

Transformacion a Rangos

Experimentos Factoriales e Interacción

Humberto Vaquera Huerta
Colegio de Postgraduados



Tranformación a rangos

Idea

La transformación de rango es una forma conveniente de cerrar la brecha pedagógica entre los métodos paramétricos y no paramétricos en estadística.

La transformación de rangos se refiere a reemplazar los datos por sus rangos, o rangos promedio en caso de empate, antes de realizar procedimientos estadísticos estándar en los rangos. La idea fue propuesta por:

W. J. Conover; Ronald L. Iman. Rank Transformations as a Bridge Between Parametric and Nonparametric Statistics, The American Statistician, Vol. 35, No. 3. (Aug., 1981), pp. 124-129.

Método de Conover e Iman

- ▶ Ordene todas las observaciones de 1 a N.
- ▶ Realización del ANOVA en los rangos (prueba F)
- ▶ Se desempeña mejor que las pruebas chi-cuadrado de Kruskal-Wallis y Friedman
- ▶ Se pueden hacer comparaciones por pares de la manera habitual
- ▶ Se puede usar el método de Tukey
- ▶ Sin embargo: En diseños con **interacción**, esto no se puede recomendar el método (Akritas, 1990)

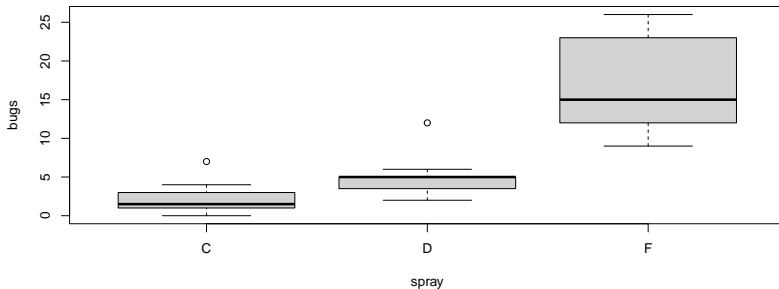
Ejemplo: Experimento de Entomología

El número de insectos que sobrevivieron cuando se trataron con uno de los tres tratamientos insecticidas diferentes. Variable de respuesta dependiente: número de insectos. Variable independiente categórica con 3 niveles: spray = tres tratamientos insecticidas diferentes etiquetados C, D, F.

bugs	spray
0	C
1	C
7	C
2	C
3	C
1	C
2	C
1	C
3	C
0	C
1	C
4	C
3	D
5	D
12	D
6	D
4	D
3	D
5	D
5	D
5	D
5	D
2	D
4	D
11	F
9	F
15	F
22	F
15	F
16	F
13	F
10	F
26	F
26	F
24	F
13	F

Ejemplo: Experimento de Entomología

```
bugs=c(0,1,7,2,3,1,2,1,3,0,1,4,3,5,12,6,4,3,5,5,5,5,2,4,  
       11,9,15,22,15,16,13,10,26,26,24,13)  
spray=c(rep("C", 12),rep("D",12),rep("F",12))  
Resp_r=c(4,4,3,3,4,4,3,3,4,4,3,3,2,1.5,2,1,2,1,1,1.5,  
         1,2,1,2)  
spray= as.factor(spray)  
boxplot(bugs~spray)
```



Ejemplo: Experimento de Entomología

```
anova(aov(bugs~spray))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: bugs
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## spray      2 1435.1   717.53  44.135 4.716e-10 ***
## Residuals 33   536.5    16.26
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

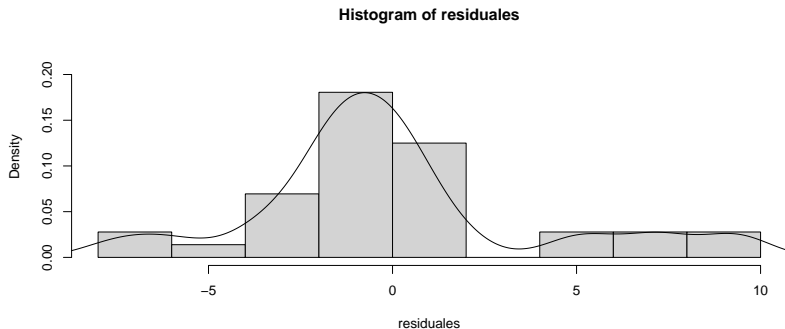
```
residuales=resid(aov(bugs~spray))
shapiro.test(residuales)
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  residuales
## W = 0.905, p-value = 0.004687
```

Ejemplo: Experimento de Entomología

Residuales

```
hist(residuales,prob=T,8,ylim=c(0,.22))  
lines(density(residuales))
```



Ejemplo: Experimento de Entomología

Transformación a rangos en R.

