos acceder a los elementos de la tabla suministrada por `summary(aov1)` a través del componente `summary(aov1)[[1]]`.

Podemos hacerlo “directamente” para un problema concreto. Esto es, dado que el resultado se encuentra en una tabla podemos acceder a los valores de dicha tabla por sus coordenadas “fila”-“columna”.

```
> class(s)
```

```
[1] "summary.aov" "listof"
```

```
> error.variance <- function (sum1) {sum1["Residuals","Mean Sq"]}
```

```
> treat.MeanSq <- function (sum1) {(sum1[1,"Mean Sq"])}
```

```
> repnumber <-function (sum1) {(sum1[1,"Df"]+1+sum1[2,"Df"])/(sum1[1,"Df"]+1)}
```

```
> treat.variance <- function (sum1) {(treat.MeanSq (sum1)- error.variance(sum1))/ repnumber(sum1)}
```

También podemos automatizarlo creando algunas funciones sencillas en R:

```
> error.variance <- function (sum1) {sum1["Residuals","Mean Sq"]}
```

```
> treat.MeanSq <- function (sum1) {(sum1[1,"Mean Sq"])}
```

```
> repnumber <-function (sum1) {(sum1[1,"Df"]+1+sum1[2,"Df"])/(sum1[1,"Df"]+1)}
```

```
> treat.variance <- function (sum1) {(treat.MeanSq (sum1)- error.variance(sum1))/ repnumber(sum1)}
```

Para calcular las componentes de la varianza con las funciones definidas tan solo necesitamos el resultado del análisis anterior:

```
> s<-summary(aov1)[[1]]
```

```
> (sigma2.E<-error.variance(s))
```

```
[1] 1.895833
```

```
> (n<-repnumber(s))
```

```
[1] 4
```

```
> (sigma2.A<-treat.variance(s))
```

```
[1] 6.958333
```

Podemos también calcular la correlación intraclase:

$$\rho = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma^2)$$

e intervalos de confianza para la correlación.

```
> (rho=sigma2.A/(sigma2.A+sigma2.E))
```

```
[1] 0.7858824
```

```
> alpha=0.05
```

```
> ci1=s[1,"F value"]/qf(c(1-alpha/2,alpha/2),n-1,s["Residuals","Df"])-1
```

```
> (ci1=ci1/(ci1+n))
```

```
[1] 0.3850736 0.9824420
```

3.2. Un enfoque más general: Modelos mixtos

Los modelos de efectos aleatorios, ya sean de uno o más factores, pueden analizarse con mayor generalidad desde la perspectiva de los *modelos mixtos*.

Para ello nos basaremos en la librería *nlme* que contiene la función `lme` que permite indicar que factores del modelo son fijos y cuales son aleatorios.

El modelo lineal se define de manera similar, con la salvedad de que debemos indicar por separado que efectos son fijos y cuales aleatorios.

El modelo para este problema, suponiendo que “telar” es aleatorio, será el siguiente:

```
> stopifnot(require(nlme))
> #tractGD =groupedData(formula=resp ~1|tract,data=dades)
> dades$tract<-as.factor(dades$tract)
> ResLme=lme(resp ~1,random=~1|tract,data=dades)
> (s.lme<-summary(ResLme))
```

Linear mixed-effects model fit by REML

Data: dades

	AIC	BIC	logLik
	69.19303	71.31718	-31.59652

Random effects:

Formula: ~1 | tract

(Intercept) Residual

StdDev: 2.637865 1.376893

Fixed effects: resp ~ 1

	Value	Std.Error	DF	t-value	p-value
(Intercept)	95.4375	1.363112	12	70.01445	0

Standardized Within-Group Residuals:

	Min	Q1	Med	Q3	Max
	-1.38017961	-0.57260166	-0.04341988	0.82574114	1.52491254

Number of Observations: 16

Number of Groups: 4

El “output” de este programa es más parecido al de una regresión que a un análisis de la varianza:

- Para los efectos fijos muestra los coeficientes estimados del modelo de regresión.
- Para los efectos aleatorios muestra la estimación de las componentes de la varianza (la estimación de la desviación estándar del factor y la del error).

El programa no calcula un estadístico F pero sí unos intervalos de confianza con los que podemos determinar la significación de los factores fijos o aleatorios.

La desviación estándar del factor aparece bajo el epígrafe: **Random effects** y la del error bajo el de **Within-group standard error**.

```
> (coefs.mixed<-intervals(ResLme,0.95))
```

Approximate 95% confidence intervals

Fixed effects:

	lower	est.	upper
(Intercept)	92.46754	95.4375	98.40746

```

attr("label")
[1] "Fixed effects:"

Random Effects:
Level: tract
              lower      est.      upper
sd((Intercept)) 1.12177 2.637865 6.202993

Within-group standard error:
      lower      est.      upper
0.9229162 1.3768926 2.0541771

```

Obsérvese que las estimaciones obtenidas coinciden con las de la sección anterior realizadas a partir de la tabla calculada para efectos fijos.

```
> (coefs.mixed$reStruct$tract["est."])
```

```

              est.
sd((Intercept)) 2.637865

```

```
> sqrt(sigma2.A)
```

```
[1] 2.637865
```

```
> (coefs.mixed$sigma["est."])
```

```

      est.
1.376893

```

```
> sqrt(sigma2.E)
```

```
[1] 1.376893
```

La ventaja obvia de esta aproximación es que se extiende con facilidad al caso de varios factores con cualquier combinación de efectos fijos y efectos aleatorios.

Capítulo 4

Diseño en bloque completamente aleatorizado(RCBD)

4.1. Introducción

Al tratar el diseño completamente aleatorizado se ha presupuesto que, una vez repartidos aleatoriamente los individuos entre los tratamientos éstos se podran aplicar por igual a cada individuo.

En la práctica ésto no resulta siempre así. Supongamos por ejemplo que se desea comparar cuatro abonos distintos y se ha decidido tratar varias parcelas con cada uno de ellos. Es fácil que suceda que no dispongamos de muchas parcelas de terreno completamente iguales entre ellas pero sí que nos resulte posible disponer de varias parcelas de cada tipo, por ejemplo “secas”, “húmedas” y “pedregosas”.

En este caso trataremos el problema cómo si la parcela fuera un factor más. La diferencia es que aquí no nos interesa tanto estimar el efecto de la parcela como eliminar la influencia de éstas en la posible estimación de las diferencias entre los abonos.

El diseño que aparece se denomina *diseño en bloques completamente aleatorizado* y el modelo lineal correspondiente sera un modelo de dos factores. La figura ?? representa la asignación de 6 tratamientos distintos cuando se dispone de cuatro bloques.

El modelo lineal que describe el experimento es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \rho_i + \tau_j + e_{ij}$$

La figura 4.2 muestra la tabla ANOVA para este diseño.

4.2. Ejemplo

Las recomendaciones corrientes de fertilización del trigo con nitrógeno incluyen los usos de cantidades especificadas en etapas concretas del crecimiento de la planta. Las recomendaciones fueron desarrolladas mediante análisis periódicos del contenido de nitrato en el tejido del tallo de la planta. A partir de los primeros estudios se consideró que el análisis del tejido del tallo podía ser una forma eficaz de supervisar el estado de nitrógeno de la cosecha y proporcionar una base para predecir el nitrógeno requerido para la producción óptima.

- El **objetivo** del estudio es la evaluación del efecto de varios programas de fertilización diferentes sobre las cantidades de nitrato de tejido en el tallo y la producción de trigo para refinar el procedimiento de recomendación.
- El **diseño de los tratamientos** consistió en probar seis procedimientos de uso de nitrógeno diferente. No se utilizó ningún tratamiento control.

Block 1	T ₂	T ₄	T ₁	T ₅	T ₃	T ₆
Block 2	T ₄	T ₂	T ₁	T ₆	T ₃	T ₅
Block 3	T ₁	T ₆	T ₅	T ₃	T ₂	T ₄
Block 4	T ₅	T ₆	T ₄	T ₃	T ₂	T ₁

Figura 4.1: Representación esquemática de la asignación de 6 tratamientos a 24 parcelas repartidas entre 4 bloques homogéneos

Source	DF	SS	MS	E[MS]
Blocks	$b - 1$	$t \sum_{i=1}^b (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..})^2 = SS(B)$		
Treatments	$t - 1$	$b \sum_{j=1}^t (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})^2 = SS(T)$	$\frac{SS(T)}{t-1}$	$\sigma_e^2 + \frac{b}{t-1} \sum_{j=1}^t \tau_j^2$
Exp. Error	$(b-1)(t-1)$	$\sum_{j=1}^t \sum_{i=1}^b (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})^2 = SS(E)$	$\frac{SS(E)}{(b-1)(t-1)}$	σ_e^2
Total	$bt - 1$			

Figura 4.2: Tabla de análisis de la varianza para un DBCA

- El **diseño de Control de Error** se realizó mediante “bloquización” o bloqueo: El experimento se realizó en un campo irrigado con un gradiente de agua a lo largo de una dirección del área de sembrado como consecuencia de la irrigación. Dado que las respuestas de la planta se ven afectadas por la variabilidad en cantidad de la humedad disponible, las parcelas se agruparon en bloques de seis parcelas de forma cada bloque se encontraba en la misma parte del gradiente de agua. Así, cualquier diferencia en respuestas de planta causadas por el gradiente de agua podría ser asociada con los bloques.
- El diseño experimental resultante era un diseño de bloque aleatorio completo con cuatro bloques de seis parcelas (cuatro bloques de tamaño seis) a los que se asignaron los tratamientos de manera aleatoria.

Los datos son:

```
> nitrogen<-c(34.98,41.22,36.94,39.97,40.89,46.69, 46.65, 41.90, 42.07,
+ 49.42, 52.68, 42.91, 37.18, 45.85, 40.23, 39.20, 37.99, 41.99, 37.61,
+ 40.45, 34.89, 50.15, 44.57, 43.29)
> dades<-expand.grid(block=1:4, Tx =1:6)
> dades<-cbind(dades,nitrogen)
> dades$block<-as.factor(dades$block)
> dades$Tx<-as.factor(dades$Tx)
> attach(dades)
```

The following object(s) are masked _by_ '.GlobalEnv':

nitrogen

El análisis de la varianza si consideramos bloque y tratamiento es el siguiente:

```
> model.1<- nitrogen ~ block + Tx
> aov.1<-aov (model.1, data=dades)
> summary(aov.1)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
block	3	197.0	65.67	9.120	0.00112 **
Tx	5	201.3	40.26	5.592	0.00419 **
Residuals	15	108.0	7.20		

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

Como puede observarse se detectaron diferencias significativas entre los tratamientos. La tabla sugiere también que existen diferencias entre los bloques, pero en principio esto carece de interés, puesto que se supone que se utilizó este diseño porque se sabía que existían dichas diferencias.

Es interesante observar qué habría sucedido si no se hubiera considerado el efecto efecto del bloque y se hubiera analizado el estudio como un diseño completamente aleatorizado. En este caso habríamos obtenido la siguiente tabla ANOVA:

```
> model.0<- nitrogen ~ Tx
> aov.0<-aov (model.0, data=dades)
> summary(aov.0)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Tx	5	201.3	40.26	2.376	0.0802 .
Residuals	18	305.0	16.95		

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

Es decir que, *como consecuencia de las diferncias entre bloques no se habrían podido detectar las diferencias entre tratamientos.*

4.3. Eficiencia del bloqueo

La eficiencia relativa de ambos diseños puede calcularse dividiendo las estimaciones del error obtenidas en cada caso:

$$ER = \frac{MSE_{CRD}}{MSE_{RCBD}}$$

La tabla ANOVA es el primer componente del objeto `summary` que consiste en una lista:

```
> sumCRD<-summary(aov.0)[[1]]
> sumRCBD<-summary(aov.1)[[1]]
> MSECRD<-sumCRD["Residuals", "Mean Sq"]
> MSERCBD<-sumRCBD["Residuals", "Mean Sq"]
> (ER<-MSECRD/MSERCBD)

[1] 2.353307
```

4.4. Diseño en bloque aleatorizado generalizado (GRBD)

Si un diseño en bloques incluye réplicas dentro de cada tratamiento hablamos de un *diseño en bloques replicados* o bien de *diseño en bloque aleatorizado generalizado*.

En este caso el análisis puede realizarse de dos formas

1. Sin considerar la interacción entre bloques y tratamientos, en cuyo caso la variabilidad entre réplicas se añade a la suma de cuadrados del error.
2. Considerando (en los casos en que tenga sentido hacerlo) una posible interacción entre bloques y tratamientos. En este caso el análisis es análogo al diseño de dos factores con interacción.

El modelo lineal que describe el experimento es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \rho_i + \tau_j + e_{ijk},$$

si no se considera interaccion, o bien:

$$Y_{ijk} = \mu + \rho_i + \tau_j + (\tau\rho)_{ij} + e_{ijk},$$

en los casos en que sí se considera la interacción.

La figura 4.2 muestra la tabla ANOVA para este diseño.

Block 1	T ₂	T ₄	T ₂	T ₃	T ₁	T ₅	T ₃	T ₅	T ₆	T ₁	T ₄	T ₆
Block 2	T ₄	T ₅	T ₁	T ₂	T ₆	T ₂	T ₆	T ₃	T ₃	T ₄	T ₅	T ₁
Block 3	T ₄	T ₁	T ₃	T ₂	T ₆	T ₅	T ₃	T ₅	T ₂	T ₆	T ₄	T ₁
Block 4	T ₅	T ₃	T ₂	T ₄	T ₁	T ₄	T ₂	T ₆	T ₁	T ₆	T ₃	T ₅

Figura 4.3: Representación esquemática de la asignación de los tratamientos a los bloques

Source	DF	SS	MS	E[MS]
Blocks	$b - 1$	$tu \sum_{i=1}^b (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..})^2 = SS(B)$		
Treatments	$t - 1$	$bu \sum_{j=1}^t (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})^2 = SS(T)$	$\frac{SS(T)}{t-1}$	$\sigma_e^2 + bu\theta_t^2$
Interaction	$(b-1)(t-1)$	$u \sum_{j=1}^t \sum_{i=1}^b (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})^2 = SS(B \times T)$	$\frac{SS(B \times T)}{(b-1)(t-1)}$	$\sigma_e^2 + u\theta_{B \times T}^2$
Exp. Error	$bt(u-1)$	$\sum_{j=1}^t \sum_{i=1}^b \sum_{k=1}^u (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2 = SS(E)$	$\frac{SS(E)}{bt(u-1)}$	σ_e^2
Total	$btu - 1$			

$$\text{where } \theta_t^2 = \frac{1}{t-1} \sum_{j=1}^t \tau_j^2, \quad \theta_{B \times T}^2 = \frac{1}{(b-1)(t-1)} \sum_{j=1}^t \sum_{i=1}^b (\tau\rho)_{ij}^2$$

Figura 4.4: Tabla de análisis de la varianza para un DBCA generalizado

4.5. Ejemplo

Consideremos un experimento consistente en probar el efecto de tres drogas entre pacientes de dos enfermedades mentales. Cada droga se prueba sobre 9 pacientes. Dentro de cada patología se asignan aleatoriamente tres pacientes a cada droga.

Los datos son:

	Droga 1	Droga 2	Droga 3
patología 1	8, 4, 0	10, 8, 6	8, 6, 4
patología 2	14, 10, 6	4, 2, 0	15, 12, 9

Los datos en R son:

```
> dades<-expand.grid(respuesta=1:3,tratamiento = c("Droga 1", "Droga 2", "Droga 3"),
+ patologia=c("a1", "a2"))
> resp<-c( 8, 4, 0 , 10, 8, 6 ,8, 6, 4,14, 10, 6 , 4, 2, 0 ,15, 12, 9)
> dades$respuesta<-resp
> dades$patologia <-as.factor(dades$patologia)
> dades$tratamiento <-as.factor(dades$tratamiento)
> attach(dades)
```

El modelo y la tabla de análisis de la varianza sin considerar interacciones el siguiente:

```
> model.1<- respuesta ~ patologia + tratamiento
> aov.1<-aov (model.1, data=dades)
> summary(aov.1)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
patologia	1	18	18.00	1.008	0.332
tratamiento	2	48	24.00	1.344	0.292
Residuals	14	250	17.86		

Si consideramos el efecto de la interacción tendremos:

```
> model.2<- respuesta ~ patologia + tratamiento + patologia:tratamiento
> aov.2<-aov (model.2, data=dades)
> summary(aov.2)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
patologia	1	18	18.00	2.038	0.17894
tratamiento	2	48	24.00	2.717	0.10634
patologia:tratamiento	2	144	72.00	8.151	0.00581 **
Residuals	12	106	8.83		

