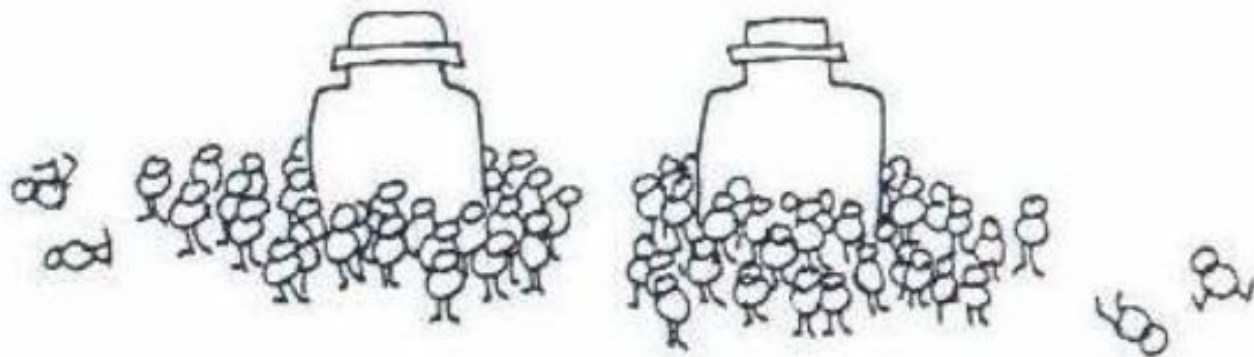
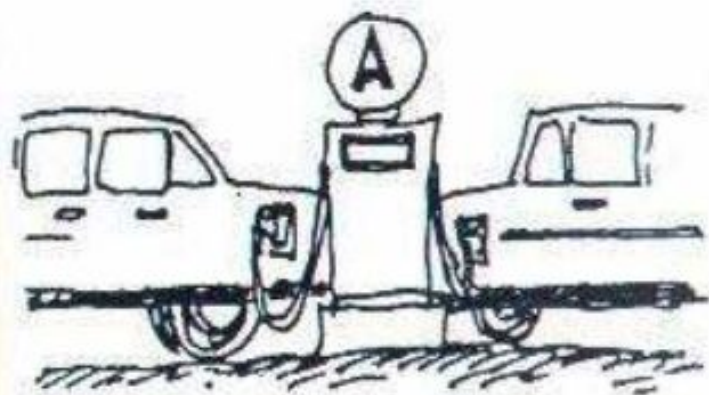


DISEÑO EXPERIMENTAL

A MENUDO, EL DISEÑO DE UN EXPERIMENTO ORIGINA SU ÉXITO O SU FRACASO. EN EL EJEMPLO DE COMPARACIÓN APAREADA, NUESTRO ESTADÍSTICO PASÓ DE ACUMULAR Y ANALIZAR DATOS DE FORMA PASIVA A PARTICIPAR ACTIVAMENTE EN EL DISEÑO EXPERIMENTAL.



Repetición: SE ASIGNAN LOS MISMOS TRATAMIENTOS A LAS DIFERENTES UNIDADES EXPERIMENTALES. SIN LA REPETICIÓN, RESULTA IMPOSIBLE ESTABLECER LA VARIABILIDAD NATURAL Y EL ERROR DE LA MEDIDA.




Control local: HACE REFERENCIA A CUALQUIER MÉTODO QUE REPRESENTA Y REDUZCA LA VARIABILIDAD NATURAL. UNA DE SUS FORMAS ES LA AGRUPACIÓN DE LAS UNIDADES EXPERIMENTALES EN BLOQUES.

Aleatorización: ¡ES EL PASO PRIMORDIAL DE TODAS LAS ESTADÍSTICAS! LOS TRATAMIENTOS DEBEN SER ASIGNADOS DE FORMA ALEATORIA A LAS UNIDADES EXPERIMENTALES.

UN MODELO DE REGRESIÓN DEL TOTAL DE LA POBLACIÓN ES UNA RELACIÓN LINEAL

$$Y = \alpha + \beta x + \epsilon$$



FIJATE EN LAS LETRAS GRIEGAS, QUE INDICAN EL DOMINIO DEL MODELO

y ES LA VARIABLE ALEATORIA DEPENDIENTE; x ES LA VARIABLE INDEPENDIENTE (QUE PUEDE SER ALEATORIA O NO); α Y β SON LOS PARÁMETROS QUE QUEREMOS ESTIMAR; Y ϵ REPRESENTA LAS FLUCTUACIONES DEL ERROR ALEATORIO.