```
rangos_bugs=rank(bugs,ties.method = "average")
t(rangos_bugs)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10] [,11] [,12] [,13] [,14]
## [1,]  1.5  4.5  23   8 11.5  4.5   8  4.5 11.5  1.5  4.5  15 11.5  19
##      [,15] [,16] [,17] [,18] [,19] [,20] [,21] [,22] [,23] [,24] [,25] [,26]
## [1,]    27    22    15 11.5    19    19    19    19    8    15    26    24
##      [,27] [,28] [,29] [,30] [,31] [,32] [,33] [,34] [,35] [,36]
## [1,] 30.5    33 30.5    32 28.5    25 35.5 35.5    34 28.5
```

```
anova(aov(rangos_bugs-spray))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: rangos_bugs
##      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## spray    2 2962.17 1481.08  54.498 3.491e-11 ***
## Residuals 33  896.83   27.18
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Ejemplo: Experimento de Entomología

```
boxplot(rangos_bugs~spray)
```



Ejemplo: Experimento de Entomología

Prueba de Nemenyi

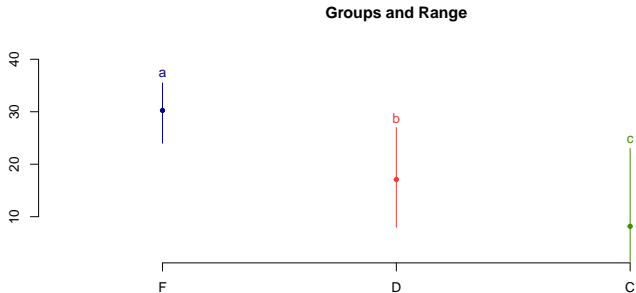
```
ajuste=aov(rangos_bugs~spray)
library(agricolae)
comp_medias=HSD.test(ajuste,"spray",console=F)
pander::pander(comp_medias$groups)
```

	rangos_bugs	groups
F	30.25	a
D	17.08	b
C	8.167	c

Ejemplo: Experimento de Entomología

Prueba de Nemenyi

```
ajuste=aov(rangos_bugs~spray)  
library(agricolae)  
plot(comp_medias)
```



Ejemplo2: Laberinto de agua de Morris

Como ejemplo, usaremos los datos de velocidad de natación en un laberinto de agua de Morris hay un grupo de seis ratas diferentes con mediciones de sus velocidades de nado en días diferentes como resultado de un cambio en la temperatura del agua. La pregunta es si cambiar o no la temperatura del agua en el laberinto afecta la velocidad de natación. La H_0 es que la velocidad de natación será la misma independientemente de la temperatura del agua.

Esencialmente, lo que hace esta prueba es clasificar las velocidades de natación para cada sujeto a través de las diferentes temperaturas del agua y de esta manera cada animal se compara con sí mismo. La magnitud de las diferencias con cada sujeto no es importante.

Ejemplo2: laberinto de agua de Morris

Animal	20 °C	24 °C	27 °C	32 °C
1	39	38	34	33
2	29	25	20	20
3	36	37	29	24
4	25	29	18	19
5	31	27	24	22
6	34	33	30	31

Considere cada animal como **bloque** y temperatura es el factor de estudio (tratamiento) - **Diseño en Bloques al azar (DBA)**.

Ejemplo2: Laberinto de agua de Morris

- ▶ Paso 1: Transformar a rangos dentro de cada bloque
- ▶ Paso 2: Realizar el ANOVA parametrico para un DBA
- ▶ Paso 3: Si hay efecto de tratamientos realizar Tukey

paso 1: Tranformando a Rangos

Animal	20 °C	24 °C	27 °C	32 °C
1	4	3	2	1
2	4	3	1.5	1.5
3	3	4	2	1
4	3	4	1	2
5	4	3	2	1
6	4	3	1	2

Ejemplo2: laberinto de agua de Morris

El modelo estadístico para un DBA es:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

con y_{ij} es la respuesta, μ es el efecto de la media, τ_i es el efecto del i – *esimo* tratamiento, β_j es j – *esimo* nivel del bloque (animal) y ϵ_{ij} es el error aleatorio . La versión no paramétrica sería la prueba de Friedman o Quaid.

paso 2: Realizar Anova usando rangos

```
Animal=c(1,2,3,4,5,6,1,2,3,4,5,6,1,2,3,4,5,6,1,2,3,4,5,6)
Trat=c(20,20,20,20,20,20,24,24,24,24,24,24,27,27,27,27,
      27,27,32,32,32,32,32,32)
Resp_r=c(4,4,3,3,4,4,3,3,4,4,3,3,2,1.5,2,1,2,1,1,1.5,
        1,2,1,2)
Animal= as.factor(Animal)
Trat= as.factor(Trat)
```


Ejemplo2: Laberinto de agua de Morris

```
anova_res=lm(Resp_r~Trat + Animal)
anova(anova_res)
```

Table 4: Analysis of Variance Table

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Trat	3	24.42	8.139	24.02	5.59e-06
Animal	5	8.386e-31	1.677e-31	4.949e-31	1
Residuals	15	5.083	0.3389	NA	NA

Ejemplo: Laberinto de agua de Morris

```
library(agricolae)
sal=HSD.test(anova_res, "Trat",console=TRUE)
```

```
##
## Study: anova_res ~ "Trat"
##
## HSD Test for Resp_r
##
## Mean Square Error: 0.3388889
##
## Trat, means
##
##      Resp_r      std r Min Max
## 20 3.666667 0.5163978 6   3   4
## 24 3.333333 0.5163978 6   3   4
## 27 1.583333 0.4915960 6   1   2
## 32 1.416667 0.4915960 6   1   2
##
## Alpha: 0.05 ; DF Error: 15
## Critical Value of Studentized Range: 4.075974
##
## Minimum Significant Difference: 0.9686891
##
## Treatments with the same letter are not significantly different.
##
##      Resp_r groups
## 20 3.666667      a
## 24 3.333333      a
## 27 1.583333      b
## 32 1.416667      b
```

Ejemplo2: Laberinto de agua de Morris

Prueba de Nemenyi

sal\$means

	Resp_r	std	r	Min	Max	Q25	Q50	Q75
20	3.667	0.5164	6	3	4	3.25	4	4
24	3.333	0.5164	6	3	4	3	3	3.75
27	1.583	0.4916	6	1	2	1.125	1.75	2
32	1.417	0.4916	6	1	2	1	1.25	1.875

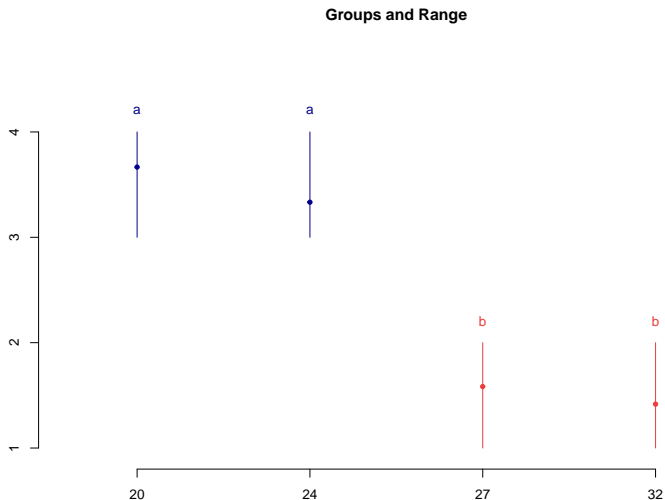
sal\$groups

	Resp_r	groups
20	3.667	a
24	3.333	a
27	1.583	b
32	1.417	b

Ejemplo2: Laberinto de agua de Morris

Prueba de Nemenyi

```
plot(sal)
```



Experimentos factoriales e interacción

Experimentos factoriales e interacción

Se han propuesto técnicas para el análisis no paramétrico de interacciones en diseños factoriales. Asignado rangos a las observaciones y luego realizan pruebas paramétricas en los rangos. Se ha encontrado que la estimación de la interacción tiene sesgos e imprecisiones.

Por lo tanto, el procedimiento de **transformación de rango no se puede aplicar a las interacciones** de prueba. Se recomienda el uso de rangos alineados. La alineación implica que alguna estimación de una ubicación (p. Ej., Para el efecto en un cierto nivel de un factor dado), como la media o mediana de la observación, se resta de cada observación. Estos datos, alineados de acuerdo con los efectos principales y / o de interacción deseados, se clasifican y se realizan pruebas paramétricas en estos rangos alineados.

La transformación de rangos alineados

La transformación de rangos alineados en ANOVA es un enfoque no paramétrico que permite múltiples variables predictoras, interacciones y medidas repetidas. La variable dependiente debe ser de al menos de intervalo y los datos estrictamente ordinales se tratan como numéricos.

El paquete **ARTool** de R permite un manejo fácil.

Wobbrock, J.O., Findlater, L., Gergle, D. and Higgins, J.J. (2011). The Aligned Rank Transform for nonparametric factorial analyses using only ANOVA procedures. Proceedings of the ACM Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI '11). Vancouver, British Columbia (May 7-12, 2011). New York: ACM Press, pp. 143-146.

Ejemplo experimento factorial

Ensayo de fertilidad en ratas:

En un ensayo de fertilidad, tres grupos de ratas hembras *Wistar* fueron tratados con tres dosis diferentes (placebo, dosis 1 y 2) de un **fármaco** (*factor A*). Entre otros parámetros de fertilidad, se contó el número de cuerpos lúteos de ovarios de rata después de una sección de los animales. El mismo ensayo se repitió un **año** después con tres nuevos grupos de ratas. Los resultados del ensayo para los dos años (*factor B*)

TABLA: Número de cuerpos lúteos de ratas Wistar en un ensayo de fertilidad

Group	Year 1	Year 2
Placebo	13,12,11,11,14,14,13,13,13	12,16,9,14,15,12,12,11,13,14,12,13,12
Dosage 1	15,12,11,11,14,13,14,14,12	9,12,11,15,11,10,13,11
Dosage 2	15,12,13,14,11,14,17,15	15,13,17,14,14,13,13,13,9,12,15,14

Brunner, E., & Puri, M. L. (2001). Nonparametric methods in factorial designs. Statistical papers, 42(1), 1-52.