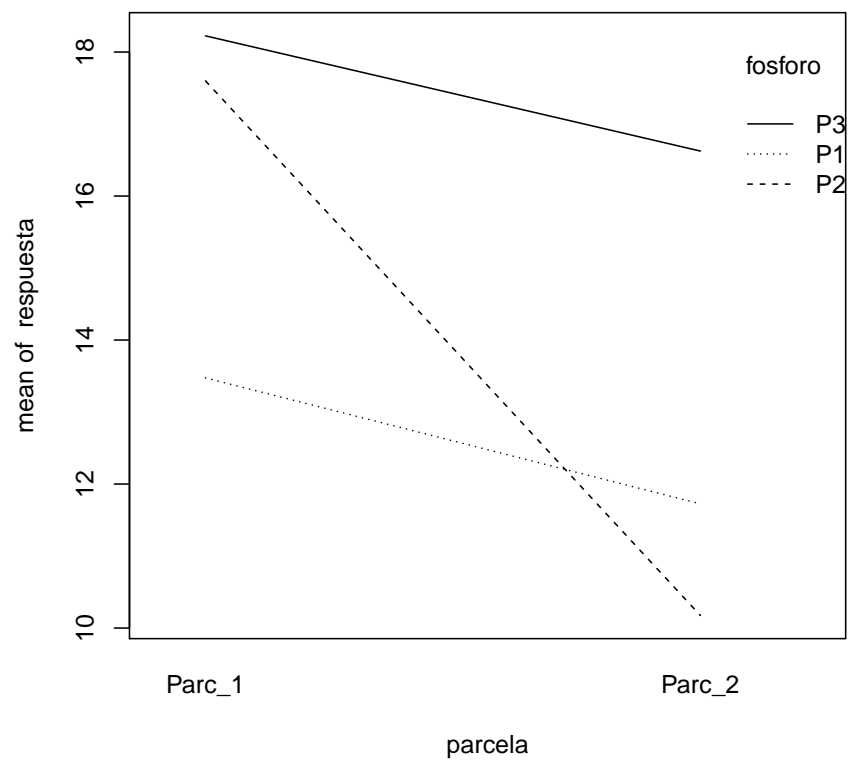
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Como puede verse al considerar la interacción entre el tratamiento y la patología esta es muy marcada por lo que puede afirmarse que las drogas actúan de forma distinta sobre ambas enfermedades.

4.5.1. Aleatorización de los tratamientos

```
> drugs <-c(rep("D1",3), rep("D2",3), rep("D3",3))
> pat1 <- sample(drugs,9)
> pat2<- sample(drugs, 9)
> cbind(pat1, pat2)
```

```
> interaction.plot(patologia, tratamiento, respuesta)
```



```

      pat1 pat2
[1,] "D2" "D1"
[2,] "D3" "D3"
[3,] "D3" "D1"
[4,] "D2" "D2"
[5,] "D1" "D1"
[6,] "D3" "D3"
[7,] "D2" "D2"
[8,] "D1" "D2"
[9,] "D1" "D3"

```

4.6. Más ejemplos

```

> dades<-expand.grid(respuesta=1:4, fosforo= c("P1", "P2", "P3"),
+ parcela=c("Parc_1", "Parc_2"))
> resp <- c(11.5,13.6,14.3,14.5,17.1,17.6,17.6,18.1,18.2,17.6,18.2,18.9,
+          11.0,11.2,12.1,12.6,8.3,10.5,9.1,12.8,15.7,16.7,16.6,17.5)
> dades$respuesta<-resp
> dades$parcela <-as.factor(dades$parcela)
> dades$fosforo <-as.factor(dades$fosforo)
> attach(dades)

> model_Pet<- respuesta ~ parcela * fosforo
> aov_Pet<-aov (model_Pet, data=dades)
> summary(aov_Pet)

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
parcela	1	77.40	77.40	63.34	2.64e-07 ***
fosforo	2	99.87	49.94	40.86	2.03e-07 ***
parcela:fosforo	2	44.11	22.05	18.05	5.00e-05 ***
Residuals	18	22.00	1.22		

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

```
> model.tables(aov_Pet)
```

Tables of effects

```

parcela
parcela
  Parc_1 Parc_2
1.7958 -1.7958

```

```

fosforo
fosforo
      P1      P2      P3
-2.0375 -0.7500  2.7875

```

```

parcela:fosforo
      fosforo
parcela P1      P2      P3
  Parc_1 -0.9208  1.9167 -0.9958
  Parc_2  0.9208 -1.9167  0.9958

```

```
> model.tables(aov_Pet,type="means") # Mitjanes dels grups
```

Tables of means

Grand mean

14.6375

parcela

parcela

Parc_1 Parc_2

16.433 12.842

fosforo

fosforo

P1 P2 P3

12.600 13.888 17.425

parcela:fosforo

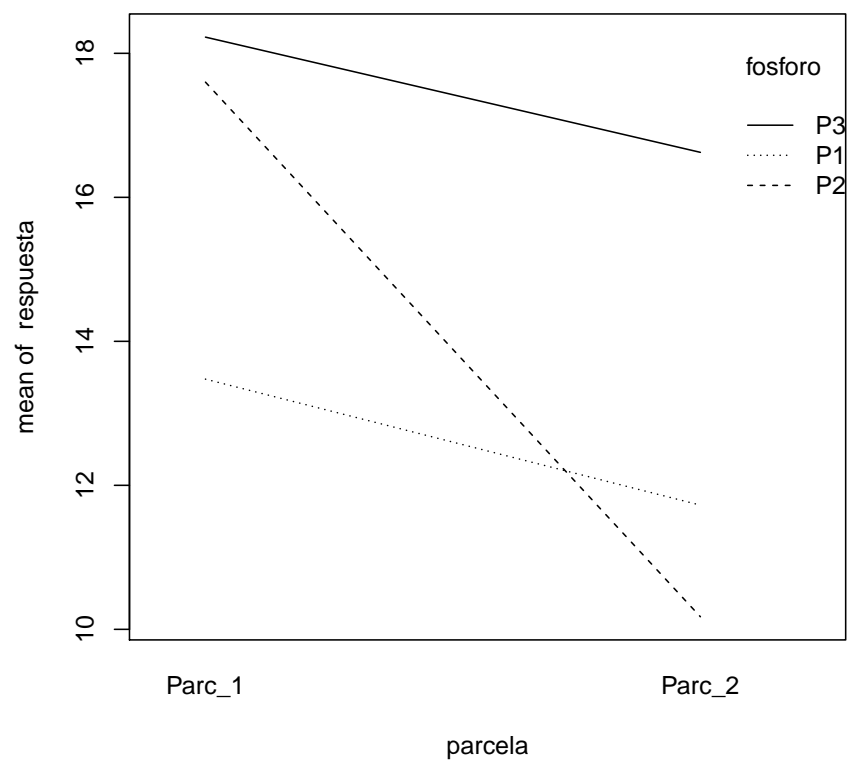
fosforo

parcela P1 P2 P3

Parc_1 13.475 17.600 18.225

Parc_2 11.725 10.175 16.625

```
> interaction.plot(parcela, fosforo, respuesta)
```



4.7. Diseño de cuadrados latinos

Si las unidades experimentales presentan dos o más fuentes de variación puede aplicarse la idea anterior repartiendo los tratamientos de manera que pueda eliminarse el efecto de los bloques mediante el análisis de la varianza.

Cuando tenemos dos fuentes de variación la técnica que se utiliza para asignar tratamientos a los bloques recibe el nombre de *Cuadrados Latinos* y la idea básica es consiste en que probar cada tratamiento sobre una unidad experimental en una combinación de cada uno de los niveles de los dos bloques.

Desde el punto de vista del modelo lineal el cuadrado latino se corresponde con un diseño de tres factores sin interacción.

4.8. EXEMPLE 2 (Montgomery C.4.2)

Un enginyer estudia l'efecte de 5 formulacions diferents de benzina de coets sobre la taxa de combustió. Cada formulació s'obté a partir d'un procés que permet preparar únicament un lot de 5 càrregues de benzina igual per provar-les. A més a més la preparació corre a càrrec d'operaris amb capacitats diferent. Hi ha doncs dues fonts de soroll (error experimental): l'operari i el lot i una font de variabilitat associada al tractament: la formulació.

El disseny adient és un disseny en quadrat llatí

Una altra font d'error experimental pot ser l'ensamblatge del coet. Aquest es podria incloure en l'anàlisi fent servir un QUADRAT "GRECO-LLATÍ"

