

Introducción a los Diseños Experimentales con R

Ana Vargas e-mail: anavargas@lamolina.edu.pe

2019-01-27

Contents

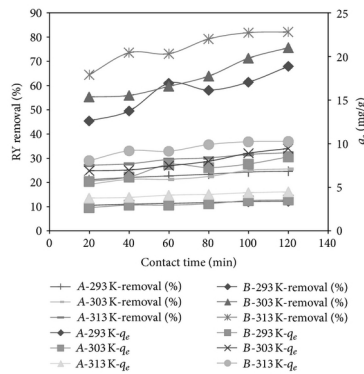
Presentación	5
1 Introducción	7
1.1 ¿Qué es el método científico?	7
1.2 ¿Estudio de diseño observacional o estudio de diseño experimental?	8
1.3 Breve historia de los diseño de experimentos	8
1.4 Principios básicos de los diseños experimentales	8
1.5 Pasos para planear, conducir y analizar un experimento	9
1.6 Elementos básicos	9
2 Experimentos simples comparativos	11
2.1 Prueba t para dos muestras independientes	11
2.2 Ejemplo: Motivación y creatividad. Un experimento aleatorizado	11
2.3 Sobre los supuestos:	14
2.4 Actividad	14
3 Diseño Completamente al Azar	19
3.1 Plan de diseño	19
3.2 Análisis de Varianza	19
3.3 Prueba de Comparaciones por pares	22
3.4 Prueba de comparaciones Múltiples	23
3.5 Actividad	27
4 Diseño en Bloque Completamente al Azar	29
4.1 Plan de diseño	29
4.2 Análisis de Varianza	30
4.3 Actividad	33
5 Diseño Cuadrado Latino	35
5.1 Plan de diseño	35
5.2 Análisis de Varianza	36
5.3 Actividad	39
6 Introducción a los Experimentos factoriales	41
6.1 Experimentos factorial $p \times q$	41
6.2 Actividad	46

Presentación

Esta guía ha sido elaborada como material de apoyo al curso de extensión *Introducción a los Diseños Experimentales con R*, creado para proporcionar una comprensión básica de los fundamentos de los diseños de experimentos y analizar los resultados utilizando R como herramienta de análisis estadístico. El curso de extensión es presencial y es desarrollado por el Departamento de Estadística e Informática. DEI de la UNALM para el público en general con interés en desarrollar un experimento y con conocimientos mínimos de estadística descriptiva e inferencial

Al finalizar este curso se espera:

- Entender los principios de los Diseños de Experimentos
- Utilizar R en el análisis de resultados simples comparativos en contextos experimentales
- Utilizar R en el análisis de resultados de experimentos con factores dispuestos en un diseño completamente aleatorizado (DCA)
- Utilizar R en el análisis de resultados de experimentos con factores dispuestos en un diseño en bloque completamente aleatorizado (DBCA) y en cuadrado latino (DCL)
- Entender el contexto de los experimentos factoriales



Chapter 1

Introducción

Esta unidad tiene por objetivos:

- Entender los principios de los Diseños de Experimentos.
- Reconocer las guías o pautas necesarias de un diseño de experimentos.

1.1 ¿Qué es el método científico?

El método científico ha sido el pilar para investigar el mundo natural. Es a partir de esto que los científicos llegan correctamente a nuevos conocimientos y actualizan sus conocimientos previos.

De forma general se puede resumir los pasos del método científico como:

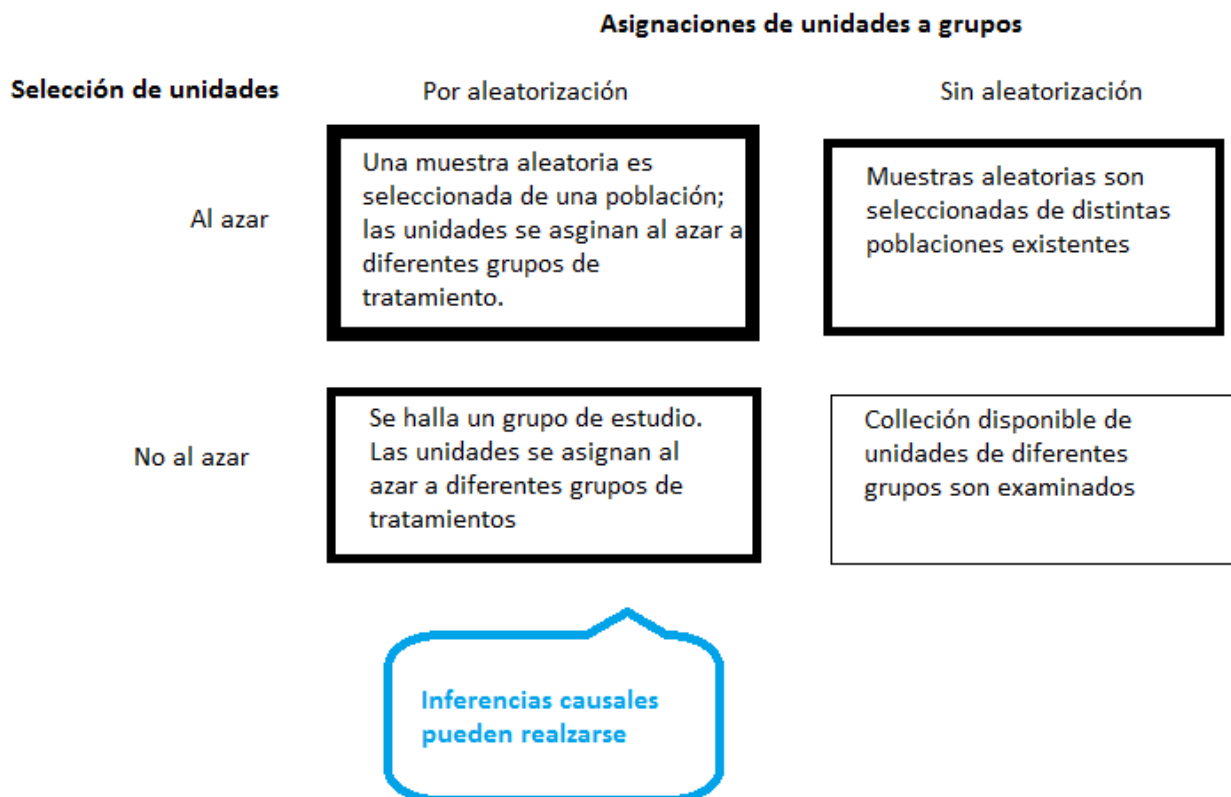
1. Observar y realizar una pregunta
2. Formular una hipótesis o explicación contrastable.
3. Plantear una predicción basada en la hipótesis
4. Probar la predicción.
5. Utilizar los resultados para realizar nuevas hipótesis o predicciones.

ACTIVIDAD

Piense en un fenómeno que desea investigar. Especifique cómo puede manipular el factor en estudio y mantener todos los demás factores o condiciones fijas para asegurarse de que estas no influyan en la respuesta que planea medir.

Luego decida como medir la variable respuesta elegida del factor en estudio. Si al cambiar los niveles del factor en estudio causa que el fenómeno cambie, entonces podría concluir que efectivamente existe una relación de causa y efecto en el trabajo.

1.2 ¿Estudio de diseño observacional o estudio de diseño experimental?



Inferencias estadísticas permitidas según el diseño de estudio
 Tomada de Ramsey (2002)

1.3 Breve historia de los diseños de experimentos

- Origen en la agricultura (1918-1940). ANOVA
- Primera era industrial (1951 – finales 1970). Box & Wilson. Superficies de respuestas. Aplicaciones en procesos químicos e industriales
- Segunda era industrial (finales de 1970s – 1990). Iniciativas de mejoramiento de la calidad en algunas compañías. Diseño de Taguchi y de parámetros robustos.
- Era moderna. Se caracteriza por emplear técnicas estadísticas para tomar decisiones basadas en la calidad. Desarrollo de ensayos clínicos.

1.4 Principios básicos de los diseños experimentales

- Aleatorización. Componente esencial de cualquier experimento para tener validez.
- Replicación. Es fundamental detrás de cada método estadístico para saber cuán precisas son las

estimaciones finales.

- Control local. Procedimiento para incluir otros factores en un experimento que contribuyen a una variación no deseable. La idea es usar creativamente varias técnicas como bloqueo, balanceo, etc para controlar las fuentes de variación que reducirán la varianza del error.

1.5 Pasos para planear, conducir y analizar un experimento

Los pasos prácticos necesarios para planificar y realizar un experimento incluyen: reconocer el objetivo del experimento, elegir los factores, respuesta(s), diseño, análisis, para luego elaborar conclusiones.

1. Reconocimiento y planteamiento del problema.
2. Elección de factores, niveles y rangos.
3. Selección de la(s) variable(s) respuesta(s).
4. Elección de diseño.
5. Conducir el experimento.
6. Análisis estadístico.
7. Elaborar conclusiones y recomendaciones.

1.6 Elementos básicos

1.6.1 Unidad experimental

Son elementos o cosas a los cuales se aplica los tratamientos. Pueden ser personas, ratones, muestras de un material, etc.

1.6.2 Error experimental

Cuantifica la variación existente entre las observaciones tratadas con iguales tratamientos.

1.6.3 Factor

Variable explicativa o predictora que afecta los resultados del experimento. Pueden clasificarse de distintos puntos de vista:

- Según sean de interés (factores primarios) o no (ruido).
- Según puedan ser especificado y asignados aleatoriamente: factores experimentales y factores de clasificación.
- Factores cualitativos o cuantitativos.

Los tratamientos son los niveles de un factor o la combinación de niveles de los factores de interés.

" To call in the statistician after the experiment is done may be no more than asking him to perform a post-mortem examination: he may be able to say what the experiment died of. "
(R. Fisher) .

Chapter 2

Experimentos simples comparativos

En esta sesión se tiene como objetivos:

- Revisar los conceptos de estadística básica y herramientas de inferencia para experimentos simples comparativos.
- Revisar y probar los supuestos sobre la prueba t

2.1 Prueba t para dos muestras independientes

Para la prueba t de dos muestras, se supone que ambas muestras provienen de poblaciones normales con medias μ_i (posiblemente diferentes) y varianzas σ^2 . Cuando las varianzas no son iguales, se puede intentar superar esto transformando los datos. También existe una versión de la prueba t de dos muestras que puede manejar diferentes varianzas, pero desafortunadamente esto no se extiende a modelos ANOVA más complejos. Para probar la hipótesis de que las medias μ_i son iguales: $H_0 : \mu_1 - \mu_2 = 0$. El Estadístico de prueba es:

$$t_c = \frac{\bar{y}_1 - \bar{y}_2}{s_p \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

Nota Sobre el p-valor: El p-valor es usado como una medida de credibilidad de la hipótesis. Para la prueba t es la probabilidad de obtener un valor del estadístico muestral tan extremo o más extremo que el t_c en evidencia contra la hipótesis nula, si la hipótesis nula es correcta

2.2 Ejemplo: Motivación y creatividad. Un experimento aleatorizado

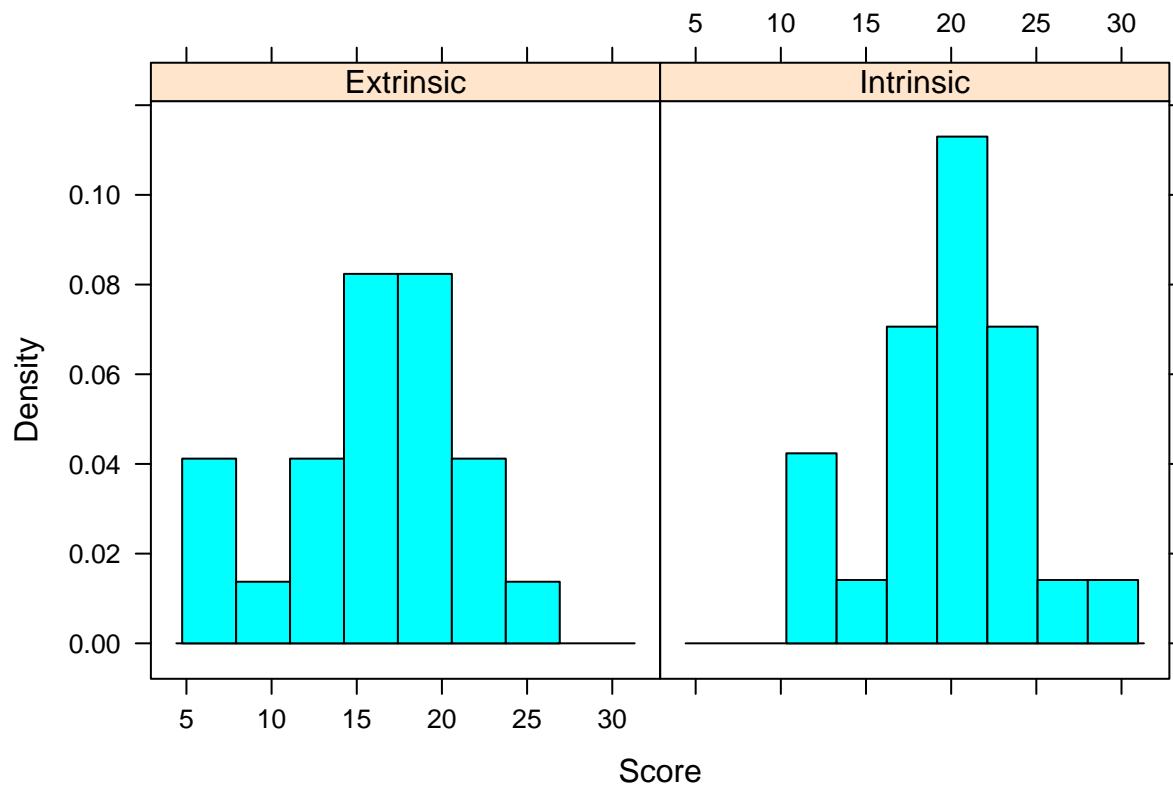
¿Los sistemas de calificación promueven la creatividad en los estudiantes? ¿Los sistemas de clasificación y los premios de incentivo aumentan la productividad entre los empleados? ¿Las recompensas y los elogios estimulan a los niños a aprender? aunque los sistemas de premiación son profundamente arraigados en la escuela y lugar de trabajo, cada vez existe más evidencia que sugieren que los premios y recompensas puede influir de forma opuesta de lo que se espera. Un estudio memorable fue realizado por la psicóloga Teresa Amabile en un experimento sobre los efectos de la motivación intrínseca y extrínseca en la creatividad. (Datos basados en el estudio de Y. Amabile “Motivation and Creativity: Effects of Motivational Orientation on Creative Writers”. Journal of Personality and Social Psychology 48(2) (1985):393-99)

```
# cargando paquetes y datos:  
library(Sleuth2)  
library(mosaic)
```

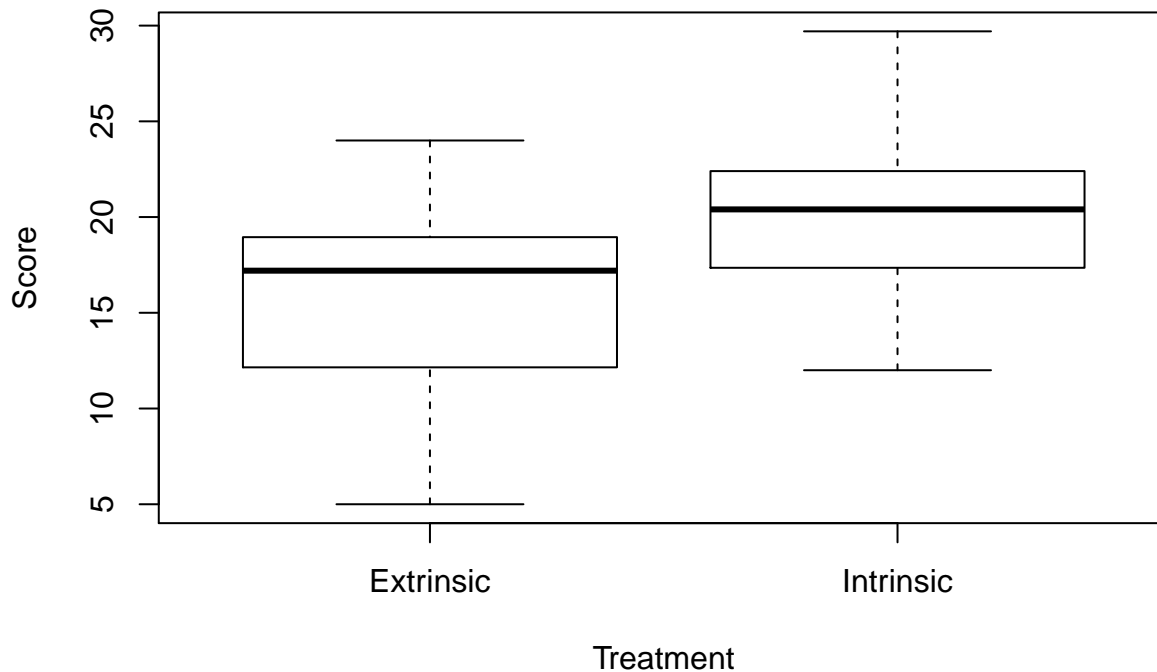
```
datos<-case0101
summary(datos)
```

```
##      Score      Treatment
## Min.   : 5.0   Extrinsic:23
## 1st Qu.:14.9   Intrinsic:24
## Median :18.7
## Mean   :17.9
## 3rd Qu.:21.2
## Max.   :29.7
```

```
histogram(~Score | Treatment, data = datos)
```



```
plot(Score ~ Treatment, data = datos)
```



```
favstats(Score ~ Treatment, data = datos)
```

```
## Treatment min Q1 median Q3 max mean sd n missing
## 1 Extrinsic 5 12 17 19 24 16 5.3 23 0
## 2 Intrinsic 12 17 20 22 30 20 4.4 24 0
```

```
t.test(Score ~ Treatment, alternative = "two.sided", var.equal = TRUE, data = datos)
```

```
##
## Two Sample t-test
##
## data: Score by Treatment
## t = -3, df = 40, p-value = 0.005
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -7.0 -1.3
## sample estimates:
## mean in group Extrinsic mean in group Intrinsic
## 16 20
```

```
summary(lm(Score ~ Treatment, data = datos))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = Score ~ Treatment, data = datos)
##
## Residuals:
## Min 1Q Median 3Q Max
## -10.74 -2.98 1.06 2.96 9.82
##
## Coefficients:
## Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 17.811 0.708 25.15 <2e-16 ***
## Treatment1 -2.072 0.708 -2.93 0.0054 **
```

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 4.8 on 45 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.16,    Adjusted R-squared:  0.141
## F-statistic: 8.56 on 1 and 45 DF,  p-value: 0.00537
anova(lm(Score ~ Treatment, data = datos))

## Analysis of Variance Table
##
## Response: Score
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Treatment  1    202   201.7    8.56 0.0054 **
## Residuals 45   1060    23.6
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
residuos<- residuals.lm(lm(Score ~ Treatment, data = datos))
datos<-c(datos,as.data.frame(residuos))
shapiro.test(residuos)

##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  residuos
## W = 1, p-value = 0.2
bartlett.test(residuos~Treatment,datos)

##
##  Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data:  residuos by Treatment
## Bartlett's K-squared = 0.6, df = 1, p-value = 0.4
```

2.3 Sobre los supuestos:

Los supuestos como muestras independientes provenientes de poblaciones normales con igual desviación estándar raramente son encontrados en la práctica. La prueba t de dos muestras es válida a menudo aún si no es posible asumir estos supuestos debido a su robustez, sin embargo no es resistente es decir puede ser afectada por pequeños cambios en los datos (outliers). Es necesario evaluar la adecuación de las herramientas y decidir usar la prueba estándar o un procedimiento alternativo en cada problema.

2.4 Actividad

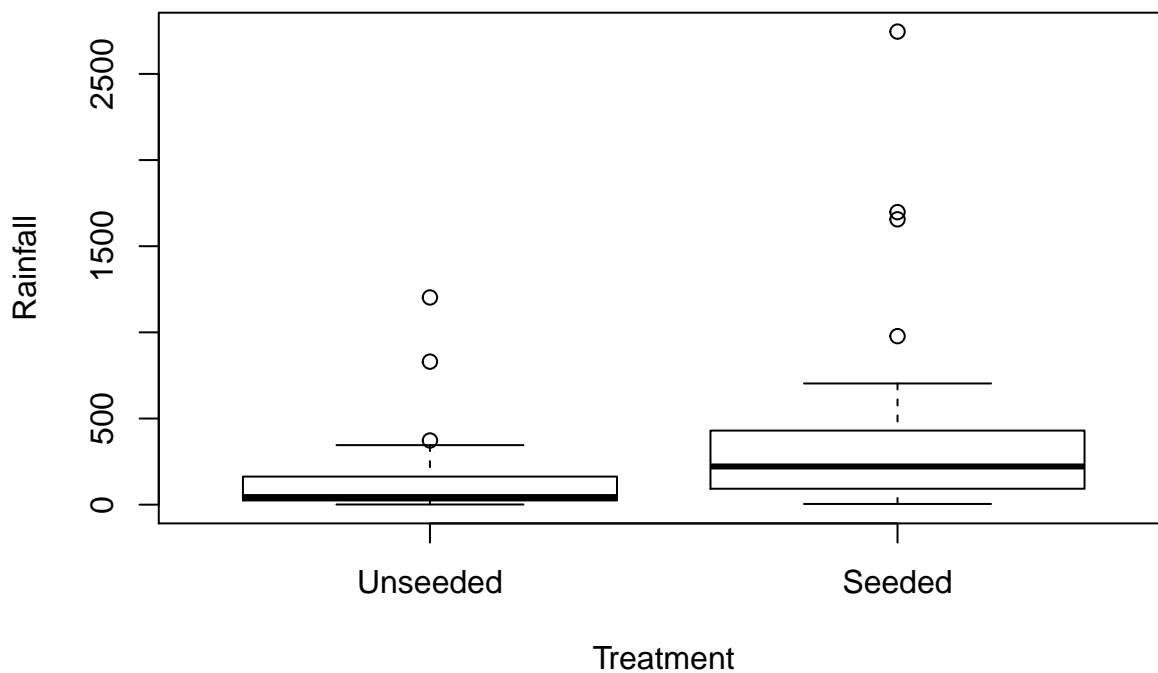
Descargar la data “Case0301” de la librería “Sleuth2”. Los datos que se muestran fueron recolectados entre 1968 y 1972 para probar la hipótesis que la inyección masiva de yoduro de plata en cúmulos de nube puede llevar a un incremento de los niveles de lluvia. En cada uno de los 52 días que se consideraron adecuados para la siembra de nubes se decidió mediante un mecanismo aleatorio sembrar o no (control) la nube objetivo con yoduro de plata. La precipitación fue medida como el volumen de lluvia total a lo largo de la trayectoria que siguió el aeroplano que sobrevoló las nubes.

Realizar un análisis exploratorio con los datos, ¿qué sugieren?

```
##      Rainfall      Treatment
```

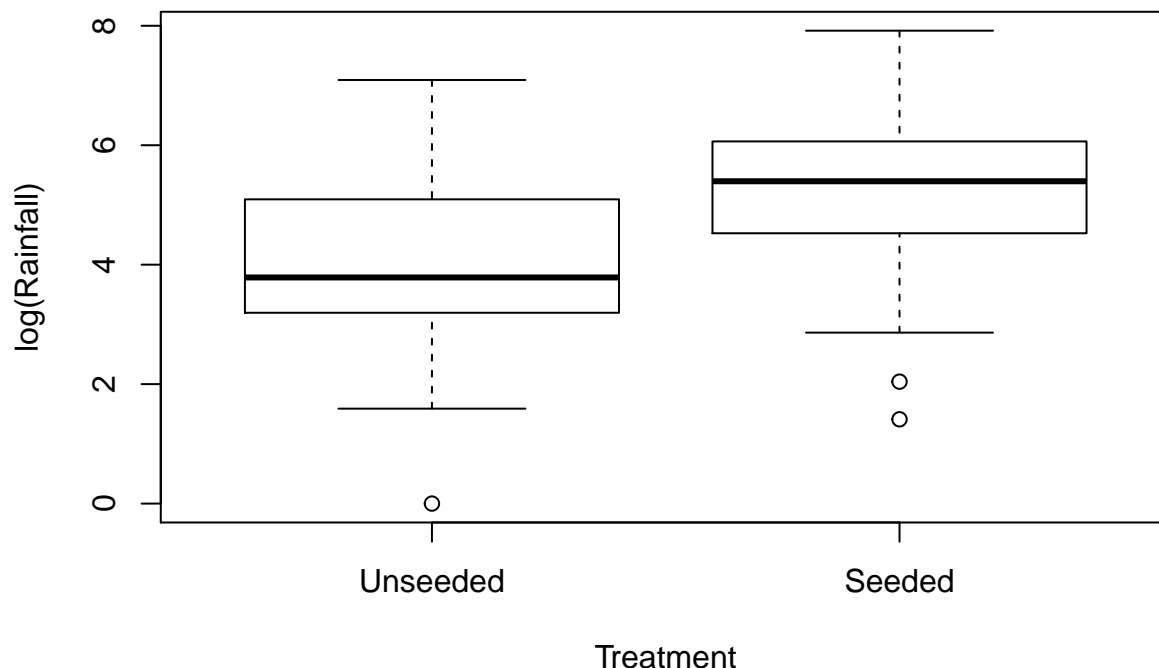
```
## Min.    : 1    Unseeded:26
## 1st Qu.: 29    Seeded  :26
## Median : 117
## Mean   : 303
## 3rd Qu.: 307
## Max.   :2746
```

```
## Treatment min Q1 median Q3 max mean sd n missing
## 1 Unseeded 1.0 25    44 159 1203 165 278 26    0
## 2 Seeded 4.1 98    222 406 2746 442 651 26    0
```



Realizar un análisis exploratorio con los datos transformado con logaritmo natural los niveles de lluvia, ¿qué sugieren?

```
## Treatment min Q1 median Q3 max mean sd n missing
## 1 Unseeded 0.0 3.2    3.8 5.1 7.1 4.0 1.6 26    0
## 2 Seeded 1.4 4.6    5.4 6.0 7.9 5.1 1.6 26    0
```



```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: log(Rainfall)
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Treatment  1     17   17.01    6.47  0.014 *
## Residuals 50     131    2.63
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

##
## Call:
## lm(formula = log(Rainfall) ~ Treatment, data = datos)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -3.990 -0.745  0.162  1.019  3.102
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)    4.562     0.225    20.30  <2e-16 ***
## Treatment1     -0.572     0.225    -2.54   0.014 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.6 on 50 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.115, Adjusted R-squared:  0.0969
## F-statistic: 6.47 on 1 and 50 DF, p-value: 0.0141

## Analysis of Variance Table
##
## Response: Rainfall
##           Df   Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Treatment  1 1000332 1000332    3.99  0.051 .
```



```
## Residuals 50 12526131 250523
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```


Chapter 3

Diseño Completamente al Azar

En esta sección se tiene por objetivos:

- Diseñar un plan para DCA
- Ejecutar el análisis de varianza y evaluación de supuestos
- Realizar pruebas de comparaciones

3.1 Plan de diseño

```
# Cargando paquetes
library(agricolae)
tratam <- c("A", "B", "C")
repeticion <- c(4, 3, 4)
outdesign <- design.crd(tratam, r=repeticion, seed=777, serie=0)
book1 <- outdesign$book
print(book1)
```

```
##      plots r tratam
## 1         1 1      B
## 2         2 1      A
## 3         3 2      A
## 4         4 1      C
## 5         5 2      C
## 6         6 3      A
## 7         7 2      B
## 8         8 3      C
## 9         9 3      B
## 10        10 4      A
## 11        11 4      C
```

```
write.csv(book1, "plan1.csv", row.names=FALSE)
```

3.2 Análisis de Varianza

En el diseño experimental de una sola clasificación, o de una sola vía, las unidades experimentales se considera que provienen de una misma población, con media μ , y σ^2 , luego de la asignación aleatoria de los t tratamientos en r unidades experimentales cada uno, las unidades experimentales se consideran que

proviene de sub-poblaciones con media μ_i y varianza común σ^2 , siendo la media de la i -ésima subpoblación, $\mu_i = \mu + \tau_i$, igual a la media general más el efecto del i -ésimo tratamiento τ_i .

El modelo aditivo lineal:

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

Las suposiciones básicas:

- Independencia, las unidades experimentales deben elegirse aleatoriamente, las mediciones realizadas en tales unidades experimentales deben ser independientes entre sí.
- Homogeneidad de varianzas, las varianzas de las mediciones realizadas dentro de cada tratamiento deben ser iguales entre sí, e iguales a una varianza común σ^2 .
- Normalidad, las mediciones deben distribuirse normalmente.

Los tratamientos se pueden considerar como:

- Efectos fijos (FIJO), si tan sólo interesa cuantificar los efectos de los tratamientos seleccionados para el experimento y comparar entre sí tales efectos. El investigador elige los tratamientos a estudiar.
- Efectos al azar (ALEATORIO), si los tratamientos estudiados representan una muestra aleatoria de los distintos tratamientos de interés para el investigador; interesa conocer la variabilidad presente entre los distintos efectos de tratamientos. El investigador tiene control parcial sobre qué tratamientos participarán en el experimento.

Para el Modelo I o de efectos Fijos, la hipótesis a probar es:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_t = \mu$$

$$H_1 : \text{al menos un } \mu_i \neq \mu$$

Ejemplo:

Un fisiólogo de animales estudió la función pituitaria de las gallinas, bajo el régimen estándar de muda de pluma forzada que usan los productores de huevo para mantenerlas en producción. Se usaron 25 gallinas en el estudio. Cinco gallinas se sacrificaron para las mediciones cada vez, una previa al régimen de muda forzada, y al final de cada una de las cuatro etapas del régimen. Las cinco condiciones experimentales (tratamientos) corresponden a: 1) premuda (control), 2) ayuno de 8 días, 3) 60 gramos de salvado al día durante 10 días, 4) 80 gramos de salvado al día durante 10 días y 5) mezcla de malta durante 42 días. El objetivo era monitorear las respuestas fisiológicas asociadas con la función pituitaria de las gallinas durante el régimen para explicar por qué vuelven a producir después de la muda forzada. Uno de los compuestos medidos fue la concentración de suero T3. Los datos de la tabla son las medidas de suero T3 en las cinco gallinas sacrificadas al final de cada etapa del régimen.

(Ejercicio 2.3 tomado del libro Diseños de Experimentos de R. Kuehl)

Cargando datos:

```
library(mosaic)
datos <- read.table("kuehl2.3.txt", header=T)
summary(datos)
```

```
##      trat      serum.T3
## Min.    :1   Min.    : 74
## 1st Qu.:2   1st Qu.: 90
## Median :3   Median :103
## Mean   :3   Mean   :121
## 3rd Qu.:4   3rd Qu.:120
## Max.   :5   Max.   :226
```

```
favstats(serum.T3 ~ trat, data = datos)
```

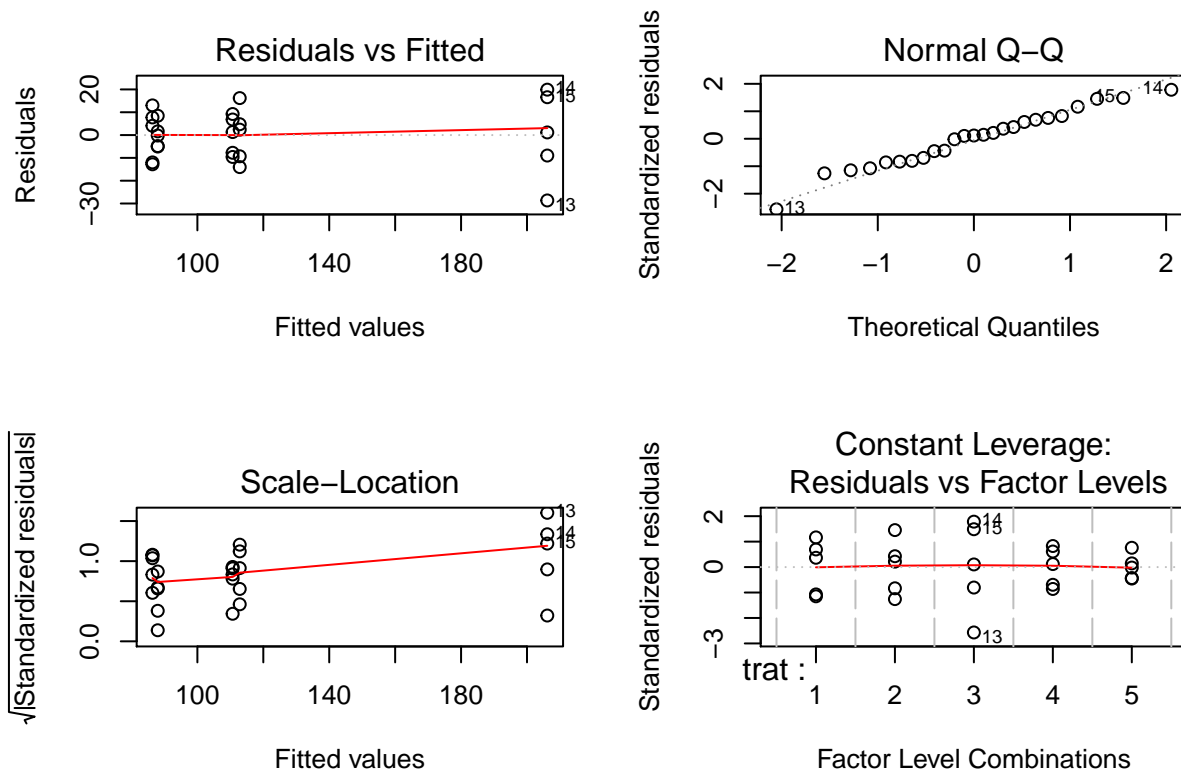
```
##   trat min  Q1 median  Q3 max mean  sd n missing
## 1    1  74  74     90  94  99   86 11.8 5      0
```

```
## 2    2  99 104    115 118 129  113 12.0 5      0
## 3    3 178 197    207 223 226  206 19.8 5      0
## 4    4 101 103    112 118 120  111  8.5 5      0
## 5    5  83  83     88  90  96   88  5.5 5      0
```

```
datos$trat<-as.factor(datos$trat)
anova(lm(serum.T3~trat,datos))
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: serum.T3
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## trat         4  48569   12142    78.1 6.5e-12 ***
## Residuals    20    3110     156
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
summary(lm(serum.T3~trat,datos))
```

```
##
## Call:
## lm(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -28.66  -8.98   1.32   7.72  19.89
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   120.81      2.49   48.44 < 2e-16 ***
## trat1         -34.44      4.99   -6.90 1.1e-06 ***
## trat2          -7.96      4.99   -1.60  0.126
## trat3          85.35      4.99   17.11 2.1e-13 ***
## trat4         -10.12      4.99   -2.03  0.056 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 12 on 20 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.94,    Adjusted R-squared:  0.928
## F-statistic: 78.1 on 4 and 20 DF,  p-value: 6.48e-12
par(mfrow=c(2,2))
plot(lm(serum.T3~trat,datos))
```



```
residuales<-residuals(lm(serum.T3~trat,datos))
datos<-cbind(datos,as.data.frame(residuales))
library(nortest)
ad.test(residuales)
```

```
##
## Anderson-Darling normality test
##
## data:  residuales
## A = 0.2, p-value = 0.8
```

```
#library(car)
#leveneTest(serum.T3~trat,datos)
```

