UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA LA MOLINA

FACULTAD DE ECONOMIA Y PLANIFICACIÓN
DEPARTAMENTO DE ESTADISTICA E INFORMATICA

Agricolae

versión 1.1-7

MANUAL PRÁCTICO PARA EL USO DE AGRICOLAE

Ing. Estadistico Felipe de Mendiburu (*)
Magister en Ingenieria de Sistemas

Enero - 2014

** Profesor Principal. Dpto. Estadística e Informática. Universidad Nacional Agraria La Molina.*
** Researcher. International Potato Center*

INDICE GENERAL

PRESENTACIÓN

R es un sistema de programación funcional exclusivo para el manejo de datos en estadística y ciencias afines como las matemáticas, en ambientes como Windows, Linux y Mac y "agricolae" es un paquete de funciones para R aplicadas a la investigación agrícola.

El paquete "agricolae" ofrece una amplia funcionalidad en el diseño de experimentos, especialmente para experimentos en la agricultura y mejoramientos de plantas, los cuales pueden también ser usados para otros propósitos. Contiene los diseños latice, alfa, cíclico, bloques incompletos balanceados, bloques completos aleatorios, latino, greco latino, diseños aumentados en bloques, parcelas divididas, bloques divididos; también tiene varios procedimientos de análisis de datos experimentales, tales como las comparaciones de tratamientos de Waller-Duncan, Bonferroni, Duncan, Student-Newman-Keuls, Scheffe o los clásicos como LSD y Tukey, y comparaciones no-paramétricas, como Kruskal-Wallis, Friedman, Durbin y Waerden, análisis de estabilidad y otros procedimientos aplicados en genética, así como también procedimientos en biodiversidad y estadística descriptiva.

Para más detalles sobre el uso de "agricolae" se encuentran el manual de referencia y el sistema de ayudas del sistema en html, los cuales pueden ser invocados desde el menú de R y en la web: **http://tarwi.lamolina.edu.pe/~fmendiburu/**

1 INSTALACIÓN DE AGRICOLAE Y USO EN R

1.1 INSTALACIÓN

El programa principal de R debe ser instalado en la plataforma de su computadora (Windows, Linux o Mac). Si aún no está instalado, éste debe ser descargado del proyecto R **(www.r-project.org)** del CRAN de un repositorio (R Development Core Team, 2013). Como es un programa libre, no se requiere ninguna identificación. Los paquetes pueden ser incorporadas mediante un proceso de instalación, directamente desde la plataforma de R.

"Agricolae" es un paquete para R; como tal, su instalación es igual que cualquier otro paquete de R.

Para Windows se requiere el programa R versión 3.0.0 o superior.

Si el programa R está instalado en Windows o en otra plataforma, la instalación de "agricolae" puede hacerse directamente desde la consola de R en conexión con Internet, así:

```
install.packages("agricolae")
```

Se selecciona un repositorio y el sistema se instala automáticamente.

Si no se tiene conexión a Internet, es necesario copiar de la página del proyecto R el archivo agricolae_x.x-x. zip para Windows.

El archivo agricolae_ x.x-x.zip (De Mendiburu, 2013) puede ser descargado del repositorio de R en la siguientes direcciones: **www.r-project.org** o de la dirección **http://cran.at.r-project.org/web/packages/agricolae/index.html**

El archivo puede ser incorporado directamente a R instalando desde la consola ejecutando la siguiente instrucción si el archivo está en la dirección E:
install.packages("E:/agricolae_ x.x-x.zip")

También puede ser instalado desde el menú de R:

Packages, Install package(s) from local zip files … . Seleccionar el archivo zip no requiere desempaquetar.

"agricolae" para su completa funcionalidad requiere otros paquetes.

MASS: para la inversa generalizada utilizada en la función PBIB.test()
nlme: para los metodos REML and LM en PBIB.test
klaR: para la función triplot() utilizada en la función AMMI()
akima: para el uso de la función interpp( ) utilizada en grid3p() para interpolación.
Cluster: para el uso de la función consensus()

1.2 USO EN R

Como "agricolae" es un paquete de funciones, éstas son operativas cuando se las invoca directamente desde la consola de R y son integradas a todas las funciones de Base de R.

Las siguientes órdenes son frecuentes:
Cargar el paquete a la memoria: **library(agricolae)**
Descargar: **detach(package:agricolae)**

Una vez cargado el paquete, éste puede ser usado así:
Listar la base de datos: **data(package="agricolae")**
Cargar los datos de camote: **data(sweetpotato)**
Ver su estructura: **str(sweetpotato)**
Listar su contenido: **head(sweetpotato)**
Editar su contenido: **fix(sweetpotato)**

Para continuar con la línea de comandos, siempre debe cerrar las ventanas abiertas con alguna orden de R.

Para ayudas: **help(sweetpotato); ? sweetpotato**
Para la búsqueda de alguna función: **apropos("design")**

```
[1] "design.ab"      "design.alpha"   "design.bib"     "design.crd"
[5] "design.cyclic"  "design.dau"     "design.graeco"  "design.lattice"
[9] "design.lsd"     "design.rcbd"    "design.split"   "design.strip"
```

Para uso de símbolos que no figuran en el teclado en español, como por ejemplo: ~, [,], &, ^, |. <, >, {, }, \, % u otros, utilice la tabla 6.10.

2 ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA

El paquete “agricolae” proporciona algunas funciones complementarias al programa R, específicamente para el manejo del histograma.

2.1 HISTOGRAMA

El histograma es construido con la función graph.freq() y está asociado a otras funciones: polygon.freq, table.freq, stat.freq, intervals.freq, sturges.freq, join.freq, ojiva.freq y normal.freq. Tambien puede utilizar las funciones genéricas: summary() y plot().

Ejemplo 1.1 Datos generados en R. (peso de estudiantes). Figura 2.1

```
c(68,53,69.5,55,71,63,76.5,65.5,69,75,76,57,70.5,71.5,56,81.5,
69,59,67.5,61,68,59.5,56.5,73,61,72.5,71.5,59.5,74.5,63)-> peso
```

cargar el paquete “agricolae” :

```
# Salida en Figura 2.1
library(agricolae)
par(mfrow=c(2,2))
h1<- graph.freq(peso,col="yellow",frequency=1, main="frecuencia
absoluta\nh1")
h2<- graph.freq (peso,  frequency =2 , axes= FALSE, main="polígono
de frecuencia\nh2")
polygon.freq(h2, col="blue", lwd=2, frequency =2)
TIC<- h2$breaks[2]- h2$breaks[1]
axis(1,c(h2$mids[1]-TIC, h2$mids, h2$mids[6]+TIC ),cex=0.6)
axis(2, cex=0.6,las=1)
h3<- graph.freq (peso, col="brown", frequency =3,
main="densidad\nh3")
h4<- graph.freq(peso, col="blue", frequency =3, main="densidad
normal\nh4", density=4)
normal.freq(h4, col="red", lty=4,lwd=2, frequency=3)
```

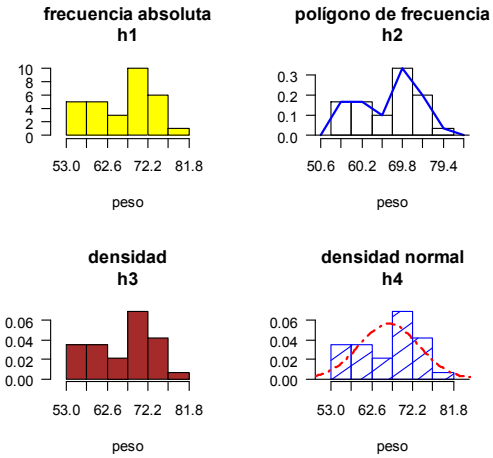


Figura 2.1 Histogramas, polígono y densidad

```
# Compacion graf.freq() con hist(),
# Salida en Figura 2.2

set.seed(seed=71)
PESO<-rnorm(30,66.45,7.42)
par(mfrow=c(2,1),mar=c(3,3,2,0),cex=0.7)
H1<-graph.freq(PESO,frequency=3,main="R-agricolae\ngraph.freq()")
lines(density(PESO),col="blue")
round(summary(H1),2)
H2<-hist(PESO,freq=FALSE, main="R-base\nhist()",las=1)
lines(density(PESO),col="brown")
round(table.freq(H2),2)
```

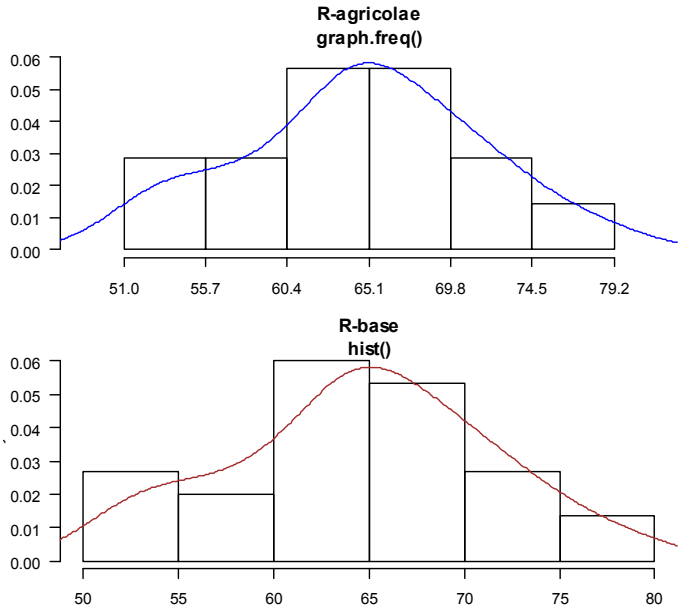


Figura 2.2 Histogramas y densidad

```
> summary(PESO)
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  51.74   60.65   64.78   64.69   69.25   78.87
> round(summary(H1),2)
  Lower Upper  Main freq relative CF  RCF
   51.0  55.7 53.35    4     0.13  4 0.13
   55.7  60.4 58.05    4     0.13  8 0.27
   60.4  65.1 62.75    8     0.27 16 0.53
   65.1  69.8 67.45    8     0.27 24 0.80
   69.8  74.5 72.15    4     0.13 28 0.93
   74.5  79.2 76.85    2     0.07 30 1.00
> round(table.freq(H2),2)
  Lower Upper Main freq relative CF  RCF
     50    55 52.5    4     0.13  4 0.13
     55    60 57.5    3     0.10  7 0.23
     60    65 62.5    9     0.30 16 0.53
     65    70 67.5    8     0.27 24 0.80
     70    75 72.5    4     0.13 28 0.93
     75    80 77.5    2     0.07 30 1.00
```

2.2 MANEJANDO ESCALAS

Se refiere a los cambios de escala en los ejes. Figura 2.3

```
par(mfrow=c(2,2))
h5<- graph.freq(peso, frequency =1, main="frecuencia
absoluta\nh5",ylim=c(0,12))
h6<- graph.freq(peso, nclass=5, main="frecuencia con 5
clases\nh6",ylim=c(0,12))
normal.freq(h6,col="red")
h7<- graph.freq(peso, density=6, col="blue", frequency =3,
ylim=c(0,0.08), main="densidad\nh7")
lines(density(peso),col="brown",lwd=2)
h8<- graph.freq(peso, border=0, frequency =3, main="polígono y
densidad\nh8",ylim=c(0,0.08))
polygon.freq(h8,col="blue", frequency =3)
lines(density(peso),col="brown",lwd=2)
```

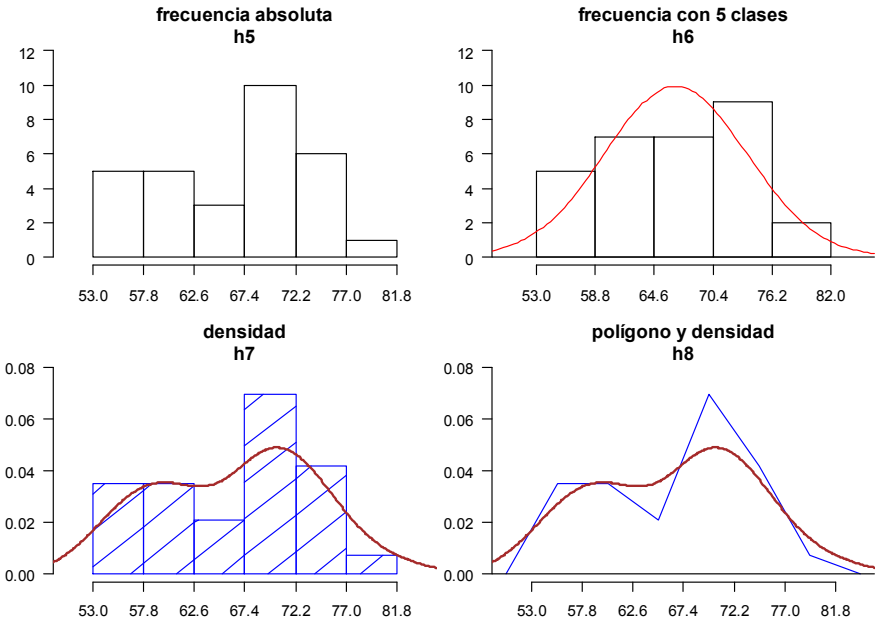


Figura 2.3. Cambio de escala de los ejes de coordenadas

2.3 TABLAS DE FRECUENCIA Y ESTADÍSTICAS

Redondeado a dos decimales:

```
round(table.freq(h6), 2)
```

```
  Lower Upper Main freq relative CF  RCF
   53.0  58.8 55.9    5     0.17  5 0.17
   58.8  64.6 61.7    7     0.23 12 0.40
   64.6  70.4 67.5    7     0.23 19 0.63
   70.4  76.2 73.3    9     0.30 28 0.93
   76.2  82.0 79.1    2     0.07 30 1.00
```

```
stat.freq(h6)
$variance
[1] 50.42133
$mean
[1] 66.72667
$median
[1] 67.08571
$mode
       [-   -]     mode
[1,] 70.4 76.2 71.68889
```

2.4 REPRODUCIENDO HISTOGRAMAS Y EL USO DE HIST()

La clase de graph.freq() es graph.freq. Figura 2.3

Reproduciendo el histograma h6 (5 clases)

```
h9<-ojiva.freq(h5, type="b", main="ojiva de h5\nh9 ", col="red ")
h10<-plot(h6, main="frecuencia con 5 clases\nh10")
normal.freq(h6,col="red")
round(summary(h6),2)
```

```
  Lower Upper Main freq relative CF  RCF
   53.0  58.8 55.9    5     0.17  5 0.17
   58.8  64.6 61.7    7     0.23 12 0.40
   64.6  70.4 67.5    7     0.23 19 0.63
   70.4  76.2 73.3    9     0.30 28 0.93
   76.2  82.0 79.1    2     0.07 30 1.00
```

El tipo de clase de la función hist() es “histogram” y de graph.freq() es "graph.freq", sin embargo es posible establecer compatibilidad entre ambas funciones.

```
#hh <- hist(peso,nclass=5) # Reporta 7 clases
hh <- graph.freq(peso,nclass=5) # Reporta 5 clases
```

Para mostrar las frecuencias relativas se puede usar graph.freq() usando el objeto hh creado por hist(), sin modificar las clases.

```
h11<-graph.freq(hh, frequency=2, col=colors()[367]
,main="relativa\nh11")
```

Ver los resúmenes: `> summary(hh)`
`> summary(h11)`
Las funciones de “agricolae” para el manejo de histogramas funcionan correctamente sobre los objetos creados por la función hist() de R.

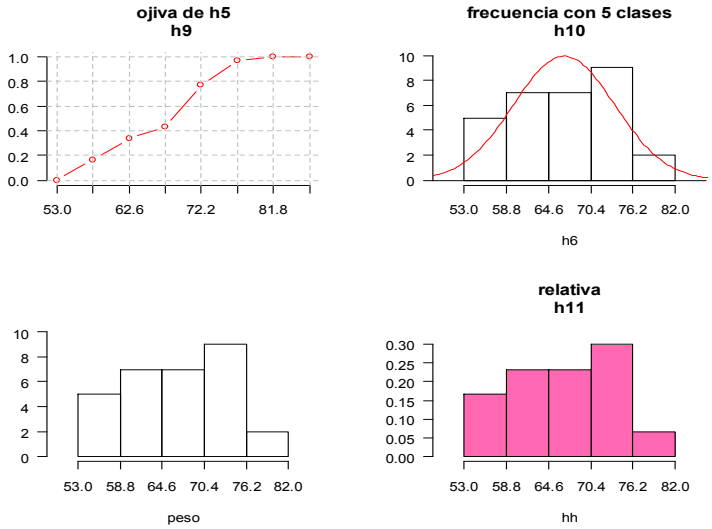


Figura 2.4 Nuevas escalas para los histogramas

2.5 HISTOGRAMA A PARTIR DE DATOS AGRUPADOS

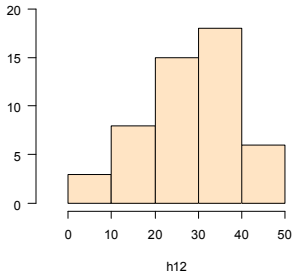
Si se tiene datos agrupados, con la función graph.freq() se puede graficar y obtener los resumenes del histograma; asi por ejemplo en la siguiente tabla:

0-10	10-20	20-30	30-40	40-50
3	8	15	18	6

Organizando en R se tiene:

```
clases <- c(0, 10, 20, 30, 40, 50)
frec <- c(3, 8, 15, 18, 6)
h12 <- graph.freq(clases,counts=frec,xlab="Clases",
main="Clases\nh12",plot=FALSE)
summary(h12)
plot(h12,col=colors()[20])
```

```
  Lower Upper Main freq relative CF  RCF
      0    10    5    3     0.06  3 0.06
     10    20   15    8     0.16 11 0.22
     20    30   25   15     0.30 26 0.52
     30    40   35   18     0.36 44 0.88
     40    50   45    6     0.12 50 1.00
```



Todas las funciones de “agricolae” pueden aplicarse, incluyendo plot().