```
> load(file="./dades/doe-example.rda")
> dat=chc.Data$ch04c2
> names(dat);dim(dat)

[1] "burning.rate" "batch"          "operator"      "formulation"  "assembly"

[1] 25  5

> dat[1:10,]

  burning.rate batch operator formulation assembly
1           24     1         1             1         1
2           20     1         2             2         3
3           19     1         3             3         5
4           24     1         4             4         2
5           24     1         5             5         4
6           17     2         1             2         2
7           24     2         2             3         4
8           30     2         3             4         1
9           27     2         4             5         3
10          36     2         5             1         5

> dat$batch<-factor(dat$batch)
> dat$operator<-factor(dat$operator)
> dat$formulation<-factor(dat$formulation)
> levels(dat$formulation)<-LETTERS[1:5]
> levels(dat$assembly)<-c("alpha", "beta", "gamma", "delta", "epsilon")
> dat$assembly<-factor(dat$assembly)
> dat[1:10,]

  burning.rate batch operator formulation assembly
1           24     1         1             A         1
```

2	20	1	2	B	3
3	19	1	3	C	5
4	24	1	4	D	2
5	24	1	5	E	4
6	17	2	1	B	2
7	24	2	2	C	4
8	30	2	3	D	1
9	27	2	4	E	3
10	36	2	5	A	5

```
> attach(dat)
```

```
> #Análisi
```

```
> aov1=aov(burning.rate~batch+operator+formulation)
```

```
> summary(aov1)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
batch	4	68	17.00	1.594	0.23906
operator	4	150	37.50	3.516	0.04037 *
formulation	4	330	82.50	7.734	0.00254 **
Residuals	12	128	10.67		

```
---
```

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

```
> par(mfrow=c(2,2))
```

```
> plot(aov1)
```

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

```
> model.tables(aov1)
```

```
Tables of effects
```

```
batch
batch
  1    2    3    4    5
-3.2  1.4  0.6  0.2  1.0
```

```
operator
operator
  1    2    3    4    5
-4.0  3.2 -1.2  0.6  1.4
```

```
formulation
formulation
  A    B    C    D    E
 3.2 -5.2 -3.0  4.4  0.6
```

```
> (hsd=TukeyHSD(aov1,which="formulation"))
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = burning.rate ~ batch + operator + formulation)
```

```
$formulation
```

	diff	lwr	upr	p adj
B-A	-8.4	-14.9839317	-1.8160683	0.0110827
C-A	-6.2	-12.7839317	0.3839317	0.0684350
D-A	1.2	-5.3839317	7.7839317	0.9754380
E-A	-2.6	-9.1839317	3.9839317	0.7194121
C-B	2.2	-4.3839317	8.7839317	0.8204614
D-B	9.6	3.0160683	16.1839317	0.0041583
E-B	5.8	-0.7839317	12.3839317	0.0944061
D-C	7.4	0.8160683	13.9839317	0.0254304
E-C	3.6	-2.9839317	10.1839317	0.4461852
E-D	-3.8	-10.3839317	2.7839317	0.3966727

```
> plot(hsd)
> #mm=model.matrix(aov1)
> #t(mm)%*%mm
```

Si queremos extender el análisis al efecto del combustible utilizaremos un cuadrado greco-latino

```
> aov2=aov(burning.rate~batch+operator+assembly+formulation)
> summary(aov2)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
batch	4	68	17.00	2.061	0.17831
operator	4	150	37.50	4.545	0.03293 *
assembly	4	62	15.50	1.879	0.20764
formulation	4	330	82.50	10.000	0.00334 **
Residuals	8	66	8.25		

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

```
> model.tables(aov2)
```

Tables of effects

```
batch
batch
  1    2    3    4    5
-3.2  1.4  0.6  0.2  1.0
```

```
operator
operator
  1    2    3    4    5
-4.0  3.2 -1.2  0.6  1.4
```

```
assembly
assembly
  1    2    3    4    5
 1.6 -1.6 -1.0 -1.2  2.2
```

```
formulation
formulation
  A    B    C    D    E
 3.2 -5.2 -3.0  4.4  0.6
```

```
> (hsd=TukeyHSD(aov2,which="formulation"))
```

Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = burning.rate ~ batch + operator + assembly + formulation)

```
$formulation
      diff      lwr      upr      p adj
B-A -8.4 -14.675865 -2.12413503 0.0107829
C-A -6.2 -12.475865  0.07586497 0.0529245
D-A  1.2  -5.075865  7.47586497 0.9596565
E-A -2.6  -8.875865  3.67586497 0.6270350
C-B  2.2  -4.075865  8.47586497 0.7462701
D-B  9.6   3.324135 15.87586497 0.0048412
E-B  5.8  -0.475865 12.07586497 0.0714956
D-C  7.4   1.124135 13.67586497 0.0218416
E-C  3.6  -2.675865  9.87586497 0.3525524
E-D -3.8 -10.075865  2.47586497 0.3087315
```

```
> plot(hsd)
> #mm=model.matrix(aov2)
> #t(mm)%*%mm
```


Capítulo 5

Diseños factoriales

Este tipo de experimentos se utiliza para estudiar la influencia de dos o más factores mediante el procedimiento de realizar observaciones de todas las posibles combinaciones de factores a cada nivel.

El modelo lineal que describe un diseño de dos factores con interacción es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \rho_i + \tau_j + (\tau\rho)_{ij} + e_{ijk},$$

y el de tres factores con todas las posibles interacciones a todos los niveles:

$$Y_{ijkl} = \mu + \rho_i + \tau_j + \gamma_k + (\tau\rho)_{ij} + (\rho\gamma)_{ik} + (\tau\gamma)_{jk} + (\rho\tau\gamma)_{ijk} + e_{ijkl},$$

Ideas importantes a tener en cuenta.

- Un experimento factorial permite analizar distintos tipos de efectos (ver figura ??):
 - Efectos simples, contrastes entre los niveles de un factor manteniendo fijos los otros factores (equivalentes a diferencias entre los valores medios de dos celdas).
 - Efectos principales, contrastes entre los niveles de un factor promediados entre los niveles de los otros factores fijos los otros factores (equivalentes a diferencias entre los valores medios de dos filas o dos columnas en un diseño de 2 factores).
 - Interacciones, diferencias entre efectos simples.
- Una interacción dada sólo se puede estimar si se dispone de réplicas para la combinación correspondiente.
- Los factores pueden ser fijos, aleatorios o una combinación de ambos tipos. En este apartado consideramos tan sólo efectos fijos.

5.1. Ejemplo

Se realizó un experimento para comparar el efecto de los tres tipos de fármacos antihistamínicos (“A”, “B”, “C”) en las distintas estaciones del año.

Para ello se tomó una muestra de 48 personas con asma crónica de intensidad similar y se dividió aleatoriamente en cuatro grupos que se asignaron aleatoriamente a las cuatro estaciones del año. Dentro de cada grupo se asignaron los tres tratamientos al azar.

El efecto del tratamiento se midió en una escala objetiva que va de 1 a 100 y que puede considerarse aproximadamente normal.

Los resultados obtenidos tras el período de tratamiento se encuentran en la tabla “asma.csv”.

```
> myData <- read.table(file="./dades/Asma.csv",sep=";",header=T, dec=",")
> colnames(myData) <- c('Grauasma', 'Estacio', 'Farmac')
> myIndFactor <- c(2,3)
> myData[,myIndFactor] <- lapply(myData[,myIndFactor],as.factor)
```

El modelo y la tabla del análisis de la varianza son los siguientes (se presentan en dos notaciones).

```
> data.aov <- aov(Grauasma ~ Estacio*Farmac, myData)
> anova(data.aov)
```

Analysis of Variance Table

Response: Grauasma

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Estacio	3	4176.2	1392.08	56.9324	9.627e-14 ***
Farmac	2	6215.4	3107.69	127.0966	< 2.2e-16 ***
Estacio:Farmac	6	355.0	59.16	2.4195	0.0456 *
Residuals	36	880.2	24.45		

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

```
> model.fix<- Grauasma ~ Estacio*Farmac
> aov1=aov(model.fix, data=myData)
> summary(aov1)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Estacio	3	4176	1392.1	56.932	9.63e-14 ***
Farmac	2	6215	3107.7	127.097	< 2e-16 ***
Estacio:Farmac	6	355	59.2	2.419	0.0456 *
Residuals	36	880	24.5		

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

5.1.1. Análisis de la interacción

El gráfico de interacción permite detectar si la interacción es significativa (las líneas se cruzan) o no lo es (si no lo hacen).

5.1.2. Efectos simples

Podemos ahora estudiar los distintos efectos simples (las medias por filas o columnas).

```
> model.tables(aov1,type="means") # A:B subtables gives $\mu_{i,j}$
```

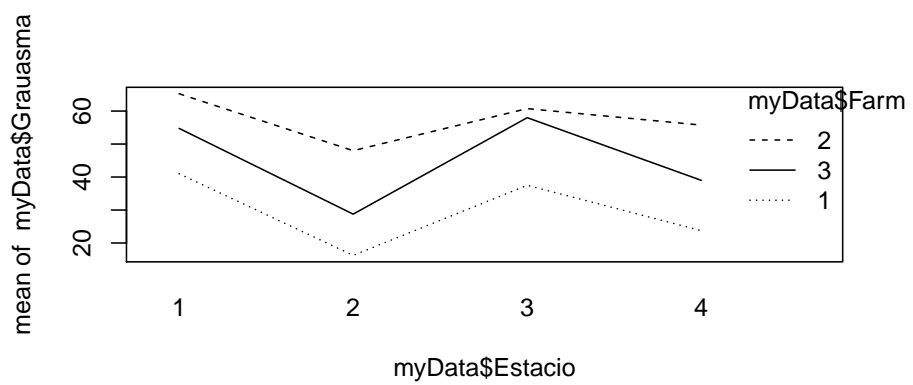
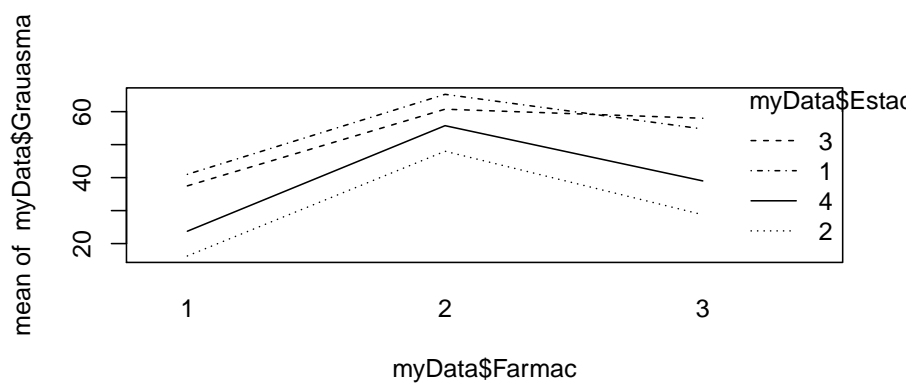
Tables of means
Grand mean

44.0625

Estacio

Estacio

	1	2	3	4
53.67	31.00	52.08	39.50	



```

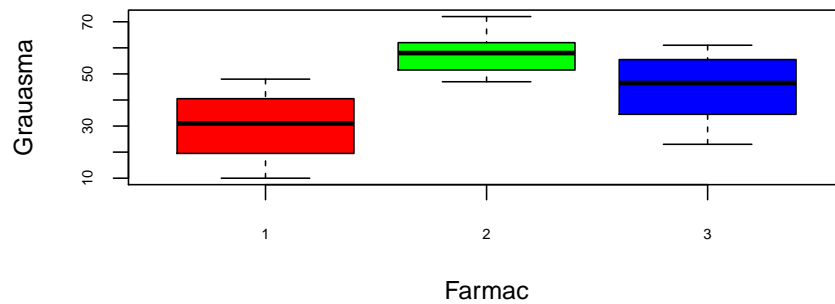
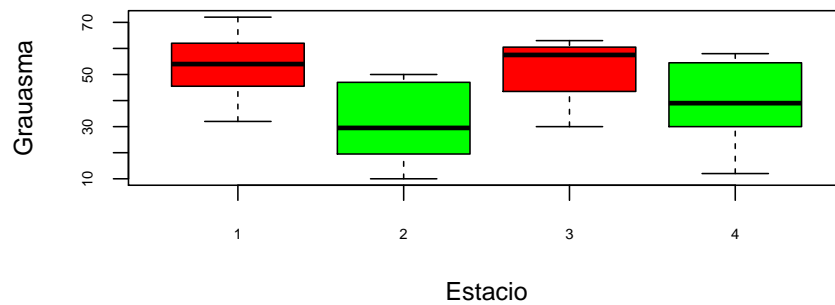
Farmac
Farmac
  1    2    3
29.63 57.44 45.13

```

```

Estacio:Farmac
  Farmac
Estacio 1    2    3
  1 41.00 65.25 54.75
  2 16.25 48.00 28.75
  3 37.50 60.75 58.00
  4 23.75 55.75 39.00

```



5.1.3. Comparaciones múltiples

Podemos realizar todas las comparaciones múltiples mediante el test de Tukey.

```
> TukeyHSD(aov1, which="Estacio") # No need to check each factor
```

```

Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

```

```
Fit: aov(formula = model.fix, data = myData)
```

```

$Estacio
      diff      lwr      upr      p adj
2-1 -22.666667 -28.103539 -17.229794 0.0000000
3-1  -1.583333  -7.020206   3.853539 0.8610624
4-1 -14.166667 -19.603539  -8.729794 0.0000002
3-2  21.083333  15.646461  26.520206 0.0000000
4-2   8.500000   3.063128  13.936872 0.0008973
4-3 -12.583333 -18.020206  -7.146461 0.0000020

> TukeyHSD(aov1,which="Farmac") # No need to check each factor

Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = model.fix, data = myData)

$Farmac
      diff      lwr      upr p adj
2-1  27.8125  23.53923 32.085774 0e+00
3-1  15.5000  11.22673 19.773274 0e+00
3-2 -12.3125 -16.58577 -8.039226 1e-07

```

5.1.4. Aleatorización de los tratamientos

La instrucción `expand.grid` combinada con la instrucción `sample` permite asignar aleatoriamente cada individuo a una combinación de tratamientos.

```

> assignacio<-expand.grid(resp=1:4, estac=c("Primavera", "Verano", "Otonyo", "Invierno"),
+                          trat=c("A", "B", "C"))
> trats <-paste (assignacio$estac, assignacio$trat)
> assigna_trats <-sample(trats, length(trats))

```

5.2. Modelos factoriales de efectos aleatorios y modelos mixtos

En la sección anterior hemos visto un ejemplo de diseño factorial de efectos fijos. Las extensiones obvias de esta situación son:

- El caso en que todos los efectos son aleatorios (modelos de efectos aleatorios)

$$Y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + (ab)_{ij} + e_{ijk},$$

- Los casos en que unos factores son fijos y otros aleatorios que suelen denominarse *modelo de efectos mixtos*, o simplemente modelos mixtos (de hecho en ingles se llaman modelos *mezclados*, “mixed”).

$$Y_{ijk} = \mu + \rho_i + b_j + (b\rho)_{ij} + e_{ijk}.$$

La tabla del análisis de la varianza en este caso es la misma que para los modelos de efectos fijos, pero las esperanzas de las sumas de cuadrados cambian, y con ellas la forma de los estadísticos de test.

La tabla 5.1 resume la forma de los estadísticos de test que podemos utilizar para contrastar la significación de los efectos bajo cada combinación fijo/aleatorio.

<i>Contraste sobre los efectos de</i>	<i>Efectos fijos A, B fijos</i>	<i>Efectos aleatorios A, B aleatorios</i>	<i>Efectos mixtos A fijo, B aleatorio</i>
Factor A	MSA / MSE	MSA / MSAB	MSA / MSAB
Factor B	MSB / MSE	MSB / MSAB	MSB / MSE
Interacción	MSAB / MSE	MSAB / MSE	MSAB / MSE

Cuadro 5.1: Cálculo de las F's en un diseño factorial de efectos fijos, aleatorios o mixtos

5.3. Análisis de un modelo mixto

5.3.1. Ejemplo (Neter et al., 3^o ed. Problema 22)

Un estudio sobre la producción de perlas de imitación analiza el efecto del número de capas (factor A: “coats”) (6, 8 o 10) de un tipo especial de laca que se aplica sobre cuentas de plástico opalescente sobre el valor de mercado de la perla. En el estudio se utilizaron 12 lotes (factor B, “batch”) de cuatro cuentas deseándose también conocer el efecto del lote utilizado sobre el valor de mercado de la perla. El valor de mercado de cada perla fue determinado por un experto.