3.3 Prueba de Comparaciones por pares

```
pairwise.t.test(datos$serum.T3,datos$trat,p.adjust.method="none")
```

```
##
## Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
##
## data:  datos$serum.T3 and datos$trat
##
##    1     2     3     4
## 2 0.003 -     -     -
## 3 2e-12 2e-10 -     -
## 4 0.006 0.787 1e-10 -
## 5 0.841 0.005 2e-12 0.009
##
```

```
## P value adjustment method: none
```

3.4 Prueba de comparaciones Múltiples

Buscan controlar la probabilidad de cometer el error Tipo I a nivel del experimento, cuando se realizan comparaciones entre las medias de tres o más tratamientos. Entre las procedimientos de comparaciones múltiples tenemos:

3.4.1 Diferencia Mínima Significativa(DLS)

Se basa en la prueba de t para pares de medias. Se recomienda realizar la prueba tan sólo si la prueba F del Análisis de Varianza resulta significativa. Si el número de comparaciones es muy grande se recomienda utilizar la corrección de Bonferroni y utilizar el nivel de significación α/k , donde $k = \frac{t(t-1)}{2}$; de esta manera, el nivel de significación del conjunto de comparaciones (nivel de significación del experimento) es α .

```
pairwise.t.test(datos$serum.T3,datos$trat, p.adjust.method = "bonf")
```

```
##
## Pairwise comparisons using t tests with pooled SD
##
## data: datos$serum.T3 and datos$trat
##
##      1      2      3      4
## 2 0.03  -      -      -
## 3 2e-11 2e-09 -      -
## 4 0.06  1.00  1e-09 -
## 5 1.00  0.05  2e-11 0.09
##
## P value adjustment method: bonferroni
```

3.4.2 Prueba de Tukey para *post-hoc* comparaciones de pares de tratamientos

Se basa en la diferencia estudiantizada, para probar la hipótesis nula $H_0 : \mu_i = \mu_j$ versus la alternativa hipótesis $H_0 : \mu_i \neq \mu_j$, para todo $i, j = 1, 2, \dots, t$, a un nivel de significación α se le conoce como prueba de la Diferencia Honestamente Significativa (DHS), ejerce control sobre el nivel de significación del experimento cuando el número de repeticiones es el mismo en cada tratamiento. Esta prueba requiere que las medias de los tratamientos no estén correlacionadas y tengan igual varianzas, es decir, el número de repeticiones de cada tratamiento debe ser el mismo. Mantiene el nivel de significación del experimento al nivel determinado, pero en cambio resulta con menor potencia, siendo una prueba de significación conservadora.

```
TukeyHSD(aov(serum.T3~trat,datos))
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## $trat
##      diff      lwr      upr p adj
## 2-1  26.5      2.88  50.08  0.02
## 3-1 119.8     96.18 143.38  0.00
## 4-1  24.3      0.72  47.92  0.04
## 5-1   1.6    -22.00  25.20  1.00
## 3-2  93.3     69.70 116.90  0.00
## 4-2  -2.2    -25.76  21.44  1.00
```

```
## 5-2 -24.9 -48.48 -1.28 0.04
## 4-3 -95.5 -119.06 -71.86 0.00
## 5-3 -118.2 -141.78 -94.58 0.00
## 5-4 -22.7 -46.32 0.88 0.06

library(multcomp)
model<-aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
compTukey<- confint(glht(model, linfct = mcp(trat = "Tukey")))
summary(compTukey)

##
## Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 2 - 1 == 0    26.48      7.89   3.36  0.023 *
## 3 - 1 == 0   119.78      7.89  15.19 <0.001 ***
## 4 - 1 == 0    24.32      7.89   3.08  0.041 *
## 5 - 1 == 0     1.60      7.89   0.20  1.000
## 3 - 2 == 0    93.30      7.89  11.83 <0.001 ***
## 4 - 2 == 0    -2.16      7.89  -0.27  0.999
## 5 - 2 == 0   -24.88      7.89  -3.15  0.036 *
## 4 - 3 == 0   -95.46      7.89 -12.10 <0.001 ***
## 5 - 3 == 0 -118.18      7.89 -14.98 <0.001 ***
## 5 - 4 == 0   -22.72      7.89  -2.88  0.063 .
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

3.4.3 Prueba de Dunnett para comparar cada uno de los tratamientos a un control

Se utiliza cuando las comparaciones de interés (a priori) son entre un conjunto de $(t-1)$ medias de tratamientos no correlacionadas y un control. Se obtiene mayor potencia mediante el uso de un método de comparación que se restringe a comparar cada tratamiento con el control. La prueba de Dunnett controla el Error Tipo I de las comparaciones individuales y mantiene el nivel de significación del experimento al nivel α determinado.

En el ejemplo asumiendo que premuda es el control

```
library(multcomp)
ni<-tapply(datos$serum.T3,datos$trat,length)
contr<-contrMat(ni,type="Dunnett")
model<-aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
compDunnet<- confint(glht(model, linfct = mcp(trat = contr)))
compDunnet

##
## Simultaneous Confidence Intervals
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
```



```
##
## Fit: aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## Quantile = 2.6
## 95% family-wise confidence level
##
##
## Linear Hypotheses:
##           Estimate lwr      upr
## 2 - 1 == 0  26.478    5.584  47.372
## 3 - 1 == 0 119.782   98.888 140.676
## 4 - 1 == 0  24.320    3.426  45.214
## 5 - 1 == 0   1.598  -19.296  22.492
summary(compDunnet)

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
##
## Fit: aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 2 - 1 == 0    26.48      7.89    3.36   0.011 *
## 3 - 1 == 0   119.78      7.89   15.19  <0.001 ***
## 4 - 1 == 0    24.32      7.89    3.08   0.020 *
## 5 - 1 == 0     1.60      7.89    0.20   0.999
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

3.4.4 Pruebas de Duncan

El contraste de Duncan utiliza, como el HSD de Tukey, la distribución del recorrido estudentizado. Se diferencia de ese test en que su aplicación es secuencial, en el sentido de no utilizar un único valor crítico para todas las diferencias de medias, como el de Tukey, sino un valor crítico que depende del número de medias comprendido entre las dos medias que se comparan, habiendo ordenado previamente las medias en orden creciente.

```
library(agricolae)
model<-aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
duncan.test(model,"trat",console=TRUE)

##
## Study: model ~ "trat"
##
## Duncan's new multiple range test
## for serum.T3
##
## Mean Square Error:  156
##
## trat,  means
##
```

```
##      serum.T3  std r Min Max
## 1          86 11.8 5   74  99
## 2         113 12.0 5   99 129
## 3         206 19.8 5  178 226
## 4         111  8.5 5  101 120
## 5          88  5.5 5   83  96
##
## Alpha: 0.05 ; DF Error: 20
##
## Critical Range
##  2  3  4  5
## 16 17 18 18
##
## Means with the same letter are not significantly different.
##
##      serum.T3 groups
## 3         206      a
## 2         113      b
## 4         111      b
## 5          88      c
## 1          86      c
```

3.4.5 Pruebas de significación de contrastes para comparaciones pre-planeadas

Al planear un experimento, los tratamientos se seleccionan de tal manera que comparaciones entre ellos permitan responder a las interrogantes que suscitaron la realización del experimento. Estas comparaciones pre-planeadas se pueden analizar mediante contrastes. Un contraste corresponde a una función lineal de las medias de tratamientos, definida por una determinada comparación de interés.

$$C = \sum_{i=1}^t C_i \mu_i$$

tal que: $\sum c_i = 0$ para el caso balanceado.

Se puede utilizar una prueba de F para probar la hipótesis nula de que el contraste C es igual a cero, $H_0 : C = 0$ versus la hipótesis alternativa $H_1 : C \neq 0$ a un nivel de significación α .

