

Laboratorio: Diseño y Analisis de experimentos clasicos

I.- Analizar e interpretar datos del diseño completamente al azar (dca).

1.- Realizar los cálculos de un Diseño Completamente al Azar, con 4 tratamientos y 4 repeticiones (3, 4, 5, 6).

```
> library(agricolae)
> str(design.crd)
> especie<-c("guaba","glericidia","centrocema","kudzu")
> repeticion <-c(3,4,5,6)
> campoDCA<-design.crd(especie,repeticion)
> fix(campoDCA)
> write.table(campoDCA,"campoDCA.txt",sep=" ",row.names=FALSE)
> file.show("campoDCA.txt")
```

2.- Pasar el archivo creado a Excel y llenar los datos según su repetición.

repteticion	Especie	altura
1	centrocema	18.9
2	centrocema	17.9
3	centrocema	20.1
4	centrocema	18.7
5	centrocema	19.1
1	glericidia	63.2
2	glericidia	68.1
3	glericidia	64.5
4	glericidia	62.7
1	guaba	87.3
2	guaba	83.4
3	guaba	86.3
1	kudzu	20.5
2	kudzu	22.8
3	kudzu	24.6
4	kudzu	23.4
5	kudzu	21.3
6	kudzu	22.9

```
> rm(especie)
> canal <- odbcConnectExcel("campoDCA.xls")
> datos <- sqlFetch(canal,"expl")
> datos
```

Para terminar la comunicación con el archivo de Excel se ejecuta el siguiente comando.

```
> odbcCloseAll()
```

3.-Realizar el ANOVA y las pruebas de LSD (t-student) y HSD (tukey).

```
> modelo<-aov(altura~especie,datos)
```

```

> summary(modelo)
> gl <-df.residual(model)
> cm <-deviance(model)/gl
> attach (datos)
> library(combinat)
> compara<-LSD(altura, especie, gl, cm)
> compara<-HSD(altura, especie, gl, cm)

```

Calculo de CV del modelo.

```
> cv <-cv.model(modelo)
```

Comparacion multiple, presentacion de grupos de tratamientos

```

> compara<-LSD.group(altura, especie, gl, cm)
> compara<-HSD.group(altura, especie, gl, cm)

```

interpretar los resultados del ANOVA y de las pruebas de LSD y HSD.

II.- Analizar e interpretar datos del diseño de bloques completamente al azar (dbca).

1.- Realizar los cálculos de un Diseño de Bloques Completamente al Azar, con 4 tratamientos y 5 bloques.

```

> str(design.rcbd)
> especie <-c("Moena", "Palisangre", "Copaiba", "Achiote")
> repetición <-5
> campoDBCA<-design.rcbd(especie, repeticion)
> fix(campoDBCA)

> write.table(campoDBCA, "campoDBCA.txt", sep="\t", row.names=FALSE)
> file.show("campoDBCA.txt")

```

2.- Pasar el archivo creado a Excel y llenar los datos de la variable respuesta.

bloque	Especie	Altura
1	Achiote	26.9
1	Copaiba	23.8
1	Moena	46.7
1	Palisangre	31.8
2	Achiote	27.9
2	Copaiba	28.7
2	Moena	42.4
2	Palisangre	32.9
3	Achiote	24.6
3	Copaiba	22.9
3	Moena	45.8
3	Palisangre	29.1
4	Achiote	22.7
4	Copaiba	27.1
4	Moena	47.3
4	Palisangre	37.1
5	Achiote	30.9
5	Copaiba	27.8

5	Moena	49.3
5	Palisangre	28.9

Prepara en excel, nombre del area = "campoDBCA" y grabar el archivo como campoDBCA.xls

```
> rm(especie)

> canal<- odbcConnectExcel("campoDBCA.xls")
> datos<-sqlFetch(canal,"exp2")
> datos
```

Para terminar la comunicación con el archivo de Excel se ejecuta el siguiente comando.

```
> odbcCloseAll()

> attach(datos)
> modelo<-aov(altura~especie+bloque,datos)
> summary(modelo)
> gl <-df.residual(modelo)
> cm <-deviance(modelo)/gl
> compara<-LSD.group(altura,especie,gl,cm,alpha=0.01)
> compara<-HSD.group(altura,especie,gl,cm,alpha=0.05)
> cv<-cv.model(modelo)
> cv
```

interpretar los resultados del ANOVA y de las pruebas de LSD y HSD.

III. Analizar e interpretar datos del diseño cuadrado latino (dcl).

1.- Realizar el planeamiento Cuadrado Latino, con 5 tratamientos.

```
> str(design.lsd)
> roedores<-c("añuje","Majas","choro","ronzoco","cupiso")
> campoDCL<-design.lsd(t)
> fix(campoDCL)
> write.table(campoDCL,"campoDCL.txt",row.names=FALSE)
```

se puede observar en la ventana R information

```
> file.show("campoDCL.txt")
```

2.- Pasar el archivo creado a Excel y llenar los datos de la variable respuesta.

```
parcela fila columna roedores peso
1 1 1 añuje 6.45
2 1 2 Majas 9.21
3 1 3 choro 4.50
4 1 4 ronzoco 45.78
5 1 5 cupiso 2.10
6 2 1 Majas 10.54
7 2 2 choro 5.12
8 2 3 ronzoco 49.73
9 2 4 cupiso 2.47
10 2 5 añuje 7.56
11 3 1 choro 4.98
```

12	3	2	ronzoco	44.11
13	3	3	cupiso	3.12
14	3	4	añuje	6.89
15	3	5	Majas	11.62
16	4	1	ronzoco	47.31
17	4	2	cupiso	2.87
18	4	3	añuje	7.81
19	4	4	Majas	10.78
20	4	5	choro	5.79
21	5	1	cupiso	2.71
22	5	2	añuje	6.37
23	5	3	Majas	8.97
24	5	4	choro	4.10
25	5	5	ronzoco	49.78

3.- Realizar los cálculos del ANOVA y realizar la prueba de LSD y HSD.

```

> rm(roedores)
> canal <- odbcConnectExcel("campoDCL")
> datos<-sqlFetch(canal,"exp3")
> datos[,1]<-as.factor(datos[,1])
> datos[,2]<-as.factor(datos[,2])
> datos[,3]<-as.factor(datos[,3])
> modelo<-aov(peso~fila+columna+roedores,data=datos)
> summary(modelo)
> gl <-df.residual(modelo)
> cm <-deviance(modelo)/gl
> compara<-LSD.group(peso, roedores,gl,cm)
> compara<-HSD.group(peso, roedores,gl,cm)

```

Calculo de CV del modelo.

```
> cv<-cv.model(modelo)
```

Analizar e interpretar los resultados del ANOVA y de las pruebas de LSD y HSD.