2.6 JUNTANDO CLASES

Con la información de los pesos de los estudiantes, los intervalos originales pueden ser cambiados, juntando por ejemplo:

```
intervals.freq(h12)
```

```
     lower upper
[1,]     0    10
[2,]    10    20
[3,]    20    30
[4,]    30    40
[5,]    40    50
```

```
h13<- join.freq(h12,1:2)
intervals.freq(h13)
```

```
     lower upper
[1,]     0    20
[2,]    20    30
[3,]    30    40
[4,]    40    50
```

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(h12, xlab="Original Class", main="target")
plot(h13, xlab="Changes in class", main="join.freq")
```

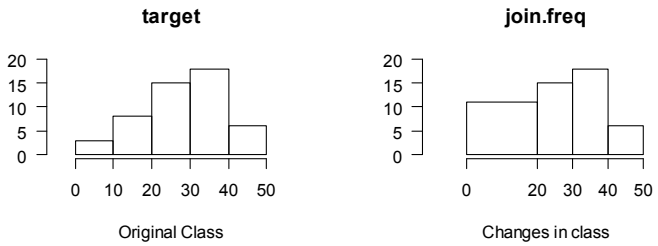


Figure 2.5 Nuevas clases para el hsitograma

3 DISEÑO DE EXPERIMENTOS

El paquete “agricolae” presenta funciones especiales para la creación del libro de campo para diseños experimentales. La generación aleatoria hace que este paquete sea bastante utilizado en la investigación agrícola.

Para esta generación se requiere ciertos parámetros como por ejemplo el nombre de cada uno de los tratamientos, el número de repeticiones y otros según el diseño (Cochran, 1992; Kuehl, 2000; Montgomery, 2002; LeClerg, 1962). Otros parámetros de generación aleatoria son adicionales, como la semilla para reproducir la misma generación aleatoria o el método de generación (Ver manual de referencia de agrícola http://cran.at.r-project.org/web/packages/agricolae/agricolae.pdf)

Parametros importantes en la generación de diseño:

serie: Es una constante que se utiliza para poner etiqueta numérica a los bloques, por ejemplo serie = 2, las etiquetas serán: 101, 102, para la primera fila o bloque, 201, 202, para las siguientes, en el caso del diseño competo al azar, la numeracion es secuencial.
design: Algunas funciones de agricolae solicita el diseño a ser aplicado, específicamente para design.ab (factorial) o design.split(parcelas divididas) y sus valores posibles son: "rcbd", "crd" y "lsd".
seed: Es la semilla para la generacion aleatoria, y su valor es cualquier valor real positive, si el valor es cero, se tiene una generacion no reproducible, para otro valor si es reproducible el diseño.
Kinds: es el método para la generación aleatoria, el recomendado es "Super-Duper".
first: Para algunos diseños se requiere mantener ordenado (sistematico) la primera repetición, especialmente en el diseño de bloques; si desea cambia a aleatorio, colocar first = TRUE.

3.1 COMPLETAMENTE AL AZAR

Sólo se requiere los nombres de tratamientos y el número de sus repeticiones y sus parámetros son:

```
> args(design.crd)
function (trt, r, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")

trt <- c("A", "B", "C")
repeticion <- c(4, 3, 4)
plan1 <- design.crd(trt,r=repeticion,seed=777,serie=0)

   plots r trt
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
```

Para Excel.

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

3.2 BLOQUES COMPLETAMENTE AL AZAR

Se requiere los nombres de tratamientos y el número de bloques y sus parámetros son:

```
> args(design.rcbd)
function (trt, r, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper",
    first = FALSE)

trt <- c("A", "B", "C")
repeticion <- 4
plan2 <- design.rcbd(trt,r=repeticion, seed=543, serie=2)
t(matrix(plan2[,3],c(3,4)))
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "A"  "B"  "C"
[2,] "B"  "A"  "C"
[3,] "B"  "C"  "A"
[4,] "C"  "B"  "A"
```

El plan puede ser enviado a excel como libro de campo.

```
write.csv(plan2,"plan2.csv",row.names=FALSE)
```

3.3 CUADRADO LATINO

Se requiere los nombres de tratamientos.

```
> args(design.lsd)
function (trt, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper", first =
FALSE)
NULL

trt <- c("A", "B", "C", "D")
plan3 <- design.lsd(trt, seed=543, serie=2)
t(matrix(plan3[,4],c(4,4)))
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] "A"  "B"  "C"  "D"
[2,] "B"  "C"  "D"  "A"
[3,] "D"  "A"  "B"  "C"
[4,] "C"  "D"  "A"  "B"
```

3.4 GRECO LATINO

Se requiere los nombres de tratamientos de cada factor de estudio y sus parámetros son:

```
> args(design.graeco)
function (trt1, trt2, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")

trt1 <- c("A", "B", "C", "D")
trt2 <- 1:4
plan4 <- design.graeco(trt1,trt2, seed=543, serie=2)
t(matrix(paste(plan4[,4],plan4[,5]),c(4,4)))
```

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

3.5 BLOQUES INCOMPLETOS BALANCEADOS

Se requiere los nombres de tratamientos y el tamaño del bloque.

```
> args(design.bib)
function (trt, k, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")

trt <- c("A", "B", "C", "D", "E" )
k <- 4
plan5 <- design.bib(trt,k, seed=543, serie=2)

Parameters BIB
==============
Lambda     : 3
treatmeans : 5
Block size : 4
Blocks     : 5
Replication: 4

Efficiency factor 0.9375

<<< Book >>>
```

Según la información producida, son 5 bloques de tamaño 4, siendo la matriz formada:

```
plan5$parameters
       lambda treatmeans blockSize blocks r Efficiency
values      3          5         4      5 4     0.9375

book<-plan5$book
t(matrix(book[,3],c(4,5)))
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] "C"  "B"  "E"  "A"
[2,] "C"  "D"  "A"  "B"
[3,] "B"  "A"  "E"  "D"
[4,] "D"  "C"  "E"  "B"
[5,] "A"  "D"  "E"  "C"
```

Se puede observar que los tratamientos tienen 4 repeticiones con lambda=3, lo cual significa que un par de tratamientos está junto en 3 oportunidades. Por ejemplo, B y E se encuentran en el bloque I, III y V.

3.6 CÍCLICO

Se requiere los nombres de tratamientos, el tamaño del bloque y el número de repeticiones. Se usa para 6 a 30 tratamientos. Las repeticiones son un múltiplo del tamaño del bloque; si son 6 tratamientos y el tamaño es 3, entonces las repeticiones pueden ser 6, 9, 12, etc. Sus parámetros:

```
> args(design.cyclic)
function (trt, k, r, serie = 2, rowcol = FALSE, seed = 0, kinds =
"Super-Duper")

trt <- c("A", "B", "C", "D", "E", "F" )
plan6 <- design.cyclic(trt,k=3, r=6, seed=543, serie=2)

cyclic design
Generator block basic:
1 2 4
1 3 2
Parameters
==================
treatments : 6
Block size : 3
Replication: 6

> plan6$design[[1]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "A"  "E"  "D"
[2,] "D"  "F"  "C"
[3,] "A"  "D"  "B"
[4,] "A"  "C"  "F"
[5,] "C"  "B"  "E"
[6,] "B"  "E"  "F"

> plan6$design[[2]]
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "B"  "D"  "C"
[2,] "C"  "A"  "B"
[3,] "F"  "A"  "B"
[4,] "C"  "D"  "E"
[5,] "E"  "A"  "F"
[6,] "F"  "E"  "D"
```

Se han generado 12 bloques de 4 tratamientos para cada uno.

3.7 LATICE

Se requiere un número de tratamientos de un cuadrado perfecto, por ejemplo 9, 16, 25, 36, 49, etc.

Puede generar un latice simple (2 rep.) o latice triple (3 rep.)

Generando un diseño latice triple para 9 tratamientos 3x3.

```
> args(design.lattice)
function (trt, r = 3, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")
> trt<-letters[1:9]
> plan7 <-design.lattice(trt, r = 3, serie = 2, seed = 0, kinds =
"Super-Duper")

Lattice design,  triple   3 x 3

Efficiency design  0.7272727
```

```
> plan
$parameters
       treatmens blockSize blocks r Efficiency
values         9         3      3 3  0.7272727

$square1
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "b"  "i"  "g"
[2,] "h"  "f"  "e"
[3,] "d"  "a"  "c"

$square2
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "d"  "h"  "b"
[2,] "a"  "f"  "i"
[3,] "c"  "e"  "g"

$square3
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "a"  "e"  "b"
[2,] "d"  "f"  "g"
[3,] "c"  "h"  "i"

$plan
   plots r block trt
1    101 1     1   b
2    102 1     1   i
3    103 1     1   g
...
9    109 1     3   c
10   201 2     4   d
11   202 2     4   h
12   203 2     4   b
...
19   301 3     7   a
20   302 3     7   e
21   303 3     7   b
22   304 3     8   d
23   305 3     8   f
24   306 3     8   g
25   307 3     9   c
26   308 3     9   h
27   309 3     9   i
```

3.8 ALFA LATICE

Son los diseños generados por los arreglos alpha (Patterson & Williams, 1976). Son similares a los diseños latices, pero los cuadros son rectangulares de s bloques por k tratamientos por bloque. El número de tratamientos debe ser igual a s*k y el total de unidades experimentales r*s*k. Sus argumentos

```
> args(design.alpha)
function (trt, k, r, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")

trt <- letters[1:15]
plan8 <- design.alpha(trt,k=3,r=2,seed=543)
```

```
alpha design (0,1) - Serie  I

Parameters Alpha design
=======================
treatmeans : 15
Block size : 3
Blocks     : 5
Replication: 2

Efficiency factor
(E ) 0.6363636

<<< Book >>>
```

```
plan8$parameters
       treatments blockSize blocks r Efficiency
values         15         3      5 2  0.6363636
```

```
plan8$design

$rep1
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "l"  "m"  "e"
[2,] "g"  "c"  "i"
[3,] "o"  "k"  "d"
[4,] "h"  "f"  "j"
[5,] "a"  "n"  "b"

$rep2
     [,1] [,2] [,3]
[1,] "o"  "a"  "m"
[2,] "l"  "k"  "g"
[3,] "d"  "n"  "h"
[4,] "j"  "b"  "c"
[5,] "f"  "i"  "e"
```

```
# codificacion de las parcelas
> A1<-plan8$book[plan8$book$replication==1,1]
> dim(A1)<-c(3,5)
> A1<-t(A1)
> A1
     [,1] [,2] [,3]
[1,]  101  102  103
[2,]  104  105  106
[3,]  107  108  109
[4,]  110  111  112
[5,]  113  114  115

> A2<-plan8$book[plan8$book$replication==2,1]
> dim(A2)<-c(3,5)
> A2<-t(A2)
> A2
     [,1] [,2] [,3]
[1,]  201  202  203
[2,]  204  205  206
[3,]  207  208  209
[4,]  210  211  212
[5,]  213  214  215
```

3.9 BLOQUES AUMENTADOS

Se tiene estos diseños para dos tipos de tratamientos: los de control (comunes) y los aumentados. Los comunes son aplicados en bloques completos al azar y los aumentados, aleatoriamente, aplicandose cada uno en algún bloque una sola vez. Se entiende que los comunes son de mayor interés; el error estándar de la diferencia es mucho menor que entre dos aumentados que están en diferentes bloques. La función design.dau() logra este propósito. Sus parámetros:

```
> args(design.dau)
function (trt1, trt2, r, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper",
    name = "trt")

rm(list=ls())
trt1 <- c("A", "B", "C", "D")
trt2 <- c("t","u","v","w","x","y","z")
plan9 <- design.dau(trt1, trt2, r=5, seed=543, serie=2)
attach(plan9)
by(trt,block,as.character)

> by(trt,block,as.character)
block: 1
[1] "D" "C" "A" "u" "B" "t"
------------------------------------------------------------
block: 2
[1] "D" "z" "C" "A" "v" "B"
------------------------------------------------------------
block: 3
[1] "C" "w" "B" "A" "D"
------------------------------------------------------------
block: 4
[1] "A" "C" "D" "B" "y"
------------------------------------------------------------
block: 5
[1] "C" "B" "A" "D" "x"

detach(plan9)
print(plan9)
   plots block trt
1    101     1   D
2    102     1   C
3    103     1   A
4    104     1   u
5    105     1   B
6    106     1   t
...
27   505     5   x
```

Para el diseño completamente al azar aumentado, utilizar la función design.crd().

3.10 PARCELAS DIVIDIDAS EN BLOQUES (SPLIT-PLOT)

Estos diseños tienen dos factores, un factor aplicado en parcelas definido como A en un diseño de bloques completos al azar y un segundo factor en las subparcelas de cada parcela aplicado aleatoriamente. La función design.split() permite hallar el plan experimental para este diseño. Sus parámetros:

```
> args(design.split)
function (trt1, trt2, r = NULL, design = c("rcbd", "crd", "lsd"),
    serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper", first = FALSE)

trt1<-c("A","B","C","D")
trt2<-c("a","b","c")
plan10 <-design.split(trt1,trt2,r=3,serie=2,seed=543)
print(plan10)
   plots splots block trt1 trt2
1    101      1     1    A    c
2    101      2     1    A    a
3    101      3     1    A    b
4    102      1     1    B    b
5    102      2     1    B    c
6    102      3     1    B    a
7    103      1     1    C    b
8    103      2     1    C    c
9    103      3     1    C    a
10   104      1     1    D    a
11   104      2     1    D    b
12   104      3     1    D    c
13   201      1     2    A    b
14   201      2     2    A    a
...
36   304      3     3    D    b

p<-plan10$trt1[seq(1,36,3)]
q<-NULL
for(i in 1:12) q<-c(q,paste(plan10$trt2[3*(i-1)+1],plan10$trt2[3*(i-
1)+2],plan10$trt2[3*(i-1)+3]))

En las parcelas

print(t(matrix(p,c(4,3))))
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] "A"  "B"  "C"  "D"
[2,] "A"  "C"  "B"  "D"
[3,] "A"  "C"  "B"  "D"

En las subparcelas (división de cada parcela)

print(t(matrix(q,c(4,3))))
     [,1]    [,2]    [,3]    [,4]
[1,] "c a b" "b c a" "b c a" "a b c"
[2,] "b a c" "a b c" "a c b" "b c a"
[3,] "a b c" "a c b" "a c b" "c a b"
```

3.11 BLOQUES DIVIDIDOS (STRIP-PLOT)

Este diseño se utiliza cuando se tiene dos tipos de tratamientos (factores) y se aplica separadamente en parcelas grandes, llamadas franjas, en vertical y horizontal del bloque, obteniéndose los bloques divididos. Cada bloque constituye una repetición. Sus parámetros:

```
> args(design.strip)
function (trt1, trt2, r, serie = 2, seed = 0, kinds = "Super-Duper")

trt1<-c("A","B","C","D")
trt2<-c("a","b","c")
plan11 <-design.strip(trt1,trt2,r=3,serie=2,seed=543)
print(plan11)

   plots block trt1 trt2
1    101     1    A    a
2    102     1    A    b
3    103     1    A    c
...
13   201     2    D    a
14   202     2    D    b
15   203     2    D    c
16   204     2    A    a
17   205     2    A    b
...
36   312     3    A    a

t3<-paste(plan11$trt1,plan11$trt2)
B1<-t(matrix(t3[1:12],c(4,3)))
B2<-t(matrix(t3[13:24],c(3,4)))
B3<-t(matrix(t3[25:36],c(3,4)))

> print(B1)
     [,1]  [,2]  [,3]  [,4]
[1,] "A a" "A b" "A c" "D a"
[2,] "D b" "D c" "B a" "B b"
[3,] "B c" "C a" "C b" "C c"
> print(B2)
     [,1]  [,2]  [,3]
[1,] "D a" "D b" "D c"
[2,] "A a" "A b" "A c"
[3,] "B a" "B b" "B c"
[4,] "C a" "C b" "C c"

> print(B3)
     [,1]  [,2]  [,3]
[1,] "B b" "B c" "B a"
[2,] "D b" "D c" "D a"
[3,] "C b" "C c" "C a"
[4,] "A b" "A c" "A a"
```

3.12 FACTORIAL

El arreglo factorial completo de n factores aplicados a un diseño experimental (CRD, RCBD y LSD) es frecuente y este pocedimiento en agricolae permite aplicar el factorial a uno de estos tres diseños.

La función es design.ab() con parámetros:

```
> str(design.ab)
function (trt, r = NULL, serie = 2, design = c("rcbd", "crd",
"lsd"), seed = 0, kinds = "Super-Duper", first = FALSE)
```

Para generar el factorial, es necesario crear un vector de niveles de cada factor, el procedimiento genera automáticamente hasta 25 factores y con “r” repeticiones.

trt<- c(4,2,3) # tres factores a 4, 2 y 3 niveles respectivamente.

Para los diseños rcbd y crd, es necesario dar valor a “r” como numero de repeticiones, este puede ser un vector si es desigual repetición o constante para igual repetición (recomendado).

```
> library(agricolae)
> trt<-c(3,2) # factorial 3x2
> rcbd <-design.ab(trt, r=3, serie=2)
> head(rcbd,10) # print of the field book
   plots block A B
1    101     1 1 1
2    102     1 1 2
3    103     1 2 1
4    104     1 2 2
5    105     1 3 1
6    106     1 3 2
7    201     2 1 2
8    202     2 3 2
9    203     2 1 1
10   204     2 2 2

> # factorial 2 x 2 x 2 with 5 replications in completely randomized
design.
> trt<-c(2,2,2)
> crd<-design.ab(trt, r=5, serie=2,design="crd")
> print(crd)
   plots r A B C
1    101 1 2 1 2
2    102 1 2 2 2
3    103 2 2 2 2
4    104 1 1 2 2
5    105 1 1 2 1
...
```

4 ANÁLISIS DE DISEÑOS EXPERIMENTALES

Para estos fines, “agricolae” tiene las siguientes funciones: BIB.test(), PBIB.test(), LSD.test(), HSD.test(), duncan.test(), SNK.test(), scheffe.test() (Steel, 1996) y durbin.test(), kruskal(), friedman() y waerden.test (Conover, 1999).

Para todo análisis estadístico, los datos deben estar organizados en columna. Para la demostración se utilizará la base de datos de “agricolae”.

Los datos de “sweetpotato” corresponden a un experimento completamente aleatorio en campo con parcelas de 50 plantas de camote y sometidas al efecto de virus y un control sin virus (ver manual de referencia del paquete).

```
data(sweetpotato)
modelo<-aov(yield~virus, data=sweetpotato)
cv.model(modelo)
[1] 17.16660
attach(sweetpotato)
mean(yield)
[1] 27.625
```

Parámetros del modelo: Grados de libertad y su variancia del error:

```
df<-df.residual(modelo)
MSerror<-deviance(modelo)/df
```

4.1 LSD

Comprende la comparación múltiple mediante el metodo de la mínima diferencia significativa (Least Significant Difference), (Steel, 1997).

```
# out <- LSD.test(yield,virus,df,MSerror)
out<-LSD.test(modelo, "virus",console=TRUE)

Study: yield ~ "virus"

LSD t Test for yield

Mean Square Error:  22.48917

virus,  means and individual ( 95 %) CI

      yield      std r       LCL      UCL  Min  Max
cc 24.40000 3.609709 3 18.086268 30.71373 21.7 28.5
fc 12.86667 2.159475 3  6.552935 19.18040 10.6 14.9
ff 36.33333 7.333030 3 30.019601 42.64707 28.0 41.8
oo 36.90000 4.300000 3 30.586268 43.21373 32.1 40.4

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of t: 2.306004

Least Significant Difference 8.928965
Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        oo      36.9
a        ff      36.33
b        cc      24.4
c        fc      12.87

names(out)
1] "statistics" "parameters" "means"      "comparison" "groups"
```

```
out$statistics
    Mean       CV  MSerror      LSD
  27.625 17.1666 22.48917 8.928965
```

En la función LSD.test() se realizó la comparación múltiple. Para obtener las probabilidades de las comparaciones se debe indicar que no se requiere grupos, así:

```
out <- LSD.test(yield, virus,df, MSerror, group=F,console=TRUE)

Study: yield ~ virus

LSD t Test for yield

Mean Square Error:  22.48917

virus,  means and individual ( 95 %) CI

      yield      std r       LCL      UCL  Min  Max
cc 24.40000 3.609709 3 18.086268 30.71373 21.7 28.5
fc 12.86667 2.159475 3  6.552935 19.18040 10.6 14.9
ff 36.33333 7.333030 3 30.019601 42.64707 28.0 41.8
oo 36.90000 4.300000 3 30.586268 43.21373 32.1 40.4

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of t: 2.306004

Comparison between treatments means

         Difference       pvalue sig.        LCL        UCL
cc - fc  11.5333333 0.0176377595    *   2.604368  20.462299
cc - ff -11.9333333 0.0150730851    * -20.862299  -3.004368
cc - oo -12.5000000 0.0120884239    * -21.428965  -3.571035
fc - ff -23.4666667 0.0003023690  *** -32.395632 -14.537701
fc - oo -24.0333333 0.0002574929  *** -32.962299 -15.104368
ff - oo  -0.5666667 0.8872673216       -9.495632   8.362299
```

La diferencia corresponde al primer tratamiento menos el segundo; asi:

"fc" - "oo" = -24.0333333,

donde se compara ambos "fc" vs. "cc", el p.valor es 0.0002574929, lo cual indica que son diferentes significativamente. Así se procede con los otros resultados.

El código de la significación "sig" se interpreta como:

```
"***": p.valor < 0.001
"** ": 0.001 <p.valor < 0.01
"*  ": 0.01 < p.valor < 0.05
".  ": 0.05 < p.valor < 0.10
```

4.2 BONFERRONI

Mediante la funcion LSD.test() se puede hacer ajustes a las probabilidades encontradas como por ejemplo el ajuste por Bonferroni.

```
LSD.test(modelo, "virus", group=F, p.adj= "bon",console=TRUE)
```

```
alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of t: 3.478879

Comparison between treatments means

         Difference   pvalue  sig.        LCL         UCL
cc - fc  11.5333333 0.105827       -1.937064  25.0037305
cc - ff -11.9333333 0.090439    . -25.403730   1.5370638
cc - oo -12.5000000 0.072531    . -25.970397   0.9703971
fc - ff -23.4666667 0.001814   ** -36.937064  -9.9962695
fc - oo -24.0333333 0.001545   ** -37.503730 -10.5629362
ff - oo  -0.5666667 1.000000      -14.037064  12.9037305
```

Otras pruebas de comparación pueden ser aplicadas, tales como “duncan” , “Student-Newman-Keuls”, “tukey”, “waller-duncan”.

Para “duncan” la función duncan.test(); para “Student-Newman-Keuls”, la funcion SNK.test(); para “tukey”, la función HSD.test(); para “scheffe“ la funcion scheffe.test(); y para “waller-duncan”, la función waller.test(). Los parámetros son los mismos. En el caso de Waller, se requiere además el valor de F-calculado de tratamientos del ANOVA. Si se utiliza el modelo como parámetro, ya no es necesario.

4.3 DUNCAN’ NEW’S

Corresponde a la nueva prueba de rango multiple de Duncan (Duncan’s New Multiple-Range Test), (Steel, 1997).

```
out<-duncan.test(modelo, "virus", console=TRUE)
```

```
Duncan's new multiple range test
for yield

alpha: 0.05 ; Df Error: 8

Critical Range
       2        3        4
8.928965 9.304825 9.514910

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        oo      36.9
a        ff      36.33
b        cc      24.4
c        fc      12.87
```

```
duncan.test(modelo, "virus", group=FALSE, console=TRUE)

alpha: 0.05 ; Df Error: 8

Critical Range
       2        3        4
8.928965 9.304825 9.514910

Comparison between treatments means

         Difference   pvalue sig.        LCL        UCL
cc - fc  11.5333333 0.017638    *   2.604368  20.462299
cc - ff -11.9333333 0.015073    * -20.862299  -3.004368
cc - oo -12.5000000 0.014544    * -21.804825  -3.195175
fc - ff -23.4666667 0.000388  *** -32.771492 -14.161842
fc - oo -24.0333333 0.000387  *** -33.548244 -14.518423
ff - oo  -0.5666667 0.887267       -9.495632   8.36229999
```

4.4 STUDENT-NEWMAN-KEULS (SNK)

Student, Newman y Keuls contribuyeron a mejorar la prueba de Newman-Keuls de 1939, el cual se conocia como el metodo Keuls, (Steel, 1997).

```
out<-SNK.test(modelo, "virus", alpha=0.05,console=TRUE)

Student Newman Keuls Test
for yield

alpha: 0.05 ; Df Error: 8

Critical Range
        2         3         4
 8.928965 11.064170 12.399670

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        oo      36.9
a        ff      36.33
b        cc      24.4
c        fc      12.87

names(out)
[1] "statistics" "parameters" "SNK"        "means"      "comparison"
[6] "groups"

out$SNK
     Table CriticalRange
2 3.261182      8.928965
3 4.041036     11.064170
4 4.528810     12.399670

out<-SNK.test(modelo, "virus", group=FALSE,console=TRUE)

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
```

```
Critical Range
        2         3         4
 8.928965 11.064170 12.399670

Comparison between treatments means

       Difference   pvalue sig.        LCL        UCL
cc-fc  11.5333333 0.017638    *   2.604368  20.462299
cc-ff -11.9333333 0.015073    * -20.862299  -3.004368
cc-oo -12.5000000 0.029089    * -23.564170  -1.435830
fc-ff -23.4666667 0.000777  *** -34.530836 -12.402497
fc-oo -24.0333333 0.001162   ** -36.433003 -11.633664
ff-oo  -0.5666667 0.887267       -9.495632   8.362299
```

```
out$comparison
```

```
       Difference   pvalue sig        LCL        UCL
cc-fc  11.5333333 0.017638   *   2.604368  20.462299
...
ff-oo  -0.5666667 0.887267      -9.495632   8.362299
```

4.5 TUKEY (HSD)

Llamado de rango estudiantizado construido por Tukey en 1953, conocido como la prueba de la diferencia significativa honesta HSD (Honestly significant difference), (Steel, 1997).

```
out1 <- HSD.test(modelo, "virus",console=TRUE)
```

```
HSD Test for yield

Mean Square Error:  22.48917

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of Studentized Range: 4.52881

Honestly Significant Difference: 12.39967

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        oo      36.9
ab       ff      36.33
bc       cc      24.4
c        fc      12.87
```

4.6 WALLER-DUNCAN

En 1975, Duncan continuo con los procedimientos de comparacion multiple, introduciendo el criterio de minimizar ambos errores experimentales; para esto, utilizo la teoria bayesiana, obteniedo una nueva prueba llamada Waller-Duncan, (Steel, 1997).

```
# análisis de variancia:

anova(modelo)

Analysis of Variance Table

Response: yield
          Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
virus      3 1170.21  390.07  17.345 0.0007334 ***
Residuals  8  179.91   22.49
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

El valor de F calculado es 17.345. Para el análisis comparativo de tratamientos se requiere que esté activo sweetpotato; así:

```
attach(sweetpotato)
```

entonces:

```
out2  <-  waller.test(yield,virus,DFerror=8,MSerror=22.49,Fc=  17.345,
group=F)

En otro caso con sólo invocar el objeto modelo:

out2 <- waller.test(modelo, "virus", group=F, console=TRUE)

Waller-Duncan K-ratio t Test for yield

This test minimizes the Bayes risk under additive
loss and certain other assumptions.
                          ......
K ratio                  100.00000
Error Degrees of Freedom   8.00000
Error Mean Square         22.48917
F value                   17.34500
Critical Value of Waller   2.23600

virus,  means

      yield      std r  Min  Max
cc 24.40000 3.609709 3 21.7 28.5
fc 12.86667 2.159475 3 10.6 14.9
ff 36.33333 7.333030 3 28.0 41.8
oo 36.90000 4.300000 3 32.1 40.4

Minimum Significant Difference 8.657906
Comparison between treatments means

         Difference significant
cc - fc  11.5333333        TRUE
cc - ff -11.9333333        TRUE
cc - oo -12.5000000        TRUE
fc - ff -23.4666667        TRUE
fc - oo -24.0333333        TRUE
ff - oo  -0.5666667       FALSE
```

Se indica que el efecto del virus “ff” no es significativamente del control “oo”.

El objeto encontrado “out” y tiene información para hacer otros procedimientos.

```
> out1
$statistics
    Mean      CV  MSerror      HSD
  27.625 17.1666 22.48917 12.39967

$parameters
  Df ntr StudentizedRange
   8   4          4.52881

$means
...
> out2
$statistics
    Mean      CV  MSerror  F.Value CriticalDifference
  27.625 17.1666 22.48917 17.34478           8.657906

$parameters
  Df ntr   K Waller
   8   4 100  2.236

$means
...
```

4.7 SCHEFFE

Este método fué construido en 1959 por Scheffe, es muy general para todos los posibles contraste y sus intervalos de confianza. Los intervalos de confianza para las medias son muy amplias, resultando una prueba muy conservadora para la comparacion entre medias de tratamientos (Steel, 1997).

```
# análisis de variancia:
modelo<-aov(yield~virus, data=sweetpotato)
out3 <- scheffe.test(modelo,"virus", group=TRUE,console=TRUE,
main="Yield of sweetpotato\nDealt with different virus")

Study: Yield of sweetpotato
Dealt with different virus

Scheffe Test for yield

Mean Square Error  : 22.48917

virus,  means

      yield      std r  Min  Max
cc 24.40000 3.609709 3 21.7 28.5
fc 12.86667 2.159475 3 10.6 14.9
ff 36.33333 7.333030 3 28.0 41.8
oo 36.90000 4.300000 3 32.1 40.4

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of F: 4.066181

Minimum Significant Difference: 13.52368

Means with the same letter are not significantly different.
```

```
Groups, Treatments and means
a        oo      36.9
a        ff      36.33
ab       cc      24.4
b        fc      12.87
```

El valor mínimo de significación es muy alto.
Si se requiere las probabilidades aproximadas de comparación, se puede utilizar la opción Group=FALSE.

```
out3 <- scheffe.test(modelo,"virus", group=FALSE, console=TRUE)

Scheffe Test for yield

Mean Square Error  : 22.48917

virus,  means

      yield      std r  Min  Max
cc 24.40000 3.609709 3 21.7 28.5
fc 12.86667 2.159475 3 10.6 14.9
ff 36.33333 7.333030 3 28.0 41.8
oo 36.90000 4.300000 3 32.1 40.4

alpha: 0.05 ; Df Error: 8
Critical Value of F: 4.066181

Comparison between treatments means

         Difference   pvalue sig        LCL         UCL
cc - fc  11.5333333 0.097816   .  -1.000348  24.0670149
cc - ff -11.9333333 0.085487   . -24.467015   0.6003483
cc - oo -12.5000000 0.070607   . -25.033682   0.0336816
fc - ff -23.4666667 0.002331  ** -36.000348 -10.9329851
fc - oo -24.0333333 0.001998  ** -36.567015 -11.4996517
ff - oo  -0.5666667 0.999099     -13.100348  11.9670149
```

4.8 COMPARACION MULTIPLE DE UN FACTORIAL

En un factorial se tiene efectos combinados de los tratamientos. Las pruebas comparativas: LSD, HSD, Waller-Duncan, Duncan, Scheffe, SNK pueden ser aplicadas.

```
# modelo <-aov(y ~ A*B*C,data)
# out<-LSD.test(modelo,c("A","B","C"))
```

La comparación será de la combinación de A:B:C.

Datos de un diseño bloques con un factorial clones x nitrógeno. La variable respuesta rendimiento:

```
rendimiento <- scan(text=
"6  7  9 13 16 20  8  8  9
 7  8  8 12 17 18 10  9 12
 9  9  9 14 18 21 11 12 11
 8 10 10 15 16 22  9  9  9"
)
bloque<-gl(4,9)
clon<-rep(gl(3,3,labels = c("c1","c2","c3")),4)
nitrogeno<-rep(gl(3,1,labels=c("n1","n2","n3")),12)
A<-data.frame(bloque,clon,nitrogeno,rendimiento)
head(A)
```

```
  bloque clon nitrogeno rendimiento
1      1   c1        n1           6
2      1   c1        n2           7
3      1   c1        n3           9
4      1   c2        n1          13
5      1   c2        n2          16
6      1   c2        n3          20
```

```
modelo<-aov(rendimiento ~ bloque + clon*nitrogeno, data=A)
anova(modelo)
```

```
Analysis of Variance Table

Response: rendimiento
               Df Sum Sq Mean Sq  F value    Pr(>F)
bloque          3  20.75   6.917   5.8246 0.0038746 **
clon            2 497.72 248.861 209.5673 6.370e-16 ***
nitrogeno       2  54.06  27.028  22.7602 2.865e-06 ***
clon:nitrogeno  4  43.28  10.819   9.1111 0.0001265 ***
Residuals      24  28.50   1.187
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
```

```
out<-LSD.test(modelo,c("clon","nitrogeno"),console=TRUE)
```

```
Study: modelo ~ c("clon", "nitrogeno")

LSD t Test for rendimiento

Mean Square Error:  1.1875

clon:nitrogeno,  means and individual ( 95 %) CI

      rendimiento       std r       LCL       UCL  Min  Max
c1:n1        7.50 1.2909944 4  6.375459  8.624541    6    9
c1:n2        8.50 1.2909944 4  7.375459  9.624541    7   10
c1:n3        9.00 0.8164966 4  7.875459 10.124541    8   10
c2:n1       13.50 1.2909944 4 12.375459 14.624541   12   15
c2:n2       16.75 0.9574271 4 15.625459 17.874541   16   18
c2:n3       20.25 1.7078251 4 19.125459 21.374541   18   22
c3:n1        9.50 1.2909944 4  8.375459 10.624541    8   11
c3:n2        9.50 1.7320508 4  8.375459 10.624541    8   12
c3:n3       10.25 1.5000000 4  9.125459 11.374541    9   12

alpha: 0.05 ; Df Error: 24
Critical Value of t: 2.063899
```

```
Least Significant Difference 1.590341
Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a         c2:n3   20.25
b         c2:n2   16.75
c         c2:n1   13.5
d         c3:n3   10.25
de        c3:n1   9.5
de        c3:n2   9.5
def       c1:n3   9
ef        c1:n2   8.5
f         c1:n1   7.5
```

```
par(mar=c(3,3,2,0))
grafico<-bar.err(out$means,variation="range",ylim=c(5,25),
bar=FALSE,col=0,las=1)
points(grafico$index,grafico$means,pch=18,cex=1.5,col="blue")
axis(1,grafico$index,labels=FALSE)
title(main="Promedios y rango\nclon:nitrogeno")
```

En la siguiente figura 4.1 se muestra el resultado.

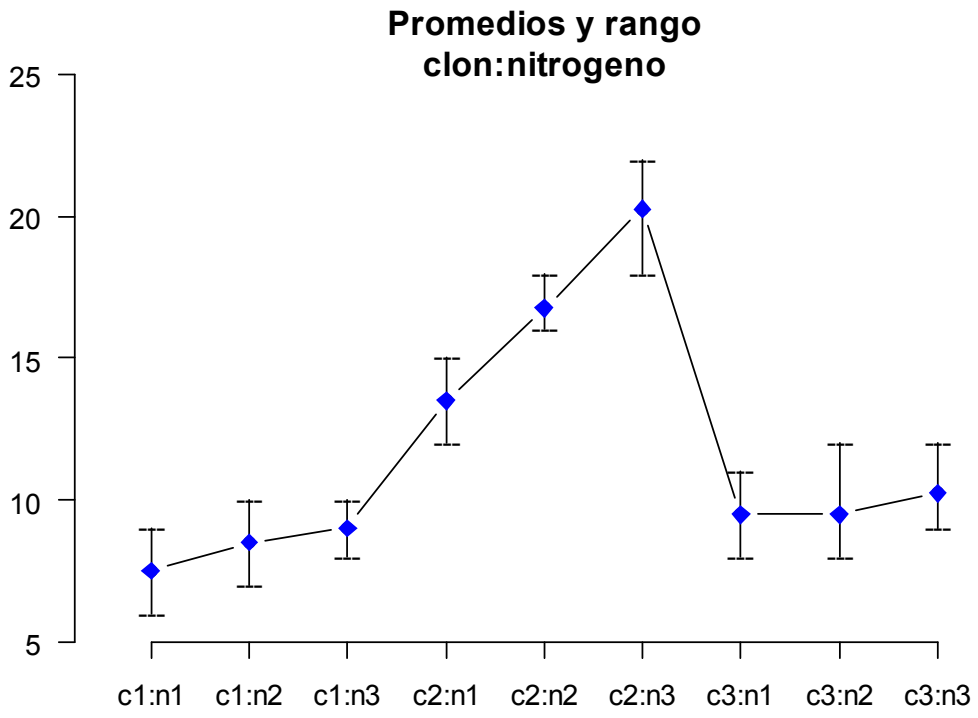


Figura 4.1 Combinado clon:nitrogeno

Es importante el orden como se presenta en el anova (solo para la prueba de waller-duncan en otras pruebas no es necesario)

4.9 GRÁFICOS DE LA COMPARACIÓN MÚLTIPLE

Los resultados de una comparacion pueden ser vistos graficamente con las funciones bar.group() y bar.err().
El objeto encontrado de una comparación es la entrada para estas funciones, Figura 4.2.
Los objetos out1 (Tukey) y out2 (Waller-Duncan) son utilizados en el siguiente ejercicio:

out1, para las funciones bar.group() y bar.err()
out2, para la función bar.err()

```
par(mfrow=c(2,2))
c1<-colors()[480]; c2=colors()[65]; c3=colors()[15];
c4=colors()[140]
G1<-bar.group(out$groups, ylim=c(0,25), main="LSD\nG1",col=c1,las=2)
G2<-bar.group(out$groups, horiz=TRUE, xlim=c(0,25),
main="LSD\nG2",col=c2,las=1)
G3<-bar.err(out$means, variation="range",ylim=c(0,25), col=c3,
main="Rango\nG3",las=2)
G4<-bar.err(out$means, variation="SD", horiz=TRUE, xlim=c(0,25),
col=c4, main="Desviacion estándar \nG4",las=1)
```

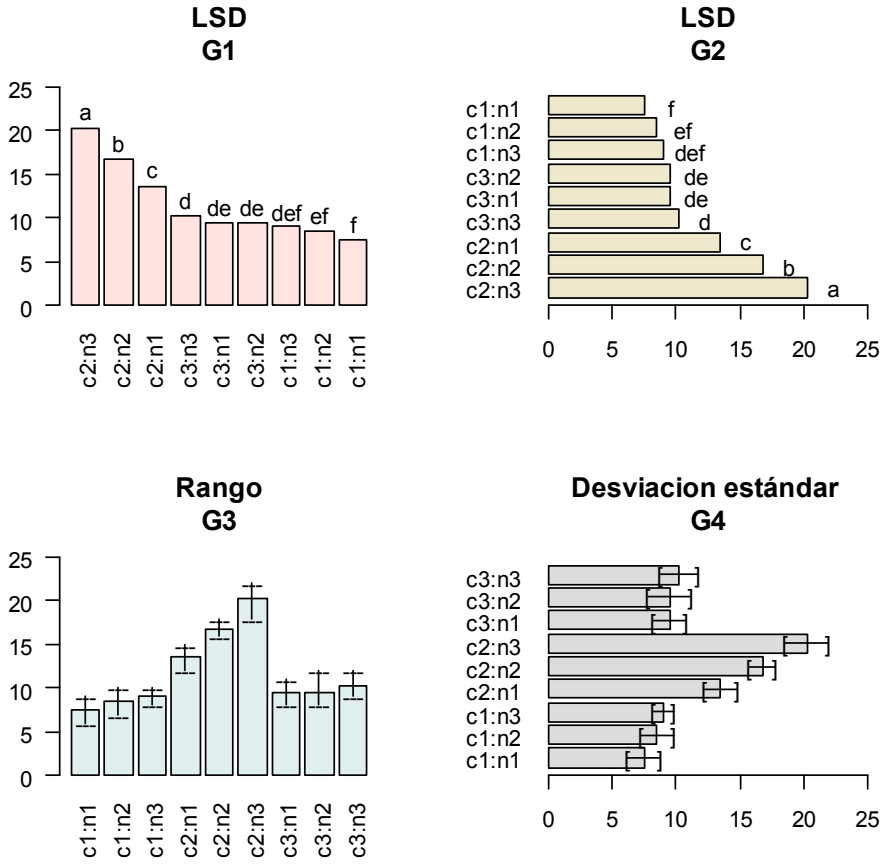


Figura 4.2 Comparación entre tratamientos

4.10 ANÁLISIS DE BLOQUES INCOMPLETOS BALANCEADOS

Éstos pueden provenir de diseños balanceados o parcialmente balanceados. La función BIB.test() es para diseños balanceados, y PBIB.test(), para diseños parcialmente balanceados. Para el ejemplo, se utilizarán los datos de “agricolae”.

```
#Example linear estimation and design of experiments. (Joshi, 1987)
# Profesor de Estadistica, Institute of Social Sciences Agra, India
# 6 variedades de trigo en 10 bloques de 3 parcelas cada una.
bloque<-gl(10,3)
variedad<-c(1,2,3,1,2,4,1,3,5,1,4,6,1,5,6,2,3,6,2,4,5,2,5,6,3,4,5,3,
4,6)
y<-c(69,54,50,77,65,38,72,45,54,63,60,39,70,65,54,65,68,67,57,60,62,
59,65,63,75,62,61,59,55,56)
analisis<-BIB.test(block=bloque, trt=variedad, y, console=TRUE)

ANALYSIS BIB:  y
Class level information

Block:  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
Trt  :  1 2 3 4 5 6

Number of observations:  30

Analysis of Variance Table

Response: y
            Df  Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
block.unadj  9  466.97  51.885  0.9019 0.54712
trt.adj      5 1156.44 231.289  4.0206 0.01629 *
Residuals   15  862.89  57.526
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

coefficient of variation: 12.6 %
y Means: 60.3

variedad,  statistics
     y mean.adj       SE r       std  Min  Max
1 70.2 75.13333 3.728552 5  5.069517   63   77
2 60.0 58.71667 3.728552 5  4.898979   54   65
3 59.4 58.55000 3.728552 5 12.381438   45   75
4 55.0 54.96667 3.728552 5  9.848858   38   62
5 61.4 60.05000 3.728552 5  4.505552   54   65
6 55.8 54.38333 3.728552 5 10.756393   39   67

LSD test
Std.diff   : 5.363111
Alpha      : 0.05
LSD        : 11.4312
Parameters BIB
Lambda     : 2
treatmeans : 6
Block size : 3
Blocks     : 10
Replication: 5

Efficiency factor 0.8
```

```
<<< Book >>>

Means with the same letter are not significantly different.

Comparison of treatments

Groups, Treatments and means
a        1       75.13
b        5       60.05
b        2       58.72
b        3       58.55
b        4       54.97
b        6       54.38
```

```
analisis

$parameters
  lambda treatmeans blockSize blocks r
       2          6         3     10 5

$statistics
  Mean Efficiency       CV
  60.3        0.8 12.57808

$comparison
NULL

$means
     y mean.adj       SE r  std.err  Min  Max
1 70.2 75.13333 3.728552 5 2.267157   63   77
2 60.0 58.71667 3.728552 5 2.190890   54   65
3 59.4 58.55000 3.728552 5 5.537147   45   75
4 55.0 54.96667 3.728552 5 4.404543   38   62
5 61.4 60.05000 3.728552 5 2.014944   54   65
6 55.8 54.38333 3.728552 5 4.810405   39   67

$groups
  trt mean.adj M
1   1 75.13333 a
2   5 60.05000 b
3   2 58.71667 b
4   3 58.55000 b
5   4 54.96667 b
6   6 54.38333 b
```

Se puede utilizar LSD, Duncan, SNK, Tukey y Waller-Duncan. También se puede obtener las probabilidades de la comparación. Sólo se debe indicar group=FALSE, así:

```
out<-BIB.test(block=bloque, trt=variedad, y, group=F, test= "tukey")

out$comparison
      Difference   pvalue sig.
1 - 2 16.4166667 0.070509    .
1 - 3 16.5833333 0.066649    .
1 - 4 20.1666667 0.019092    *
1 - 5 15.0833333 0.109602
1 - 6 20.7500000 0.015510    *
```

```
2 - 3  0.1666667 1.000000
2 - 4  3.7500000 0.979184
2 - 5 -1.3333333 0.999840
2 - 6  4.3333333 0.961588
3 - 4  3.5833333 0.982927
3 - 5 -1.5000000 0.999715
3 - 6  4.1666667 0.967375
4 - 5 -5.0833333 0.927273
4 - 6  0.5833333 0.999997
5 - 6  5.6666667 0.890815
```

El objeto "modelo" encontrado puede ser utilizado para las funciones de bar.group() y bar.err() para los gráficos de barras, en la misma forma como se realizó anteriormente.

4.11 BLOQUES INCOMPLETOS PARCIALMENTE BALANCEADO

La función PBIB.test() (Joshi, 1987).puede ser utilizada para los diseños latice y alfa.

Considere el caso siguiente: Construir el diseño alfa con 30 tratamientos, 2 repeticiones y un tamaño del bloque igual a 3.

```
library(agricolae)
library(MASS)
require(nlme)
# alpha design
genotipo<-paste("geno",1:30,sep="")
r<-2
k<-3
plan<-design.alpha(genotipo,k,r,seed=5)

alpha design (0,1) - Serie  I

Parameters Alpha design
=======================
treatments : 30
Block size : 3
Blocks     : 10
Replication: 2

Efficiency factor
(E ) 0.6170213

<<< Book >>>

plan$parameters
       treatments blockSize blocks r Efficiency
values         30         3     10 2  0.6170213
```

El plan generado es plan$book.

Suponga que la observación correspondiente a cada unidad experimental es:

```
rdto<-c(5,2,7,6,4,9,7,6,7,9,6,2,1,1,3,2,4,6,7,9,8,7,6,4,3,2,2,1,1,2,
     1,1,2,4,5,6,7,8,6,5,4,3,1,1,2,5,4,2,7,6,6,5,6,4,5,7,6,5,5,4)
```

Se construye la tabla de datos para el análisis. En teoría, se supone que uno aplica un diseño y realiza el experimento; posteriormente se observa las variables de estudio a partir de cada unidad experimental.

```
tabla<-data.frame(plan$book,rdto)
rm(rdto,genotipo)
```

El análisis:

```
attach(tabla)
modelo <- PBIB.test(block, genotipo, replication, rdto, k=3,
method="ML",console=TRUE)
detach(tabla)

ANALYSIS PBIB:  rdto

Class level information
block : 20
genotipo : 30

Number of observations:  60

Estimation Method:  Maximum likelihood

Parameter Estimates
                      Variance
block:replication 3.355931e+00
replication       5.997912e-09
Residual          5.923666e-01

                      Fit Statistics
-2 Res Log Likelihood      -98.32886
AIC                        262.65771
BIC                        331.77108

Analysis of Variance Table

Response: rdto
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
genotipo  29 32.182 1.10974  1.8734 0.1359
Residuals 11  6.516 0.59237

coefficient of variation: 17 %
rdto Means: 4.533333

Parameters PBIB
                   .
genotipo          30
block size         3
block/replication 10
replication        2

Efficiency factor 0.6170213
```

```
Comparison test lsd

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        20      7.759
ab       24      6.294
ab       13      6.171
abc      1       6.14
abcd     8       6.079
abcd     23      5.97
abcde    22      5.792
abcde    16      5.67
bcdef    27      5.08
bcdefg   4       5.042
bcdefg   10      4.927
bcdefgh          14      4.885
bcdefghi         3       4.698
bcdefghij        6       4.631
bcdefghij        7       4.442
bcdefghij        19      4.386
bcdefghij        21      4.324
bcdefghij        5       4.194
bcdefghij        17      4.181
bcdefghij        28      3.965
bcdefghij        25      3.812
cdefghij         15      3.646
cefghij          2       3.634
defghij          11      3.53
efghij   12      3.427
fghij    26      3.418
fhij     30      2.652
gij      18      2.533
ij       9       2.515
j        29      2.201

Comparison between treatments means and its name

<<< to see the objects: means, comparison and groups. >>>
```

```
> names(modelo)
[1] "method"     "parameters" "statistics" "comparison" "means"
[6] "groups"     "vartau"

modelo$parameters
  treatments blockSize blocks r
          30         3     10 2

modelo$statistics
  Efficiency     Mean       CV
   0.6170213 4.533333 16.97765
```

Las medias ajustadas pueden ser extraídas del modelo.

```
head(modelo$means)

       rdto trt mean.adj        SE r std.err  Min  Max
```

```
geno1   7.5   1 6.140390 0.8813469 2     1.5     6     9
geno10  4.5   2 3.633591 0.8813469 2     0.5     4     5
geno11  5.5   3 4.698153 0.8754092 2     0.5     5     6
geno12  4.0   4 5.042196 0.8813469 2     3.0     1     7
geno13  4.0   5 4.194444 0.8813469 2     2.0     2     6
geno14  3.5   6 4.631101 0.8754092 2     2.5     1     6
```

Los datos sobre las medias ajustadas y su error estándar pueden ser graficados (figura 4.2), dado que el objeto creado es muy similar a los objetos generados por las comparaciones múltiples.

```
par(mfrow=c(2,2),cex=0.6)
C1<-bar.err(modelo$means[1:7,], ylim=c(0,9), main="C1",
variation="range",col=colors()[15])
C2<-bar.err(modelo$means[8:15,], ylim=c(0,9), main="C2",
variation="range", col=colors()[20])
C3<-bar.err(modelo$means[16:22,], ylim=c(0,9), main="C3",
variation="range", col=colors()[23])
C4<-bar.err(modelo$means[23:30,], ylim=c(0,9), main="C4",
variation="range", col=colors()[47])
```

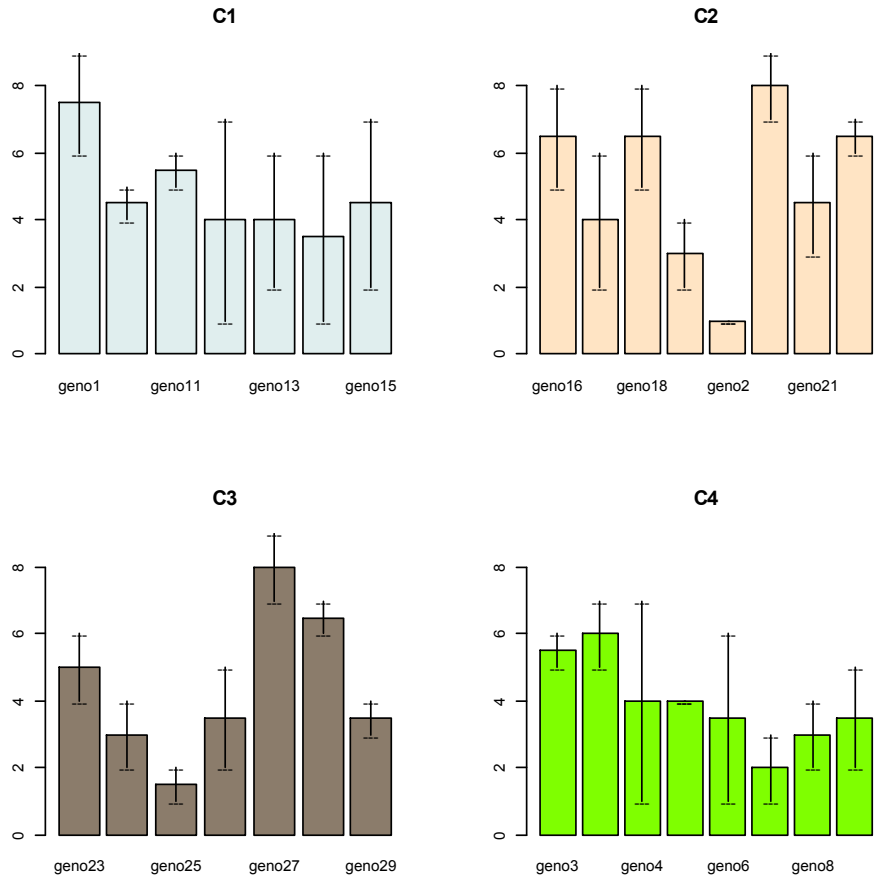


Figura 4.3. Rango de variacion en cada tratamiento.

Análisis de latice balanceado 3x3, 9 tratamientos, 4 repeticiones.

Crear los datos en un archivo de texto: latice3x3.txt y leer con R:

sqr	block	trt	yield								
1	1	1	48.76	1	1	4	14.46	1	1	3	19.68
1	2	8	10.83	1	2	6	30.69	1	2	7	31.00
1	3	5	12.54	1	3	9	42.01	1	3	2	23.00
2	4	5	11.07	2	4	8	22.00	2	4	1	41.00
2	5	2	22.00	2	5	7	42.80	2	5	3	12.90
2	6	9	47.43	2	6	6	28.28	2	6	4	49.95
3	7	2	27.67	3	7	1	50.00	3	7	6	25.00
3	8	7	30.00	3	8	5	24.00	3	8	4	45.57
3	9	3	13.78	3	9	8	24.00	3	9	9	30.00
4	10	6	37.00	4	10	3	15.42	4	10	5	20.00
4	11	4	42.37	4	11	2	30.00	4	11	8	18.00
4	12	9	39.00	4	12	7	23.80	4	12	1	43.81

```
library(agricolae)
library(MASS)
require(nlme)
A<-read.table("latice3x3.txt", header=T)
attach(A)
modelo2<-
PBIB.test(block,trt,sqr,yield,k=3,method="REML",test="lsd",console=
TRUE)
detach(A)

ANALYSIS PBIB:  yield

Class level information
block : 12
trt : 9

Number of observations:  36

Estimation Method:  Residual (restricted) maximum likelihood

Parameter Estimates
              Variance
block:sqr 1.604257e-08
sqr       1.668375e-07
Residual  5.693724e+01

                     Fit Statistics
-2 Res Log Likelihood      -99.11599
AIC                        222.23197
BIC                        237.78201

Analysis of Variance Table

Response: yield
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
trt        8 3749.4  468.68  8.2315 0.0001987 ***
Residuals 16  911.0   56.94
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
coefficient of variation: 25.9 %
yield Means: 29.16167

Parameters PBIB
           .
trt        9
block size 3
block/sqr  3
sqr        4

Efficiency factor 0.75

Comparison test lsd

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        1       45.89
ab       9       39.61
ab       4       38.09
bc       7       31.9
bc       6       30.24
cd       2       25.67
d        8       18.71
d        5       16.9
d        3       15.45

Comparison between treatments means and its name

<<< to see the objects: means, comparison and groups. >>>
```

modelo2$parameters

```
  treatments blockSize blocks r
           9         3      3 4
```

modelo2$means

```
    yield trt mean.adj       SE r  std.err   Min   Max
1 45.8925   1  45.8925 3.772839 4 2.108860 41.00 50.00
2 25.6675   2  25.6675 3.772839 4 1.900585 22.00 30.00
3 15.4450   3  15.4450 3.772839 4 1.505133 12.90 19.68
4 38.0875   4  38.0875 3.772839 4 8.027584 14.46 49.95
5 16.9025   5  16.9025 3.772839 4 3.068910 11.07 24.00
6 30.2425   6  30.2425 3.772839 4 2.536390 25.00 37.00
7 31.9000   7  31.9000 3.772839 4 3.966947 23.80 42.80
8 18.7075   8  18.7075 3.772839 4 2.906984 10.83 24.00
9 39.6100   9  39.6100 3.772839 4 3.647335 30.00 47.43
```

head(modelo2$comparison)

```
      Difference   stderr   pvalue
1 - 2    20.2250 5.335599 0.001604
1 - 3    30.4475 5.335599 0.000032
1 - 4     7.8050 5.335599 0.162884
1 - 5    28.9900 5.335599 0.000056
1 - 6    15.6500 5.335599 0.009746
1 - 7    13.9925 5.335599 0.018476
```

4.12 BLOQUES AUMENTADOS

La función DAU.test() puede ser utilizada para el análisis del diseño de bloques aumentados.

Los datos deben estar organizados en una tabla, conteniendo los bloques, tratamientos y la respuesta.

```
block<-c(rep("I",7),rep("II",6),rep("III",7))
trt<-c("A","B","C","D","g","k","l","A","B","C","D","e","i","A","B",
"C","D","f","h","j")
yield<-c(83,77,78,78,70,75,74,79,81,81,91,79,78,92,79,87,81,89,96,
82)
data.frame(block, trt, yield)
```

```
   block trt yield
1      I   A    83
2      I   B    77
3      I   C    78
4      I   D    78
5      I   g    70
6      I   k    75
7      I   l    74
8     II   A    79
9     II   B    81
10    II   C    81
11    II   D    91
12    II   e    79
13    II   i    78
14   III   A    92
15   III   B    79
16   III   C    87
17   III   D    81
18   III   f    89
19   III   h    96
20   III   j    82
```

En cada bloque están los tratamientos:

```
by(trt,block,as.character)
```

```
block: I
[1] "A" "B" "C" "D" "g" "k" "l"
------------------------------------------------------------
block: II
[1] "A" "B" "C" "D" "e" "i"
------------------------------------------------------------
block: III
[1] "A" "B" "C" "D" "f" "h" "j"
```

con sus respectivas respuestas:

```
by(yield,block,as.character)
```

```
block: I
[1] "83" "77" "78" "78" "70" "75" "74"
------------------------------------------------------------
block: II
[1] "79" "81" "81" "91" "79" "78"
```

```
------------------------------------------------------------
block: III
[1] "92" "79" "87" "81" "89" "96" "82"

model<- DAU.test(block,trt,yield,method="lsd",console=TRUE)

ANALYSIS DAU:  yield
Class level information

Block:  I II III
Trt  :  A B C D e f g h i j k l

Number of observations:  20

ANOVA, Treatment Adjusted
Analysis of Variance Table

Response: yield
                          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
block.unadj                2 360.07 180.036
trt.adj                   11 285.10  25.918  0.9609 0.5499
Control                    3  52.92  17.639  0.6540 0.6092
Control + control.VS.aug.  8 232.18  29.022  1.0760 0.4779
Residuals                  6 161.83  26.972

ANOVA, Block Adjusted
Analysis of Variance Table

Response: yield
                    Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
trt.unadj           11 575.67  52.333
block.adj            2  69.50  34.750  1.2884 0.3424
Control              3  52.92  17.639  0.6540 0.6092
Augmented            7 505.88  72.268  2.6793 0.1253
Control vs augmented 1  16.88  16.875  0.6256 0.4591
Residuals            6 161.83  26.972

coefficient of variation: 6.4 %
yield Means: 81.5

Critical Differences (Between)         Std Error Diff.

Two Control Treatments                          4.240458
Two Augmented Treatments (Same Block)           7.344688
Two Augmented Treatments(Different Blocks)      8.211611
A Augmented Treatment and A Control Treatment   6.360687

Means with the same letter are not significantly different.

Groups, Treatments and means
a        h       93.5
ab       f       86.5
ab       A       84.67
ab       D       83.33
ab       C       82
ab       j       79.5
ab       B       79
ab       e       78.25
```

```
ab       k       78.25
ab       i       77.25
ab       l       77.25
b        g       73.25

Comparison between treatments means

<<< to see the objects: pvalue and means  >>>
```

```
model$means
```

```
     yield      std r Min Max mean.adj       SE block
A 84.66667 6.658328 3  79  92 84.66667 2.998456
B 79.00000 2.000000 3  77  81 79.00000 2.998456
C 82.00000 4.582576 3  78  87 82.00000 2.998456
D 83.33333 6.806859 3  78  91 83.33333 2.998456
e 79.00000       NA 1  79  79 78.25000 5.193479    II
f 89.00000       NA 1  89  89 86.50000 5.193479   III
g 70.00000       NA 1  70  70 73.25000 5.193479     I
h 96.00000       NA 1  96  96 93.50000 5.193479   III
i 78.00000       NA 1  78  78 77.25000 5.193479    II
j 82.00000       NA 1  82  82 79.50000 5.193479   III
k 75.00000       NA 1  75  75 78.25000 5.193479     I
l 74.00000       NA 1  74  74 77.25000 5.193479     I
```

```
model<- DAU.test(block,trt,yield,method="lsd", group=FALSE)
model$comparison
```

```
      Difference   pvalue sig.
A - B   5.666667 0.229886
A - C   2.666667 0.552612
A - D   1.333333 0.763840
A - e   6.416667 0.352008
...
B - h -14.500000 0.062832    .
B - i   1.750000 0.792448
...
f - l   9.250000 0.303000
g - h -20.250000 0.048720    *
...
k - l   1.000000 0.896154
```

4.13 COMPARACIONES NO-PARAMÉTRICAS

Las funciones para comparaciones múltiples no-paramétricas incluídas en "agricolae" son: kruskal(), waerden.test(), friedman() y durbin.test() (Conover, 1999).

La función kruskal() se utiliza para muestras de N (N>2) poblaciones o datos provenientes de un experimento completamente aleatorio (poblaciones = tratamientos).

La función waerden.test(), similar a kruskal-wallis, utiliza score normal en vez de rangos como kruskal.

La función friedman() se utiliza para evaluaciones organolépticas de diferentes productos por jueces (cada juez evalua todos los productos) o para el análisis de

tratamientos del diseño de bloques completos al azar, donde la respuesta no puede ser tratada mediante al análisis de variancia.

La función durbin.test() para el análisis del diseño de bloques incompletos balanceados es muy utilizada para pruebas de degustación, donde los jueces evalúan sólo una parte de los tratamientos.

Datos del libro de Montgomery (Montgomery, 2002)
Incluídos en el paquete "agricolae"

```
library(agricolae)
data(corn)
attach(corn)
str(corn)
```

```
'data.frame':   34 obs. of 3 variables:
 $ method     : int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 ...
 $ observation: int  83 91 94 89 89 96 91 92 90 91 ...
 $ rx         : num  11 23 28.5 17 17 31.5 23 26 19.5 23 ...
```

Para los ejemplos se utilizará los datos del paquete "agricolae".

4.14 KRUSKAL-WALLIS

```
compara<-kruskal(observation,method,group=TRUE, main="corn")
detach(corn)
```

```
Study: corn
Kruskal-Wallis test's
Ties or no Ties

Value: 25.62884
degrees of freedom: 3
Pvalue chisq  : 1.140573e-05

method,  means of the ranks

  observation  r
1    21.83333  9
2    15.30000 10
3    29.57143  7
4     4.81250  8

t-Student: 2.042272
Alpha    : 0.05
LSD      : 4.9175

Harmonic Mean of Cell Sizes  8.351284
Means with the same letter are not significantly different

Groups, Treatments and mean of the ranks
a        3       29.57
b        1       21.83
c        2       15.3
d        4       4.812
```

El objeto "compara" tiene la misma estructura de las comparaciones (figura 4.3).

```
par(cex=0.8,mar=c(3,3,1,0))
bar.group(compara$groups,ylim=c(0,35),col=colors()[45])
```

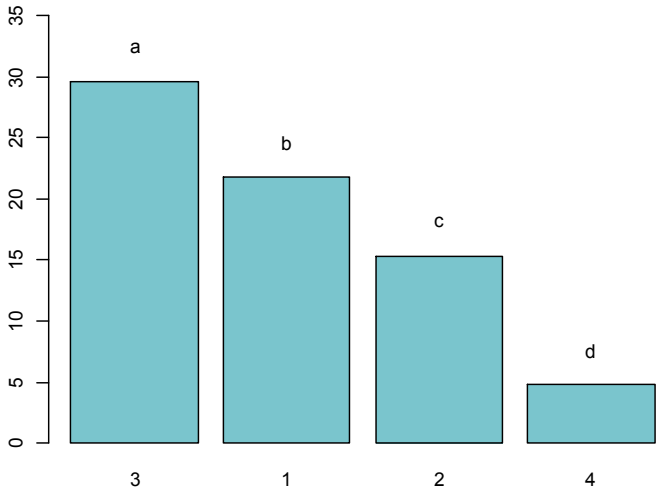


Figura 4.4. Comparación según Kruskal-Wallis.

4.15 FRIEDMAN

```
friedman()

library(agricolae)
rm(list=ls())
data(grass)
attach(grass)
compara<-friedman(judge,trt, evaluation,alpha=0.05, group=FALSE,
main="Datos del libro de Conover",console=TRUE)
detach(grass)

Study: Datos del libro de Conover

trt,  Sum of the ranks

   evaluation  r
t1       38.0 12
t2       23.5 12
t3       24.5 12
t4       34.0 12

Friedman's Test
===============
Adjusted for ties
Value: 8.097345
Pvalue chisq : 0.04404214
F value : 3.192198
Pvalue F: 0.03621547

Alpha     : 0.05
t-Student : 2.034515

Comparison between treatments
Sum of the ranks
```

```
        Difference   pvalue sig.    LCL   UCL
t1 - t2       14.5 0.014896    *   3.02 25.98
t1 - t3       13.5 0.022602    *   2.02 24.98
t1 - t4        4.0 0.483434       -7.48 15.48
t2 - t3       -1.0 0.860438      -12.48 10.48
t2 - t4      -10.5 0.071736    . -21.98  0.98
t3 - t4       -9.5 0.101742      -20.98  1.98
```

4.16 WAERDEN

waerden.test(), con datos de camote en la base “agricolae”.

```
data(sweetpotato)
attach(sweetpotato)
compara<-
waerden.test(yield,virus,alpha=0.01,group=TRUE,console=TRUE)

Study: yield ~ virus
Van der Waerden (Normal Scores) test's

Value : 8.409979
Pvalue: 0.03825667
Degrees of freedom:  3

virus,  means of the normal score

        yield       std r
cc -0.2328353 0.3028832 3
fc -1.0601764 0.3467934 3
ff  0.6885684 0.7615582 3
oo  0.6044433 0.3742929 3

t-Student: 3.355387
Alpha    : 0.01
LSD      : 1.322487

Means with the same letter are not significantly different

Groups, Treatments and means of the normal score
a        ff      0.6886
a        oo      0.6044
ab       cc      -0.2328
b        fc      -1.06
```

Las probabilidades de comparación se obtienen con el parámetro group=FALSE.

```
compara<-waerden.test(yield,virus,group=FALSE,console=TRUE)
detach(sweetpotato)

Study: yield ~ virus
Van der Waerden (Normal Scores) test's

Value : 8.409979
Pvalue: 0.03825667
Degrees of freedom:  3
```

```
virus,  means of the normal score

        yield       std r
cc -0.2328353 0.3028832 3
fc -1.0601764 0.3467934 3
ff  0.6885684 0.7615582 3
oo  0.6044433 0.3742929 3

Comparison between treatments means
mean of the normal score

        Difference   pvalue sig.         LCL         UCL
cc - fc  0.8273411 0.069032    . -0.08154345  1.73622564
cc - ff -0.9214037 0.047582    * -1.83028827 -0.01251917
cc - oo -0.8372786 0.066376    . -1.74616316  0.07160593
fc - ff -1.7487448 0.002176   ** -2.65762936 -0.83986026
fc - oo -1.6646197 0.002902   ** -2.57350426 -0.75573516
ff - oo  0.0841251 0.836322      -0.82475944  0.99300965
```

4.17 DURBIN

durbin(); ejemplo: Myles Hollander (pág. 311) Fuente: W. Moore and C.I. Bliss. (1942)

```
dias <-gl(7,3)
quimico<-c("A","B","D","A","C","E","C","D","G","A","F","G",
"B","C","F", "B","E","G","D","E","F")
toxico<-c(0.465,0.343,0.396,0.602,0.873,0.634,0.875,0.325,0.330,
0.423,0.987,0.426,0.652,1.142,0.989,0.536,0.409,0.309,
0.609,0.417,0.931)

compara<-durbin.test(dias,quimico,toxico,group=F,
main="Logaritmo de la dosis tóxica",console=TRUE)

Study: Logaritmo de la dosis tóxica
quimico,  Sum of ranks

  sum
A   5
B   5
C   9
D   5
E   5
F   8
G   5

Durbin Test
===========
Value      : 7.714286
Df 1       : 6
P-value    : 0.2597916
Alpha      : 0.05
Df 2       : 8
t-Student  : 2.306004

Least Significant Difference
between the sum of ranks:  5.00689
```

```
Parameters BIB
Lambda     : 1
treatmeans : 7
Block size : 3
Blocks     : 7
Replication: 3

Comparison between treatments sum of the ranks

      Difference   pvalue sig.
A - B          0 1.000000
A - C         -4 0.102688
A - D          0 1.000000
A - E          0 1.000000
A - F         -3 0.204420
A - G          0 1.000000
....
E - G          0 1.000000
F - G          3 0.204420
```

5 ANÁLISIS DE ESTABILIDAD

En “agricolae” se tiene dos métodos para el estudio de estabilidad y el modelo AMMI. Éstos son: un modelo paramétrico para una selección simultánea en rendimiento y estabilidad “SHUKLA'S STABILITY VARIANCE AND KANG'S”, y un método no paramétrico de Haynes, basado en el rango de los datos.

5.1 ESTABILIDAD PARAMÉTRICA

Uso del modelo paramétrico función stability.par()

Preparar una tabla de datos donde las filas sean los genotipos y las columnas, los ambientes. Los datos deben corresponder a promedios de rendimiento u otra variable medida. Determinar la variancia del error común para todos los ambientes y el número de repeticiones que fue evaluado para cada genotipo. Si las repeticiones son diferentes, hallar un promedio armónico que representará al conjunto. Finalmente, asigne un nombre a cada fila que representará al genotipo. Para el ejemplo se considera 5 ambientes:

```
v1 <- c(10.2, 8.8, 8.8, 9.3, 9.6, 7.2, 8.4, 9.6, 7.9, 10, 9.3, 8.0, 10.1, 9.4, 10.8, 6.3, 7.4)
v2 <- c(7, 7.8, 7.0, 6.9, 7, 8.3, 7.4, 6.5, 6.8, 7.9, 7.3, 6.8, 8.1, 7.1, 7.1, 6.4, 4.1)
v3 <- c(5.3, 4.4, 5.3, 4.4, 5.5, 4.6, 6.2, 6.0, 6.5, 5.3, 5.7, 4.4, 4.2, 5.6, 5.8, 3.9, 3.8)
v4 <- c(7.8, 5.9, 7.3, 5.9, 7.8, 6.3, 7.9, 7.5, 7.6, 5.4, 5.6, 7.8, 6.5, 8.1, 7.5, 5.0, 5.4)
v5 <- c(9, 9.2, 8.8, 10.6, 8.3, 9.3, 9.6, 8.8, 7.9, 9.1, 7.7, 9.5, 9.4, 9.4, 10.3, 8.8, 8.7)
```

Para 17 genotipos, se identifica por letras.

```
estudio <- data.frame(v1, v2, v3, v4, v5)
rownames(estudio) <- LETTERS[1:17]
```

Se asume una variancia del error de 2 y 4 repeticiones.

```
estabilidad <- stability.par(estudio, rep=4, MSerror=2)
```

INTERACTIVE PROGRAM FOR CALCULATING SHUKLA'S STABILITY VARIANCE AND KANG'S

YIELD - STABILITY (YSi) STATISTICS

Environmental index - covariate

Analysis of Variance

	d.f.	Sum of Squares	Mean Squares	F	p.value
TOTAL	84	1035.6075			
GENOTYPES	16	120.0875	7.5055	2.65	0.003
ENVIRONMENTS	4	734.2475	183.5619	91.78	<0.001
INTERACTION	64	181.2725	2.8324	1.42	0.033
HETEROGENEITY	16	52.7128	3.2945	1.23	0.281
RESIDUAL	48	128.5597	2.6783	1.34	0.0815
POOLED ERROR	240		2		

Genotype. Stability statistics

	Mean	Sigma-square	.	s-square	.	Ecovalence
A	7.86	1.671833	ns	2.209084	ns	6.567031
B	7.22	1.822233	ns	1.977299	ns	7.097855
C	7.44	0.233967	ns	0.134103	ns	1.492208
D	7.42	4.079567	ns	1.443859	ns	15.064913
E	7.64	2.037967	ns	2.369090	ns	7.859266
F	7.14	5.161967	*	6.763106	*	18.885149
G	7.90	1.759300	ns	1.058092	ns	6.875737
H	7.68	1.757167	ns	2.028880	ns	6.868208
I	7.34	5.495300	*	0.423680	ns	20.061619
J	7.54	4.129967	ns	5.125514	ns	15.242796
K	7.12	3.848900	ns	4.360772	ns	14.250796
L	7.30	2.675300	ns	3.610982	ns	10.108678
M	7.66	3.473167	ns	2.198229	ns	12.924678
N	7.92	0.806233	ns	1.097156	ns	3.511972
O	8.30	1.951300	ns	1.459578	ns	7.553384
P	6.08	3.647833	ns	4.919102	ns	13.541149
Q	5.88	3.598500	ns	4.353030	ns	13.367031

Signif. codes: 0 '**' 0.01 '*' 0.05 'ns' 1

Simultaneous selection for yield and stability (++)

	Yield	Rank	Adj.rank	Adjusted	Stab.var	Stab.rating	YSi	...
A	7.86	14	1	15	1.671833	0	15	+
B	7.22	5	-1	4	1.822233	0	4	
C	7.44	9	1	10	0.233967	0	10	+
D	7.42	8	1	9	4.079567	-2	7	
E	7.64	11	1	12	2.037967	0	12	+
F	7.14	4	-1	3	5.161967	-4	-1	
G	7.90	15	1	16	1.759300	0	16	+
H	7.68	13	1	14	1.757167	0	14	+
I	7.34	7	-1	6	5.495300	-4	2	
J	7.54	10	1	11	4.129967	-2	9	+
K	7.12	3	-1	2	3.848900	0	2	
L	7.30	6	-1	5	2.675300	0	5	
M	7.66	12	1	13	3.473167	0	13	+
N	7.92	16	1	17	0.806233	0	17	+

```
O  8.30   17        2       19 1.951300           0  19   +
P  6.08    2       -2        0 3.647833           0   0
Q  5.88    1       -3       -2 3.598500           0  -2

 Yield Mean: 7.378824
 YS    Mean: 8.352941
 LSD (0.05): 0.7384513
 - - - - - - - - - - -
 +   selected genotype
 ++  Reference: Kang, M. S. 1993. Simultaneous selection for yield
 and stability: Consequences for growers. Agron. J. 85:754-757.
```

Los genotipos seleccionados son: A, C, E, G, H, J, M, N y O. Estos genotipos tienen un rendimiento más alto y una variación más baja. Según el ANOVA, la interacción es significativa.

Si se tiene un índice ambiental, por ejemplo, se puede adicionar como una covariable. Para este caso se incluye la altitud de las localidades.

```
altitud<-c(1200, 1300, 800, 1600, 2400)
estabilidad    <-    stability.par(estudio,rep=4,MSerror=2,cova=TRUE,
name.cov="Altitud", file.cov= altitud)
```

5.2 ESTABILIDAD NO-PARAMÉTRICA

Para estabilidad no-paramétrica, la función en “agricolae” es stability.nonpar().
Esta función requiere que en la primera columna se incluya los nombres de los genotipos y en las otras columnas, la respuesta por ambientes.

```
datos <- data.frame(nombre=row.names(estudio), estudio)
modelo<-stability.nonpar(datos, "YIELD", ranking=TRUE)

Non-parametric Method for Stability Analysis
----------------------------------------
Estimation and test of non-parametric measures
Variable: YIELD

Ranking...
    v1   v2 v3   v4   v5
A 16.0  8.0  9 14.0  8.0
B  7.5 14.0  5  5.5 10.0
C  7.5  8.0  9  9.0  6.0
D  9.5  6.0  5  5.5 17.0
E 12.5  8.0 11 14.0  3.0
F  2.0 17.0  7  7.0 11.0
G  6.0 13.0 16 16.0 15.0
H 12.5  3.0 15 10.5  6.0
I  4.0  4.5 17 12.0  2.0
J 14.0 15.0  9  2.5  9.0
K  9.5 12.0 13  4.0  1.0
L  5.0  4.5  5 14.0 14.0
M 15.0 16.0  3  8.0 12.5
N 11.0 10.5 12 17.0 12.5
O 17.0 10.5 14 10.5 16.0
P  1.0  2.0  2  1.0  6.0
Q  3.0  1.0  1  2.5  4.0
```

```
Statistics...
  Mean Rank  s1   Z1   s2   Z2
A 7.86   14 5.4 0.02 21.5 0.04
B 7.22    5 6.2 0.12 25.7 0.02
C 7.44    9 3.0 2.73  7.5 1.83
D 7.42    8 7.4 1.20 36.5 1.05
E 7.64   11 5.6 0.00 21.8 0.03
F 7.14    4 7.8 1.81 39.2 1.55
G 7.90   15 5.2 0.08 18.7 0.19
H 7.68   13 6.2 0.12 25.3 0.01
I 7.34    7 8.8 3.87 51.5 5.08
J 7.54   10 7.2 0.94 34.3 0.71
K 7.12    3 7.8 1.81 43.0 2.43
L 7.30    6 7.4 1.20 34.7 0.77
M 7.66   12 7.6 1.49 38.2 1.36
N 7.92   16 4.2 0.82 14.8 0.57
O 8.30   17 7.0 0.71 31.7 0.40
P 6.08    2 6.6 0.35 27.7 0.09
Q 5.88    1 7.0 0.71 32.3 0.46
------------------------
Sum of Z1:  17.97158
Sum of Z2:  16.59462
------------------------

Test...
The Z-statistics are measures of stability. The test for the
significance of the sum of Z1 or Z2 is compared to a Chi-Square
value of chi.sum. Individually, Z1 or Z2 are compared to a Chi-
square value of chi.ind.

      MEAN      es1 es2      vs1   vs2  chi.ind  chi.sum
1 7.378824 5.647059  24 2.566667 148.8 8.843605 27.58711
---
expectation and variance: es1, es2, vs1, vs2
```

5.3 AMMI

El modelo AMMI utiliza el biplot construido mediante las componentes principales generadas por la interacción ambiente y genotipo. Si existe dicha interacción, el porcentaje de las dos componentes principales explicaría más del 50% de la variación total; entonces el biplot es una buena alternativa para estudiar la relación ambiente y genotipo.

Los datos para AMMI deben provenir de experimentos similares conducidos en ambientes distintos. Se requiere homogeneidad de variancia del error experimental producido en los diferentes ambientes. El análisis se realiza combinando los experimentos.

Los datos pueden estar organizados por columna, así: ambiente, genotipo, repetición y variable.

Los datos también pueden ser los promedios de los genotipos en cada ambiente, pero es necesario considerar un promedio armónico para las repeticiones y una variancia común del error. Los datos deben estar organizados en columnas: ambiente, genotipo y variable.

Al ejecutar AMMI, éste genera los gráficos de BIPLOT, ver figura 5.1.

Para la aplicación, se considera los datos utilizados en el ejemplo de estabilidad paramétrica (estudio):

```
rdto <- c(estudio[,1], estudio[,2], estudio[,3], estudio[,4],
estudio[,5])
ambiente <- gl(5,17)
genotipo <- rep(rownames(estudio),5)

modelo<-AMMI(ENV=ambiente, GEN=genotipo, REP=4, Y=rdto, MSE=2,
ylim=c(-2,2), xlim=c(-2,2), number=FALSE)


ANALYSIS AMMI:  rdto
Class level information

ENV:  1 2 3 4 5
GEN:  A B C D E F G H I J K L M N O P Q
REP:  4

Number of means:  85

Dependent Variable: rdto

Analysis of variance
           Df   Sum Sq    Mean Sq  F value       Pr(>F)
ENV         4 734.2475 183.561882
REP(ENV)   15
GEN        16 120.0875   7.505471 3.752735 3.406054e-06
ENV:GEN    64 181.2725   2.832382 1.416191 3.279630e-02
Residuals 240 480.0000   2.000000

Coeff var       Mean rdto
19.16584         7.378824

Analysis
    percent acum Df   Sum.Sq  Mean.Sq F.value   Pr.F
PC1    38.0 38.0 19 68.96258 3.629609    1.81 0.0225
PC2    29.8 67.8 17 54.02864 3.178155    1.59 0.0675
PC3    22.5 90.3 15 40.84756 2.723170    1.36 0.1680
PC4     9.6 99.9 13 17.43370 1.341054    0.67 0.7915
PC5     0.0 99.9 11  0.00000 0.000000    0.00 1.0000

require(klaR)
par(mar=c(4,4,0,0))
model<-AMMI(ENV=environment,  GEN=genotype,  REP=4,  Y=rdto,  MSE=2,
graph="triplot",number=F)
```

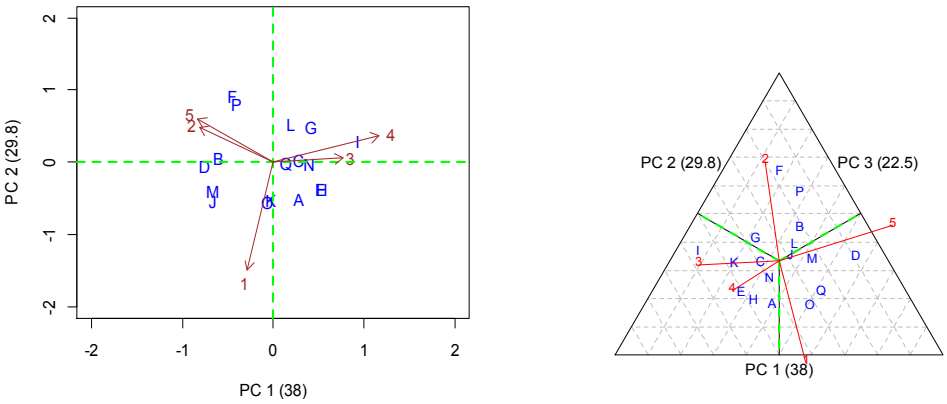


Figura 5.1. Biplot y Triplot

En este caso, la interacción es significativa. Las dos primeras componentes explican el 67.8%; entonces el biplot puede proporcionar información sobre la relación de genotipos y ambientes. Con el triplot, se explicaría el 90.3%.

para una evaluación de las componentes principales, ejecute:

```
CP<-princomp(model$genXenv)
summary(CP)
CP$loadings
```

6 FUNCIONES ESPECIALES

6.1 CONSENSO DE DENDROGRAMA

El consenso es el grado o semejanza de los vértices de un árbol respecto a sus ramas del dendrograma construido. La función a aplicar es consensus().

Los datos corresponden a una tabla, con el nombre de los individuos en las filas y el nombre de las variables en las columnas. Para la demostración, se utilizará los datos “pamCIP” de “agricolae”, correspondientes a marcadores moleculares de 43 entradas de un banco de germoplasma (filas) y 107 marcadores (columnas).

El programa identifica duplicados en las filas y puede operar en ambos casos. El resultado es un dendrograma, en el que se incluye el porcentaje de consenso, figura 6.1.

```
data(pamCIP)
rownames(pamCIP)<-substr(rownames(pamCIP),1,6)
par(cex=0.8)
output<-consensus(pamCIP,distance="binary", method="complete",
nboot=500)
```

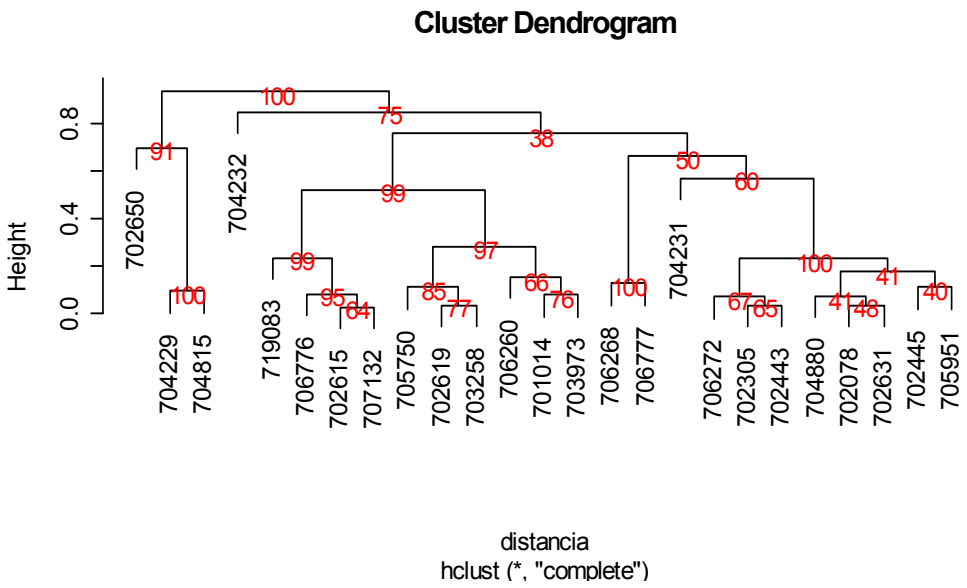


Figura 6.1. Dendrograma, producción por consensus()

```
Duplicates: 18
New data  : 25 Records

Consensus hclust

Method distance: binary
Method cluster : complete
rows and cols  : 25 107
n-bootstrap    : 500
Run time       : 20.469 secs
```

Cuando el dendrograma es complejo, es conveniente extraer parte de éste con la función hcut(), figura 6.2.

```
hcut(output,h=0.4,group=8,type="t",edgePar = list(lty=1:2,
col=2:1),main="group 8"
,col.text="blue",cex.text=1)
```

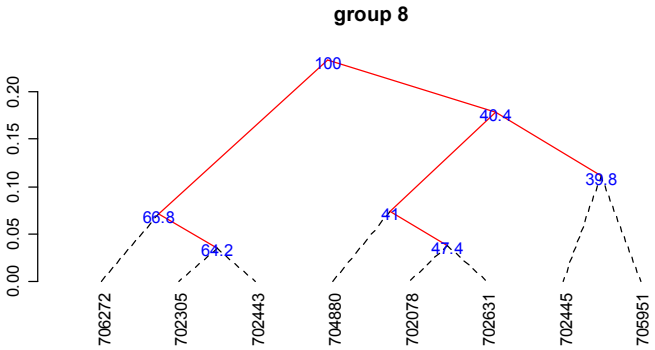


Figura 6.2. Dendrograma, producción por hcut()