En el ejemplo suponga que se quiere probar simultáneamente:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_3, \mu_1 + \mu_3 = \mu_4 + \mu_5, \mu_4 = \mu_5, \mu_2 = \mu_1 + \mu_3 + \mu_4 + \mu_5$$

```
library(multcomp)
model<-aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
K <- rbind("1 vs 3" = c(1,0,-1,0,0),
"1,3 vs 4,5" = c(-1,0,-1,1,1),
"4 vs 5" = c(0,0,0,1,-1),
"2 vs 1,3,4,5" = c(-1,4,-1,-1,-1))
comp <- glht(model,linfct = mcp(trat=K),alternative = "two.sided")
summary(comp)
```

```
##
##      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
##
```

```
## Fit: aov(formula = serum.T3 ~ trat, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 1 vs 3 == 0      -119.78      7.89  -15.19  <0.001 ***
## 1,3 vs 4,5 == 0   -93.86     11.15   -8.42  <0.001 ***
## 4 vs 5 == 0       22.72      7.89    2.88   0.036 *
## 2 vs 1,3,4,5 == 0 -39.79     24.94   -1.60   0.401
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

3.5 Actividad

Una serie de estudios, que involucran varias especies de animales, hallaron que la restricción de ingesta calórica puede incrementar dramáticamente la esperanza de vida. En uno de tales estudios en ratones hembras fueron asignados aleatoriamente a uno de los seis grupos de tratamientos siguientes:

- Grupo NP: los ratones comían tanto como quisiera de una dieta estándar de laboratorio.
- Grupo N/N85: este grupo fue alimentado normalmente antes y después del destete. Después del destete la ración fue controlada a 85kcal/wk. Este grupo además del grupo NP, sirve como control pues la ingesta de calorías es razonablemente constante.
- Grupo N/R50: este grupo fue alimentado con una dieta normal antes del destete y una dieta reducida en calorías de 50 kcal/wk después del destete.
- Grupo R/R50: este grupo fue alimentado con una dieta reducida en calorías de 50 kcal/wk antes y después del destete.
- Grupo N/R50 lopro: este grupo fue alimentado con una dieta normal antes del destete, con una dieta reducida en calorías de 50 kcal/wk después del destete y con un contenido proteico que disminuía con la edad.
- Grupo N/R40: este grupo fue alimentado con una dieta normal antes del destete y con una dieta drásticamente reducida en calorías de 40 kcal/wk después del destete

Los datos (case0501) se descargan desde la librería “Sleuth2”.

Realice el análisis correspondientes

Chapter 4

Diseño en Bloque Completamente al Azar

En esta sección se tiene por objetivos:

- Diseñar un plan para DCA
- Ejecutar el análisis de varianza y evaluación de supuestos
- Realizar pruebas de comparaciones

Este diseño se caracteriza por la presencia de un factor de variación conocido entre las unidades experimentales, lo cual nos lleva a agrupar las unidades experimentales en grupos homogéneos o bloques. Los tratamientos se asignan aleatoriamente a las unidades experimentales de cada bloque. Todos los tratamientos están presentes en cada uno de los bloques (bloques completos). El número de unidades experimentales dentro de cada bloque es igual al número de tratamientos. Se tiene una observación por tratamiento dentro de cada bloque (diseño es balanceado). No es posible medir la interacción Bloques \times Tratamiento, la cual se supone no es significativa; en caso contrario, se recomienda no utilizar este diseño. El factor de bloqueo se considera como una fuente de variación conocida que genera cierta patrón de respuesta en los tratamientos aplicados en el mismo bloque y que explica una porción de la variabilidad observada entre unidades experimentales sometidas al mismo tratamiento, la otra porción se considera producto de la variación natural debido a efectos aleatorios de origen desconocido. Si se ignorase la presencia de la fuente de variabilidad conocida (Bloques) y se condujese el experimento con un diseño completamente al azar, tendríamos que el Error Experimental para DCA comprendería la variación debido al factor de bloque más la variación natural debido a efectos aleatorios no controlados. Las pruebas de significación serían erradas ya que el Cuadrado Medio del Error sería mayor del debido.

Suposiciones Básicas del Diseño:

- Independencia de las unidades experimentales dentro de cada bloque y entre bloques
- Homogeneidad de las varianzas dentro de cada tratamiento
- Normalidad de los errores
- El efecto de interacción Bloque \times Tratamiento no existe o es despreciable
- Aditividad de efectos de Bloques y Tratamientos

4.1 Plan de diseño

```
# Cargando paquetes
library(agricolae)
trt <- c("A", "B", "C", "D", "E")
repeticion <- 4
```

```

outdesign <- design.rcbd(trt,r=repeticion, seed=-513, serie=1)
book2 <- outdesign$book
print(book2)

```

```

##      plots block trt
## 1      11      1   D
## 2      12      1   B
## 3      13      1   C
## 4      14      1   E
## 5      15      1   A
## 6      21      2   E
## 7      22      2   A
## 8      23      2   D
## 9      24      2   B
## 10     25      2   C
## 11     31      3   E
## 12     32      3   D
## 13     33      3   B
## 14     34      3   A
## 15     35      3   C
## 16     41      4   A
## 17     42      4   E
## 18     43      4   C
## 19     44      4   B
## 20     45      4   D

```

4.2 Análisis de Varianza

El modelo aditivo lineal:

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

Cuando los efectos de tratamientos se consideran fijos es de interés probar:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_t = \mu$$

$$H_1 : \text{al menos un } \mu_i \neq \mu$$

Ejemplo:

Se están comparando tres soluciones de lavado diferentes a fin de estudiar su efectividad para retardar el crecimiento de bacterias en contenedores de leche de 5 galones. El análisis se hace en un laboratorio y sólo pueden realizarse tres ensayos en un día. Por lo que se hacen observaciones en cuatro días distintos para cada tratamiento, asignando aleatoriamente la solución de lavado a cada contenedor. Los resultados se encuentran en el archivo: “diseño1.txt” (Montgomery “Diseños Experimentales”. Ejercicio 4.2)

```

library(multcomp)
library(mosaic)
datos<-read.table("diseño1.txt",header=T)
datos$dias<-as.factor(datos$dias)
datos$solucion<-as.factor(datos$solucion)
favstats(efectividad ~ solucion, data = datos)

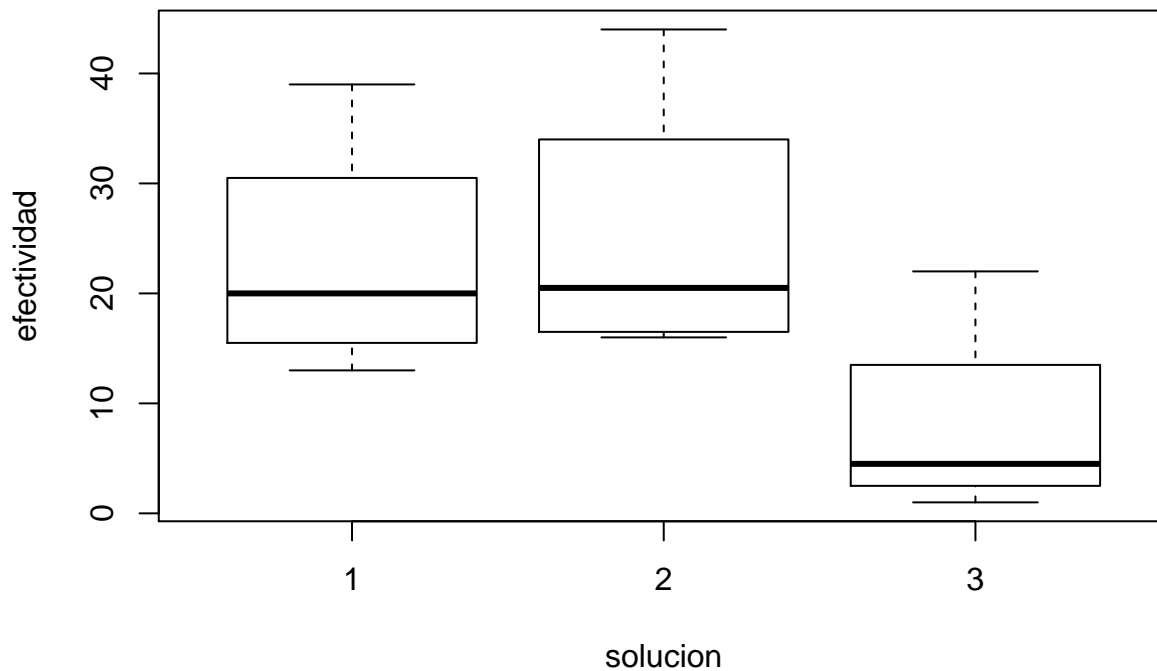
```

```

##      solucion min   Q1 median   Q3 max mean   sd n missing
## 1           1  13 16.8   20.0 26.2  39   23 11.3 4         0
## 2           2  16 16.8   20.5 29.0  44   25 13.0 4         0
## 3           3   1  3.2    4.5  9.2  22    8  9.5 4         0

```

```
boxplot(datos$efectividad~datos$solucion,xlab="solucion",ylab="efectividad")
```



```
modelo1<-lm(efectividad~dias+solucion,datos)
anova(modelo1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: efectividad
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## dias      3   1107    369  42.7 0.00019 ***
## solucion  2    704    352  40.7 0.00032 ***
## Residuals 6     52     9
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
citukey <- confint(glht(modelo1, linfct = mcp(solucion = "Tukey")))
summary(citukey)

##
## Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = efectividad ~ dias + solucion, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 2 - 1 == 0     2.25      2.08    1.08   0.56
## 3 - 1 == 0    -15.00      2.08   -7.22 <0.001 ***
## 3 - 2 == 0    -17.25      2.08   -8.30 <0.001 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
#En términos de efectos:
op <- options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
modelo2<-lm(efectividad~dias+solucion,datos)
summary(modelo2)
```



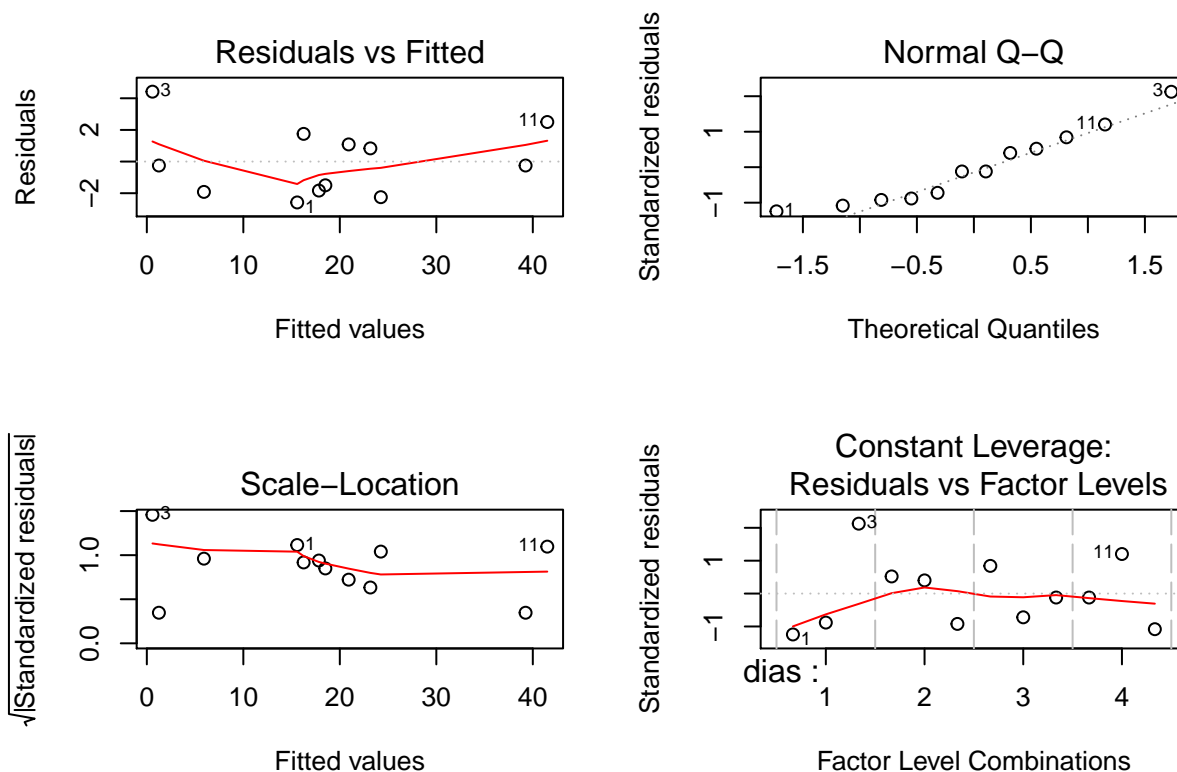
```
##
## Call:
## lm(formula = efectividad ~ dias + solucion, data = datos)
##
## Residuals:
```

	Min	1Q	Median	3Q	Max
	-2.58	-1.85	-0.25	1.25	4.42

```
##
## Coefficients:
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	18.750	0.848	22.10	5.6e-07 ***
dias1	-7.417	1.470	-5.05	0.0023 **
dias2	-2.083	1.470	-1.42	0.2061
dias3	-6.750	1.470	-4.59	0.0037 **
solucion1	4.250	1.200	3.54	0.0122 *
solucion2	6.500	1.200	5.42	0.0016 **

```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.9 on 6 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.972, Adjusted R-squared:  0.949
## F-statistic: 41.9 on 5 and 6 DF, p-value: 0.000137
par(mfrow=c(2,2))
plot(modelo1)
```

4.3 Actividad

En un ensayo sobre las ventajas de ejercitarse regularmente, se solicitó a voluntarios del estudio a participar en la secuencia de ejercicios aeróbicos de interés, por un determinado tiempo, siendo la secuencia fijada aleatoriamente para cada participante. Al final de cada prueba se procedió a medir el gasto de energía por kilómetro recorrido.

Sujeto	Correr	Caminar	Ciclismo
1	1.4	1.1	0.7
2	1.5	1.2	0.8
3	1.8	1.3	0.7
4	1.7	1.3	0.8
5	1.6	0.7	0.1
6	1.5	1.2	0.7
7	1.7	1.1	0.4
8	2	1.3	0.6

- Plantee un posible esquema de aleatorización.
- Analice los datos. Pruebe las hipótesis de interés, use $\alpha = 0.05$.

```
# Cargando datos
ejercitarse <- read.delim("~/GuiaDisenoExperimR/ejercitarse")
str(ejercitarse)
```

```
## 'data.frame': 8 obs. of 4 variables:
## $ Sujeto : num 1 2 3 4 5 6 7 8
## $ Correr : num 1.4 1.5 1.8 1.7 1.6 1.5 1.7 2
```

```
## $ Caminar : num 1.1 1.2 1.3 1.3 0.7 1.2 1.1 1.3
## $ Ciclismo: num 0.7 0.8 0.7 0.8 0.1 0.7 0.4 0.6
```

```
library(reshape)
ejercitarse2 <- melt(ejercitarse, id="Sujeto")
str(ejercitarse2)
```

```
## 'data.frame': 24 obs. of 3 variables:
## $ Sujeto : num 1 2 3 4 5 6 7 8 1 2 ...
## $ variable: Factor w/ 3 levels "Correr","Caminar",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 ...
## $ value : num 1.4 1.5 1.8 1.7 1.6 1.5 1.7 2 1.1 1.2 ...
```

Chapter 5

Diseño Cuadrado Latino

En esta sección se tiene por objetivos:

- Diseñar un plan para DCL
- Ejecutar el análisis de varianza y evaluación de supuestos
- Realizar pruebas de comparaciones

Este diseño es apropiado cuando se presentan dos factores de variación conocidas en las unidades experimentales que influyen en la respuesta de interés, siendo posible formar grupos homogéneos (Bloques) de unidades experimentales de acuerdo a los niveles que toman cada uno de estos factores de bloqueo. La característica principal de este diseño es que tan sólo se dispone de una unidad experimental por cada combinación (i, j) de los niveles de los factores de bloqueo. Es requisito que el número de grupos homogéneos (bloques) en el primer factor sea igual al número de bloques en el segundo factor. Esto nos permite representar las unidades experimentales mediante un cuadrado, donde las filas representan a un factor de bloqueo (Factor en Filas), las columnas al otro factor de bloqueo (Factor en Columnas) y cada celda representa una unidad experimental. El número t de tratamientos a asignar a las unidades experimentales es igual al número de filas, así como al de columnas, siendo el número total de unidades experimentales igual a t^2 . La asignación aleatoria de los tratamientos a las unidades experimentales así ordenadas debe cumplir que todos los tratamientos ocurran en cada fila, e igualmente, en cada columna (modelo balanceado). Como ejemplo del uso de Cuadrado latino se tiene un experimento que considera probar cinco distintos fertilizantes en el campo (Tratamientos), y donde se pueden agrupar las parcelas (unidad experimental) de acuerdo al grado de pendiente (Factor Filas, cinco niveles) y al nivel de humedad del suelo (Factor Columnas, cinco niveles).

5.1 Plan de diseño

```
# Cargando paquetes
library(agricolae)
trt <- c("A", "B", "C", "D")
outdesign <- design.lsd(trt, seed=543, serie=1)
print(outdesign$sketch)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,] "C"  "A"  "B"  "D"
## [2,] "D"  "B"  "C"  "A"
## [3,] "B"  "D"  "A"  "C"
## [4,] "A"  "C"  "D"  "B"
```

```
book3 <- outdesign$book
print(book3)
```

```
##      plots row col trt
## 1      11   1   1   C
## 2      12   1   2   A
## 3      13   1   3   B
## 4      14   1   4   D
## 5      21   2   1   D
## 6      22   2   2   B
## 7      23   2   3   C
## 8      24   2   4   A
## 9      31   3   1   B
## 10     32   3   2   D
## 11     33   3   3   A
## 12     34   3   4   C
## 13     41   4   1   A
## 14     42   4   2   C
## 15     43   4   3   D
## 16     44   4   4   B
```

5.2 Análisis de Varianza

El modelo aditivo lineal es:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \rho_j + \gamma_k + \epsilon_{ij}$$

Cuando los efectos de tratamientos se consideran fijos es de interés probar:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_t = \mu$$

$$H_1 : \text{al menos un } \mu_i \neq \mu$$

Ejemplo:

Un ingeniero de tránsito realizó un estudio para comparar el tiempo sin uso de la luz roja para cinco secuencias distintas de semáforo, el experimento se llevó a cabo con un diseño cuadrado latino en el que los dos factores de bloque eran: 1) cinco cruceros elegidos al azar y 2) cinco períodos. Las cinco secuencias de tratamiento son: a, b, c, d, e. Se registró el tiempo de la luz roja sin uso (en minutos). (Ejercicio 4. cap. 8. “Diseños Experimentales” (2da edición) R. Kuehl). Los datos se encuentran en el archivo: “diseño2.txt”.

```
datos<-read.table("diseño2.txt",header=T, dec=",")
str(datos)
```

```
## 'data.frame':   25 obs. of  4 variables:
## $ tiempo      : num  15.2 16.5 12.1 10.7 14.6 33.8 26.5 31.4 34.2 31.7 ...
## $ crucero     : int   1 2 3 4 5 1 2 3 4 5 ...
## $ periodo     : int   1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...
## $ secuencia: Factor w/ 5 levels "A","B","C","D",...: 1 2 3 4 5 2 3 4 5 1 ...
```

```
datos$crucero<-as.factor(datos$crucero)
datos$periodo<-as.factor(datos$periodo)
summary(datos$tiempo)
```

```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##       11      17      24      23      29      34
```

```
library(mosaic)
favstats(tiempo~secuencia, data = datos)
```

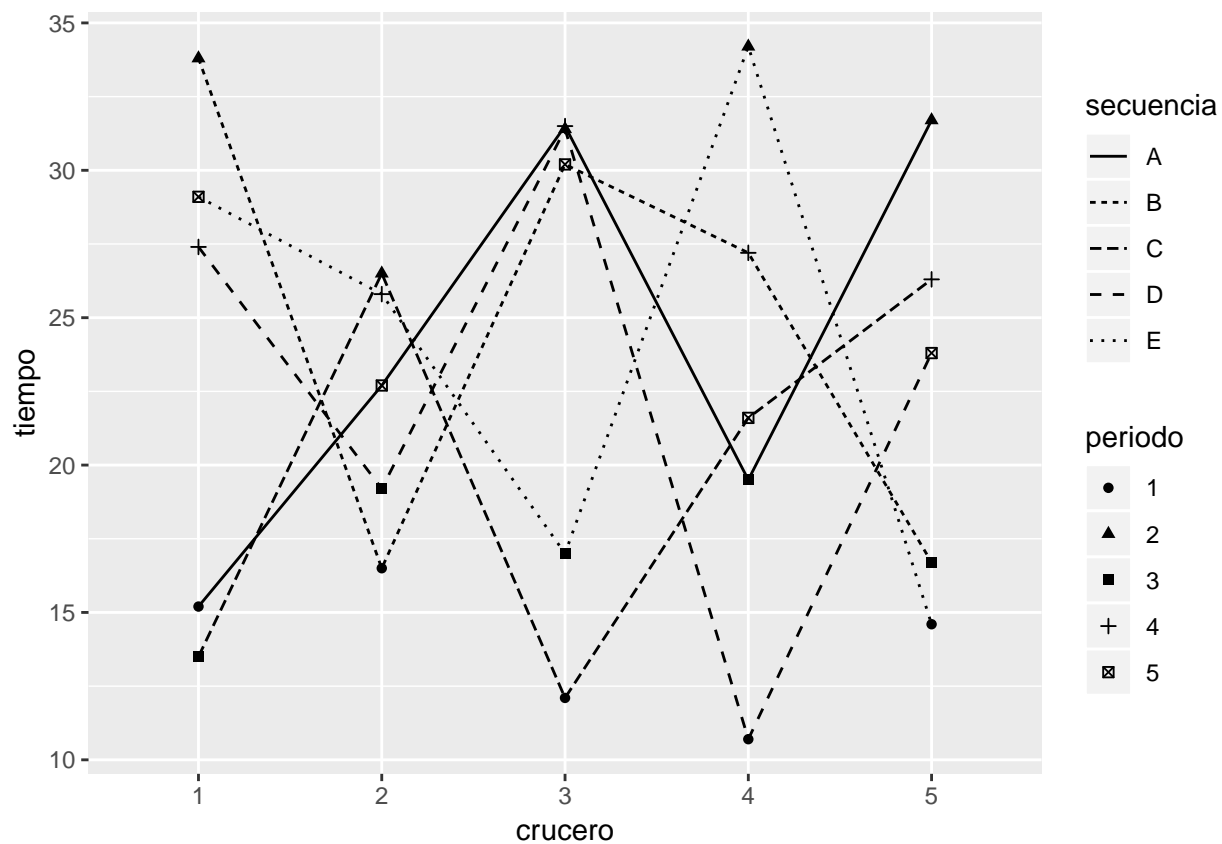
```
##      secuencia min Q1 median Q3 max mean  sd n missing
```

```
## 1      A  15 20      23 32 32      24 7.3 5      0
## 2      B  16 17      27 30 34      25 7.9 5      0
## 3      C  12 14      22 26 26      20 6.9 5      0
## 4      D  11 19      24 27 31      22 8.0 5      0
## 5      E  15 17      26 29 34      24 8.2 5      0
```

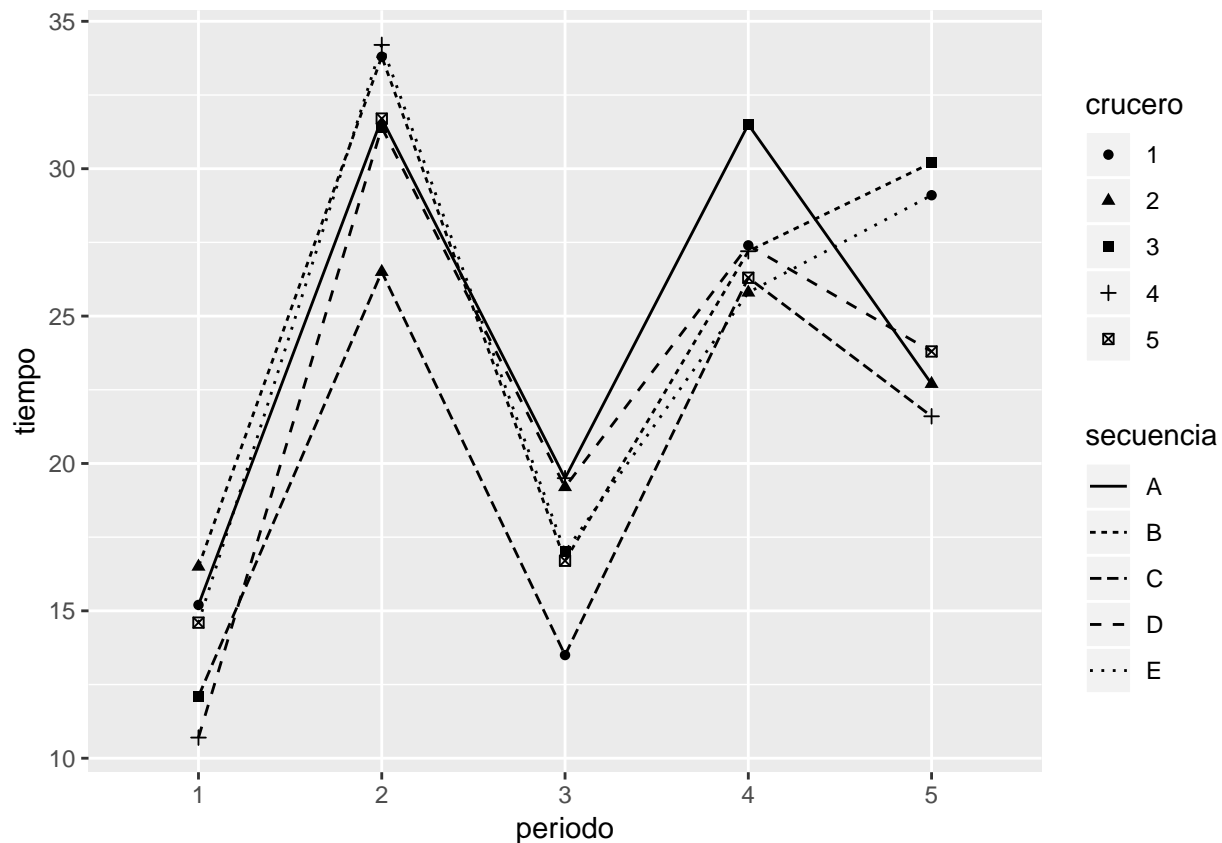
```
matrix(datos$secuencia,5,5,byrow=T) #visualiza la estructura correspondiente al cuadrado latino
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,] "A"  "B"  "C"  "D"  "E"
## [2,] "B"  "C"  "D"  "E"  "A"
## [3,] "C"  "D"  "E"  "A"  "B"
## [4,] "D"  "E"  "A"  "B"  "C"
## [5,] "E"  "A"  "B"  "C"  "D"
```

```
library(ggplot2)
ggplot(datos,aes(x=crucero,y=tiempo,shape=periodo,group=secuencia))+geom_point()+geom_line(aes(linetype=
```



```
ggplot(datos,aes(x=periodo,y=tiempo,shape=crucero,group=secuencia))+geom_point()+geom_line(aes(linetype=
```



```
modelo3<-lm(tiempo~crucero+periodo+secuencia,datos)
anova(modelo3)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: tiempo
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## crucero   4      18    4.6    0.78    0.56
## periodo   4    1092   272.9   46.72 3.2e-07 ***
## secuencia  4       76    19.1    3.26    0.05 *
## Residuals 12       70     5.8
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
library(multcomp)
citukey <- confint(glht(modelo3, linfct = mcp(secuencia = "Tukey")))
summary(citukey)
```

```
##
## Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = tiempo ~ crucero + periodo + secuencia, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
```

```
## B - A == 0      0.76      1.53      0.50      0.99
## C - A == 0     -4.12      1.53     -2.70      0.11
## D - A == 0     -1.62      1.53     -1.06      0.82
## E - A == 0      0.02      1.53      0.01      1.00
## C - B == 0     -4.88      1.53     -3.19      0.05 *
## D - B == 0     -2.38      1.53     -1.56      0.55
## E - B == 0     -0.74      1.53     -0.48      0.99
## D - C == 0      2.50      1.53      1.64      0.50
## E - C == 0      4.14      1.53      2.71      0.11
## E - D == 0      1.64      1.53      1.07      0.82
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)

op <- options (contrasts=c("contr.sum","contr.poly"))
modelo3b<-lm(tiempo~crucero+periodo+secuencia,datos)
summary(modelo3b)

##
## Call:
## lm(formula = tiempo ~ crucero + periodo + secuencia, data = datos)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.784 -1.224 -0.284  1.656  3.636
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   23.128      0.483   47.85 4.5e-15 ***
## crucero1        0.672      0.967    0.70 0.50022
## crucero2       -0.988      0.967   -1.02 0.32695
## crucero3        1.312      0.967    1.36 0.19972
## crucero4       -0.488      0.967   -0.50 0.62285
## periodo1      -9.308      0.967  -9.63 5.4e-07 ***
## periodo2       8.392      0.967    8.68 1.6e-06 ***
## periodo3      -5.948      0.967   -6.15 4.9e-05 ***
## periodo4       4.512      0.967    4.67 0.00054 ***
## secuencia1      0.992      0.967    1.03 0.32508
## secuencia2      1.752      0.967    1.81 0.09503 .
## secuencia3     -3.128      0.967   -3.24 0.00714 **
## secuencia4     -0.628      0.967   -0.65 0.52819
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.4 on 12 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.944, Adjusted R-squared:  0.888
## F-statistic: 16.9 on 12 and 12 DF, p-value: 1.09e-05
```

5.3 Actividad

Plantee un diseño cuadrado latino con 5 tratamientos.

En un experimento reportado por Davies (1954), cuatro materiales A, B, C y D fueron probados en una máquina de desgaste. La respuesta medida es la pérdida de peso en 0.1mm sobre el período de prueba. La máquina puede procesar cuatro muestras a la vez y experiencias pasadas indican que hubieron algunas

diferencias debido a la posición ubicada de estas cuatro muestras. Así también algunas diferencias se sospecha que puede haberse dado por las diferentes corridas.

```
library(faraway)
datos<-data(abrasion,package="faraway")
```


Chapter 6

Introducción a los Experimentos factoriales

Un experimento factorial es aquel en el que se estudian simultáneamente varios factores, de modo que los tratamientos se forman por todas las posibles combinaciones de los niveles de los factores. Un experimento factorial no constituye un nuevo diseño experimental, sino un diseño para la formación de los tratamientos. Los experimentos factoriales pueden ser conducidos bajo los lineamientos de cualquier diseño experimental tal como el DCA, DBCA o DCL.

- Permite obtener más información que en un experimento de un solo factor.
- Todas las unidades intervienen en la estimación de los efectos principales y de interacción, por lo que el número de repeticiones suele ser elevados.
- Se requiere un mayor número de unidades experimentales que en los experimentos simples.
- Todos los niveles de un factor se combinan con todos los niveles de los otros factores, sin embargo no siempre todas las combinaciones son de interés para el investigador.
- El análisis estadístico y la interpretación de los resultados es más complicado que en los experimentos simples con un solo factor.

En un experimento factorial un tratamiento corresponde a la combinación de los niveles de dos o más factores.

6.1 Experimentos factorial $p \times q$

Un experimento con dos factores con p y q niveles en un diseño Completo al Azar el modelo aditivo lineal es:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

Podemos probar las hipótesis de que las medias marginales son todas iguales, o en términos de los efectos α_i son todas iguales a cero, y β_j son todas iguales a cero. Además de probar la hipótesis de que los efectos de interacción son todos iguales a cero.

¿Cómo hacemos esto, en qué orden y cómo interpretamos estas pruebas?

Uno de los propósitos de un diseño factorial es ser eficiente en la estimación y prueba de los factores A y B en un solo experimento. A menudo estamos interesados principalmente en los efectos principales. A veces, también nos interesa saber si los factores interactúan. En cualquier caso, la primera prueba que deberíamos hacer es la prueba de los efectos de interacción.

Ejemplo:

Se realizó un experimento con un arreglo factorial 2×3 en DBCA en 4 campos de cultivo el efecto en el

rendimiento de maíz obtenido con dos tipos de abono (a1 y a2) y tres dosis (b1=20, b2=30 y b3=40 kg/ha). Los datos se encuentran en el archivo: “factorial1.txt”

```
datos<-read.table("factorial1.txt",header=T)
str(datos)
```

```
## 'data.frame': 24 obs. of 4 variables:
## $ y : num 1.9 2.3 2 2.1 1.8 2.1 2.4 2.9 2.7 2.4 ...
## $ B : int 1 1 1 1 2 2 2 2 3 3 ...
## $ A : int 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ Bloque: int 1 2 3 4 1 2 3 4 1 2 ...
```

