

# DISEÑO ESTADÍSTICO DE EXPERIMENTOS

## Diseño Completamente Aleatorio con efectos fijos (Diseño unifactorial de efectos fijos)

El primer diseño que presentamos es el diseño completamente aleatorio de efectos fijos y la técnica estadística es el análisis de la varianza de una vía o un factor. La descripción del diseño así como la terminología subyacente la vamos a introducir mediante el siguiente supuesto práctico.

### Supuesto práctico 1

La contaminación es uno de los problemas ambientales más importantes que afectan a nuestro mundo. En las grandes ciudades, la contaminación del aire se debe a los escapes de gases de los motores de explosión, a los aparatos domésticos de la calefacción, a las industrias,... El aire contaminado nos afecta en nuestro vivir diario, manifestándose de diferentes formas en nuestro organismo. Con objeto de comprobar la contaminación del aire en una determinada ciudad, se ha realizado un estudio en el que se han analizado las concentraciones de monóxido de carbono (CO) durante cinco días de la semana (lunes, martes, miércoles, jueves y viernes).

Días de la semana	Concentraciones de monóxido de carbono							
Lunes	420	390	480	430	440	324	450	460
Martes	450	390	430	521	320	360	342	423
Miércoles	355	462	286	238	344	423	123	196
Jueves	321	254	412	368	340	258	433	489
Viernes	238	255	366	389	198	256	248	324

En el ejemplo disponemos de una colección de 40 unidades experimentales y queremos estudiar el efecto de las concentraciones de monóxido de carbono en 5 días distintos. Es decir, estamos interesados en contrastar el efecto de un solo factor, que se presenta con cinco niveles, sobre la variable respuesta.

```
setwd("C:/Users/user/OneDrive/Paquete R/PRACTICAS-S9")
contaminacion<-read.table("supuesto1.txt",header = TRUE)
contaminacion
```

	Concentracion	Dia
1	420	1
2	390	1
3	480	1
4	430	1
5	440	1
6	324	1
7	450	1
8	460	1
9	450	2
10	390	2
11	430	2
12	521	2
13	320	2
14	360	2
15	342	2
16	423	2
17	355	3
18	462	3
19	286	3
20	238	3
21	344	3
22	423	3
23	123	3
24	196	3
25	321	4
26	254	4
27	412	4
28	368	4
29	340	4
30	258	4
31	433	4
32	489	4

33	238	5
34	255	5
35	366	5
36	389	5
37	198	5
38	256	5
39	248	5
40	324	5

## 1. Tranformar la variable referente a los niveles del factor fijo como factor

```
contaminacion$dia<-factor(contaminacion$Dia)
contaminacion$dia
```

```
[1] 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3 3 4 4 4 4 4 4 4 4 5 5 5 5 5 5
[39] 5 5
Levels: 1 2 3 4 5
```

Para calcular la tabla ANOVA primero hacemos uso de la función “aov” de la siguiente forma:

```
mod<-aov(Concentracion~Dia, data = contaminacion)
```

donde:

- Concentracion = nombre de la columna de las observaciones.
- Dia = nombre de la columna en la que están representados los tratamientos.
- data= data.frame en el que están guardados los datos

```
mod
```

Call:

```
aov(formula = Concentracion ~ Dia, data = contaminacion)
```

Terms:

	Dia	Residuals
Sum of Squares	84565.01	253868.09
Deg. of Freedom	1	38

Residual standard error: 81.73579

Estimated effects may be unbalanced

Se puede mostrar un resumen de los resultados con la función “summary” (verdadera tabla ANOVA)

```
summary(mod)#tabla anova
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Dia      1  84565    84565    12.66 0.00102 **
Residuals 38 253868     6681
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Si el valor de F es mayor que uno quiere decir que hay un efecto positivo del factor día. Se observa que el P-valor (Sig.) tiene un valor de 0.00102, que es menor que el nivel de significación 0.05. Por lo tanto, hemos comprobado estadísticamente que estos cinco grupos son distintos. Es decir, existen diferencias significativas en las concentraciones medias de monóxido de carbono entre los cinco días de la semana. Por lo tanto no se puede rechazar la hipótesis alternativa que dice que al menos dos grupos son diferentes, pero ¿Cuáles son esos grupos? ¿Los cinco grupos son distintos o sólo alguno de ellos? Pregunta que resolveremos más adelante mediante los contrastes de comparaciones múltiples.

## 2. En la expresión del comando “aov” indicar el factor