El objeto "output" obtenido contiene información del proceso:

```
names(output)

[1] "table.dend" "dendrogram" "duplicates"
```

Esto significa que se puede conocer los duplicados, volver a construir el diagrama del árbol y tener las relaciones.

```
output$ table.dend
```

```
    X1  X2     xaxis     height percentage groups
1   -6 -24  7.500000 0.02857143  64.0      6-24
2   -3  -4 19.500000 0.03571429  64.2      3-4
. . .
24  21  23  5.099609 0.93617021 100.0      1-2-3-4-5-6-7-8-9-10-11-
12-13-14-15-16-17-18-19-20-21-22-23-24-25
```

Reproducir el dendrograma:

```
dend<-output$dendrogram
data<-output$table.dend
plot(dend)
text(data[,3],data[,4],data[,5])
```

Construir un dendrograma clásico, figura 6.3

```
dend<-as.dendrogram(output$dendrogram)
plot(dend,type="r",edgePar = list(lty=1:2, col=2:1))
text(data[,3],data[,4],data[,5],col="blue",cex=1)
```

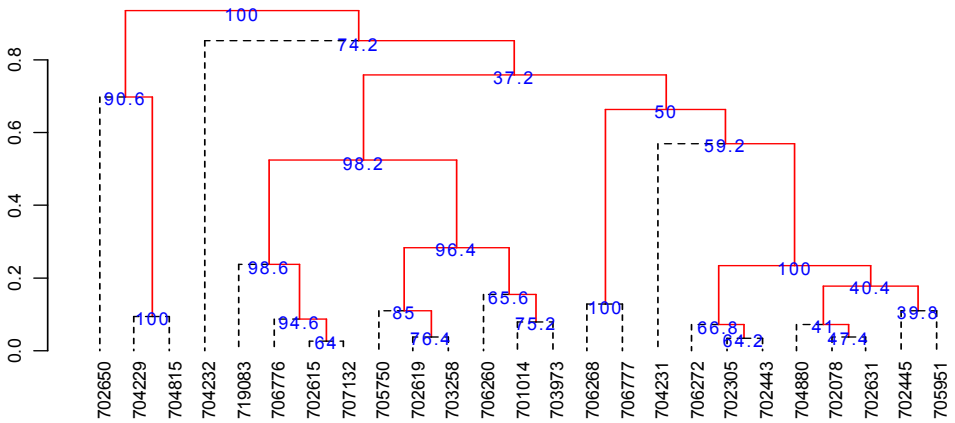


Figura 6.3. Dendrograma clásico

6.2 MONTECARLO

Es un método para generar números aleatorios de una distribución desconocida; utiliza un conjunto de datos y mediante el comportamiento acumulativo de su frecuencia relativa genera los posibles valores aleatorios que siguen la distribución de los datos. Estos nuevos números son utilizados por algún proceso de simulación.

La densidad de probabilidad de los datos originales y simulados pueden ser comparados, figura 6.4.

```
data(soil)
set.seed(9473)
simulado <- montecarlo(soil$pH,1000)
par(mar=c(3,0,2,1))
plot(density(soil$pH),axes=F,main="Densidad de pH del suelo\ncon
Ralstonia",xlab="",lwd=4)
lines(density(simulado), col="blue", lty=4,lwd=4)
h<-graph.freq(simulado,plot=F)
axis(1,0:12)
legend("topright",c("Original","Simulado"),lty=c(1,4),col=c("black",
"blue"), lwd=4)
```

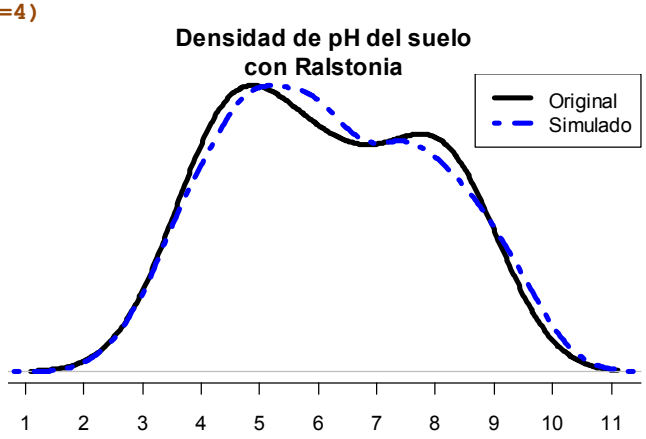


Figura 6.4. Distribución de los datos simulados y el original

Se han generado 1000 datos y la tabla de frecuencia es:

```
round(table.freq(h),2)
```

```
    Inf   Sup    MC  fi  fri   Fi  Fri
   1.60  2.45  2.03   4 0.00    4 0.00
   . . .
   2.45  3.31  2.88  42 0.04   46 0.05
  10.14 10.99 10.57   8 0.01 1000 1.00
```

Véanse algunas estadísticas:

```
summary(soil$pH)
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  3.800   4.700   6.100   6.154   7.600   8.400
```

```
summary(simulado)
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
  1.443   4.698   6.022   6.209   7.762  10.950
```

6.3 RE-MUESTREO EN MODELO LINEAL

Utiliza el método de permutación para el cálculo de las probabilidades de las fuentes de variación del ANOVA según el modelo lineal de regresión o el diseño utilizado. El principio es que la respuesta Y no depende de las medias planteadas en el modelo propuesto; por lo tanto, se puede permutar los valores Y y construir muchos estimados del modelo. En base al comportamiento de las variables aleatorias de los elementos en estudio, se calcula la probabilidad para medir la significación.

Los datos deben ser preparados en forma similar para un análisis de variancia. La función a utilizar es: resampling.model()

```
data(potato)
potato[,1]<-as.factor(potato[,1])
potato[,2]<-as.factor(potato[,2])
model<-"cutting~variety + date + variety:date"
analysis<-resampling.model(1000,potato,model)

Resampling of the experiments
- - - - - - - - - - - - - - -
Proposed model: cutting~variety + date + variety:date
---
Resampling of the analysis of variance for the proposed model
Determination of the P-Value by Resampling
Samples: 1000

             Df    Sum Sq   Mean Sq   F value     Pr(>F) Resampling
variety       1 25.086806 25.086806 7.2580377 0.01952218      0.025
date          2 13.891758  6.945879 2.0095604 0.17670768      0.200
variety:date  2  4.853025  2.426513 0.7020312 0.51483592      0.530
Residuals    12 41.477005  3.456417
---
```

La función resampling.model() puede ser utilizada cuando los errores tienen una distribución distinta a la normal.

6.4 SIMULACIÓN EN MODELO LINEAL

Bajo el supuesto de normalidad, la función genera errores seudo experimentales bajo el modelo propuesto y determina la proporción de resultados válidos según el análisis de variancia encontrado.

La función es: simulation.model(). Los datos son preparados en una tabla, en forma idéntica a la de un análisis de variancia.

Para el ejemplo planteado en el procedimiento anterior:

```
model <- simulation.model(1000, potato, model)

Simulation of experiments
Under the normality assumption
- - - - - - - - - - - - - - - - -
Proposed model: cutting~variety + date + variety:date
Analysis of Variance Table
```

```
Response: cutting
             Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
variety       1 25.087  25.087  7.2580 0.01952 *
date          2 13.892   6.946  2.0096 0.17671
variety:date  2  4.853   2.427  0.7020 0.51484
Residuals    12 41.477   3.456
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1
---
Validation of the analysis of variance for the proposed model
Simulations: 1000

             Df   F value % Acceptance % Rejection  Criterion
variety       1 7.2580377         51.5        48.5 acceptable
date          2 2.0095604         61.1        38.9 acceptable
variety:date  2 0.7020312         67.5        32.5 acceptable
---
```

La validación es referida al porcentaje de resultados de decisión iguales al resultado de decisión del ANOVA. Así, 67.5% de los resultados simulados sobre la interacción variety*date dio el mismo resultado de aceptación o rechazo obtenido en el ANOVA.

6.5 ANALISIS PATH

Corresponde al método “path análisis”; los datos corresponden a matrices de correlación de las independientes con la dependiente (XY) y entre las independientes (XX).

Es necesario asignar nombres a las filas y columnas para identificar los efectos directos e indirectos.

```
corr.x<- matrix(c(1,0.5,0.5,1),c(2,2))
corr.y<- rbind(0.6,0.7)
names<-c("X1","X2")
dimnames(corr.x)<-list(names,names)
dimnames(corr.y)<-list(names,"Y")
resultado <- path.analysis(corr.x,corr.y)

Direct(Diagonal) and indirect effect path coefficients
======================================================
          X1        X2
X1 0.3333333 0.2666667
X2 0.1666667 0.5333333

Residual Effect^2 =  0.4266667

names(resultado)
[1] "Coeff"    "Residual"
```

6.6 LINEA POR PROBADOR

Corresponde a un análisis de cruzas de un diseño genético. Los datos deben estar organizados en una tabla. Sólo se necesita 4 columnas: repetición, hembras, machos y respuesta. En el caso que corresponda a progenitores, el campo de hembras o machos sólo será llenado con el que corresponda. Ver los datos heterosis.

Ejemplo con los datos de heterosis, localidad 2.

```
    Replication   Female   Male   v2
109           1     LT-8  TS-15 2.65
110           1     LT-8 TPS-13 2.26
...
131           1 Achirana TPS-13 3.55
132           1 Achirana TPS-67 3.05
133           1     LT-8   <NA> 2.93
134           1    TPS-2   <NA> 2.91
...
140           1 Achirana   <NA> 3.35
...
215           3     <NA> TPS-67 2.91
```

donde <NA> es vacío.

Si es una progenie, ésta proviene de un "Female" y un "Male".
Si es un progenitor, sólo será "Female" o "Male".

En este ejemplo se tiene datos de la localidad 2, correspondientes a:

24 progenies (cruzas)
8 hembras
3 machos
3 repeticiones

Son 35 tratamientos (24, 8, 3) aplicados a 3 bloques.

```
rm(list=ls())
data(heterosis)
site2<-subset(heterosis,heterosis[,1]==2)
site2<-subset(site2[,c(2,5,6,8)],site2[,4]!="Control")
attach(site2)
output1<-lineXtester(Replication, Female, Male, v2)
detach(site2)
```

```
ANALYSIS LINE x TESTER:  v2

ANOVA with parents and crosses
==============================
                    Df       Sum Sq     Mean Sq F value Pr(>F)
Replications         2  0.519190476 0.259595238   9.801 0.0002
Treatments          34 16.101605714 0.473576639  17.879 0.0000
Parents             10  7.731490909 0.773149091  29.189 0.0000
Parents vs. Crosses  1  0.005082861 0.005082861   0.192 0.6626
Crosses             23  8.365031944 0.363697041  13.731 0.0000
Error               68  1.801142857 0.026487395
Total              104 18.421939048

ANOVA for line X tester analysis
================================
               Df    Sum Sq    Mean Sq F value Pr(>F)
Lines           7 4.9755431 0.71079187   3.632 0.0191
Testers         2 0.6493861 0.32469306   1.659 0.2256
Lines X Testers 14 2.7401028 0.19572163   7.389 0.0000
Error          68 1.8011429 0.02648739
```

```
ANOVA for line X tester analysis including parents
==================================================
                     Df       Sum Sq     Mean Sq F value Pr(>F)
Replications          2  0.519190476 0.259595238   9.801 0.0002
Treatments           34 16.101605714 0.473576639  17.879 0.0000
Parents              10  7.731490909 0.773149091  29.189 0.0000
Parents vs. Crosses   1  0.005082861 0.005082861   0.192 0.6626
Crosses              23  8.365031944 0.363697041  13.731 0.0000
Lines                 7  4.975543056 0.710791865   3.632 0.0191
Testers               2  0.649386111 0.324693056   1.659 0.2256
Lines X Testers      14  2.740102778 0.195721627   7.389 0.0000
Error                68  1.801142857 0.026487395
Total               104 18.421939048

GCA Effects:
============
Lines Effects:
Achirana     LT-8     MF-I    MF-II  Serrana    TPS-2   TPS-25
TPS-7
   0.022   -0.338    0.199   -0.449    0.058   -0.047    0.414
0.141

Testers Effects:
TPS-13 TPS-67  TS-15
 0.087  0.046 -0.132

SCA Effects:
============
          Testers
Lines      TPS-13 TPS-67  TS-15
  Achirana  0.061  0.059 -0.120
  LT-8     -0.435  0.519 -0.083
  MF-I     -0.122 -0.065  0.187
  MF-II    -0.194  0.047  0.148
  Serrana   0.032 -0.113  0.081
  TPS-2     0.197 -0.072 -0.124
  TPS-25    0.126 -0.200  0.074
  TPS-7     0.336 -0.173 -0.162

Standard Errors for Combining Ability Effects:
==============================================
S.E. (gca for line)   : 0.05424983
S.E. (gca for tester) : 0.0332211
S.E. (sca effect)     : 0.09396346
S.E. (gi - gj)line    : 0.07672084
S.E. (gi - gj)tester  : 0.04698173
S.E. (sij - skl)tester: 0.1328844

Genetic Components:
===================
Cov H.S. (line)   : 0.05723003
Cov H.S. (tester) : 0.00537381
Cov H.S. (average): 0.003867302
Cov F.S. (average): 0.1279716
F = 0, Adittive genetic variance: 0.01546921
F = 1, Adittive genetic variance: 0.007734604
F = 0, Variance due to Dominance: 0.1128228
F = 1, Variance due to Dominance: 0.05641141
```

```
Proportional contribution of lines, testers
 and their interactions to total variance
==========================================
Contributions of lines  : 59.48026
Contributions of testers: 7.763104
Contributions of lxt    : 32.75663
```

6.7 UNIFORMIDAD DEL SUELO

El índice de Smith es un indicador de la uniformidad, utilizado para determinar el tamaño de la parcela para fines de investigación. Los datos corresponden a una matriz o tabla que contenga la respuesta por unidad básica, un número de n filas por m columnas, y un total de n*m unidades básicas.

Para la prueba se utilizará el archivo de arroz. El gráfico es un resultado con el ajuste de un modelo para el tamaño de la parcela y el coeficiente de variación, figura 6.5.

```
data(rice)
table<-index.smith(rice,
 main="Relación entre el CV y el tamaño de la parcela" ,col="red",
type="l",xlab="Tamaño")
uniformidad <- data.frame(table$uniformity)
uniformidad
   Size Width Length plots       Vx   CV
1     1     1      1   648 9044.539 13.0
2     2     1      2   324 7816.068 12.1
3     2     2      1   324 7831.232 12.1
4     3     1      3   216 7347.975 11.7
5     3     3      1   216 7355.216 11.7
...
40  162     9     18     4 4009.765  8.6
```

El tamaño es el producto del ancho por el largo de la parcela, y la forma rectangular el tamaño del ancho y el largo.

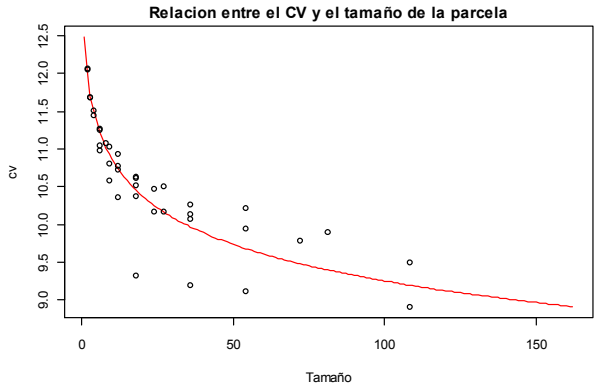


Figura 6.5. Curva de ajuste para el tamaño óptimo de parcela

6.8 LÍMITES DE CONFIANZA EN ÍNDICES DE BIODIVERSIDAD

Los índices de biodiversidad son muy utilizados para medir la presencia de seres vivos en un área ecológica. Muchos programas indican su valor. La función de "agricolae" es mostrar, además, los intervalos de confianza, los cuales pueden ser utilizados para una comparación estadística. El procedimiento es por bootstrap. Los datos se organizan en una tabla; en una columna, las especies; y en otra, la cantidad de individuos. Los índices que se pueden calcular con la función index.bio() de "agricolae" son: "Margalef", "Simpson.Dom", "Simpson.Div", "Berger.Parker", "McIntosh", y "Shannon".

Para el ejemplo se utilizará los datos obtenidos en la localidad de Paracsho, distrito de Huasahuasi, provincia de Tarma del departamento de Junín.

La evaluación se realizó el 17 de noviembre de 2005 en las parcelas, sin aplicación de insecticidas. Se contabilizó los especímenes siguientes:

```
data(paracsho)
especies <- paracsho[79:87,4:6]
especies
```

```
         Order        Family Number.of.specimens
79     DIPTERA     TIPULIDAE                   3
80 LEPIDOPTERA     NOCTUIDAE                   1
81   NOCTUIDAE     PYRALIDAE                   3
82   HEMIPTERA  ANTHOCORIDAE                   1
83     DIPTERA    TACHINIDAE                  16
84     DIPTERA  ANTHOCORIDAE                   3
85     DIPTERA SCATOPHAGIDAE                   5
86     DIPTERA     SYRPHIDAE                   1
87     DIPTERA      MUSCIDAE
```

El índice de Shannon es:

```
output <-
index.bio(especies[,3],method="Shannon",level=95,nboot=200)

Method: Shannon

The index: 3.52304

95 percent confidence interval:
 3.090695 ; 4.264727
```

6.9 CORRELACIÓN

La función correlation() de "agricolae" realiza las correlaciones mediante los métodos Pearson, Spearman y Kendall para vectores y/o matrices. Si son dos vectores, realiza la prueba para una o dos colas; si es matricial, determina las probabilidades para una diferencia, sea ésta mayor o menor.

