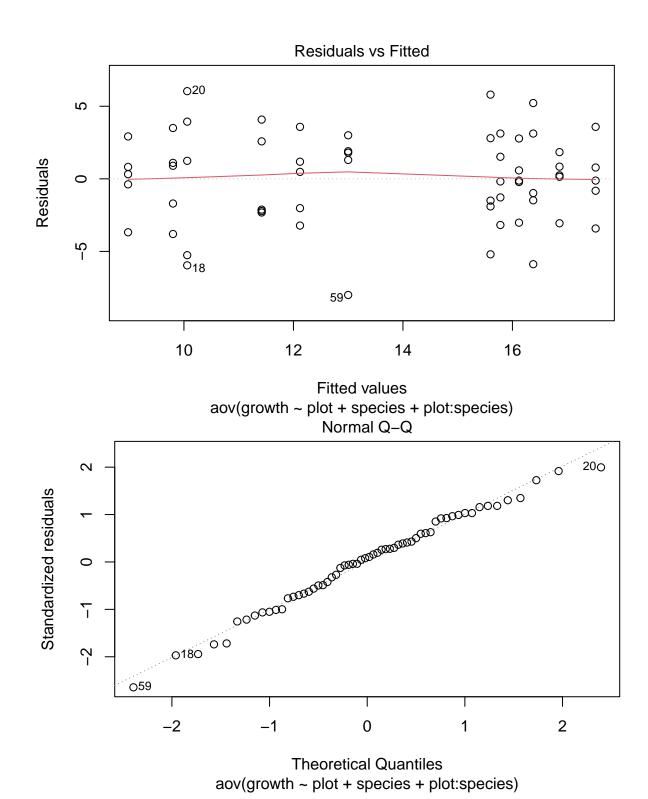
## Entregable sesión 5

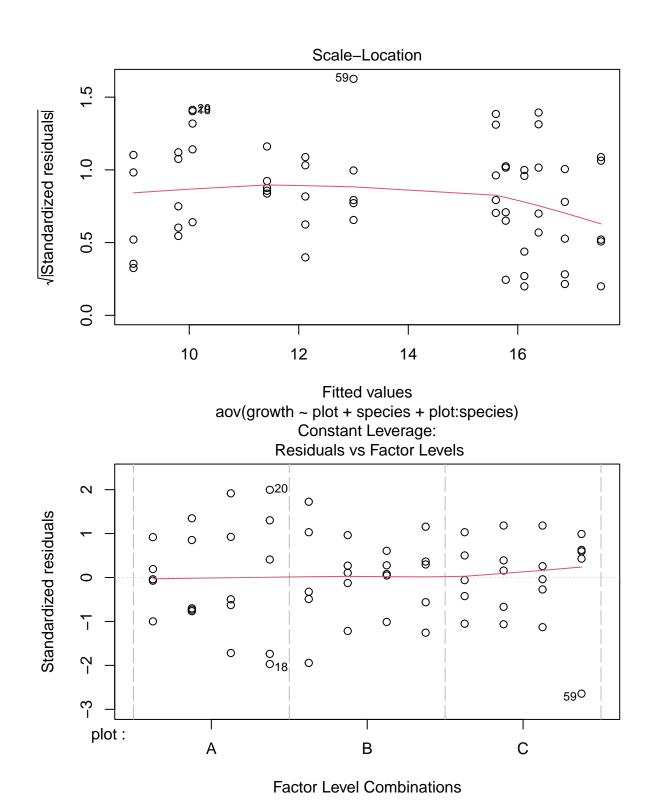
## Juan Cantero Jimenez

2/16/2022

## Lectura de los datos

```
load("Plots.Rdata")
str(Plots)
## 'data.frame':
                    60 obs. of 3 variables:
## $ growth : num 18.9 13.1 15.9 16.7 16 9.1 14 9.2 15.5 9.3 ...
## $ plot : chr "A" "A" "A" "A" ...
## $ species: chr "a" "a" "a" "a" ...
Plots$plot <- as.factor(Plots$plot)</pre>
Plots$species <- as.factor(Plots$species)</pre>
str(Plots)
## 'data.frame':
                    60 obs. of 3 variables:
## $ growth : num 18.9 13.1 15.9 16.7 16 9.1 14 9.2 15.5 9.3 ...
## $ plot : Factor w/ 3 levels "A", "B", "C": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ species: Factor w/ 4 levels "a","b","c","d": 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...
Analisis de los datos
aov1 <- aov(growth ~ plot + species + plot:species, data=Plots )</pre>
aov1.summary <- summary(aov1)</pre>
aov1.summary
##
                Df Sum Sq Mean Sq F value
                                            Pr(>F)
## plot
                2
                    29.0
                           14.50 1.267
                                             0.291
## species
                3 453.0 150.99 13.192 2.09e-06 ***
## plot:species 6
                    40.2
                             6.70
                                    0.585
                                             0.740
## Residuals
               48 549.4
                           11.44
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Comprobamos la hipótesis de aplicabilidad
plot(aov1)
```





Es facil observar que los residuos son normales, así como que la varianza es homogenea a lo largo de los valores ajustados, es decir es homocedástica.

En base a estos resultados se puede concluir que el único efecto relevante en la cantidad de cosecha para el experimento realizado es la especie.

Por último se muestra la varianza de los residuos así como la del factor especies:

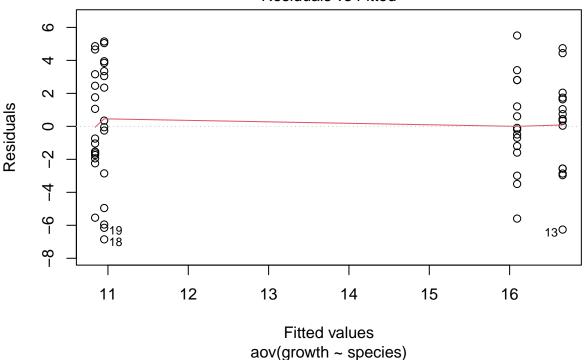
```
aov2 <- aov(growth ~ species, data=Plots)</pre>
aov2.summary <- summary(aov2)</pre>
X <- as.matrix( model.matrix(aov2) )</pre>
speciesB <- X[,2]</pre>
speciesC <- X[,3]</pre>
speciesD <- X[,4]</pre>
speciesA <- X[,1]-(speciesB+speciesC+speciesD)</pre>
n \leftarrow dim(X)[1]
t \leftarrow dim(X)[2]
r <- c(sum(speciesA), sum(speciesB), sum(speciesC), sum(speciesD))</pre>
r0 \leftarrow (1/(n*(t-1)))*(n^2-sum(r^2))
sigma2 <- as.matrix(aov2.summary[[1]][2,3] )</pre>
mslab <- as.matrix(aov2.summary[[1]][1,3] )</pre>
sigma2b <- (mslab - sigma2) / r0
cat("Estimación de las componentes mediante el
método de estimación de momentos", "\n",
"Var(error)=",sigma2, "\n","Var(especie)=",sigma2b,"\n")
## Estimación de las componentes mediante el
## método de estimación de momentos
   Var(error) = 11.04533
```

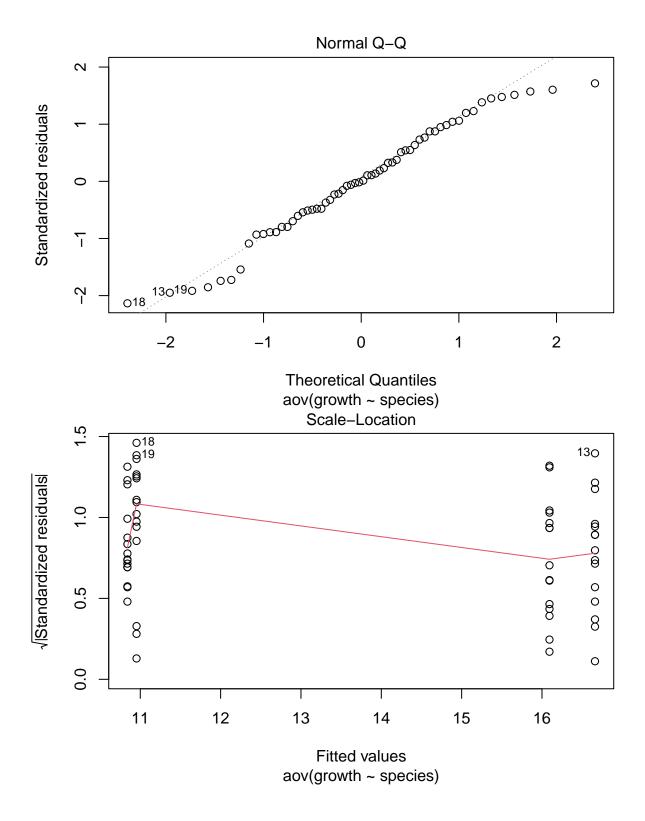
A continuación se revisará la aplicabilidad de este segundo modelo

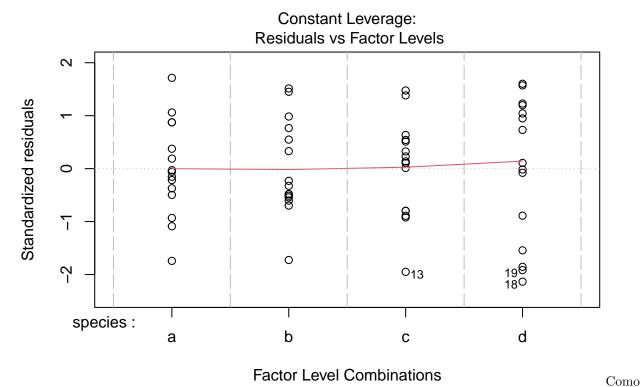
plot(aov2)

## Var(especie) = 9.329437

## Residuals vs Fitted







se puede observar la variabilidad parece seguir siendo homogénea, sin embargo en el QQplot parece existir una desviación en la normalidad.