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

$i = 1, \dots, \tau_i = \text{número de tratamientos}$

$j = 1, \dots, n_j = \text{número de repeticiones por tratamientos}$

Donde

$Y_{ij} = \text{unidad experimental que recibe el tratamiento } i \text{ en la repetición } j$

$\mu = \text{media de los tratamientos}$

$\tau_i = \text{efecto del } i - \text{ésimo tratamiento}$

$\varepsilon_{ij} = \text{error experimental}$

<i>FV</i>	<i>gl</i>
<i>Tratamientos</i>	$\tau - 1$
<i>Error</i>	$\tau(n - 1)$
<i>Total</i>	$\tau n - 1$

Diseño Completamente al Azar (DCA)

Tratamientos al Azar
El número de repeticiones puede ser diferente
Las unidades experimentales deben ser homogéneas

Ventajas

- Fácil de planear y analizar
- Máximo grado de libertad del error
- Las repeticiones por tratamiento pueden ser diferentes

Desventajas

- No recomendados para mucho tratamientos ($n > 20$)
- No recomendado para material de estudio heterogéneo

Diseño Completamente al Azar (DCA)

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

$i = 1, \dots, \tau_i = \text{número de tratamientos}$

$j = 1, \dots, n_j = \text{número de bloques}$

Donde

$Y_{ij} = \text{unidad experimental que recibe el tratamiento } i \text{ en el bloque } j$

$\mu = \text{media de los tratamientos}$

$\tau_i = \text{efecto del } i - \text{ésimo tratamiento}$

$\beta_j = \text{efecto del } j - \text{ésimo bloque}$

$\varepsilon_{ij} = \text{error experimental}$

<i>FV</i>	<i>gl</i>
<i>Tratamientos</i>	$\tau - 1$
<i>Bloques</i>	$n - 1$
<i>Error</i>	$(\tau - 1)(n - 1)$
<i>Total</i>	$\tau n - 1$

Diseño en Bloques Completos al Azar (DBCA)

<p>Disminuye el error experimental</p> <p>Las repeticiones son los bloques</p> <p>Permite formar grupos de unidades homogéneas</p> <p>Los tratamientos son asignados al azar dentro de cada bloque</p>	
Ventajas	Desventajas
<ul style="list-style-type: none"> ● Preciso, simple y flexible ● Fácil de analizar ● Las parcelas perdidas pueden ser estimadas 	<ul style="list-style-type: none"> ● No recomendados para mucho tratamientos ($n > 20$) ● No recomendado para material de estudio heterogéneo. ● El número de repeticiones deben ser iguales

Diseño en Bloques Completos al Azar (DBCA)

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + F_j + C_k + \varepsilon_{ij}$$

$i = 1, \dots, \tau = \text{número de tratamientos}$

$j = 1, \dots, \tau = \text{número de tratamientos}$

$k = 1, \dots, \tau = \text{número de tratamientos}$

Donde

Y_{ij} = unidad experimental que recibe el tratamiento i en la fila j con columna k

μ = media de los tratamientos

τ_i = efecto del i - ésimo tratamiento

F_j = efecto del j - ésima fila

C_k = efecto del k - ésima columna

ε_{ij} = error experimental

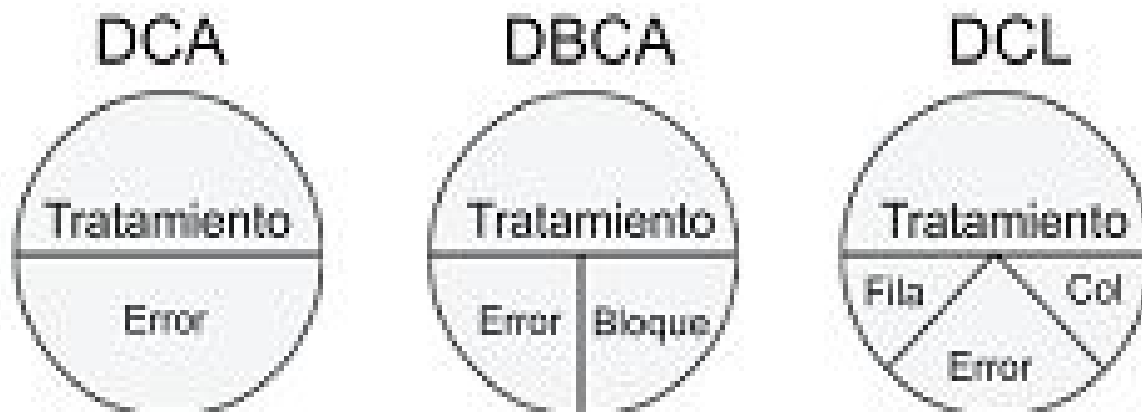
<i>FV</i>	<i>gl</i>
<i>Tratamientos</i>	$\tau - 1$
<i>Filas</i>	$\tau - 1$
<i>Columnas</i>	$\tau - 1$
<i>Error</i>	$(\tau - 1)(t - 2)$
<i>Total</i>	$\tau^2 - 1$

Diseño Cuadrado Latino (DCL)

<p>Disminuye el error experimental.</p> <p>Permite formar grupos de unidades homogéneas en 2 direcciones.</p> <p>Los tratamientos son asignados al azar de forma que cada fila y columna contenga todos los tratamientos.</p>	
Ventajas	Desventajas
<ul style="list-style-type: none"> ● Muy preciso ● Sencillo 	<ul style="list-style-type: none"> ● Número de tratamientos limitados por filas y columnas ($n < 10$). ● Los grados de libertad del error son limitados.

Diseño Cuadrado Latino (DCL)

Error experimental



Comparación de Diseños



Theory Demonstration

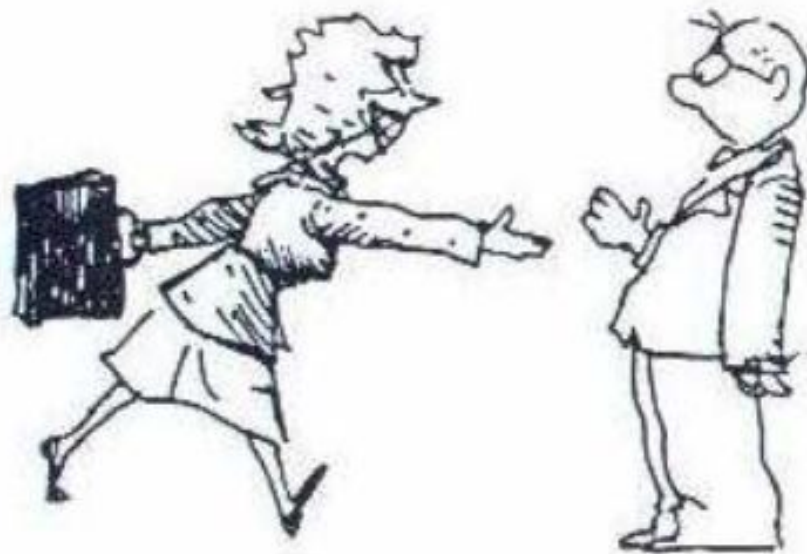
Factor	Conjunto de tratamientos de una misma clase
Niveles de un factor	Son los diferentes tratamientos que pertenece a un determinado factor. Puede ser Cualitativo o Cuantitativo
Tratamiento	Combinación específica entre los niveles de un factor
Experimento Factorial	Combinación de factores para formar tratamientos

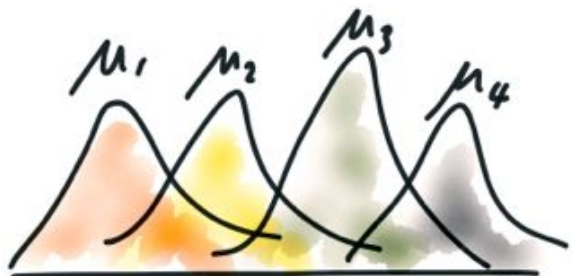
Diseño Factorial

Ventajas	Desventajas
<ul style="list-style-type: none"> ● Permite estudiar los efectos, principales e interacción de factores (simples, cruzados y anidados) ● Todas las unidades experimentales intervienen en la determinación de los efectos principales e interacciones (alto número de repeticiones) ● Alto número de grados de libertad del error, disminuyendo la varianza 	<ul style="list-style-type: none"> ● Mayor número de unidades experimentales genera mayores costos y trabajo en la ejecución. ● Análisis compleja, a medida que el número de factores y niveles aumenta. ● Algunas combinaciones en el experimento son innecesarias, más importantes para balancear el experimento. ● Análisis de la varianza diferente

Diseño Factorial

¿TIENE UN BUEN SEGURO
PROFESIONAL DE NEGLIGENCIA
ESTADÍSTICA?





ANOVA

$$\mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4 ?$$

```

1
2
3
4      av <- aov( TUBDW ~ Treat * Genotype, fb )
5      summary(av)
6
7
8
9
10
11
12      > av <- aov( TUBDW ~ Treat * Genotype, fb )
13      > summary(av)
14
15      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
16      Treat      1    9754      9754  97.313 <2e-16 ***
17      Genotype    14   20529     1466  14.629 <2e-16 ***
18      Treat:Genotype 14    2140      153   1.525  0.112
19      Residuals   120   12029      100
20      ---
21      Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
22
23
24
25
26
27
28
29
30