Ensayo de fertilidad:

Farmaco	Allo	cluteos
P	y1	13
P	y1	12
P	y1	11
P	y1	11
P	y1	14
P	y1	14
P	y1	13
P	y1	13
P	y1	13
P	y2	12
P	y2	16
P	y2	9
P	y2	14
P	y2	15
P	y2	12
P	y2	12
P	y2	11
P	y2	13
P	y2	14
P	y2	12
P	y2	13
P	y2	12
d1	y1	15
d1	y1	12
d1	y1	11
d1	y1	11
d1	y1	14
d1	y1	13
d1	y1	14
d1	y1	14
d1	y1	12
d1	y2	9
d1	y2	12
d1	y2	11
d1	y2	15
d1	y2	11
d1	y2	10
d1	y2	13
d1	y2	11
d2	y1	15
d2	y1	12
d2	y1	13
d2	y1	14
d2	y1	11
d2	y1	14
d2	y1	17
d2	y1	15
d2	y2	15
d2	y2	13
d2	y2	17
d2	y2	14
d2	y2	14
d2	y2	13
d2	y2	13
d2	y2	13
d2	y2	9
d2	y2	12
d2	y2	15
d2	y2	14

Ensayo de fertilidad:

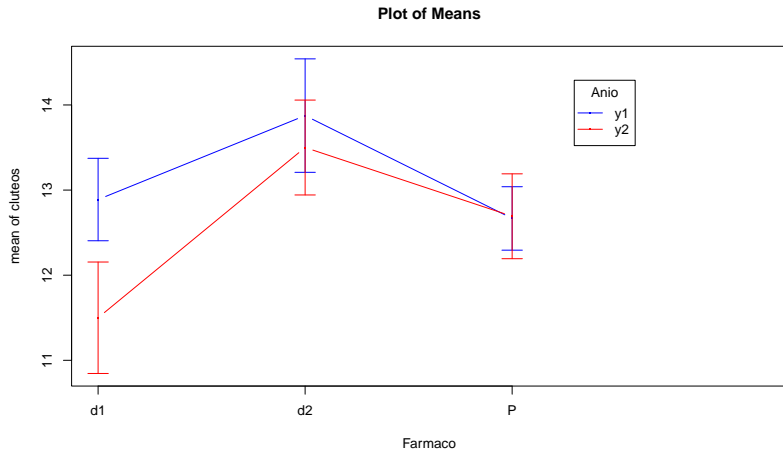
Modelo:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{ij} + \epsilon_{ijk},$$

donde μ es la respuesta media general, τ_i es el efecto debido al i-ésimo nivel del Farmaco, β_j es el efecto debido al j-ésimo nivel del Año y γ_{ij} es el efecto debido a cualquier interacción entre el i-ésimo el éximo nivel de Farmaco y el j-ésimo nivel de Año.

Ensayo de fertilidad:

```
cluteos <- read.csv("cluteos.csv")
cluteos[, "Farmaco"] <- factor(cluteos[, "Farmaco"])
cluteos[, "Anio"] <- factor(cluteos[, "Anio"])
library(Rcmdr)
with(cluteos, plotMeans(cluteos, Farmaco, Anio, error.bars="se",
  col = c("blue", "red"), pch=".", lty = 1, lwd = 2, connect=TRUE))
```



Analisis parametrico factorial en R

```
library(emmeans)
modelo_fact <- lm(cluteos~Farmaco*Anio, cluteos)
library(car)
Anova(modelo_fact, type=3)
```

```
## Anova Table (Type III tests)
```

```
##
```

```
## Response: cluteos
```

```
##           Sum Sq Df  F value Pr(>F)
## (Intercept) 1495.11  1 509.4792 <2e-16 ***
## Farmaco      6.89   2   1.1739 0.3171
## Anio         8.17   1   2.7840 0.1011
## Farmaco:Anio  4.88   2   0.8317 0.4409
## Residuals    155.53 53
```

```
## ---
```