```
mod1<-aov(Concentracion~factor(Dia),data = contaminacion)
mod1
```

Call:

```
aov(formula = Concentracion ~ factor(Dia), data = contaminacion)
```

Terms:

	factor(Dia)	Residuals
Sum of Squares	119484.4	218948.8
Deg. of Freedom	4	35

Residual standard error: 79.09285

Estimated effects may be unbalanced

También se puede utilizar el comando “anova” y no es necesario el comando “summary”

```
mod2<-anova(lm(Concentracion~factor(Dia),data = contaminacion))
mod2
```

## Analysis of Variance Table

Response: Concentracion

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
factor(Dia)  4 119484 29871.1    4.775 0.003518 **
Residuals   35 218949  6255.7
```

---

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

Los datos pueden venir dados en diferentes formatos:

1. Caso en el que los datos se muestran de forma que se analiza la contaminación con cada uno de los días de la semana (de lunes a viernes). Como se muestra a continuación

```
contaminacion<-read.table("supuesto1-1.txt",header = TRUE)
contaminacion
```

	Lunes	Martes	Miercoles	Jueves	Viernes
1	420	450	355	321	238
2	390	390	462	254	255
3	480	430	286	412	366
4	430	521	238	368	389
5	440	320	344	340	198
6	324	360	423	258	256
7	450	342	123	433	248
8	460	423	196	489	324

En primer lugar apilaremos las columnas, para ello utilizamos el comando “stack” de la siguiente forma

```
trats<-stack(contaminacion)
trats
```

	values	ind
1	420	Lunes
2	390	Lunes
3	480	Lunes
4	430	Lunes
5	440	Lunes
6	324	Lunes

7	450	Lunes
8	460	Lunes
9	450	Martes
10	390	Martes
11	430	Martes
12	521	Martes
13	320	Martes
14	360	Martes
15	342	Martes
16	423	Martes
17	355	Miercoles
18	462	Miercoles
19	286	Miercoles
20	238	Miercoles
21	344	Miercoles
22	423	Miercoles
23	123	Miercoles
24	196	Miercoles
25	321	Jueves
26	254	Jueves
27	412	Jueves
28	368	Jueves
29	340	Jueves
30	258	Jueves
31	433	Jueves
32	489	Jueves
33	238	Viernes
34	255	Viernes
35	366	Viernes
36	389	Viernes
37	198	Viernes
38	256	Viernes
39	248	Viernes
40	324	Viernes

Nos muestra dos columnas:

- La primera columna: values nos muestra los valores de la variable respuesta. En este caso la contaminación
- La segunda columna: ind nos muestra los diferentes tratamientos Podemos realizar el Análisis de la varianza utilizando el comando anova

```
anova(lm(values~ind,data = trats))
```

Analysis of Variance Table

Response: values

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
ind	4	119484	29871.1	4.775	0.003518 **
Residuals	35	218949	6255.7		

---

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

## 2. . Los datos vienen dados de la siguiente forma:

Lunes: 420, 390, 480, 430, 440, 324, 450, 460

Martes: 450, 390, 430, 521, 320, 360, 342, 423

Miércoles: 355, 462, 286, 238, 344, 423, 123, 196

Jueves: 321, 254, 412, 368, 340, 258, 433, 489

Viernes: 238, 255, 366, 389, 198, 256, 248, 324

Se crean cinco vectores, cada uno de ellos representando la contaminación con un tratamiento.

```
Lu=c(420,390,480,430,440,324,450,460)
Ma=c(450,390,430,521,320,360,342,423)
Mi=c(355,462,286,238,344,423,123,196)
Ju=c(321,254,412,368,340,258,433,489)
Vi=c(238,255,366,389,198,256,248,324)
```

Acontinuación creamos un data.frame para poder resolver el ANOVA

```
datos=data.frame(Lu,Ma,Mi,Ju,Vi)
datos
```

	Lu	Ma	Mi	Ju	Vi
1	420	450	355	321	238
2	390	390	462	254	255
3	480	430	286	412	366
4	430	521	238	368	389
5	440	320	344	340	198
6	324	360	423	258	256

```
7 450 342 123 433 248
8 460 423 196 489 324
```