```

Analysis of variance


```
RClass.R x
Source on Save
Run Source

1
2
3
4 ##### Student-Newman-Keuls #####
5
6
7
8 mc <- SNK.test(av, c("Genotype", "Treat"))
9
10 mc$statistics
11 mc$means
12 mc$groups
13
14
15
16 ##### Honestly Significant Difference (Tukey) #####
17
18
19
20 mc <- HSD.test(av, c("Genotype", "Treat"))
21 mc$statistics
22 mc$means
23 mc$groups
24
25
26
27
28
29
30
```

```
> mc$statistics
      Mean      CV  MSerror
31.71713 31.56614 100.2376
> mc$means
      TUBDW      std  r   Min   Max
G01 28.523  9.544349 10 15.33 45.29
G02 19.675  7.539392 10 10.20 30.23
G03 38.336 13.163328 10 27.00 67.71
G04 39.194 20.180198 10 18.95 76.86
G05 39.156 16.699234 10 21.54 70.07
G06 11.628  9.304561 10  2.37 34.79
G07 19.358 11.005445 10 10.75 42.67
G08 20.745  9.991683 10  4.05 39.26
G09 50.180 18.388308 10 21.00 86.16
G10 28.209  8.835970 10 19.44 48.73
G11 43.316 13.217609 10 23.80 64.12
G12 32.634 14.972933 10 19.21 61.34
G13 20.908  5.206487 10 12.25 27.44
G14 30.741 12.364699 10 18.21 53.68
G15 53.154 18.658159 10 23.78 78.64
> mc$groups
      trt  means  M
1  G15 53.154  a
2  G09 50.180  a
3  G11 43.316  ab
4  G04 39.194  bc
5  G05 39.156  bc
6  G03 38.336  bc
7  G12 32.634  bcd
8  G14 30.741  bcd
9  G01 28.523  cd
10 G10 28.209  cd
11 G13 20.908  de
12 G08 20.745  de
13 G02 19.675  de
14 G07 19.358  de
15 G06 11.628  e
```

Mean Comparison Test

```
RClass.R x
Source on Save
Run
Source

1
2
3
4 ##### Using Mean Comparison Results #####
5
6 sm <- mutate(mc$means, trt = row.names(mc$means), ste = std/sqrt(r))
7 sm <- full_join(sm, mc$groups)
8 sm <- select(sm, trt, r, means, std, ste, M)
9 sm <- separate(sm, "trt", into = c("Genotype", "Irrigation"))
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
```

	Genotype	Irrigation	TUBDW	std	r	Min	Max	snk
1	G01	DRG	23.050	7.157828	5	15.33	33.12	efghij
2	G01	IRG	33.996	8.879416	5	22.45	45.29	cdefghi
3	G02	DRG	14.320	2.992215	5	10.20	17.67	hij
4	G02	IRG	25.030	6.874013	5	13.17	30.23	defghij
5	G03	DRG	30.292	3.404096	5	27.00	35.63	defghi
6	G03	IRG	46.380	14.714347	5	29.93	67.71	bcd
7	G04	DRG	25.876	2.058805	5	22.34	27.52	defghij
8	G04	IRG	52.512	21.647849	5	18.95	76.86	abc
9	G05	DRG	27.110	6.310681	5	21.54	36.86	defghij
10	G05	IRG	51.202	14.995163	5	36.44	70.07	abc
11	G06	DRG	6.064	3.960383	5	2.37	12.78	j
12	G06	IRG	17.192	10.085315	5	9.58	34.79	fghij
13	G07	DRG	15.496	4.517962	5	10.75	20.52	ghij
14	G07	IRG	23.220	14.656739	5	11.81	42.67	efghij
15	G08	DRG	13.102	5.991108	5	4.05	18.90	ij
16	G08	IRG	28.388	6.534058	5	21.96	39.26	defghi
17	G09	DRG	36.534	9.717187	5	21.00	44.83	cdefgh
18	G09	IRG	63.826	14.171633	5	50.34	86.16	ab
19	G10	DRG	26.552	4.650470	5	21.36	31.69	defghij
20	G10	IRG	29.866	12.131625	5	19.44	48.73	defghi
21	G11	DRG	35.244	10.324719	5	23.80	45.43	cdefghi
22	G11	IRG	51.388	11.117278	5	38.76	64.12	abc
23	G12	DRG	21.010	1.767583	5	19.21	23.44	fghij
24	G12	IRG	44.258	12.786979	5	31.66	61.34	cde
25	G13	DRG	16.680	3.382632	5	12.25	21.13	ghij
26	G13	IRG	25.136	2.204480	5	22.03	27.44	defghij
27	G14	DRG	23.956	4.971497	5	19.05	30.27	efghij
28	G14	IRG	37.526	14.289390	5	18.21	53.68	cdefg
29	G15	DRG	39.510	11.303157	5	23.78	50.53	cdef
30	G15	IRG	66.798	13.788666	5	45.41	78.64	a

Data Summary

