

Laboratorio 2: Analisis de datos experimentales para mas de un factor

ANÁLISIS DE DISEÑO FACTORIAL EN BLOQUES.

- 1.- Hacer el diseño de factoriales en bloques 2x3, en 5 bloques.
- 2.- Agregar columna de variable y grabar en archivo de nombre "factorial.txt".

```

> A<-c("a1","a2")
> B<-c("b1","b2","b3")
> bloques<-5
> design<-design.ab(A, B, bloques)
> write.table(design, "factor2x3.txt",row.names=F,sep="\t")
> design<-read.table("factorial.txt",header=T,sep="\t")
> design
parcela bloque factor.1 factor.2 altura
      1      1         2         2   3.58
      2      1         2         1   4.59
      3      1         1         1   5.32
      4      1         1         3   8.95
      5      1         1         2   7.42
      6      1         2         3   6.32
      7      2         2         2   8.44
      8      2         1         1   4.23
      9      2         2         1   9.11
     10      2         1         3   5.97
     11      2         2         3   4.63
     12      2         1         2   9.21
     13      3         2         3   7.28
     14      3         2         1   7.24
     15      3         1         3   6.85
     16      3         1         2   8.17
     17      3         2         2   7.26
     18      3         1         1   5.41
     19      4         2         3   9.31
     20      4         2         2   5.48
     21      4         1         2   7.25
     22      4         2         1   5.32
     23      4         1         1   1.99
     24      4         1         3   8.42
     25      5         2         2   7.28
     26      5         2         3   9.23
     27      5         1         3   7.63
     28      5         1         1   5.42
     29      5         2         1   6.89
     30      5         1         2   4.21

> str(design)

> design[,2]<-as.factor(design[,2])
> design[,3]<-as.factor(design[,3])
> design[,4]<-as.factor(design[,4])
> modelo<-aov(altura~bloque+factor.1*factor.2,data=design)
> anova(modelo)
> cv<-cv.model(modelo)
> gl<-df.residual(modelo)
> names(design)

```

```
> attach(design)
> gl<-gl.residual(modelo)
> error<-deviance(modelo)/gl
> compara<-LSD(altura, factor.1, gl, error)
```

ANÁLISIS DE DISEÑO CON BLOQUES CON UNIDAD FALTANTE.

1.- Analizar los datos del archivo "maderable.txt". Calcular el ANOVA del Modelo y calcular la prueba LSD.grupos

Breve descripción del experimento:

Evaluar el comportamiento de tres especies maderables y una leguminosa como sombra para un cacaotal y su efecto en la producción de cacao, distribuido en 6 lugares (sitio).

Diseño experimental: Bloques completos la azar con 4 tratamientos y 6 repeticiones.

```
> design<-read.table("maderable.txt",header=TRUE)
> str(design)
> attach(design)
> design
```

Se observa que el dato faltante esta en la especie LAUREL en el sitio 3.

```
> str(design)
> design[,1]<-as.factor(design[,1])
```

Y se cambia la columna 1 donde esta el sitio.

```
> str(design)
```

Construir modelo.

```
> modelo<-aov(diametro~sitio+especie,design)
> anova(modelo)
> gl<-df.residual(modelo)
> error<-deviance(modelo)/gl
```

Calculo del C.V. del modelo:

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

Comparación de los tratamientos.

```
> attach(design)
> compara<-LSD.group(diametro,especie,gl,error)
```

ANÁLISIS DE COVARIANZA

```
> datos<-read.table("crecimiento pijuayo.txt",header=T)
> attach(datos)
> datos
> ls()
> names(datos)
> attach(datos)
> modelo<-lm(altura~lugar+limo,datos)
> modelo
> anova(modelo)
> modelo$"coefficients"
> beta<-as.numeric(modelo$"coefficients"[3])
> beta
```

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

HOMOGENIDAD DE COEFICIENTE DE REGRESIÓN.

```
> agricultor<-read.table("agr_homo.txt",header=TRUE)
> agricultor
> resultados<-reg.homog(agricultor$tecnologia,agricultor$produccion,agricultor$indice)
> agricultor<-read.table("regre_homo.txt",header=TRUE)
> resultados<-reg.homog(agricultor$trat,agricultor$x,agricultor$y)
```