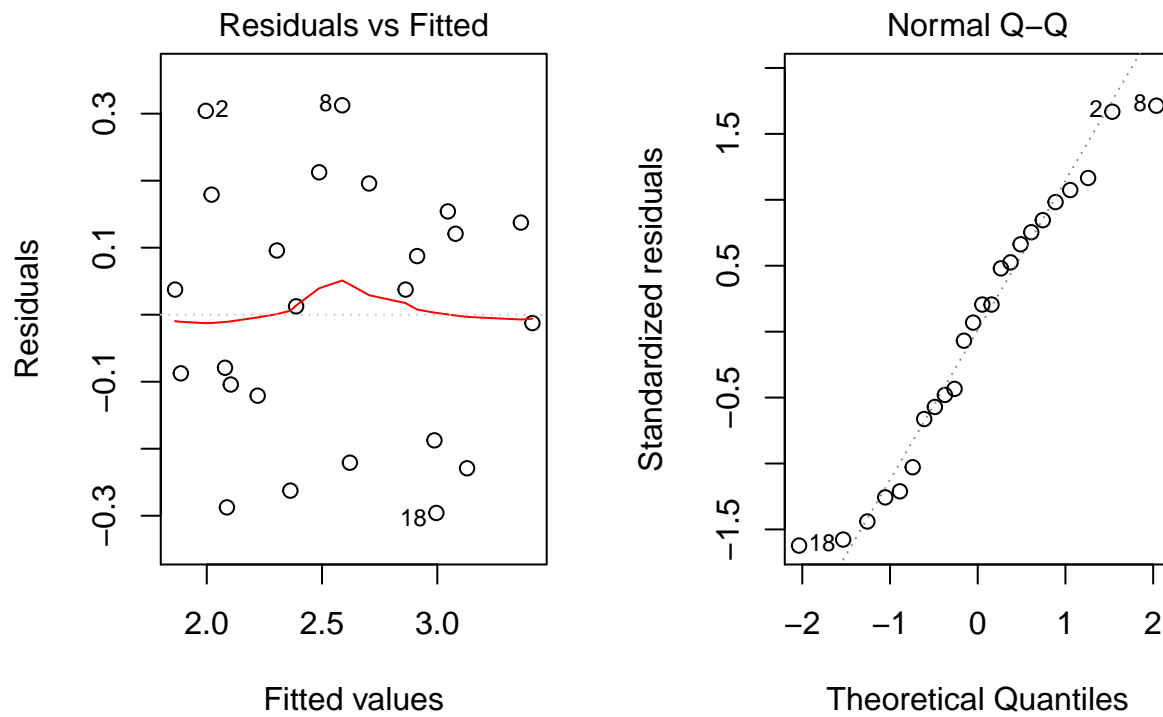
```
datos$Bloque<-as.factor(datos$Bloque)
datos$A<-as.factor(datos$A)
datos$B<-as.factor(datos$B)
library(mosaic)
favstats(y~A+B, data = datos)
```

```
## A.B min Q1 median Q3 max mean sd n missing
## 1 1.1 1.9 2.0 2.0 2.2 2.3 2.1 0.17 4 0
## 2 2.1 1.8 1.9 2.1 2.2 2.4 2.1 0.26 4 0
## 3 1.2 1.8 2.0 2.2 2.5 2.9 2.3 0.47 4 0
## 4 2.2 2.7 2.8 3.0 3.3 3.5 3.1 0.35 4 0
## 5 1.3 2.4 2.6 2.8 2.8 2.9 2.7 0.22 4 0
## 6 2.3 2.9 3.0 3.1 3.3 3.4 3.1 0.22 4 0
```

```
modelo<-lm(y~Bloque+A+B+A*B,datos)
anova(modelo)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: y
##      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Bloque  3  0.805   0.268    5.04 0.01298 *
## A       1  1.000   1.000   18.81 0.00059 ***
## B       2  2.910   1.455   27.35 9.9e-06 ***
## A:B     2  0.563   0.282    5.30 0.01820 *
## Residuals 15  0.798   0.053
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

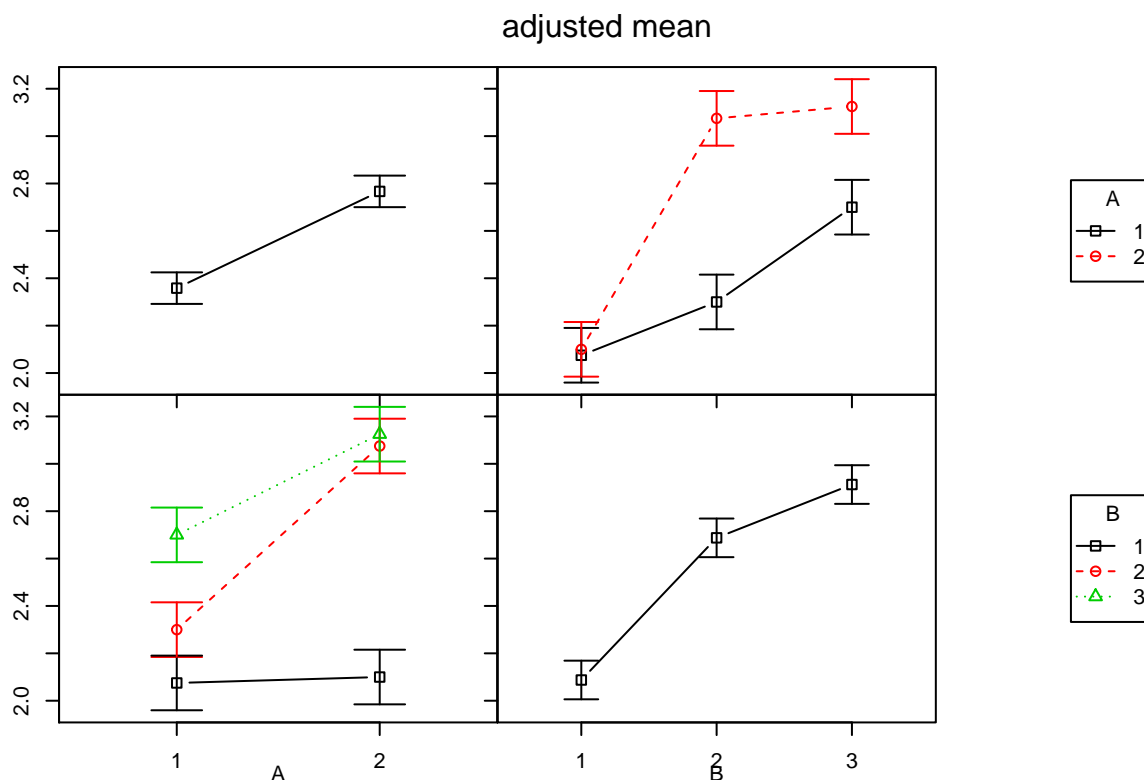
par(mfcol=c(1,2))
plot(modelo, 1:2)
```



```
library(phia)
modelo.means <- interactionMeans(modelo,factors=c("A","B"))
modelo.means
```

```
##   A B adjusted mean std. error
## 1 1 1         2.1      0.12
## 2 2 1         2.1      0.12
## 3 1 2         2.3      0.12
## 4 2 2         3.1      0.12
## 5 1 3         2.7      0.12
## 6 2 3         3.1      0.12
```

```
plot(modelo.means)
```



Es posi-

ble observar que al 5% de significancia hay evidencia de interacción entre el tipo de abono y dosis. ¿Cómo analizar esta interacción?

Realizando análisis de Efectos Simples: *Análisis de efectos simples*

```
testInteractions(modelo, fixed="A", across="B")
```

```
## F Test:
## P-value adjustment method: holm
##           B1    B2 Df Sum of Sq    F Pr(>F)
## 1      -0.625 -0.40  2     0.802  7.54 0.0054 **
## 2      -1.025 -0.05  2     2.672 25.11 3.3e-05 ***
## Residuals              15     0.798
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
testInteractions(modelo, fixed="B", across="A")
```

```
## F Test:
## P-value adjustment method: holm
##           Value Df Sum of Sq    F Pr(>F)
## 1      -0.025  1     0.001  0.02 0.88021
## 2      -0.775  1     1.201 22.58 0.00077 ***
## 3      -0.425  1     0.361  6.79 0.03972 *
## Residuals      15     0.798
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Análisis de residuales

```
obs.table <- xtabs(modelo.means$"adjusted mean" ~ A + B, modelo.means)
obs.table<- addmargins(obs.table,FUN=mean,quiet=TRUE)
print(obs.table,digits=4)
```

```
##      B
## A      1      2      3 mean
## 1      2.075 2.300 2.700 2.358
## 2      2.100 3.075 3.125 2.767
## mean 2.088 2.688 2.913 2.563

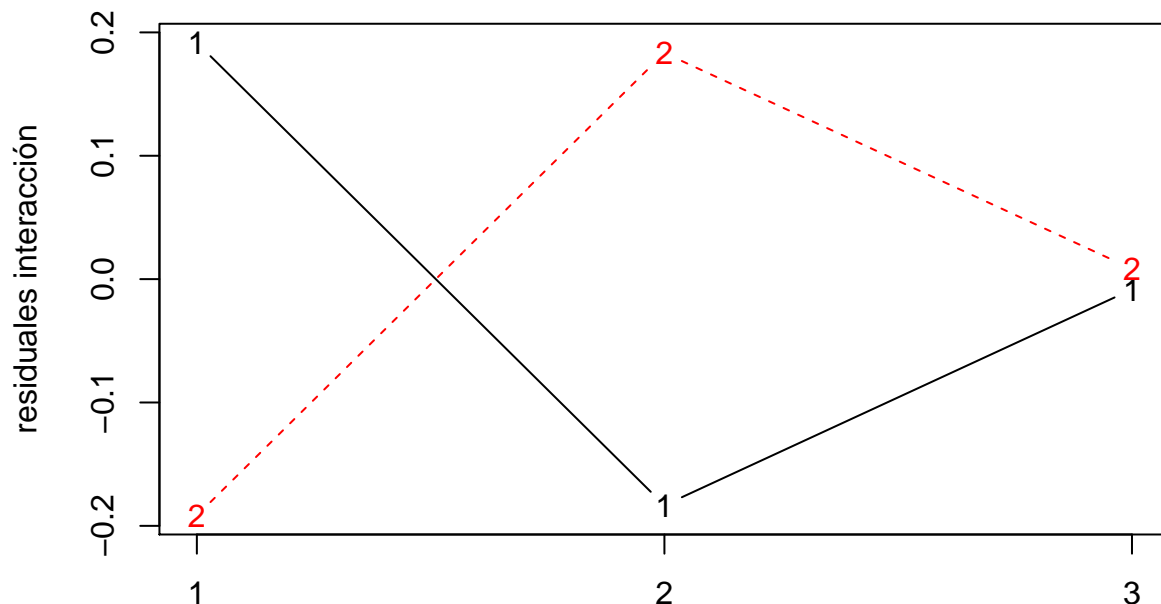
res.table <- obs.table - obs.table[3,4] # restando la media
res.table <- sweep(res.table, 1, res.table[,4]) # restando media fila
res.table <- sweep(res.table, 2, res.table[3,]) # restando media columna
print(res.table, digits=4)
```

```
##      B
## A      1      2      3      mean
## 1      0.191667 -0.183333 -0.008333 0.000000
## 2     -0.191667 0.183333 0.008333 0.000000
## mean 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
```

```
testInteractions(modelo,residual=c("A","B"))
```

```
## F Test:
## P-value adjustment method: holm
##              Value Df Sum of Sq    F Pr(>F)
## 1 (resid.) : 1 (resid.) 0.1917  1    0.441 8.29 0.069 .
## 2 (resid.) : 1 (resid.) -0.1917  1    0.441 8.29 0.069 .
## 1 (resid.) : 2 (resid.) -0.1833  1    0.403 7.58 0.069 .
## 2 (resid.) : 2 (resid.) 0.1833  1    0.403 7.58 0.069 .
## 1 (resid.) : 3 (resid.) -0.0083  1    0.001 0.02 1.000
## 2 (resid.) : 3 (resid.) 0.0083  1    0.001 0.02 1.000
## Residuals              15    0.798
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
matplot(t(res.table[-3,-4]), type="b", xaxt="n", ylab="residuales interacción")
axis(1, at=1:3, labels=levels(datos$B))
```



Utilizando los ejercicios del ejemplo, y con un nivel de significancia del 1% hay evidencia de interacción entre el tipo de abono y dosis. ¿Realizaría un análisis de efectos simples o principales?

Análisis de efectos principales

```
model2<-lm(y~Bloque+A+B,datos)
library(multcomp)
citukey <- confint(glht(model2, linfct = mcp(A = "Tukey")))
summary(citukey)

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = y ~ Bloque + A + B, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 2 - 1 == 0    0.408      0.116   3.53  0.0025 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)

citukey <- confint(glht(model2, linfct = mcp(B = "Tukey")))
summary(citukey)

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = y ~ Bloque + A + B, data = datos)
##
## Linear Hypotheses:
##           Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 2 - 1 == 0    0.600      0.141   4.24  0.0015 **
## 3 - 1 == 0    0.825      0.141   5.83 <0.001 ***
## 3 - 2 == 0    0.225      0.141   1.59  0.2766
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

6.2 Actividad

La industria experiemntal examinó el número de roturas de hilo dependiendo de dos tipos de lana y tres niveles de tensión usando una máquina de tejer. (Tukey 1977). Los datos se encuentran en la librería faraway con el nombre de warpbreaks

```
library(faraway)
str(warpbreaks)

## 'data.frame':   54 obs. of  3 variables:
## $ breaks : num  26 30 54 25 70 52 51 26 67 18 ...
```

```
## $ wool    : Factor w/ 2 levels "A","B": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ tension: Factor w/ 3 levels "L","M","H": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 ...
```

R.G.D. Steel, & Torrie, J.H.(1985). Bioestadística Principios y Procedimientos. McGraw Hill, ed Bogotá, Colombia.

Montgomery, D. C. (2005). Diseño y análisis de experimentos (2nd. Ed). México: Limusa Wiley.

Kuehl, R. O., (2001). Diseño de experimentos: principios estadísticos para el diseño y análisis de investigaciones. (2nd Ed). International Thomson Editores, S.A. de C.V., Mexico, DF.

Ramsey, F. L., & Schafer, D. W. (2002). The statistical sleuth: A course in methods of data analysis. Australia: Duxbury/Thomson Learning