Para su aplicación, considere los datos del suelo: data(soil)

```
data(soil)
correlation(soil[,2:4],method="pearson")
```

```
Correlation Analysis

Method     : pearson
Alternative: two.sided


$correlation
        pH   EC CaCO3
pH    1.00 0.55  0.73
EC    0.55 1.00  0.32
CaCO3 0.73 0.32  1.00

$pvalue
                pH        EC       CaCO3
pH    1.000000000 0.0525330 0.004797027
EC    0.052532997 1.0000000 0.294159813
CaCO3 0.004797027 0.2941598 1.000000000

$n.obs
[1] 13
```

```
attach(soil)
correlation(pH,soil[,3:4],method="pearson")
```

```
Correlation Analysis

Method     : pearson
Alternative: two.sided

$correlation
     EC CaCO3
pH 0.55  0.73

$pvalue
       EC  CaCO3
pH 0.0525 0.0048

$n.obs
[1] 13
```

```
correlation(pH,CaCO3,method="pearson")
```

```
Pearson's product-moment correlation

data: pH and CaCO3
t = 3.520169 , df = 11 , p-value = 0.004797027
alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
sample estimates:
cor
 0.7278362
```

6.10 OTRAS FUNCIONES

Funciones de conveniencia que facilitan el manejo de datos:

tapply.stat() Cálculo de estadistas y operaciones matemáticas en columnas de una tabla en función de factores agrupados.

Tabla de factores y variables

Aplicación con datos de “agricolae”:

```
data(RioChillon)
attach(RioChillon$babies)
tapply.stat(yield,farmer,function(x) max(x)-min(x))
detach(RioChillon$babies)
```

```
             farmer yield
1  AugustoZambrano   7.5
2         Caballero  13.4
3       ChocasAlto  14.1
4       FelixAndia  19.4
5      Huarangal-1   9.8
6      Huarangal-2   9.1
7      Huarangal-3   9.4
8         Huatocay  19.4
9 IgnacioPolinario  13.1
```

Corresponde al rango de variación en el rendimiento de los agricultores.

La función “tapply” puede ser utilizada en forma directa o con función.

Si A es una tabla con columnas 1,2 y 3 como categorias y 5,6 y 7 como variables, los siguientes procedimientos son válidos:

```
tapply.stat(A[,5:7], A[,1:3],mean)
tapply.stat(A[,5:7], A[,1:3],function(x) mean(x,na.rm=TRUE))
tapply.stat(A[,c(7,6)], A[,1:2],function(x) sd(x)*100/mean(x))
```

Coeficiente de variación de un experimento

Si “modelo” es el objeto resultado de un análisis de variancia de la función aov() o lm() de R, entonces la función cv.model() calcula el coeficiente de variación.

```
data(sweetpotato)
modelo <- modelo<-aov(yield ~ virus, data=sweetpotato)
cv.model(modelo)
[1] 17.16660
```

Asimetría y curtósis

Los resultados de asimetría y curtósis obtenidos por “agricolae” son iguales a los obtenidos por SAS, MiniTab, SPSS, InfoStat y Excel.

Si x representa a un conjunto de datos:

```
> x<-c(3,4,5,2,3,4,5,6,4,NA,7),
```

la asimetría se calcula con:

```
> skewness(x)
 [1] 0.3595431
```

y curtósis con:

```
> kurtosis(x)
 [1] -0.1517996
```

Valor tabular de Waller-Duncan

La función Waller determina el valor tabular de Waller-Duncan. Para el cálculo, es necesario el valor F, calculado del análisis de variancia del factor de estudio, con sus grados de libertad y el estimado de la variancia del error experimental. El valor K parámetro de la función es la razón entre los dos tipos de errores (I y II); para el uso, se asigna un valor que guarde relación con el nivel alfa. Cuando el nivel alfa es 0.10, se asigna 50 a K; para 0.05, K=100; y para 0.01, K=500. K puede tomar cualquier valor.

La figura 6.6 grafica la función para valores diferentes de K con grados de libertad de 5 para el numerador y 15 para el denominador, y valores de F calculados, iguales a 2, 4 y 8.

```
q<-5
f<-15
K<-seq(10,1000,100)
n<-length(K)
y<-rep(0,3*n)
dim(y)<-c(n,3)
for(i in 1:n) y[i,1]<-waller(K[i],q,f,Fc=2)
for(i in 1:n) y[i,2]<-waller(K[i],q,f,Fc=4)
for(i in 1:n) y[i,3]<-waller(K[i],q,f,Fc=8)
plot(K,y[,1],type="l",col="blue",ylab="waller")
lines(K,y[,2],type="l",col="red",lty=2,lwd=2)
lines(K,y[,3],type="l",col="green",lty=4,lwd=2)
legend("topleft",c("2","4","8"),col=c("blue","red","green"),lty=c(1,
8,20),lwd=2,title="Fc")
title(main="Waller en función de K")
```

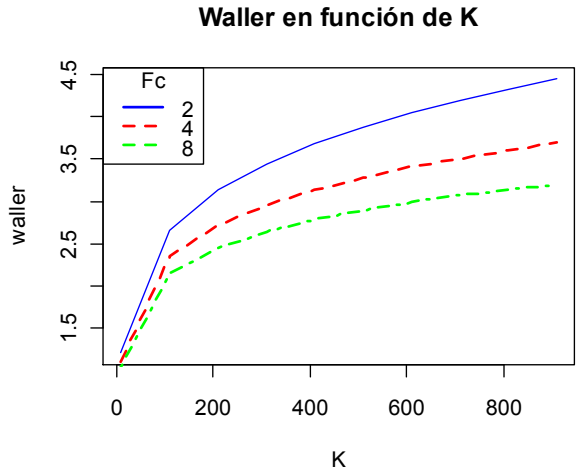


Figura 6.6. Función de Waller a diferente valor de los parámetros K y Fc

AUDPC

Área bajo la curva del progreso de la enfermedad, figura 6.7. La función AUDPC calcula el absoluto y relativo del progreso de la enfermedad. Se requiere medir la enfermedad en porcentaje durante varias fechas, de preferencia equidistantes.

```
dias<-c(7,14,21,28,35,42)
evaluacion<-data.frame(E1=10,E2=40,E3=50,E4=70,E5=80,E6=90)
plot(dias,evaluacion,type="h",ylim=c(0,100),axes=F,col="red",xlab="D
ías", ylab="Evaluación")
lines(dias,evaluacion,col="red")
axis(1,dias)
axis(2,seq(0,100,20),las=2)
abline(v=7,h=100,lty=4,lwd=2,col="blue")
abline(v=42,h=0,lty=4,lwd=2,col="blue")
audpc(evaluacion,dias)
audpc(evaluacion,dias,"relative")
text(15,80,"Audpc Absoluta = 2030")
text(15,70,"Audpc Relativa = 0.58")
```

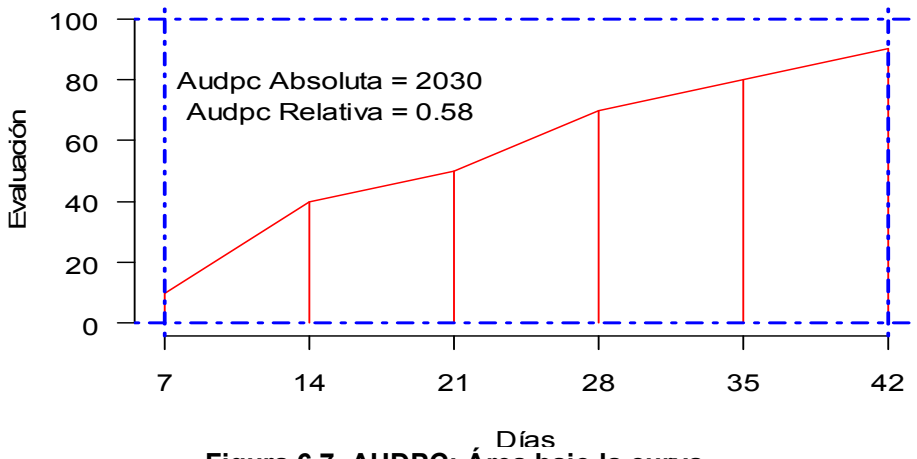


Figura 6.7. AUDPC: Área bajo la curva

NO ADITIVIDAD

La prueba de no aditividad de Tukey en un modelo se utiliza cuando se tiene dudas sobre la veracidad de aditividad del mismo. Esta prueba verifica tal supuesto y se espera aceptar la hipótesis de nulidad del efecto no aditivo del modelo.

La prueba requiere todos los datos experimentales utilizados en la estimación del modelo aditivo lineal.

La función nonadditivity() de “agricolae” realiza esta prueba. Para su demostración, se utilizará los datos experimentales “potato” del paquete “agricolae”. En este caso, el modelo corresponde al diseño de bloques completos al azar, donde los tratamientos son las variedades.

```
data(potato)
potato[,1]<-as.factor(potato[,1])
model<-lm(cutting ~ date + variety,potato)
df<-df.residual(model)
```

```
MSerror<-deviance(model)/df
attach(potato)
analysis<-nonadditivity(cutting, date, variety, df, MSerror)
detach(potato)

Tukey's test of non-additivity
cutting

P : 15.37166
Q : 77.4444

Analysis of Variance Table

Response: residual
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Non-additivity 1  3.051   3.051   0.922 0.3532
Residuals     14 46.330   3.309
```

Según los resultados, el modelo es aditivo porque el p.valor 0.35 es mayor de 0.05.

LATEBLEIGHT

LATEBLIGHT es un modelo matemático que simula el efecto de tiempo, el crecimiento de acogida y la resistencia, y el uso de fungicidas en el desarrollo asexual y el crecimiento de Phytophthora infestans en el follaje de la papa.

Versión TIZÓN TARDÍO LB2004 fue creado en octubre de 2004 (Andrade-Piedra et al., 2005a, byc), con sede en la C-versión escrita por BE Ticknor ("APUESTA 21.191 modificación de cbm8d29.c '), informó Doster et al. (1990) y descrito en detalle por Fry et al. (1991) (Esta versión se conoce como LB1990 por Andrade-Piedra et al. [2005a]). La primera versión de LATEBLIGHT fue desarrollado por Bruhn y Fry (1981) y se describe en detalle por Bruhn et al. (1980).

```
library(agricolae)
f <- system.file("external/weather.csv", package="agricolae")
weather <- read.csv(f,header=FALSE)
f <- system.file("external/severity.csv", package="agricolae")
severity <- read.csv(f)
weather[,1]<-as.Date(weather[,1],format = "%m/%d/%Y")
# Parameters dates
dates<-c("2000-03-25","2000-04-09","2000-04-12","2000-04-16","2000-
04-22")
dates<-as.Date(dates)
EmergDate <- as.Date('2000/01/19')
EndEpidDate <- as.Date("2000-04-22")
dates<-as.Date(dates)
NoReadingsH<- 1
RHthreshold <- 90
WS<-weatherSeverity(weather,severity,dates,EmergDate,EndEpidDate,
NoReadingsH,RHthreshold)
# Parameters Lateblight
InocDate<-"2000-03-18"
LGR <- 0.00410
IniSpor <- 0
SR <- 292000000
IE <- 1.0
LP <- 2.82
```

```
InMicCol <- 9
Cultivar <- 'NICOLA'
ApplSys <- "NOFUNGICIDE"
main<-"Cultivar: NICOLA"
#-------------------------
model<-lateblight(WS, Cultivar,ApplSys, InocDate, LGR,IniSpor,SR,IE,
LP,MatTime='LATESEASON',InMicCol,main=main,type="l",xlim=c(65,95),lw
d=1.5,xlab="Time (days after emergence)", ylab="Severity
(Percentage)")
```

```
> head(model$Gfile)
           dates nday MeanSeverity StDevSeverity    MinObs    MaxObs
Eval1 2000-03-25   66          0.1      0.000000  0.100000   0.10000
Eval2 2000-04-09   81         20.8     24.722459 -3.922459  45.52246
Eval3 2000-04-12   84         57.0     32.710854 24.289146  89.71085
Eval4 2000-04-16   88         94.0      7.968689 86.031311 101.96869
Eval5 2000-04-22   94         97.0      4.000000 93.000000 101.00000
```

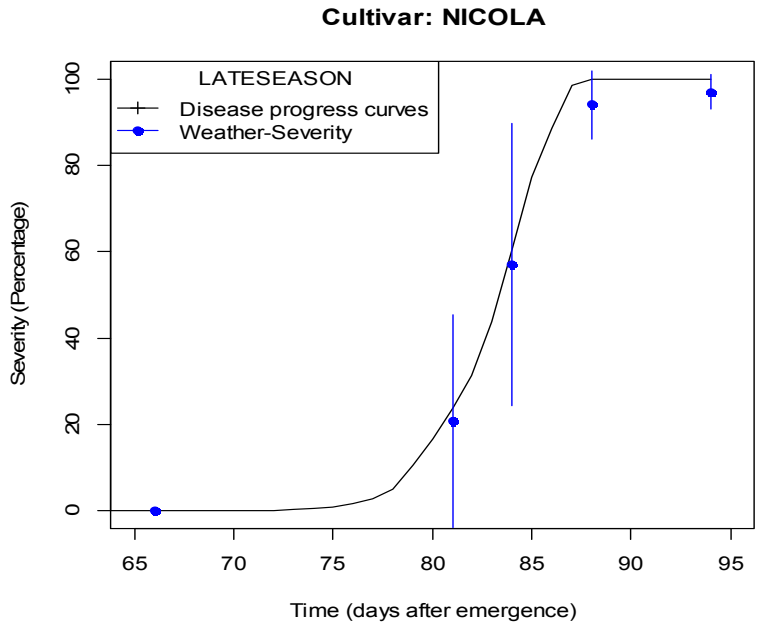


Figure 6.8. lateblight: LATESEASON

```
# reproduce graph

x<- model$Ofile$nday
y<- model$Ofile$SimSeverity
w<- model$Gfile$nday
z<- model$Gfile$MeanSeverity
Min<-model$Gfile$MinObs
Max<-model$Gfile$MaxObs
plot(x,y,type="l",xlim=c(65,95),lwd=1.5,xlab="Time (days after
emergence)",
ylab="Severity (Percentage)")
points(w,z,col="red",cex=1,pch=19)
npoints <- length(w)
for ( i in 1:npoints){
```

```
segments(w[i],Min[i],w[i],Max[i],lwd=1.5,col="red")
}
legend("topleft",c("Disease progress curves","Weather-Severity"),
title="Description",lty=1,pch=c(3,19),col=c("black","red"))
```

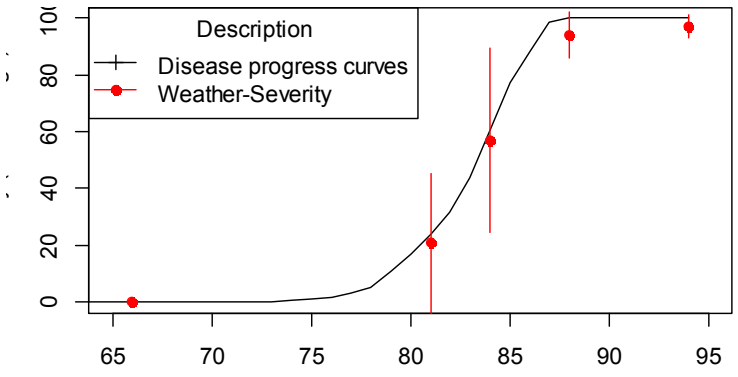


Figure 6.9. lateblight: LATESEASON

Tabla 6.10. Referencia de códigos ASCII para el uso de símbolos

Tabla de códigos ASCII utilizada en R					
Código	Símbolo	Código	Símbolo	Código	Símbolo
92	\	124	|	64	@
47	/	60	<	94	^
91	[	62	>	35	#
93	]	61	=	36	$
40	(	34	“	37	%
41	)	126	~	38	&
123	{	58	:	39	‘
125	}	59	;		

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Cochran and Cox. (1992). Experimental Design. Second edition. Wiley Classics Library Edition published. John Wiley & Sons, INC.
2. Conover, W.J. (1999). Practical Nonparametrics Statistics. John Wiley & Sons, INC, New York.
3. De Mendiburu, Felipe (2009). Una herramienta de análisis estadístico para la investigación agrícola. Tesis. Universidad Nacional de Ingeniería (UNI – LIMA - PERU).
4. Joshi, D.D. (1987). Linear Estimation and Design of Experiments. WILEY EASTERN LIMITED, New Delhi, India.
5. Kang, M. S. (1993). Simultaneous Selection for Yield and Stability: Consequences for Growers. Agron. J. 85:754-757.
6. Kuehl, Robert (2000). Design of Experiments. 2nd ed., Duxbury.
7. LeClerg, Erwin (1962). Field Plot Technique, Burgess Publishing Company.
8. Montgomery (2002). Diseño y Análisis de Experimentos (2ª Ed) WILEY.
9. Patterson, H.D. and Williams, E.R. Biometrika (1976). A New Class of Resolvable Incomplete Block Designs. Printed in Great Britain.
10. R Core Team (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0,0, URL http://www.R-project.org.
11. Steel & Torry & Dickey (1997). Principles and Procedures of Statistics. A Biometrical Approach. Third Edition.