De esta forma hemos creado una nueva base de datos que hemos llamado “datos”. Para resolver el ANOVA tenemos primero que apilar las columnas con el comando “stack”

```
datos1<-stack(datos)
datos1
```

	values	ind
1	420	Lu
2	390	Lu
3	480	Lu
4	430	Lu
5	440	Lu
6	324	Lu
7	450	Lu
8	460	Lu
9	450	Ma
10	390	Ma
11	430	Ma
12	521	Ma
13	320	Ma
14	360	Ma
15	342	Ma
16	423	Ma
17	355	Mi
18	462	Mi
19	286	Mi
20	238	Mi
21	344	Mi
22	423	Mi
23	123	Mi
24	196	Mi
25	321	Ju
26	254	Ju
27	412	Ju
28	368	Ju
29	340	Ju
30	258	Ju
31	433	Ju
32	489	Ju



```

33    238 Vi
34    255 Vi
35    366 Vi
36    389 Vi
37    198 Vi
38    256 Vi
39    248 Vi
40    324 Vi

```

Resolvemos el ANOVA como en el caso anterior

```
anova(lm(values~ind,data = datos1))
```

Analysis of Variance Table

Response: values

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
ind	4	119484	29871.1	4.775	0.003518 **
Residuals	35	218949	6255.7		

---

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

**3. Los datos se muestren en un solo vector que tiene todos los datos de la contaminación tanto si se ha medido el lunes, el martes, el miércoles, el jueves o el viernes**

```

contaminacion=c(Lu,Ma,Mi,Ju,Vi)
contaminacion

```

```

[1] 420 390 480 430 440 324 450 460 450 390 430 521 320 360 342 423 355 462 286
[20] 238 344 423 123 196 321 254 412 368 340 258 433 489 238 255 366 389 198 256
[39] 248 324

```

Este vector esta formado por los 40 datos que podemos comprobarlo con el comando length

```
length(contaminacion)
```

```
[1] 40
```

Para realizar el ANOVA, ya tenemos los datos de la variable respuesta y a continuación tenemos que crear el factor tratamiento, para ello vamos a utilizar la función generador de niveles, `gl`, y le decimos que nos genere 5 niveles que son los cinco tratamientos, cada uno repetido 8 veces con un total de 40 datos y para identificar que nivel es cada uno, creamos las etiquetas L, M, Mi, J y V

```
trat=gl(5,8,40,labels = c("L","M","Mi","J","V"))
trat
```

```
[1] L L L L L L L L M M M M M M M M Mi Mi Mi Mi Mi Mi Mi Mi J
[26] J J J J J J J J V V V V V V V V V
Levels: L M Mi J V
```

```
anova(lm(contaminacion~trat))
```

Analysis of Variance Table

Response: contaminacion

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
trat	4	119484	29871.1	4.775	0.003518 **
Residuals	35	218949	6255.7		

---

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

El modelo que hemos propuesto hay que validarlo, para ello hay que comprobar si se verifican las hipótesis básicas del modelo, es decir, si las perturbaciones son variables aleatorias independientes con distribución normal de media 0 y varianza constante (homocedasticidad).

## Estudio de la Idoneidad del modelo

Como hemos dicho anteriormente, validar el modelo propuesto consiste en estudiar si las hipótesis básicas del modelo están o no en contradicción con los datos observados. Es decir si se satisfacen los supuestos del modelo: Normalidad, Independencia, Homocedasticidad. Para ello utilizamos procedimientos gráficos y analíticos.

### Hipótesis de Normalidad

en primer lugar, analizamos la normalidad de las concentraciones y continuamos con el análisis de la normalidad de los residuos

```
shapiro.test(mod$residuals)
```

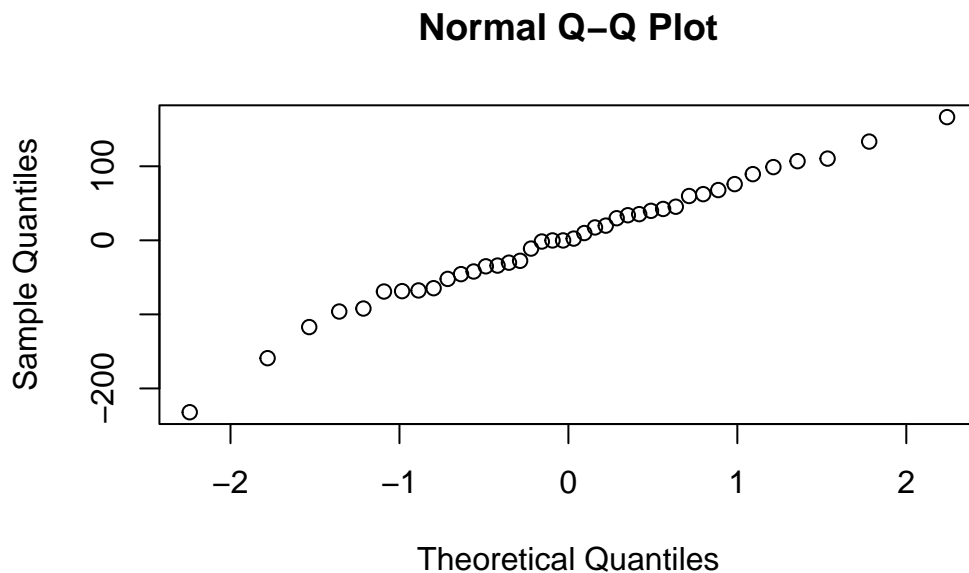
Shapiro-Wilk normality test

```
data:  mod$residuals  
W = 0.98479, p-value = 0.8578
```

Observamos con el test de Shapiro-Wilk que es adecuado cuando las muestras son pequeñas ( $n < 50$ ) y es una alternativa más potente que el test de Kolmogorov-Smirnov. El p-valor es mayor que el nivel de significación del 5%, concluyendo que las muestras de las concentraciones se distribuyen de forma normal en cada día de la semana.

Podemos verlo también gráficamente con la orden “qqnorm”

```
qqnorm(mod$residuals)
```



Podemos apreciar en este gráfico que los puntos aparecen próximos a la línea diagonal. Esta gráfica no muestra una desviación marcada de la normalidad.

## Hipótesis de homocedasticidad

Para comprobar la hipótesis de igualdad entre las varianzas del factor utilizamos el Test de Barlett.

```
contaminacion<-read.table("supuesto1.txt",header = TRUE)
bartlett.test(contaminacion$Concentracion, contaminacion$Dia)
```

```
Bartlett test of homogeneity of variances
```

```
data:  contaminacion$Concentracion and contaminacion$Dia
Bartlett's K-squared = 5.4942, df = 4, p-value = 0.2402
```

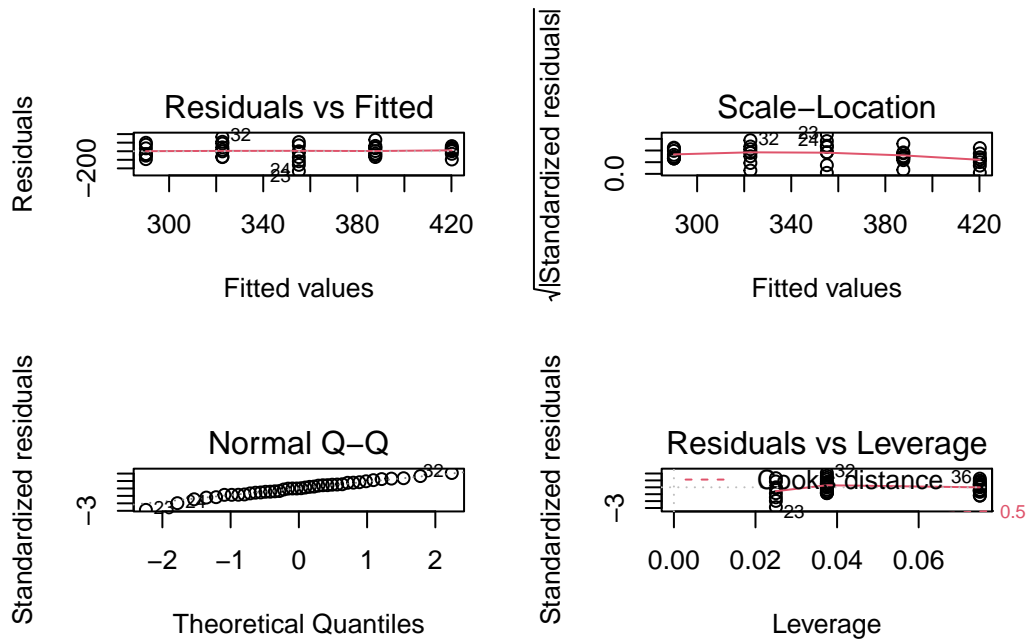
El p-valor es del 0.2402 que al ser mayor del nivel significación usual del 5% no podemos rechazar la hipótesis de igualdad de varianzas, es decir, se acepta la igualdad de varianzas en el factor.

## Hipótesis de independencia

Para comprobar que se satisface el supuesto de independencia entre los residuos analizamos el gráfico de los residuos frente a los valores pronosticados o predichos por el modelo. El empleo de este gráfico es útil puesto que la presencia de alguna tendencia en el mismo puede ser indicio de una violación de dicha hipótesis. En R obtenemos varios gráficos a la vez que están incluidos en la estimación del modelo.

Para verlos de forma correcta hacemos uso de las siguientes órdenes:

```
contaminacion<-read.table("supuesto1.txt",header = TRUE)
mod<-aov(Concentracion~Dia, data = contaminacion)
layout(matrix(c(1,2,3,4),2,2))#para que salgan en la misma pantalla
plot(mod)
```



## Comparaciones múltiples

Para saber entre que parejas de días las diferencias entre concentraciones medias de CO son significativas aplicamos la prueba Post-hoc de Tukey

```
contaminacion$dia<-factor(contaminacion$Dia)
mod<-aov(Concentracion~factor(Dia),data = contaminacion)
mod.tukey<-TukeyHSD(mod,ordered = TRUE)
mod.tukey
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
factor levels have been ordered
```

```
Fit: aov(formula = Concentracion ~ factor(Dia), data = contaminacion)
```

```
$`factor(Dia)`
      diff      lwr      upr    p adj
3-5  19.125 -94.573356 132.8234 0.9883811
4-5  75.125 -38.573356 188.8234 0.3363682
2-5 120.250   6.551644 233.9484 0.0337946
1-5 140.000  26.301644 253.6984 0.0095230
```

4-3	56.000	-57.698356	169.6984	0.6217479
2-3	101.125	-12.573356	214.8234	0.1010091
1-3	120.875	7.176644	234.5734	0.0325284
2-4	45.125	-68.573356	158.8234	0.7837763
1-4	64.875	-48.823356	178.5734	0.4826413
1-2	19.750	-93.948356	133.4484	0.9868896

## Diseño Unifactorial de efectos aleatorios

### Supuesto práctico 2

Los medios de cultivo bacteriológico en los laboratorios de los hospitales proceden de diversos fabricantes. Se sospecha que la calidad de estos medios de cultivo varía de un fabricante a otro. Para comprobar esta teoría, se hace una lista de fabricantes de un medio de cultivo concreto, se seleccionan aleatoriamente los nombres de cinco de los que aparecen en la lista y se comparan las muestras de los instrumentos procedentes de éstos. La comprobación se realiza colocando sobre una placa dos dosis, en gotas, de una suspensión medida de un microorganismo clásico, *Escherichia coli*, dejando al cultivo crecer durante veinticuatro horas, y determinando después el número de colonias (en millares) del microorganismo que aparecen al final del período. Se quiere comprobar si la calidad del instrumental difiere entre fabricantes.

#### En el supuesto práctico 2:

- Variable respuesta: Calidad\_Instrumental
- Factor: Fabricante. Es un factor de efectos aleatorios, se han elegido aleatoriamente a cinco fabricantes, que constituyen únicamente una muestra de todos los fabricantes y el propósito no es comparar estos cinco fabricantes sino contrastar el supuesto general de que la calidad del instrumental difiere entre fabricantes.
- Modelo equilibrado: Los niveles de los factores tienen el mismo número de elementos (9 elementos).
- Tamaño del experimento: Número total de observaciones, en este caso 45 unidades experimentales.

El problema planteado se modeliza a través de un diseño unifactorial totalmente aleatorizado de efectos aleatorios equilibrado.

Nota: La ruta hasta llegar al fichero varía en función del ordenador. Utilizar la orden `setwd()` para situarse en el directorio de trabajo

```
setwd("C:/Users/user/OneDrive/Paquete R/PRACTICAS-S9")
```

Para realizar este supuesto en R debemos introducir primero los datos de forma correcta. Podemos introducir los datos directamente en R de forma manual o introducirlos previamente en un archivo de texto o Excel y leerlos en R.

Se quiere comprobar si la calidad del instrumental difiere entre fabricantes.

Tenemos en cuenta que para que el ejercicio esté realizado de forma correcta los datos tienen que estar introducidos tal y como vienen en la imagen, es decir, las observaciones en una sola columna y a continuación especificado su tratamiento y su bloque correspondiente.

Para cargar los datos utilizamos la función `read.table` indicando el nombre del archivo (que debe de estar en el directorio de trabajo) e indicando además que tiene cabecera.

```
bacterias<-read.table("supuesto2.txt",header = TRUE)
bacterias
```

	Calidad	Fabricante
1	120	1
2	240	2
3	240	3
4	300	4
5	300	5
6	240	1
7	360	2
8	270	3
9	240	4
10	360	5
11	300	1
12	180	2
13	300	3
14	300	4
15	240	5
16	360	1
17	180	2
18	360	3
19	360	4
20	360	5
21	240	1
22	300	2
23	360	3
24	360	4
25	360	5
26	180	1

27	240	2
28	300	3
29	360	4
30	360	5
31	144	1
32	360	2
33	360	3
34	360	4
35	360	5
36	300	1
37	360	2
38	360	3
39	360	4
40	300	5
41	240	1
42	360	2
43	300	3
44	300	4
45	360	5

Debemos transformar la variable referente a los niveles del factor fijo como factor para poder hacer los cálculos de forma adecuada

```
bacterias$Fabricante<-factor(bacterias$Fabricante)
bacterias$Fabricante
```

```
[1] 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 1 2 3
[39] 4 5 1 2 3 4 5
Levels: 1 2 3 4 5
```

Para calcular la tabla ANOVA primero hacemos uso de la función “aov” de la siguiente forma:

```
mod<-aov(Calidad~Fabricante, data = bacterias)
mod
```

Call:

```
aov(formula = Calidad ~ Fabricante, data = bacterias)
```

Terms:

	Fabricante	Residuals
Sum of Squares	57363.2	144272.0



Deg. of Freedom                      4                      40

Residual standard error: 60.05664

Estimated effects may be unbalanced

y posteriormente mostramos un resumen de los resultados con la función “summary” (verdadera tabla ANOVA):

```
summary(mod)
```

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Fabricante     4  57363    14341    3.976 0.00827 **
Residuals    40 144272     3607
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Esta tabla muestra los resultados del contraste planteado. El valor del estadístico de contraste es igual a 3.976 que deja a la derecha un p-valor de 0.00827, así que la respuesta dependerá del nivel de significación que se fije. Si fijamos un nivel de significación de 0.05 se concluye que hay evidencia suficiente para afirmar la existencia de alguna variabilidad entre la calidad del material de los diferentes fabricantes. Si fijamos un nivel de significación de 0.001, no podemos hacer tal afirmación.

## Diseño en Bloques Aleatorizados

En los diseños estudiados anteriormente hemos supuesto que existe bastante homogeneidad entre las unidades experimentales. Pero puede suceder que dichas unidades experimentales sean heterogéneas y contribuyan a la variabilidad observada en la variable respuesta. Si en esta situación se utiliza un diseño completamente aleatorizado, no sabremos si la diferencia entre dos unidades experimentales sometidas a distintos tratamientos se debe a una diferencia real entre los efectos de los tratamientos o a la heterogeneidad de dichas unidades. Como resultado, el error experimental reflejará esta variabilidad. En esta situación se debe sustraer del error experimental la variabilidad producida por las unidades experimentales y para ello el experimentador puede formar bloques de manera que las unidades experimentales de cada bloque sean lo más homogéneas posible y los bloques entre sí sean heterogéneos.

En el diseño en bloques Aleatorizados, primero se clasifican las unidades experimentales en grupos homogéneos, llamados bloques, y los tratamientos son entonces asignados aleatoriamente dentro de los bloques. Esta estrategia de diseño mejora efectivamente la precisión en las comparaciones al reducir la variabilidad residual.