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

Analisis noparametrico de interacción datos fertilidad

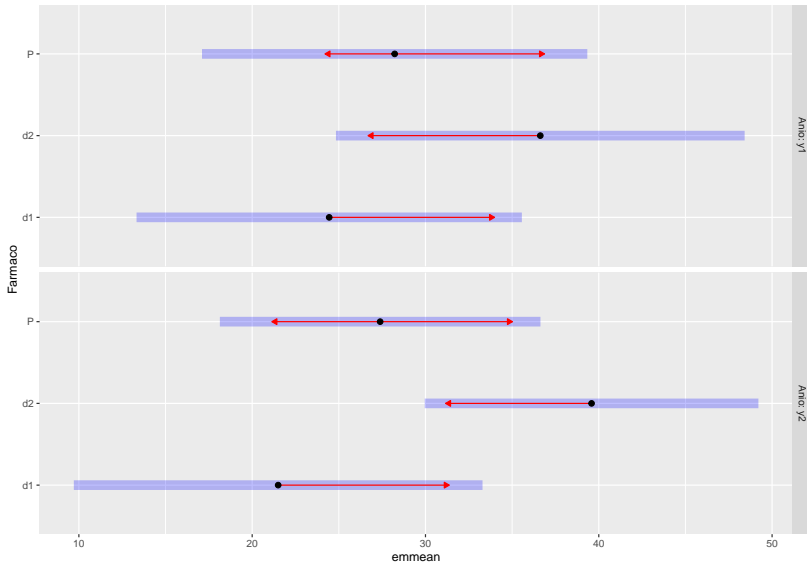
Usando rangos alineados

```
library(ARTool)
m3 <- art(cluteos~Farmaco*Anio,cluteos)
anova(m3)

## Analysis of Variance of Aligned Rank Transformed Data
##
## Table Type: Anova Table (Type III tests)
## Model: No Repeated Measures (lm)
## Response: art(cluteos)
##
##           Df Df.res F value  Pr(>F)
## 1 Farmaco      2      53  3.9761 0.02461 *
## 2 Anio         1      53  2.7091 0.10570
## 3 Farmaco:Anio  2      53  1.1699 0.31828
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

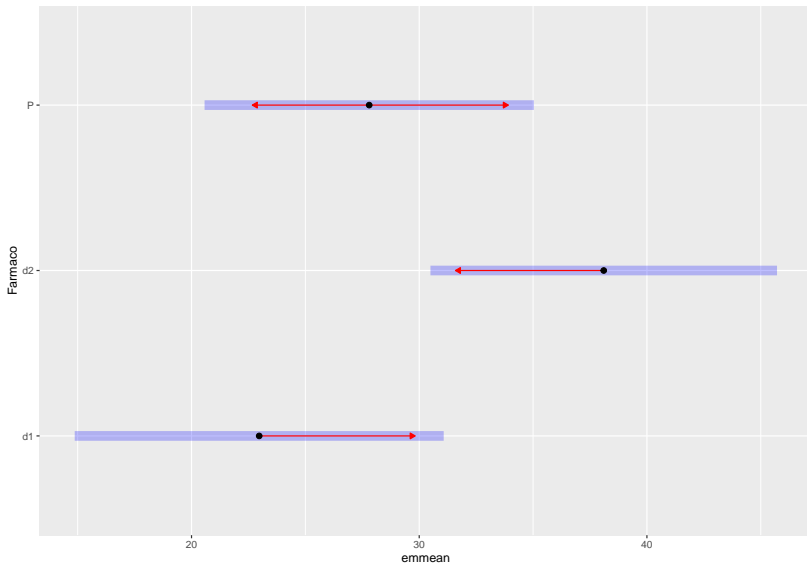
Uso de R ARTool fertilidad

```
library(emmeans)
plot(emmeans(artlm(m3, "Farmaco"), pairwise ~ Farmaco|Anio, adjust="tukey"), comparisons = TRUE)
```



Uso de R ARTool fertilidad

```
library(emmeans)  
plot(emmeans(artlm(m3, "Farmaco"), pairwise ~ Farmaco, adjust="tukey"), comparisons = TRUE)
```



La transformación de rangos alineados

Ejemplo: Un experimento en el que se probaron los efectos de la humedad y el fertilizante sobre materia seca en macetas de suelo. Se colocaron cuatro macetas en cada bandeja, variando la humedad entre las bandejas y el fertilizante dentro de las bandejas. La humedad esta la parcela grande y el fertilizante esta en la sub-parcela.

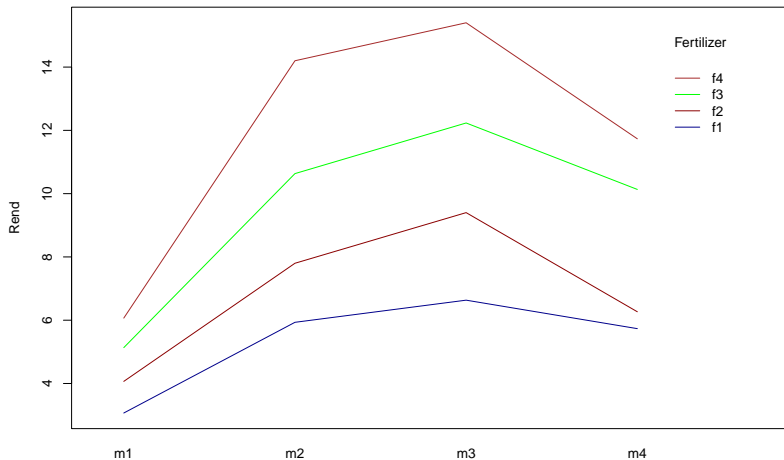
```
library(ARTool)  
data(Higgins1990Table5)  
#Higgins1990Table5
```


La transformación de rangos alineados

Tray	Moisture	Fertilizer	DryMatter	Tray	Moisture	Fertilizer	DryMatter
t1	m1	f1	3.3	t7	m3	f1	6.5
t1	m1	f2	4.3	t7	m3	f2	10.7
t1	m1	f3	4.5	t7	m3	f3	12.2
t1	m1	f4	5.8	t7	m3	f4	15.7
t2	m1	f1	4	t8	m3	f1	8.2
t2	m1	f2	4.1	t8	m3	f2	8.9
t2	m1	f3	6.5	t8	m3	f3	13.4
t2	m1	f4	7.3	t8	m3	f4	14.9
t3	m1	f1	1.9	t9	m3	f1	5.2
t3	m1	f2	3.8	t9	m3	f2	8.6
t3	m1	f3	4.4	t9	m3	f3	11.1
t3	m1	f4	5.1	t9	m3	f4	15.6
t4	m2	f1	5	t10	m4	f1	6.8
t4	m2	f2	7.9	t10	m4	f2	9
t4	m2	f3	10.7	t10	m4	f3	10.3
t4	m2	f4	13.5	t10	m4	f4	12.5
t5	m2	f1	5.9	t11	m4	f1	6.4
t5	m2	f2	8.5	t11	m4	f2	6
t5	m2	f3	10.3	t11	m4	f3	10.7
t5	m2	f4	13.9	t11	m4	f4	12.5
t6	m2	f1	6.9	t12	m4	f1	4
t6	m2	f2	7	t12	m4	f2	3.8
t6	m2	f3	10.9	t12	m4	f3	9.4
t6	m2	f4	15.2	t12	m4	f4	10.2

Experimento de fertilizante

```
library(ARTool)
data(Higgins1990Table5)
with(Higgins1990Table5, interaction.plot(x.factor=Moisture, trace.factor=Fertilizer,
response=DryMatter, fun = mean,
type = "l", ylab = "Rend", xlab = "Moisture", col = c("blue4", "red4", "green", "brown"), lty = 1, lwd = 1, tr
```



Uso de R ARTool

```
library(ARTool)
ajuste_ra <- art(DryMatter ~ Moisture*Fertilizer + (1|Tray), data=Higgins1990Table5)
anova(ajuste_ra)
```

```
## Analysis of Variance of Aligned Rank Transformed Data
##
## Table Type: Analysis of Deviance Table (Type III Wald F tests with Kenward-Roger df)
## Model: Mixed Effects (lmer)
## Response: art(DryMatter)
##
##              F Df Df.res      Pr(>F)
## 1 Moisture      23.833  3      8 0.00024199 ***
## 2 Fertilizer    122.402  3     24 1.1124e-14 ***
## 3 Moisture:Fertilizer  5.118  9     24 0.00064665 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Uso de R ARTool

```
anova(ajuste_ra)
```

	Term	F	Df	Df.res	Pr(>F)
Moisture	Moisture	23.83	3	8	0.000242
Fertilizer	Fertilizer	122.4	3	24	1.112e-14
Moisture:Fertilizer	Moisture:Fertilizer	5.118	9	24	0.0006466

Uso de R ARTool

```
library(dplyr)
library(emmeans)
library(phia)
library(ggplot2)
emmeans(artlm(ajuste_ra, "Moisture:Fertilizer"), pairwise ~ Moisture*Fertilizer)$contrasts
```

##	contrast	estimate	SE	df	t.ratio	p.value
##	m1 f1 - m2 f1	24.500	10.21	20.7	2.401	0.5657
##	m1 f1 - m3 f1	27.833	10.21	20.7	2.727	0.3759
##	m1 f1 - m4 f1	10.833	10.21	20.7	1.061	0.9988
##	m1 f1 - m1 f2	3.333	7.73	24.0	0.431	1.0000
##	m1 f1 - m2 f2	21.000	10.21	20.7	2.058	0.7704
##	m1 f1 - m3 f2	15.833	10.21	20.7	1.551	0.9610
##	m1 f1 - m4 f2	20.000	10.21	20.7	1.960	0.8212
##	m1 f1 - m1 f3	22.167	7.73	24.0	2.866	0.2986
##	m1 f1 - m2 f3	19.500	10.21	20.7	1.911	0.8445
##	m1 f1 - m3 f3	13.667	10.21	20.7	1.339	0.9885
##	m1 f1 - m4 f3	9.833	10.21	20.7	0.964	0.9996
##	m1 f1 - m1 f4	32.833	7.73	24.0	4.246	0.0188
##	m1 f1 - m2 f4	3.167	10.21	20.7	0.310	1.0000
##	m1 f1 - m3 f4	3.000	10.21	20.7	0.294	1.0000
##	m1 f1 - m4 f4	17.833	10.21	20.7	1.747	0.9095
##	m2 f1 - m3 f1	3.333	10.21	20.7	0.327	1.0000
##	m2 f1 - m4 f1	-13.667	10.21	20.7	-1.339	0.9885
##	m2 f1 - m1 f2	-21.167	10.21	20.7	-2.074	0.7615
##	m2 f1 - m2 f2	-3.500	7.73	24.0	-0.453	1.0000
##	m2 f1 - m3 f2	-8.667	10.21	20.7	-0.849	0.9999
##	m2 f1 - m4 f2	-4.500	10.21	20.7	-0.441	1.0000
##	m2 f1 - m1 f3	-2.333	10.21	20.7	-0.229	1.0000
##	m2 f1 - m2 f3	-5.000	7.73	24.0	-0.647	1.0000
##	m2 f1 - m3 f3	-10.833	10.21	20.7	-1.061	0.9988
##	m2 f1 - m4 f3	-14.667	10.21	20.7	-1.437	0.9789
##	m2 f1 - m1 f4	8.333	10.21	20.7	0.817	0.9999
##	m2 f1 - m2 f4	-21.333	7.73	24.0	-2.759	0.3524
##	m2 f1 - m3 f4	-21.500	10.21	20.7	-2.107	0.7432

Datos de alfalfa Medidas repetidas

rep	variety	yield1	yield2	yield3	yield4
1	1	2.8	3.73	3.1	2.51
1	2	2.76	5.41	3.82	2.73
1	3	2.29	3.81	2.93	2.4
1	4	2.57	4.96	2.82	2.06
2	1	2.97	4.44	3.11	2.57
2	2	3.1	3.91	3.26	2.59
2	3	2.54	3.83	2.87	2.16
2	4	2.32	3.97	2.91	2.16
3	1	2.43	4.32	2.81	2.08
3	2	3.1	4.09	3.13	2.6
3	3	2.41	4.08	3.04	2.07
3	4	2.66	3.72	2.93	2.16
4	1	2.94	4	2.78	2.44
4	2	2.65	5.43	2.71	2.3
4	3	2.3	3.28	2.73	2.05
4	4	2.48	3.92	3.06	2.36
5	1	2.42	3.86	3.25	2.34
5	2	2.64	3.77	3.1	2.3
5	3	2.37	3.45	2.51	2.09
5	4	2.24	4.03	2.85	1.86

Datos Formato analisis

```
alfalfa <- read.csv("D:/cursos/no param/Curso Noparametrica/alfalfa.csv")  
pander::pander(head(alfalfa,20))
```

rep	variety	cutting	yield
1	1	1	2.8
1	2	1	2.76
1	3	1	2.29
1	4	1	2.57
2	1	1	2.97
2	2	1	3.1
2	3	1	2.54
2	4	1	2.32
3	1	1	2.43
3	2	1	3.1
3	3	1	2.41
3	4	1	2.66
4	1	1	2.94
4	2	1	2.65
4	3	1	2.3
4	4	1	2.48
5	1	1	2.42
5	2	1	2.64
5	3	1	2.37
5	4	1	2.24

Datos Formato analisis

Calculos ver:

Higgins, James J.; Blair, R. Clifford; and Tashtoush, Suleiman (1990). "THE ALIGNED RANK TRANSFORM PROCEDURE," Conference on Applied Statistics in Agriculture. <https://doi.org/10.4148/2475-7772.1443>

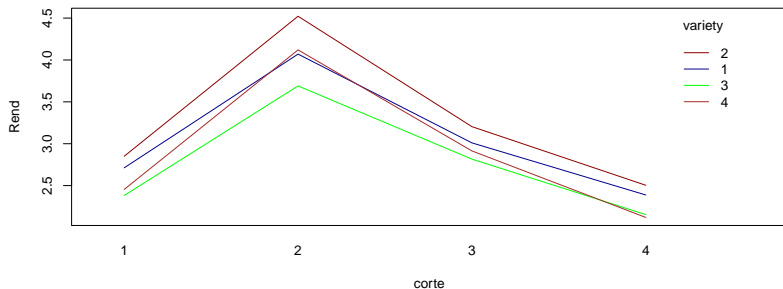
Nombrar factores de estudio

```
alfalfa[, "variety"] <- factor(alfalfa[, "variety"])
alfalfa[, "cutting"] <- factor(alfalfa[, "cutting"])
alfalfa[, "rep"] <- factor(alfalfa[, "rep"])
str(alfalfa)
```

```
## 'data.frame': 80 obs. of 4 variables:
## $ rep : Factor w/ 5 levels "1","2","3","4",...: 1 1 1 1 2 2 2 2 3 3 ...
## $ variety: Factor w/ 4 levels "1","2","3","4": 1 2 3 4 1 2 3 4 1 2 ...
## $ cutting: Factor w/ 4 levels "1","2","3","4": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ yield : num 2.8 2.76 2.29 2.57 2.97 3.1 2.54 2.32 2.43 3.1 ...
```

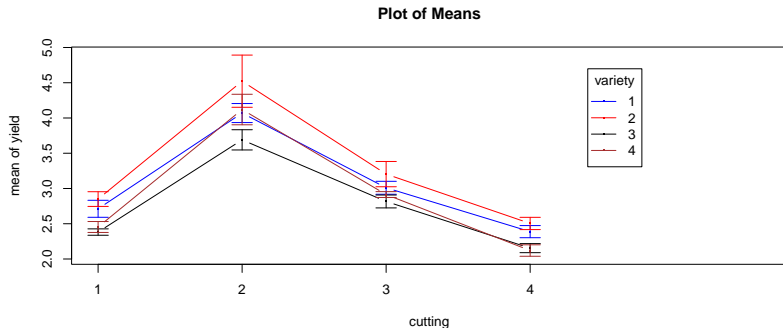

Graficas de interaccion corte y variedad

```
with(alfalfa, interaction.plot(x.factor=cutting,  
trace.factor=variety, response=yield, fun = mean, type ="l",  
ylab = "Rend", xlab = "corte", col = c("blue4", "red4", "green", "brown"),  
lty = 1, lwd = 1, trace.label = "variety", xpd = FALSE))
```



Graficas de interaccion corte y variedad

```
library(Rcmdr)
with(alfalfa,plotMeans(yield,cutting, variety,error.bars="se",
col = c("blue", "red","black","brown"),pch=".",lty = 1, lwd = 2, connect=TRUE))
```