Los lotes se repartieron aleatoriamente entre los tratamientos (número de capas) de forma equilibrada. Los tres niveles del factor A (pueden considerarse fijos, mientras que los lotes de perlas se consideran aleatorios).

Los datos fueron los siguientes:

Value	Coats	Batch	Replic
72.0	1	1	1
74.6	1	1	2
67.4	1	1	3
72.8	1	1	4
72.1	1	2	1
76.9	1	2	2
74.8	1	2	3
73.3	1	2	4
75.2	1	3	1

73.8	1	3	2
75.7	1	3	3
77.8	1	3	4
70.4	1	4	1
68.1	1	4	2
72.4	1	4	3
72.4	1	4	4
76.9	2	1	1
78.1	2	1	2
72.9	2	1	3
74.2	2	1	4
80.3	2	2	1
79.3	2	2	2
76.6	2	2	3
77.2	2	2	4
80.2	2	3	1
76.6	2	3	2
77.3	2	3	3
79.9	2	3	4
74.3	2	4	1
77.6	2	4	2
74.4	2	4	3
72.9	2	4	4
76.3	3	1	1
74.1	3	1	2
77.1	3	1	3
75.0	3	1	4
80.9	3	2	1
73.7	3	2	2
78.6	3	2	3
80.2	3	2	4
79.2	3	3	1
78.0	3	3	2
77.6	3	3	3
81.2	3	3	4
71.6	3	4	1
77.7	3	4	2
75.2	3	4	3
74.4	3	4	4

Podeis copiar los datos directamente o recuperarlos de internet con las siguientes instrucciones:

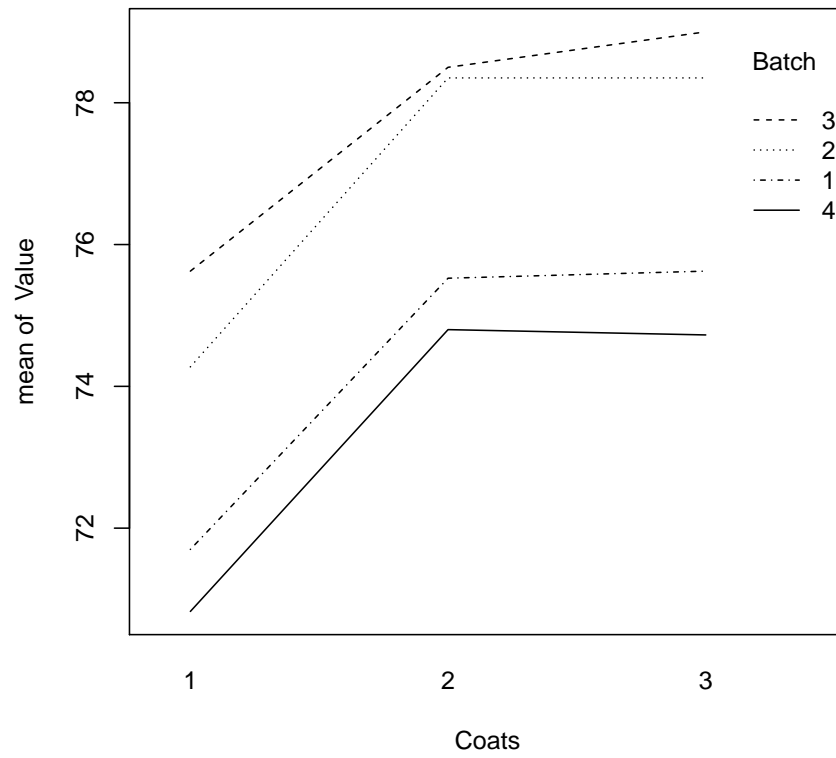
```
> dades<-read.table("./dades/Neter.Pearl.Coats.txt",header=T)
> names(dades)=c("Value","Coats","Batch","Replic")
> attach(dades)
> Batch<-as.factor(dades$Batch)
> Coats<-as.factor(dades$Coats)
```

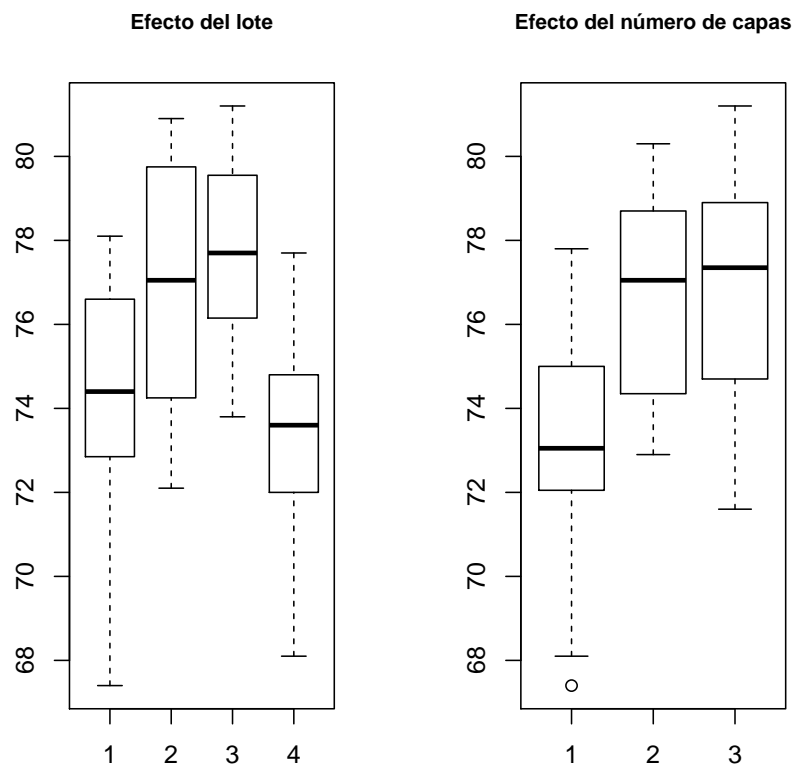
Una primera exploración permite visualizar los datos y hacernos una idea de que efectos pueden ser significativos

Un boxplot puede resultar más ilustrativo

```
> opt<-par(mfcol=c(1,2))
> boxplot(Value~Batch, main="Efecto del lote", cex.main=0.8)
> boxplot(Value~Coats, main="Efecto del número de capas", cex.main=0.8)
> par(opt)
```

```
> interaction.plot(Coats, Batch, Value)
```





5.3.2. Análisis mediante modelos ANOVA

Una forma de analizar este problema es ajustando un modelo de 2 factores con interacción. Esto calculará una tabla de análisis de la varianza de efectos fijos de donde extraeremos los valores necesarios para el cálculo de las F's suponiendo que el lote es un factor aleatorio.

Utilizaremos las instrucciones `lm` y `anova`, equivalentes al par `aov` y `summary.aov` (verificalo).

```
> ResLml<-lm(Value~Coats+Batch+Coats:Batch)
> (sumry<-anova(ResLml))
```

Analysis of Variance Table

Response: Value

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Coats	2	150.388	75.194	15.591	1.327e-05 ***
Batch	3	152.852	50.951	10.564	3.984e-05 ***
Coats:Batch	6	1.852	0.309	0.064	0.9988
Residuals	36	173.625	4.823		

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

```
> Reslml.aov<-aov(Value~Coats+Batch+Coats:Batch)
> summary(Reslml.aov)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Coats	2	150.39	75.19	15.591	1.33e-05 ***

```

Batch          3 152.85    50.95   10.564 3.98e-05 ***
Coats:Batch    6   1.85     0.31    0.064   0.999
Residuals     36 173.62     4.82

```

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

La tabla 5.1 indica como deben calcularse los estadísticos de test para este caso (modelo A fijo, B aleatorio:

```

> (Fcoats <- sumry["Coats", "Mean Sq"]/sumry["Coats:Batch", "Mean Sq"]) # MSA/MSAB
[1] 243.598

```

```

> (Fbatch <- sumry["Batch", "F value"]) # MSB/MSE
[1] 10.56426

```

```

> (Ferr <- sumry["Coats:Batch", "F value"]) # MSAB/MSE
[1] 0.06400288

```

Comparando con los correspondientes valores críticos o los p-valores con un nivel de significación del 5% observamos como podemos considerar significativos ambos factores, pero no la interacción.

```

> (F.critica.Coat<-qf(0.95,6,36)) # > FCoat
[1] 2.363751

```

```

> (pvalue.Coat<-1-pf (Fcoats,6,36))
[1] 0

```

```

> (F.critica.Batch<-qf(0.95,2,6)) # < FBatch
[1] 5.143253

```

```

> (p.value.Batch<- 1-pf(FBatch,2,6))
[1] 0.0108187

```

```

> (F.critica.Interacc<-qf(0.95,3,36)) # > Ferr
[1] 2.866266

```

```

> (p.value.Interacc<-1-pf(Ferr,3,36))
[1] 0.9785319

```

La estimación de las componentes de la varianza puede deducirse a partir de las esperanzas de los cuadrados medios:

Si se tratara de un modelo con ambos efectos, A , B aleatorios:

$$\hat{\sigma}_A = \frac{MAS - MSAB}{nb}.$$

Si, como en este ejemplo uno es fijo y el otro aleatorio:

$$\hat{\sigma}_B = \frac{MAS - MSE}{na}.$$

Así pues la estimación de la componente de la varianza debida al lote de cuentas de plástico será:

```

> nCoats<-(sumry["Coats","Df"]+1)
> nReplics<-max(dades$Replic)
> (sigma2.Batch<- (sumry["Batch","Mean Sq"]-sumry["Residuals","Mean Sq"])/
+   (nCoats*nReplics)) # MSA-MSE/na

[1] 3.84397

> (sigma.Batch<-sqrt(sigma2.Batch))

[1] 1.960604

```

5.3.3. Análisis mediante nlme

Para realizar este análisis mediante la función `lme` del paquete `nlme` debemos especificar lo siguiente

- Los efectos fijos con formato :
`respuesta ~ terminos de los efectos fijos Value ~ Coats`
- Los datos (incluso si se realiza un `attach` es mejor especificar el `data.frame`).
- Los efectos aleatorios con formato:
`random=~ 1|Batch (~ terms de efectos aleatorios | estructura de datos agrupados)`

```

> library(nlme)
> dades.mixed<-dades
> names(dades.mixed)=c("Value","Coats","Batch","Replic")
> dades.mixedGD=groupedData(formula=Value~Coats|Batch,data=dades.mixed)
> dades.mixedGD$Batch<-factor(dades.mixedGD$Batch)
> dades.mixedGD$Coats<-factor(dades.mixedGD$Coats)

```

El análisis se realizará de manera similar al caso de un factor.

```

> ResLme=lme(Value~Coats,random=~1|Batch,data=dades.mixedGD)
> (summary(ResLme))

```

Linear mixed-effects model fit by REML

```

Data: dades.mixedGD
      AIC      BIC    logLik
217.868 226.9013 -103.934

```

Random effects:

```

Formula: ~1 | Batch
      (Intercept) Residual
StdDev:    1.974262 2.044022

```

Fixed effects: Value ~ Coats

	Value	Std.Error	DF	t-value	p-value
(Intercept)	73.10625	1.1115549	42	65.76936	0
Coats2	3.68750	0.7226709	42	5.10260	0
Coats3	3.81875	0.7226709	42	5.28422	0

Correlation:

	(Intr)	Coats2
Coats2	-0.325	
Coats3	-0.325	0.500

Standardized Within-Group Residuals:

Min	Q1	Med	Q3	Max
-2.1990458	-0.6281479	0.1033012	0.6554653	1.3637802

Number of Observations: 48

Number of Groups: 4

Podemos hacernos una idea de la calidad del ajuste con la instrucción `plot(ResLme)`

```
> plot(ResLme)
```

También podemos obtener intervalos de confianza para cada parámetro estimado

```
> intervals(ResLme,0.95)
```

Approximate 95% confidence intervals

Fixed effects:

	lower	est.	upper
(Intercept)	70.863041	73.10625	75.349459
Coats2	2.229091	3.68750	5.145909
Coats3	2.360341	3.81875	5.277159

```
attr("label")  
[1] "Fixed effects:"
```

Random Effects:

Level: Batch

	lower	est.	upper
sd((Intercept))	0.8254305	1.974262	4.722034

Within-group standard error:

	lower	est.	upper
	1.650478	2.044022	2.531404

Podemos obtener las componentes de la varianza del resultado del análisis

```
> (coefs.mixed<-intervals(ResLme,0.95))
```

Approximate 95% confidence intervals

Fixed effects:

	lower	est.	upper
(Intercept)	70.863041	73.10625	75.349459
Coats2	2.229091	3.68750	5.145909
Coats3	2.360341	3.81875	5.277159

```
attr("label")  
[1] "Fixed effects:"
```

Random Effects:

Level: Batch

	lower	est.	upper
sd((Intercept))	0.8254305	1.974262	4.722034

Within-group standard error:

	lower	est.	upper
	1.650478	2.044022	2.531404

```
> (coefs.mixed$reStruct$Batch["est."])
```

```
          est.
sd((Intercept)) 1.974262
```

```
> (sigma.Batch)
```

```
[1] 1.960604
```

Si eliminamos la intercepción del modelo podemos hacernos una mejor idea de la influencia de cada nivel de los efectos fijos por separado.

Para eliminar la intercepción debemos restar "1" al término de efectos fijos

```
> ResLme2=lme(Value~Coats-1,random=~1|Batch,,data=dades.mixedGD)
```

```
> summary(ResLme2)
```

Linear mixed-effects model fit by REML

Data: dades.mixedGD

	AIC	BIC	logLik
	217.868	226.9013	-103.934

Random effects:

Formula: ~1 | Batch

(Intercept) Residual

StdDev: 1.974262 2.044022

Fixed effects: Value ~ Coats - 1

	Value	Std.Error	DF	t-value	p-value
Coats1	73.10625	1.111555	42	65.76936	0
Coats2	76.79375	1.111555	42	69.08678	0
Coats3	76.92500	1.111555	42	69.20486	0

Correlation:

Coats1 Coats2

Coats2 0.789

Coats3 0.789 0.789

Standardized Within-Group Residuals:

	Min	Q1	Med	Q3	Max
	-2.1990458	-0.6281479	0.1033012	0.6554653	1.3637802

Number of Observations: 48

Number of Groups: 4

```
> intervals(ResLme2,0.95)
```

Approximate 95% confidence intervals

Fixed effects:

	lower	est.	upper
Coats1	70.86304	73.10625	75.34946
Coats2	74.55054	76.79375	79.03696
Coats3	74.68179	76.92500	79.16821

attr("label")

```
[1] "Fixed effects:"
```

Random Effects:

Level: Batch	lower	est.	upper
sd((Intercept))	0.8258188	1.974262	4.719813

Within-group standard error:

lower	est.	upper
1.650491	2.044022	2.531384

Capítulo 6

Diseños anidados

6.1. Introducción

A menudo sucede que en un experimento es preciso seleccionar las unidades experimentales de condiciones muy heterogéneas de forma que un muestreo aleatorio puede resultar poco representativo.

Otro riesgo en estos casos es que la variabilidad no explicada puede enmascarar el efecto de los tratamientos.

Ocasionalmente este problema se puede resolver aumentando el número de réplicas, pero no siempre es posible replicar más. Una alternativa: hacer sub-réplicas tomando varias medidas de la misma unidad experimental.

Las sub-réplicas tomadas en cada unidad experimental puede considerarse réplicas de un segundo factor anidado dentro del primero, es decir un factor cuyos niveles se encuentran anidados dentro del factor principal del tratamiento por lo que hablamos de *factores anidados*.

En este caso se da una situación distinta a la del diseño factorial:

- Los niveles del factor anidado son únicos dentro de cada nivel del factor en el que se anidan y, además,
- cada nivel aparece representado sólo una vez.!

Esto se puede ver como una ordenación jerárquica de factores en donde se sub-repican progresivamente los tratamientos por lo que también recibe el nombre de *diseño jerárquico*.

6.2. Ejemplo

Se desea comparar la influencia del estrés en el nivel de glucógeno del músculo gastrocnemio (los gemelos). Para ello se plantea un experimento consistente en someter a estrés una muestra aleatoria de ratas y comparar su nivel de glucógeno con el de otra muestra que no ha sido sometida a estrés (aparte de lo que provoca medir el glucógeno).

A la hora de asignar los individuos a los tratamientos se tiene en cuenta que las ratas se encuentran de tres en tres en jaulas y que las ratas de una jaula son más parecidas entre sí que entre las de jaulas vecinas (al menos no en cuanto a los estímulos ambientales que pueden condicionar el estrés).

En vez de adoptar un diseño por bloques (una rata al estrés una sin estrés y una que no se utiliza) que necesitaría un elevado número de ratas se opta por un diseño jerárquico: cuatro jaulas escogidas al azar se asignarán al estrés y otras cuatro al control. Todos los animales de cada jaula se utilizarán en el mismo nivel del tratamiento.

Dado que cada grupo de tres ratas (de una jaula) es distinto del de otra jaula resulta claro que no se trata de un diseño factorial sino anidado: el factor jaula está anidado dentro del factor tratamiento.

El modelo lineal es:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + e_{(ij)k}.$$

En R se puede definir un modelo anidado de dos formas distintas:

```
> nested1<- resp~tract + gabia %in% tract
> nested2<- resp~ tract + tract/gabia
```

El análisis, como se ve más adelante, da el mismo resultado con ambas formulaciones.

```
> ResABinA<-aov(nested1,data=myData);
> ResABinA.2<-aov(nested2,data=myData);
```

Análisis del modelo

Una vez estimado el modelo la instrucción `summary` devuelve la tabla del análisis de la varianza, suponiendo efectos fijos.

```
> summary(ResABinA)

            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
tract          1  0.6198   0.6198  89.147 1.06e-07 ***
tract:gabia    1  0.0074   0.0074   1.059    0.32
Residuals     15  0.1043   0.0070
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
> summary(ResABinA.2)

            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
tract          1  0.6198   0.6198  89.147 1.06e-07 ***
tract:gabia    1  0.0074   0.0074   1.059    0.32
Residuals     15  0.1043   0.0070
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Bajo la suposición de que ambos efectos, tratamiento y jaula, fueran fijos, la tabla nos indica que hay diferencia entre los tratamientos.

Como de hecho la jaula es claramente un factor aleatorio debemos calcular manualmente las Fs y el p-valor.

```
> data.aov <- aov(resp ~ tract + gabia %in% tract, myData)           # generem l'objecte data.aov,
> varcomp      <- summary(data.aov)[[1]]                             # com el segon factor (
> varcomp[1,4]  <- varcomp$Mean[1]/varcomp$Mean[2]                   # calcula la F fent el qu
> varcomp[1,5]  <- 1-pf(varcomp[1,4], varcomp$Df[1],varcomp$Df[2])    # calcul del p-valor
> varcomp
```

```
            Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
tract          1  0.61976 0.61976  84.1678 0.06912 .
tract:gabia    1  0.00736 0.00736   1.0592 0.31972
Residuals     15  0.10428 0.00695
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Aquí podemos también calcular las componentes de la varianza de cada factor:

```
> varcompN <- as.double(c(varcomp[2,1],varcomp[4,1],varcomp[5,1]))
> paste('Component variància factor A', round(varcompN[1]/sum(varcompN[1:3])*100,4),'%')
```



```

[1] "Component variància factor A NA %"
> paste('Component variància factor B', round(varcompN[2]/sum(varcompN[1:3])*100,4), '%')
[1] "Component variància factor B NA %"
> paste('Component variància residual', round(varcompN[3]/sum(varcompN[1:3])*100,4), '%')
[1] "Component variància residual NA %"

```

Alternativamente podemos usar la librería lme para calcular directamente las componentes de la varianza.

```

> library(nlme)
> data.lme <- lme(resp ~ 1, random = ~ 1|tract/gabia, data = myData, method = "REML")
> varcomp <- VarCorr(data.lme)
> varcomp

```

	Variance	StdDev
tract =	pdLogChol(1)	
(Intercept)	0.067810460	0.26040442
gabia =	pdLogChol(1)	
(Intercept)	0.001103703	0.03322202
Residual	0.006150001	0.07842194

Capítulo 7

Análisis de la covarianza

7.1. Introducción

Una de formas que hemos visto para controlar fuentes de variabilidad que no forman parte del experimento es la formación de bloques (por ejemplo días, operadores, máquinas...).

A menudo la fuente de variabilidad adicional se puede observar, pero no controlar, por ejemplo la edad de los pacientes de un ensayo clínico o la lluvia caída en un estudio agrícola. Parece razonable suponer que la variable respuesta (y) del estudio que estamos realizando está relacionada con esta fuente de variabilidad adicional (x), por lo que sus valores deberían poder incluirse en el análisis.

En este caso x suele denominarse una *covariable* y su estudio consiste en el *Análisis de la Covarianza*.

7.2. Ejemplo

En un estudio industrial se comparan tres máquinas para producir cierto tipo de fibras. La variable respuesta es la resistencia a la rotura de las fibras ($y = strength$). El grosor de las fibras afectará claramente la resistencia pero las máquinas no pueden controlarlo.

7.2.1. Análisis con R

```
> load ("doe-example.rda")
> dat=chc.Data$ch14c2
> dat$machine=factor(dat$machine)
```

Empezamos estudiando el efecto de la máquina *dado el diámetro* de las fibras. El resultado contendrá un test F válido para el efecto máquina y el resumen una test T válido para el efecto diámetro.

```
> # Test the machine effect given diameter
> lm1=lm(strength~diameter+machine,data=dat)
> # The ANOVA table F test for machine is valid
> anova(lm1)
```

Analysis of Variance Table

```
Response: strength
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
diameter  1 305.130   305.130 119.9330 2.96e-07 ***
machine    2  13.284    6.642   2.6106  0.1181
```

```

Residuals 11 27.986 2.544
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> # However, the summary presents a valid t test for diameter
> summary(lm1)

Call:
lm(formula = strength ~ diameter + machine, data = dat)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.0160 -0.9586 -0.3841  0.9518  2.8920

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   17.360      2.961   5.862 0.000109 ***
diameter        0.954      0.114   8.365 4.26e-06 ***
machine2        1.037      1.013   1.024 0.328012
machine3       -1.584      1.107  -1.431 0.180292
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.595 on 11 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.9192, Adjusted R-squared: 0.8972
F-statistic: 41.72 on 3 and 11 DF, p-value: 2.665e-06

```

Obervese que no se obtiene lo mismo si estudiamos el diámetro dada la máquina.

```

> lm2=lm(strength~machine+diameter,data=dat)
> anova(lm2)

Analysis of Variance Table

Response: strength
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
machine  2 140.400  70.200  27.593 5.170e-05 ***
diameter  1 178.014 178.014  69.969 4.264e-06 ***
Residuals 11 27.986  2.544
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> summary(lm2)

Call:
lm(formula = strength ~ machine + diameter, data = dat)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.0160 -0.9586 -0.3841  0.9518  2.8920

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   17.360      2.961   5.862 0.000109 ***
machine2        1.037      1.013   1.024 0.328012

```

```

machine3      -1.584      1.107   -1.431  0.180292
diameter      0.954      0.114    8.365  4.26e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

Residual standard error: 1.595 on 11 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9192,    Adjusted R-squared:  0.8972
F-statistic: 41.72 on 3 and 11 DF,  p-value: 2.665e-06

```

Para evitar esta aparente paradoja centramos el diámetro con lo que obtendremos los mismos resultados que en el primer caso.

```

> cdiameter=scale(dat$diameter,scale=F)
> lm3=lm(strength~cdiameter+machine,data=dat)
> anova(lm3) # Identical to anova(lm1)

```

Analysis of Variance Table

```

Response: strength
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
cdiameter  1 305.130  305.130 119.9330 2.96e-07 ***
machine    2  13.284   6.642   2.6106  0.1181
Residuals 11  27.986   2.544
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Una vez realizado el análisis podemos obtener los efectos generales y las medias de cada máquina

```

> dummy.coef(lm3)

Full coefficients are

(Intercept):    40.38241
cdiameter:      0.9539877
machine:        1          2          3
                0.000000  1.036810 -1.584049

> dummy.coef(lm3)[[1]]+dummy.coef(lm3)[[3]]

      1      2      3
40.38241 41.41922 38.79836

```

Para finalizar verificamos la adecuacion de los datos a las suposiciones del MLN.

```

> par(mfrow=c(2,2))
> plot(lm3)
> par(mfrow=c(2,2))

> rm(dat,lm1,lm2,cdiameter,lm3)

```