Distinguimos dos tipos de diseños en bloques aleatorizados:

- Los diseños en bloques completos aleatorizados (Todos los tratamientos se prueban en cada bloque exactamente vez).
- Los diseños por bloques incompletos aleatorizados (Todos los tratamientos no están representados en cada bloque, y aquellos que sí están en uno en particular se ensayan en él una sola vez).

## Diseño en Bloques Completos Aleatorizados

En esta sección presentamos el diseño en Bloques Completos Aleatorizados. La palabra bloque se refiere al hecho de que se ha agrupado a las unidades experimentales en función de alguna variable extraña; aleatorizado se refiere al hecho de que los tratamientos se asignan aleatoriamente dentro de los bloques; completo implica que se utiliza cada tratamiento exactamente una vez dentro de cada bloque y el término efectos fijos se aplica a bloques y tratamientos. Es decir, se supone que ni los bloques ni los tratamientos se eligen aleatoriamente. Además una caracterización de este diseño es que los efectos bloque y tratamiento son aditivos; es decir no hay interacción entre los bloques y los tratamientos.

### Supuesto práctico 3

Abeto blanco, Abeto del Pirineo, es un árbol de gran belleza por la elegancia de sus formas y el exquisito perfume balsámico que destilan sus hojas y cortezas. Destilando hojas y madera se obtiene aceite de trementina muy utilizado en medicina contra torceduras y contusiones. En estos últimos años se ha observado que la producción de semillas ha descendido y con objeto de conseguir buenas producciones se proponen tres tratamientos. Se observa que árboles diferentes tienen distintas características naturales de reproducción, este efecto de las diferencias entre los árboles se debe de controlar y este control se realiza mediante bloques. En el experimento se utilizan 10 abetos, dentro de cada abeto se seleccionan tres ramas semejantes. Cada rama recibe exactamente uno de los tres tratamientos que son asignados aleatoriamente. Constituyendo cada árbol un bloque completo.

```
setwd("C:/Users/user/OneDrive/Paquete R/PRACTICAS-S9")
semillas<-read.table("supuesto3.txt",header = TRUE)
semillas
```

	y	Tratamiento	Abeto
1	7	1	1
2	9	2	1
3	10	3	1
4	8	1	2
5	9	2	2

6	10	3	2
7	9	1	3
8	9	2	3
9	12	3	3
10	10	1	4
11	9	2	4
12	12	3	4
13	11	1	5
14	12	2	5
15	14	3	5
16	8	1	6
17	10	2	6
18	9	3	6
19	7	1	7
20	8	2	7
21	7	3	7
22	8	1	8
23	8	2	8
24	7	3	8
25	7	1	9
26	9	2	9
27	10	3	9
28	8	1	10
29	9	2	10
30	10	3	10

A continuación debemos transformar tanto la columna de los tratamientos como la de los bloques en un factor para podemos realizar los cálculos posteriores adecuadamente.

```
semillas$Tratamiento=factor(semillas$Tratamiento)
semillas$Tratamiento
```

```
[1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3
Levels: 1 2 3
```

```
semillas$Abeto=factor(semillas$Abeto)
semillas$Abeto
```

```
[1] 1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 4 4 5 5 5 6 6 6 7 7 7 8 8 8 9
[26] 9 9 10 10 10
Levels: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
```

Para calcular la tabla ANOVA primero hacemos uso de la función “aov” de la siguiente forma:

```
mod=aov(y~Tratamiento+Abeto,data = semillas)
mod
```

Call:

```
aov(formula = y ~ Tratamiento + Abeto, data = semillas)
```

Terms:

	Tratamiento	Abeto	Residuals
Sum of Squares	16.2	54.8	15.8
Deg. of Freedom	2	9	18

Residual standard error: 0.936898

Estimated effects may be unbalanced

y a continuación mostramos un resumen de los resultados con la función “summary” (verdadera tabla ANOVA):

```
summary(mod)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Tratamiento	2	16.2	8.100	9.228	0.00174 **
Abeto	9	54.8	6.089	6.937	0.00026 ***
Residuals	18	15.8	0.878		

---

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

## Estudio de la Idoneidad del modelo