Analisis parametrico parcelas divididas en R

Modelo Mixto

```
library(lmerTest)
library(emmeans)
modelo_aj_pd <- lmer(yield~cutting*variety+ (1|rep), alfalfa)
anova(modelo_aj_pd)
```

```
## Type III Analysis of Variance Table with Satterthwaite's method
##           Sum Sq Mean Sq NumDF DenDF  F value    Pr(>F)
## cutting      37.471  12.4903     3    60  133.7891 < 2.2e-16 ***
## variety       2.835   0.9451     3    60   10.1232 1.725e-05 ***
## cutting:variety 0.546   0.0607     9    60    0.6503  0.7495
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Analisis parametrico parcelas divididas en R

Modelo de parcelas divididas

```
library(agricolae)
modelo_pd <- aov(yield~rep+cutting*variety+ Error(rep:cutting), data=alfalfa)
```

```
## Warning in aov(yield ~ rep + cutting * variety + Error(rep:cutting), data =
## alfalfa): Error() model is singular
```

```
summary(modelo_pd)
```

```
##
## Error: rep:cutting
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## rep       4   1.05   0.262    4.805  0.0151 *
## cutting   3  37.47  12.490  229.447 7.37e-11 ***
## Residuals 12   0.65   0.054
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Error: Within
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## variety     3   2.835   0.9451   9.168 6.65e-05 ***
## cutting:variety 9   0.546   0.0607   0.589    0.8
## Residuals   48   4.948   0.1031
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Analisis parametrico parcelas divididas en R

Prueba de normalidad

```
shapiro.test(as.numeric(resid(modelo_aj_pd)))
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data:  as.numeric(resid(modelo_aj_pd))  
## W = 0.94619, p-value = 0.002098
```

No hay normalidad

Análisis noparametrico de la interacción

```
library(ARTool)
m2 <- art(yield~cutting*variety+ (1|rep),alfalfa)
anova(m2)
```

```
## Analysis of Variance of Aligned Rank Transformed Data
##
## Table Type: Analysis of Deviance Table (Type III Wald F tests with Kenward-Roger df)
## Model: Mixed Effects (lmer)
## Response: art(yield)
##
##              F Df Df.res      Pr(>F)
## 1 cutting      152.32512  3      60 < 2.22e-16 ***
## 2 variety       11.56295  3      60 4.4213e-06 ***
## 3 cutting:variety  0.40399  9      60  0.92816
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

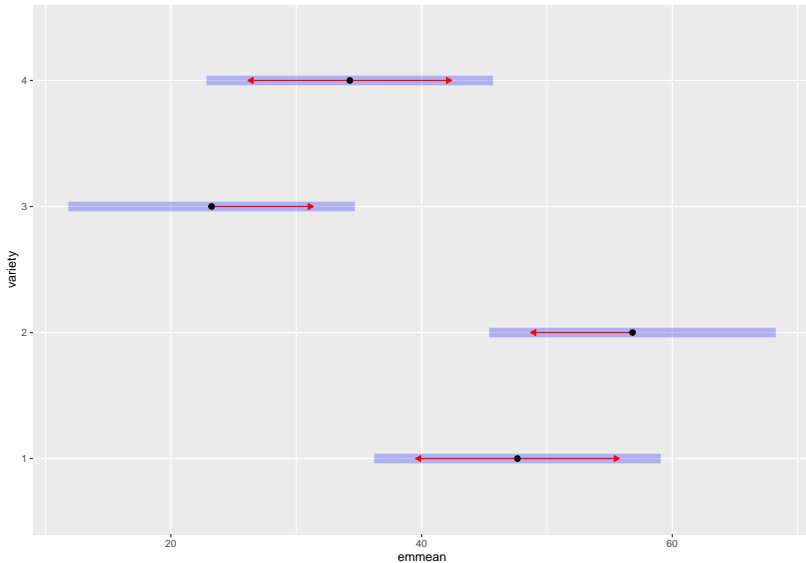
Uso de R ARTool en datos alfalfa

```
library(emmeans)
emmeans(artlm(m2, "variety"), pairwise ~ variety, adjust = "tukey")$contrasts
```

```
## contrast          estimate    SE df t.ratio p.value
## variety1 - variety2    -9.18 6.14 60  -1.494  0.4473
## variety1 - variety3    24.40 6.14 60   3.974  0.0011
## variety1 - variety4    13.38 6.14 60   2.178  0.1411
## variety2 - variety3    33.58 6.14 60   5.468 <.0001
## variety2 - variety4    22.55 6.14 60   3.672  0.0028
## variety3 - variety4   -11.03 6.14 60  -1.796  0.2856
##
## Results are averaged over the levels of: cutting
## Degrees-of-freedom method: kenward-roger
## P value adjustment: tukey method for comparing a family of 4 estimates
```

Uso de R ARTool alfala

```
library(emmeans)  
plot(emmeans(artlm(m2, "variety"), pairwise ~ variety, adjust="tukey"), comparisons = TRUE)
```



Uso de R ARTool alfala

```
library(emmeans)  
plot(emmeans(artlm(m2, "variety"), pairwise ~ variety|cutting, adjust="tukey"), comparisons = TRUE)
```