DISEÑOS CONFUNDIDOS

Confundir Interacción AB en el factorial 2^2

```
> D22<-conf.design(c(1,1),p=2,treatment.names=LETTERS[1:2])
```

Confundir la Interacción ABC en el factorial 2^3

```
> D222<-conf.design(c(1,1,1),p=2,treatment.names=LETTERS[1:3])
```

Confundir la Interacción AB en el factorial 2^3

```
> Dab<-conf.design(c(1,1,0),p=2,treatment.names=LETTERS[1:3])
> Dab
```

Análisis del Experimento Confundido en el factorial 2^3

```
> datos<-read.table("factorial2x2x2.txt",header=TRUE)
> datos
```

```
> conjunto<-data.frame(bloque=factor(bloque),a=factor(a),b=factor(b),c=factor(c),respuesta=respuesta)
```

```
> conjunto
> modelo<-aov(respuesta~bloque+a*b*c,conjunto)
> print(modelo)
> print(anova(modelo))
```

```
> gl<-df.residual(modelo)
> error<-deviance(modelo)/ gl
> compara.a<-LSD.group(respuesta,a,gl,error)
> compara.b<-LSD.group(respuesta,b,gl,error)
> compara.c<-LSD.group(respuesta,c,gl,error)
> promedio<-mean(respuesta)
> cv<-sqrt(error)*100/promedio
```

Analizar e interpretar los datos del ANOVA y sus observaciones.

ANÁLISIS DE DISEÑO DE PARCELAS DIVIDIDAS

```

> datos<-read.table("parcelas.txt",header=TRUE)
> str(datos)
> datos[,1]<-as.factor( datos[,1])
> str(datos)
> modelo<-aov(rdto~bloque+A*B+Error(parcela),data=datos)
> summary(modelo)

```

```

> gl.error.a<-modelo$parcela$df.residual
> gl.error.a
> gl.error.b<-modelo$Within$df.residual
> gl.error.b
> x<-modelo$parcela$residuals
> x
> y<-modelo$Within$residuals
> sc.error.a<-sum(x^2)
> sc.error.b<-sum(y^2)
> sc.error.a
> sc.error.b
> cm.a<-sc.error.a/gl.error.a
> cm.b<-sc.error.b/gl.error.b
> cm.a
> cm.b

```

Determinar el promedio general del experimento

```

> promedio<-mean(datos$rdto)
> promedio

```

Determinar el nuevo nivel de los factores

```

> a<-length(levels(datos$A))
> b<-length(levels(datos$B))
> a
> b

```

Hallar los cocientes de variación.

```

> cv.a<-sqrt(cm.a/b)*100/promedio
> cv.b<-sqrt(cm.b)*100/promedio
> cv.a
> cv.b

```

Realizar las comparaciones de promedios.

```

> attach(datos)
> compara.a<-LSD(rdto,A,gl.error.a,cm.a)
> compara.b<-LSD(rdto,B,gl.error.b,cm.b)

```

Analizar e interpretar los datos del ANOVA, la prueba de LSD y dar conclusiones:

ANALISIS DEL DISEÑO DE BLOQUES DIVIDIDO

```
> datos<-read.table("bloques divididos.txt",header=TRUE)
> str(datos)
> datos[,1]<-as.factor( datos[,1])
> datos[,2]<-as.factor( datos[,2])
> datos[,3]<-as.factor( datos[,3])

> modelo <- strip.plot(bloque,trat,aplic,rdto)

> comparison<-LSD.group(rdto,trat,modelo$gl.a,modelo$Ea)
> comparison<-LSD.group(rdto,aplic,modelo$gl.b,modelo$Eb)
```

Comparación de los tratamientos.

```
> library(combinat)
> comparison<-LSD(rdto,trat,modelo$gl.a,modelo$Ea)
> comparison<-LSD(rdto,aplic,modelo$gl.b,modelo$Eb)
```

Calculo de Promedio.

```
> promedio<-mean(rdto)
```

Analizar e interpretar los datos del ANOVA, la prueba de LSD y dar conclusiones: