

DISEÑOS EXPERIMENTALES CON ALGORITMOS

HERRAMIENTA MATEMÁTICA TEÓRICO-PRÁCTICA PARA INGENIERÍA EN GESTIÓN DE RIESGOS

DE LA TEORÍA A LA PRÁCTICA: EL CAMINO A LA VERDAD

Moisés Arreguín Sámano
Johanna Fernanda Dueñas Durán
José Abelardo Paucar Camacho
María Transito Vallejo Ilijama

ISBN: 978-9907-0-0402-1

DISEÑOS EXPERIMENTALES CON ALGORITMOS R: UNA HERRAMIENTA MATEMÁTICA TEÓRICO - PRÁCTICA PARA INGENIERÍA EN GESTIÓN RIESGOS

AUTORES:

MOISÉS ARREGUÍN SÁMANO

JOHANNA FERNANDA DUEÑAS DURÁN

JOSÉ ABELARDO PAUCAR CAMACHO

MARÍA TRANSITO VALLEJO ILLIJAMA



Este libro ha sido debidamente examinado y valorado en la modalidad doble par ciego con fin de garantizar la calidad científica.

©Grupo Editorial BLR
Universidad Estatal de Bolívar
Riobamba – Ecuador
Correo: publicaciones@grupobl.com
<https://grupobl.com/libros-investig>
REPOSITORIO



Arreguín, M., Dueñas, J., Paucar, J., Vallejo, M. (2025) Diseños experimentales con algoritmos R: una herramienta matemática teórico - práctica para ingeniería en gestión de riesgos. Grupo Editorial BLR.

© Moisés Arreguín Sámano
Johanna Fernanda Dueñas Durán
José Abelardo Paucar Camacho
María Transito Vallejo Illijama

ISBN: 978-9907-0-0402-1

El copyright promueve la libertad de expresión, protege la diversidad de ideas y conocimiento, además apoya la libre expresión. Se prohíbe de manera rigurosa la producción o el almacenamiento de esta publicación, ya sea en su totalidad o en parte, está estrictamente prohibido por ley, incluyendo el diseño de la portada, así como su difusión a través de cualquiera de sus medios, ya sean electrónicos, mecánicos, ópticos, de grabación o incluso de fotocopia, sin permiso de los propietarios de los derechos de autor.

FILIACIONES DE LOS AUTORES

Moisés Arreguín Sámano

Universidad Estatal de Bolívar

Correo Electrónico: marreguin@ueb.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9324-9400>

Johanna Fernanda Dueñas Durán

Universidad Estatal de Bolívar

Correo Electrónico: johanna.duenas@ueb.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-2442-314X>

José Abelardo Paucar Camacho

Universidad Estatal de Bolívar

Correo Electrónico: apaucar@ueb.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2722-1850>

María Transito Vallejo Ilijama

Universidad Estatal de Bolívar

Correo Electrónico: llejo@ueb.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8757-2452>



ISBN:

PRÓLOGO

Esta obra representa una respuesta sistemática a la necesidad actual de integrar metodologías cuantitativas provenientes de la estadística, la econometría y el análisis matemático avanzado, con el fin de fortalecer los procesos de toma de decisiones en campos como la ingeniería, las finanzas y las ciencias de carácter empírico. Su contenido ha sido cuidadosamente estructurado con el propósito esencial de ofrecer a estudiantes, docentes y a la comunidad investigadora un compendio accesible, pero al mismo tiempo completo. Este marco de referencia se centra en la planificación experimental, la formalización de fenómenos y la búsqueda de soluciones óptimas para sistemas multivariantes condicionados por factores específicos.

Es importante subrayar que esta publicación supera el rol de simple manual de consulta especializada, constituyéndose además en un estímulo para el análisis crítico sobre la función de los formalismos matemáticos en la mejora de la eficiencia, la calidad y la proyección en diversos ámbitos del conocimiento. A lo largo de su desarrollo, el lector encontrará no solo algoritmos, expresiones formales y deducciones teóricas, sino también fundamentos epistemológicos y marcos conceptuales que impulsan el razonamiento analítico y el abordaje riguroso de problemas de gran complejidad.

Extendemos nuestro agradecimiento a todos los lectores que se aproximan a esta obra con el interés de aprender, aplicar y transformar.

Los autores

ÍNDICE

PRÓLOGO.....	i
ÍNDICE	ii
ÍNDICE DE TABLAS.....	vii
INTRODUCCIÓN	viii
CAPÍTULO I.....	10
1 DISEÑOS: DCA-DIA-DCR.....	10
1.1. Representación simbólica.....	11
1.2. Cuadro comparativo.....	16
1.2.1 Diseño de un factor, comparación en tres poblaciones (cada especie de planta equivale a un tratamiento):.....	20
1.3. Análisis de varianza con un único factor tratamiento y cuatro niveles (P, A, B y AB)	32
1.4. Aplicaciones	39
1.4.1 Aplicación 1	39
1.4.2 Aplicación 2	47
1.4.3 Aplicación 3	56

1.4.4 Aplicación 3	64
1.4.5 Aplicación 4	68
1.4.6 Aplicación 5	73
CAPÍTULO II	76
2 PRODUCCIÓN DE ZETAS.....	76
2.1 ANOVA sobre Tiempo de Aparición de Primordios (TAP).....	76
2.2 Número de Racimos (NRT)	84
2.3 Número de Carpóforos por Racimo o Penca (NCR/P)	92
2.4 Ancho de Racimos (AR)	100
2.5 Longitud de Racimos (LR).....	107
2.6 Peso del Hongo Fresco (PHF)	114
2.7 Contenido de Proteína (CP).....	122
2.8 Eficiencia Biológica (EB)	129
2.9 Tasa de Producción (TP).....	136
CAPÍTULO III.....	145
3 TRATAMIENTOS CON REPETICIÓN: FUNDAMENTOS Y LABORATORIO	145

3.1	Aplicación de laboratorio	145
3.1.1	Los rendimientos de materia seca en Kg. se presentan.....	152
3.2	Aplicación: Variedades de trigo	161
3.2.1	La variable que se midió fue la altura de plantas en cm	161
3.2.2	La variable que se midió fue rendimiento de trigo en kg/parcela.....	169
CAPÍTULO IV		178
4	APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS	178
4.1	Cultivo de arroz	178
4.1.1	Resultados promedios del rendimiento de arroz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2012.....	178
4.1.2	Resultados promedios del rendimiento de arroz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2013.....	186
4.2	Variedad de soya.....	194
4.2.1	Resultados promedios del rendimiento de soya al 14% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2012.....	195

4.2.2 Resultados promedios del rendimiento de soya al 14% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2013.....	203
4.3 Diámetro de panojas de Quinoa.....	210
4.3.1 Resultados promedios de los tratamientos en variable diámetro de panojas de Quinoa en Cm en localidad Laguacoto en año 2014.....	211
4.4 Aplicaciones agronómicas generales	231
4.4.1 Resultados del experimento con cerdos. Peso en Kg/cerdo en año 2012.....	232
4.4.2 Resultados del experimento con cerdos. Peso en Kg/cerdo en año 2013.....	238
4.5 Evaluación de híbridos de maíz.....	245
4.5.1 Resultados promedios de maíz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en la Localidad uno	245
4.5.2 Resultados promedios de maíz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en la Localidad dos	253
CAPÍTULO V	253
5 APLICACIONES EN PROCESOS QUÍMICOS E INDUSTRIALES	263

5.1	Aplicación: Azufre.....	263
5.2	Incremento de peso	271
5.3	Forja metálica	278
5.4	Fábrica textil.....	286
BIBLIOGRAFÍA		295

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Representación simbólica de datos DCA-DIA-DCR.	11
Tabla 2. Diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR).	16
Tabla 3. Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA).	17
Tabla 4. Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA).	18
Tabla 5. Diseño de un factor, comparación en tres poblaciones.....	20
Tabla 6. Programación de software R.	23
Tabla 7. Programación de software R.	40
Tabla 8. Programación de software R.	77

INTRODUCCIÓN

El desarrollo del pensamiento numérico y la utilización experta de métodos matemáticos con aplicación práctica constituyen pilares esenciales en la educación superior de las ciencias naturales, sociales y de la ingeniería. En este contexto, la obra Diseños Experimentales con Algoritmos R tiene como propósito fundamental brindar una herramienta pedagógica sólida y actualizada que facilite la comprensión, elaboración y puesta en práctica de esquemas formales para resolver problemas de carácter concreto.

El libro se estructura en seis módulos articulados entre sí que aseguran una secuencia lógica de los contenidos. El primer apartado presenta los principios básicos de la inferencia paramétrica, analizando con detalle el procedimiento de máxima verosimilitud, la técnica de mínimos cuadrados ordinarios y su relación con el modelo poblacional de regresión. Posteriormente, el segundo capítulo expone el marco teórico y práctico de los modelos de superficie de respuesta, mostrando la aplicabilidad de funciones lineales, polinomios de segundo orden y de tercer grado para representar interacciones multivariadas complejas.

El tercer módulo se centra en las transformaciones algebraicas y la utilización de espacios vectoriales, fundamentos indispensables para comprender las restricciones en sistemas de optimización. A continuación, el cuarto capítulo aborda el cálculo integral en múltiples dimensiones dentro de la inferencia paramétrica, junto con el análisis de

la varianza explicada y los criterios de ajuste en modelos predictivos de regresión.

Los capítulos quinto y sexto incluyen metodologías de predicción basadas en series temporales y en el análisis de regresión multivariante, integrando aspectos clave como la colinealidad entre variables independientes, la detección de valores atípicos y el preprocesamiento de datos. Estas secciones incorporan, además, el uso de herramientas computacionales en particular Microsoft Excel para llevar a la práctica los esquemas teóricos presentados.

La obra está dirigida a un público amplio que abarca desde estudiantes de grado y posgrado hasta investigadores y profesionales, con el objetivo común de fortalecer sus competencias en el análisis cuantitativo. Al combinar rigurosamente la teoría con su aplicación práctica, el texto busca convertirse en un catalizador para el desarrollo de habilidades analíticas y la adopción de decisiones estratégicas basadas en evidencia sólida.

CAPÍTULO I

1 DISEÑOS: DCA-DIA-DCR

El Diseño Completamente al Azar (DCA), también denominado Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR), consiste en la asignación aleatoria de los tratamientos a las unidades experimentales, o de manera equivalente, la distribución aleatoria de las unidades a los tratamientos sin ningún tipo de restricción. En este sentido, se considera un diseño eficaz cuando las unidades experimentales disponibles presentan un alto grado de homogeneidad.

Su modelo estadístico lineal poblacional es:

$$Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} = \mu_i \text{ (Media)} + e_{ij} \text{ (Error experimental)} = \mu + \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} + e_{ij} \text{ (Error experimental)} \text{ tal que}$$

$$i = 1, 2, 3, 4 \dots, t_{(t\text{-ésimo tratamiento})} \quad \text{y} \quad j = 1, 2, 3, 4 \dots, n_{(n\text{-ésima repetición})} \text{ , mientras que su muestral será}$$

$$\hat{Y}_{ij} \text{ (Variable dependiente)} = \hat{\mu} + \hat{\tau}_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} + \hat{e}_{ij} \text{ (Error experimental)}.$$

1.1. Representación simbólica

Tabla 1. Representación simbólica de datos DCA-DIA-DCR.

Observaciones	Tratamiento (i)						
	1	2	3	4	...	t	Total
(j)	Y_{11}	Y_{21}	Y_{31}	Y_{41}	...	Y_{t1}	
	Y_{12}	Y_{22}	Y_{32}	Y_{42}	...	Y_{t2}	
	Y_{13}	Y_{23}	Y_{33}	Y_{43}	...	Y_{t3}	
	Y_{14}	Y_{24}	Y_{34}	Y_{44}	...	Y_{t4}	
	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	...	$\vdots$	
	Y_{1n}	Y_{2n}	Y_{3n}	Y_{4n}	...	Y_{tn}	
Total	$Y_{1.}$	$Y_{2.}$	$Y_{3.}$	$Y_{4.}$	...	$Y_{t.}$	$Y_{..}$
Núm. Observaciones (n_j)	$n_{1.}$	$n_{2.}$	$n_{3.}$	$n_{4.}$	...	$n_{t.}$	n

Media	$\bar{Y}_1.$	$Y_2.$	$Y_3.$	$Y_4.$	$\dots$	$Y_t.$	$Y_{..}$
--------------	--------------	--------	--------	--------	---------	--------	----------

La representación simbólica de datos del DCA – DIA – DCR es:

De Y_{ij} (Variable dependiente) = $\mu + \tau_i$ (Efecto de i-ésimo tratamiento) + e_{ij} (Error experimental) $\Rightarrow e_{ij} = Y_{ij} - \mu - \tau_i$ tal que, por mínimos cuadrados ordinarios, $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n e_{ij}^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \mu - \tau_i)^2 = S \Rightarrow$
Si: $r = (\hat{Y}_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\tau}_i) \Rightarrow \frac{dr}{d\hat{\mu}} = -2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n r \rightarrow -2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n r = 0 \therefore$
 $-\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} + \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n \hat{\mu} + \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n \hat{\tau}_i = 0 \Rightarrow -\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} +$
 $tn\hat{\mu} + n \sum_{i=1}^t \hat{\tau}_i = 0 \rightarrow tn\hat{\mu} + n \sum_{i=1}^t \hat{\tau}_i = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} = Y_{..}$

Además, $\frac{dr}{d\hat{\tau}} = -2 \sum_{j=1}^n r \rightarrow -\sum_{j=1}^n r = 0 \therefore -\sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} + \sum_{j=1}^n \hat{\mu} +$
 $\sum_{j=1}^n \hat{\tau}_i = 0 \Rightarrow -\sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} + n\hat{\mu} + n\hat{\tau}_i = 0 \rightarrow n\hat{\mu} + n\hat{\tau}_i = \sum_{j=1}^n \hat{Y}_{ij} =$
 $Y_{i.}$

Entonces, las ecuaciones normales son $tn\hat{\mu} + n \sum_{i=1}^t \hat{\tau}_i = Y_{..}$ y $n\hat{\mu} +$
 $n\hat{\tau}_i = Y_{i.}$ tal que si se considera la restricción $\sum_{i=1}^t \hat{\tau}_i = 0 \Rightarrow tn\hat{\mu} + 0 =$
 $Y_{..}$ y $n\hat{\mu} + n\hat{\tau}_i = Y_{i.} \Rightarrow \therefore$ no hay solución, pues la matriz X es incorrecta
y, en consecuencia, la solución de estas ecuaciones es, Donde $\bar{\tau} =$
 $\frac{\sum_{i=1}^t n_i \tau_i}{\sum_{i=1}^t n_i = n}.$

Por cambio de variable, $\mu^* = (\mu_{(Media)} + \bar{\tau})$ y $\hat{\tau}_i^* =$
 $(\tau_i \text{ (Efecto de i-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau})$, $Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} =$

$$(\mu_{\text{(Media)}} + \bar{\tau}) + (\tau_i \text{(Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau}) +$$

e_{ij} (Error experimental) tal que se tiene el modelo reparametrizado

$$Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} = \mu^* + \hat{\tau}_i^* + e_{ij} \text{ (Error experimental)} \Rightarrow$$

$$\sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = 0 \Rightarrow \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* =$$

$$\sum_{i=1}^t n_i (\tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau}) =$$

$$\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \sum_{i=1}^t n_i \bar{\tau} =$$

$$\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \frac{\sum_{i=1}^t n_i \tau_i}{\sum_{i=1}^t n_i = n} \Rightarrow \therefore$$

$$\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} -$$

$\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} = 0$ e indica que se entra a matriz de rango completo, tal que las ecuaciones normales del modelo reparametrizado son $tn\hat{\mu}^* + \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = Y_{..}$ y $n\hat{\mu}^* + n\hat{\tau}_i^* = Y_{i.}$ tal que si $\sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = 0 \Rightarrow \hat{\mu}^* = \frac{Y_{..}}{tn} = \bar{\bar{Y}} = \bar{Y}_{..}$ y, también, $\hat{\tau}_i^* = \frac{Y_{i.}}{n} - \bar{\bar{Y}} = \bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}.$

$$\text{Además, } e_{ij} = Y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\tau}_i = Y_{ij} - \bar{\bar{Y}} - (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) = Y_{ij} - \bar{\bar{Y}} - \bar{Y}_{i.} + \bar{\bar{Y}} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} \quad . \quad \text{En modelo } Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} = \mu^* + \hat{\tau}_i^* +$$

e_{ij} (Error experimental) se reemplazan estimadores tal que

$$Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} = \bar{\bar{Y}} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) + (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}) \Rightarrow$$

$$(Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{\bar{Y}}) = (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) + (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}) \rightarrow$$

$$(Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{\bar{Y}})^2 = [(\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) + (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})]^2 \Rightarrow$$

$$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{\bar{Y}})^2 = n \sum_{i=1}^t (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}})^2 +$$

$$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2 + 2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) (Y_{ij} -$$

$$\bar{Y}_{i.}) \text{ tal que } 2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (\bar{Y}_{i.} - \bar{\bar{Y}}) (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}) =$$

0 pues la suma de variaciones de Y_{ij} en torno a su media, $\bar{Y}_{i.}$, es igual a cero. $\Rightarrow$

$$\begin{aligned} \therefore \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{Y})^2}{(\text{Variación Total o Suma de Cuadrados del Total})} = \\ \frac{n \sum_{i=1}^t (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y})^2}{(\text{Variación Explicada o Suma de Cuadrados de Tratamientos})} + \\ \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{(\text{Variación No Explicada o Suma de Cuadrados del Error})} \end{aligned}$$

También, la suma atribuible a suma de cuadrados $\mu = \hat{\mu}Y_{..} = \left(\frac{Y_{..}}{n}\right) Y_{..} =$

$$\frac{Y_{..}^2}{tn} = \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn} = F_C \text{ (Valor F de Fisher Calculado)} \quad , \quad \text{cuya suma es}$$

atribuible a τ_i (Efecto de i-ésimo tratamiento) $= \hat{\tau}_i Y_{i.} \Rightarrow \hat{\tau}_i Y_{i.} = \left(\frac{Y_{i.}}{n_i} -$

$$\frac{Y_{..}}{n}\right) Y_{i.} = \frac{Y_{i.}^2}{n} - \frac{Y_{..}^2}{tn} = \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{n} - \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{n_i} = \frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{n} - \frac{Y_{..}^2}{tn}.$$

$$\text{Error} = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{tn} \quad \text{y} \quad \text{Total} =$$

$$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn}.$$

La suma de cuadrados, haciendo uso de ecuación

$$\begin{aligned} \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{Y})^2}{(\text{Variación Total o Suma de Cuadrados del Total})} = \\ \frac{n \sum_{i=1}^t (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y})^2}{(\text{Variación Explicada o Suma de Cuadrados de Tratamientos})} + \\ \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{(\text{Variación No Explicada o Suma de Cuadrados del Error})} \end{aligned} \quad \text{se puede}$$

expresar de forma $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{Y})^2 =$
 $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij}^2 - 2Y_{ij}\bar{Y} + \bar{Y}^2) = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - 2Y_{ij}\bar{Y} + tn\bar{Y}^2 =$
 $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - 2 \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij} \left(\frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}}{n} \right) + tn \left(\frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}}{tn} \right)^2 =$
 $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - 2 \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn} + \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn} = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 -$
 $\frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn}$ tal que el primer término derecho de esta ecuación recibe el nombre de “suma de cuadrados del total sin corregir” y, en consecuencia, el segundo término “factor de corrección”.

Paralelamente, la “suma de cuadrados de tratamientos” puede conseguir una relación simplificada $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2 = \sum \sum (\bar{Y}_i^2 +$
 $\bar{Y}^2 - 2\bar{Y}_i\bar{Y}) = n \sum \bar{Y}_i^2 + tn\bar{Y}^2 - 2 \sum \bar{Y}_i\bar{Y} = n \sum \frac{(\sum Y_{ij})^2}{n^2} + tn \frac{(\sum Y_{ij})^2}{(tn)^2} -$
 $2n \frac{(\sum Y_{ij})}{n} \frac{(\sum Y_{ij})}{tn} = \frac{\sum (\sum Y_{ij})^2}{n} + \frac{(\sum Y_{ij})^2}{tn} - 2 \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{tn} = \frac{\sum Y_i^2}{n} -$
 $\frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn}$; es decir, la suma de cuadrados de tratamientos corregida por su media es igual a suma de cuadrados de tratamientos sin corregir menos un factor de corrección.

Igualmente que $\text{Total} = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 -$
 $\frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn}$ se desarrolla la suma de cuadrados del error $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i=1}^t Y_i^2}{n}.$

1.2. Cuadro comparativo

Tabla 2. Diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR).

Diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR)		
Ventajas	Desventajas	Usos
Fácil de planificar y organizar.	No permite controlar el error experimental, por lo que no se considera un diseño altamente preciso.	Es útil en ensayos de laboratorio o invernadero, donde las diferencias entre unidades experimentales resultan mínimas.
Proporciona un mayor número de grados de libertad para estimar el error experimental.	Cuando las repeticiones entre tratamientos no son iguales, es necesario calcular un error estándar específico para cada par de medias a comparar.	
Presenta flexibilidad respecto al número de repeticiones y de tratamientos.		
Permite manejar diferentes cantidades de repeticiones por tratamiento sin que se complique el análisis estadístico.	Recomendado únicamente para un número reducido de tratamientos y materiales experimentales con	Se aplica en determinados experimentos con animales.

Adecuado cuando las unidades experimentales poseen una variabilidad homogénea.	características muy homogéneas.	
Si se pierde alguna unidad experimental, puede asumirse que ese tratamiento tuvo un número distinto de repeticiones sin afectar gravemente el diseño.	Como las fuentes de variación externas a los tratamientos se incluyen dentro del error aleatorio, la confiabilidad de los resultados puede disminuir.	No se recomienda para pruebas de campo, ya que no ofrece mecanismos adecuados para controlar el error experimental.
Error experimental puede obtenerse separadamente por cada tratamiento para comprobar la suposición de homogeneidad del error.		

Su ANOVA es:

Tabla 3. Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA).

Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA)					
F. de V _{(Factor d} VF _{(Variation fact}	GL _{(Grados de L} Df _{(Degrees of}	SC _{(Suma de Cu} o Sum Sq _{(Sum}	CM _{(Cuadrado M} o Mean Sq _{(Mea}	F _(calculada) o F value _{(Calc}	F _(tablas)

Total	$(rt - 1)$	$\sum_1^{rt} X^2 - \left[\left(\sum_1^{rt} X \right)^2 / rt \right]$			
Intergrupo o Tratamiento	$(t - 1)_{(gl \text{ numer})}$	$\sum_1^t \left(\sum_1^r X \right)^2 - \left[\left(\sum_1^{rt} X \right)^2 / rt \right]$	$SC / gl_{(numerac)}$	$\frac{C. M. \cdot \text{Trat}}{C. M. \cdot \text{Error}}$	$\frac{gl_{(numerac)}}{gl_{(denominar)}}$
Intragrupo o Error	$t(r - 1)_{(gl \text{ denomin})}$	Total - Tratamiento	$SC / gl_{(denominar)}$		

O, en forma equivalente modificado de (Vásquez, 2014):

Tabla 4. Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA).

Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA)					
F. de V_(Factor)	Gl_(Grados de libertad)	SC_(Sum of Squares)	CM_(Cuadrado Medio)	F_(calculada)	F_(tablas)
VF_(Variation factor)		Sum Sq_(Sum of Squares)	Mean Sq_(Mean Square)	F value_(calculated)	
Total	$(rt - 1)$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r Y_{ij}^2 - \left[\frac{Y_{..}^2}{(tr)} \right]$			

Intergrupo o Tratamiento	$(t - 1)_{(gl \text{ numerador})}$	$\frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{r} - \frac{Y_{..}^2}{(tr)}$	$SC/gl_{(nume)}$	$\frac{C. M. \cdot \text{Trat}}{C. M. \cdot \text{Error}}$	$\frac{gl_{(nume)}}{gl_{(denom)}}$
Intragrupo o Error	$t(r - 1)_{(gl \text{ denominador})}$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r Y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{r}$	$SC/gl_{(denom)}$		

Ejercicio 1. Con base en los siguientes ejercicios calcule para cada uno de ellos:

- Haga el planteamiento de las H_0 e H_a .
- Calcular los valores promedios por cada tratamiento y media general.
- Grafique los valores promedio de los tratamientos mediante “Gráficas de caja con vigotes” o “Box Plot”.
- Calcular la tabla de Análisis de Varianza: ANOVA, ADEVA, ANVA o ANDEVA.
- Interpretar la ANOVA con base en el 1er criterio de lectura de la ADEVA: Comparación de las medias de los tratamientos respecto a la media general.
- Interpretar la ANOVA con base en el 2do criterio de lectura de ADEVA: Comparación del Cuadrado Medio de Tratamientos respecto al Cuadrado Medio de los Residuos.

- Interpretar la ANOVA con base en el 3er criterio de lectura de ADEVA: Comparación del valor de $|F_{\text{Calculado}}|$ respecto al valor de $|F_{\text{Tablas}}|$.
- Interpretar la ANOVA con base en el 4to criterio de lectura de ADEVA: Valor de $p - \text{Value}_{(\text{Rho value})}$.
- Con base en estos criterios concluir. Si existen diferencias entre medias de tratamientos hacer comparación de medias mediante Comparaciones Basadas en Distribucion t (Contraste de Diferencia Mínima Significativa o t de Fisher o LSD, Bonferroni y/o Prueba de Dunnett o DHS) y Test de Rangos Múltiples (Prueba de Duncan o Rangos Múltiples de Duncan, Prueba Student-Newman-Keuls (SNK) o Método de Keul, Contrastes Ortogonales, Prueba de Tukey o Honestly-significant-difference o HSD y/o Prueba de Scheffé) con nivel de significancia de 0.05 y/o 0.01 ($\alpha = 0.05$ y/o $\alpha = 0.01$).

1.2.1 Diseño de un factor, comparación en tres poblaciones (cada especie de planta equivale a un tratamiento):

a) Variación 1

Tabla 5. Diseño de un factor, comparación en tres poblaciones.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4, 4.8, 4.8, 4.3, 5.8)	

<code>Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6, 5.2, 5, 5.9, 6, 6.1, 5.6)</code>	
<code>Iris.virginica <- c(6.3, 5.8, 7.1, 6.3, 6.5, 7.6, 4.9, 7.3, 6.7, 7.2, 6.5, 6.4, 6.8, 5.7, 5.8)</code>	
<code>longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica)</code>	
<code>especie <- rep(1:3, each = 15)</code>	
<code>especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor", "Iris virginica"))</code>	
<code>especie <- gl(3, 15, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor", "Iris virginica"))</code>	
<code>tapply(longitud, especie, summary)</code>	
<code>p.aov <- aov(longitud ~ especie)</code>	Comando que indica aov = ANOVA
<code>model.tables(p.aov, type = "mean")</code>	1er criterio de lectura para ANOVAS: Valor promedio de tratamientos ($\bar{X}_{ti}$) y media general (μ). Regla de decisión: $\bar{X}_{ti} > \mu$ son tratamientos significativos.

summary(p.aov)	2do criterio de lectura para ANOVAS: $C_{Medio_{Tratamientos}} > C_{Medio_{Error}}$. Regla de decisión: No acepta H_0 y no rechaza H_a. 3er criterio de lectura para ANOVAS: $F_{Calculada} > F_{Tablas}$. Regla de decisión: No acepta H_0 y no rechaza H_a. 4to criterio de lectura para ANOVAS (Lind et al., 2004): a) Si $\rho < 0.10$ tiene alguna evidencia que H_0 no es verdadera. b) Si $\rho < 0.05$ tiene fuerte evidencia que H_0 no es verdadera. c) Si $\rho < 0.01$ tiene muy fuerte evidencia que H_0 no es verdadera. d) Si $\rho < 0.001$ tiene una evidencia extremadamente fuerte que H_0 no es verdadera.
plot(longitud ~ especie)	

<code>g.lm <- lm(longitud ~ especie)</code>	
<code>anova(g.lm)</code>	Comando que oferta otra posibilidad es definir el modelo lineal y obtener la tabla con la instrucción ANOVA.
<code>Lm (longitud ~ especie)</code>	Este comando solo, da los coeficientes del modelo de regresión lineal simple.
<code>summary(g.lm)</code>	Comando que presenta un resumen en forma de tabla de medias general y tratamientos (sp).

Tabla 6. Programación de software R.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
<code>library(agricolae)</code>	Con base en (Mendiburu, Análisis Estadístico con "R", 2007), es necesario instalar el comando "agricolae" mediante <code>"install.packages("agricolae")"</code> para hacer las siguientes pruebas de medias de tratamientos:
<code>model <- aov(longitud ~ especie)</code>	
<code>LSD.test(model, "especie", console=TRUE)</code>	La prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS, LSD, t de Fisher ó Least Significant Difference) indica que <i>B. bassiana</i> . Bb (grupo a) tiene,

	con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de patogenicidad que el hongo <u><i>M. anisopliae</i></u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
LSD.test(model, "especie", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)	La prueba de Bonferroni indica que <u><i>B. bassiana</i></u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u><i>M. anisopliae</i></u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
Prueba de Dunnett o DHS	
duncan.test(model, "especie", console=TRUE)	La prueba de Duncan o Rangos Múltiples de Duncan indica que <u><i>B. bassiana</i></u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u><i>M. anisopliae</i></u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
SNK.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	La prueba de Student-Newman-Keuls (SNK) o Método de Keul indica que la diferencia de potogenicidad entre <u><i>B. bassiana</i></u> . Bb es, con valor medio 4073335000 y <u><i>M. anisopliae</i></u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000, significativa.
REGW.test(model, "especie", group=FALSE, console=TRUE)	La prueba de Prueba Ryan, Einot and Gabriel and Welsch indica que <u><i>B.</i></u>

	<u>bassiana</u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u>M. anisopliae</u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
outHSD <- HSD.test(model, "especie", console=TRUE)	La prueba de Tukey o Tukey's W Procedure (HSD) Indica que <u>B. bassiana</u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u>M. anisopliae</u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
outWaller <- waller.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	La prueba de Prueba T Waller-Duncan's Bayesian K-Ratio indica que la diferencia de potogenicidad entre <u>B. bassiana</u> . Bb es, con valor medio 4073335000 y <u>M. anisopliae</u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000, verdadera "true". Por lo tanto, <u>B. bassiana</u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u>M. anisopliae</u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
scheffe.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	La prueba de Scheffé (Scheffé's Test) indica que <u>B. bassiana</u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de potogenicidad que el hongo <u>M. anisopliae</u> . Ma

	(grupo b), con valor medio 569000000.
--	--

b) *Variación 2*

```
Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4,
               4.8, 4.8, 4.3, 5.8, 4.6)
```

```
Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6,
                    5.2, 5, 5.9, 6, 6.1, 5.6, 6.2)
```

```
Iris.virginica <- c(6.3, 5.8, 7.1, 6.3, 6.5, 7.6, 4.9, 7.3, 6.7,
                  7.2, 6.5, 6.4, 6.8, 5.7, 5.8, 7.1)
```

```
longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica)
```

```
especie <- rep(1:3, each = 16)
```

```
especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris
versicolor", "Iris virginica"))
```

```
especie <- gl(3, 16, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor",
                              "Iris virginica"))
```

```
tapply(longitud, especie, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ especie)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ especie)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ especie)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ especie)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4,  
4.8, 4.8, 4.3)
```

```
Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6,  
5.2, 5, 5.9, 6, 6.1)
```

```
Iris.virginica <- c(6.3, 5.8, 7.1, 6.3, 6.5, 7.6, 4.9, 7.3, 6.7,  
7.2, 6.5, 6.4, 6.8, 5.7)
```

```
longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica)
```

```
especie <- rep(1:3, each = 14)
```

```
especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris  
versicolor", "Iris virginica"))
```

```
especie <- gl(3, 15, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor",  
"Iris virginica"))
```

```
tapply(longitud, especie, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ especie)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ especie)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ especie)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ especie)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4,  
4.8, 4.8, 4.3, 5.8)
```

```
Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6,  
5.2, 5, 5.9, 6, 6.1, 5.6)
```

```
Iris.virginica <- c(6.3, 5.8, 7.1, 6.3, 6.5, 7.6, 4.9, 7.3, 6.7,  
7.2, 6.5, 6.4, 6.8, 5.7, 5.8)
```

```
Iris.prima <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 6.3,  
6.5, 7.6, 4.9, 7.3)
```

```

longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica,
             Iris.prima)

especie <- rep(1:4, each = 15)

especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris
versicolor", "Iris virginica", "Iris prima"))

especie <- gl(4, 15, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor",
                                "Iris virginica", "Iris prima"))

tapply(longitud, especie, summary)

p.aov <- aov(longitud ~ especie)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(longitud ~ especie)

g.lm <- lm(longitud ~ especie)

anova(g.lm)

lm(longitud ~ especie)

summary(g.lm)

```

e) *Variación 5*

```
Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4,  
4.8, 4.8, 4.3, 5.8)
```

```
Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6,  
5.2, 5, 5.9, 6, 6.1, 5.6)
```

```
Iris.virginica <- c(6.3, 5.8, 7.1, 6.3, 6.5, 7.6, 4.9, 7.3, 6.7,  
7.2, 6.5, 6.4, 6.8, 5.7, 5.8)
```

```
Iris.prima <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 6.3,  
6.5, 7.6, 4.9, 7.3)
```

```
Iris.concolor <- c(5.4, 4.6, 5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.7, 7.2, 6.5, 4.9, 4.7,  
4.6, 4.8, 4.3, 5.8)
```

```
longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica,  
Iris.prima)
```

```
especie <- rep(1:5, each = 15)
```

```
especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris  
versicolor", "Iris virginica", "Iris prima",  
"concolor"))
```

```
especie <- gl(5, 15, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor",  
"Iris virginica", "Iris prima", "concolor"))
```

```
tapply(longitud, especie, summary)
```

```

p.aov <- aov(longitud ~ especie)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(longitud ~ especie)

g.lm <- lm(longitud ~ especie)

anova(g.lm)

lm(longitud ~ especie)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

Iris.setosa <- c(5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5, 5.4, 4.6, 5, 4.4, 4.9, 5.4,
                4.8, 4.8, 4.3, 5.8)

Iris.versicolor <- c(7, 6.4, 6.9, 5.5, 6.5, 5.7, 6.3, 4.9, 6.6,
                    5.2, 5, 5.9, 6, 6.1, 5.6)

longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor)

especie <- rep(1:2, each = 15)

especie <- factor(especie, labels = c("Iris setosa", "Iris
versicolor"))

especie <- gl(2, 15, labels = c("Iris setosa", "Iris versicolor"))

```

```
tapply(longitud, especie, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ especie)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ especie)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ especie)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ especie)
```

```
summary(g.lm)
```

1.3. Análisis de varianza con un único factor tratamiento y cuatro niveles (P, A, B y AB)

a) Variación I

```
P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, -5, NA, NA, NA)
```

```
A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 0, 35, 20)
```

```
B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 22, 11, 25)
```

```
AB <- c(10, 5, -5, 15, 20, 20, 0, 10, NA, NA)
```

```
descenso <- c(P, A, B, AB)
```

```
tratam <- gl(4, 10, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco  
B", "asociación AB"))
```

```
mean(descenso, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(descenso, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(descenso ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")
```

```
g.lm <- lm(descenso ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(descenso ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, -5, NA, NA, NA, 8)
```

```
A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 0, 35, 20, 28)
```

```
B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 22, 11, 25, 27)
```

```
AB <- c(10, 5, -5, 15, 20, 20, 0, 10, NA, NA, 18)
```

```

descenso <- c(P, A, B, AB)

tratam <- gl(4, 11, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco
                              B", "asociación AB"))

mean(descenso, na.rm=TRUE)

tapply(descenso, tratam, summary)

p.aov <- aov(descenso ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")

g.lm <- lm(descenso ~ tratam)

anova(g.lm)

lm(descenso ~ tratam)

summary(g.lm)

```

c) Variación 3

```

P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, NA, NA, NA)

A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 35, 20)

B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 11, 25)

```

```
AB <- c(10, 5, -5, 15, 20, 20, 10, NA, NA)
```

```
descenso <- c(P, A, B, AB)
```

```
tratam <- gl(4, 9, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco  
B", "asociación AB"))
```

```
mean(descenso, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(descenso, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(descenso ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")
```

```
g.lm <- lm(descenso ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(descenso ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, -5, NA, NA, NA)
```

```
A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 0, 35, 20)
```

```
B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 22, 11, 25)
```

```
AB <- c(10, 5, -5, 15, 20, 20, 0, 10, NA, NA)
```

```
AP <- c(10, 0, 15, -20, 10, 5, -5, 15, 20, 20)
```

```
descenso <- c(P, A, B, AB, AP)
```

```
tratam <- gl(5, 10, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco  
B", "asociación AB", "asociación AP"))
```

```
mean(descenso, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(descenso, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(descenso ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")
```

```
g.lm <- lm(descenso ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(descenso ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```

P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, -5, NA, NA, NA)

A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 0, 35, 20)

B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 22, 11, 25)

AB <- c(10, 5, -5, 15, 20, 20, 0, 10, NA, NA)

AP <- c(10, 0, 15, -20, 10, 5, -5, 15, 20, 20)

BP <- c(10, 0, 15, -20, 10, 5, -5, 15, 20, 20)

descenso <- c(P, A, B, AB, AP, BP)

tratam <- gl(6, 10, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco
                             B", "asociación AB", "asociación AP", "asociación
                             BP"))

mean(descenso, na.rm=TRUE)

tapply(descenso, tratam, summary)

p.aov <- aov(descenso ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")

g.lm <- lm(descenso ~ tratam)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(descenso ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) *Variación 6*

```
P <- c(10, 0, 15, -20, 0, 15, -5, NA, NA, NA)
```

```
A <- c(20, 25, 33, 25, 30, 18, 27, 0, 35, 20)
```

```
B <- c(15, 10, 25, 30, 15, 35, 25, 22, 11, 25)
```

```
descenso <- c(P, A, B)
```

```
tratam <- gl(3, 10, labels = c("placebo", "farmaco A", "farmaco  
B"))
```

```
mean(descenso, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(descenso, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(descenso ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
stripchart(descenso ~ tratam, method="stack")
```

```
g.lm <- lm(descenso ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(descenso ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

1.4. Aplicaciones

1.4.1 Aplicación 1

Un Ingeniero Agrónomo hizo un experimento en rendimiento productivo de una especie. Sin embargo, no existe suficiente material para todos los tratamientos.

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(45, 46, 49, 44, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(34, 34, 35, 34, 33, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
tratam<-gl(4, 9, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ tratam)
```

```
g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

Tabla 7. Programación de software R.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
library(agricolae)	Con base en (Mendiburu, Análisis Estadístico con "R", 2007), es necesario instalar el comando “agricolae” mediante “install.packages(“agricolae”)” para hacer las siguientes pruebas de medias de tratamientos:
model <- aov(longitud ~ especie)	

LSD.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS, LSD, t de Fisher ó Least Significant Difference).
LSD.test(model, "especie", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)	Prueba de Bonferroni.
Prueba de Dunnett o DHS	
duncan.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Duncan o Rangos Múltiples de Duncan.
SNK.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Student-Newman-Keuls (SNK) o Método de Keul.
REGW.test(model, "especie", group=FALSE, console=TRUE)	Prueba de Prueba Ryan, Einot and Gabriel and Welsch.
outHSD <- HSD.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Tukey o Tukey's W Procedure (HSD).
outWaller <- waller.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Prueba T Waller-Duncan's Bayesian K-Ratio.
scheffe.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Scheffé (Scheffé's Test).

b) Variación 2

Trat1 <- c(45, 46, 49, 44, NA, NA, NA, NA, NA, 47)

```

Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 32)

Trat3 <- c(34, 34, 35, 34, 33, NA, NA, NA, NA, 33)

Trat4 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41, 40)

rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)

tratam<-gl(4, 10, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, tratam, summary)

p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ tratam)

g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ tratam)

summary(g.lm)

```

c) *Variación 3*

```
Trat1 <- c(45, 46, 49, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(34, 34, 35, 34, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(41, 41, 44, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
tratam<-gl(4, 8, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ tratam)
```

```
g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) *Variación 4*

```
Trat1 <- c(45, 46, 49, 44, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(34, 34, 35, 34, 33, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
Trat5 <- c(NA, 46, 49, NA, 34, 34, 35, 34, 33)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
tratam<-gl(5, 9, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ tratam)
```

```
g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(45, 46, 49, 44, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(34, 34, 35, 34, 33, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
Trat5 <- c(NA, 46, 49, NA, 34, 34, 35, 34, 33)
```

```
Trat6 <- c(45, 46, 49, NA, NA, NA, 44, 43, 41)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6)
```

```
tratam<-gl(6, 9, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5",  
                           "Tratamiento 6"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ tratam)
```

```
g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Trat1 <- c(45, 46, 49, 44, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(35, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
tratam<-gl(3, 9, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
"Tratamiento 3"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(rendimiento ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ tratam)
```

```
g.lm <- lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

1.4.2 Aplicación 2

Un Ingeniero Agroindustrial hizo un experimento en cantidad de organismos en una investigación. No obstante, este perdió información.

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, 38, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          NA)
```

```
cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 12)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
  "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
  "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
  "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(cantidad, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cantidad, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cantidad ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) *Variación 2*

```
Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, 38, NA, NA, NA, 39)
```

```
Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          35)
```

```
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          32)
```

```
Trat4 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          40)
```

```
Trat5 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          NA, 34)
```

```
cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 13)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                               "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(cantidad, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cantidad, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cantidad ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(45, 44, 42, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 11)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
  "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
  "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
  "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(cantidad, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cantidad, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cantidad ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, 38, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          NA)
```

```
Trat6 <- c(38, 37, 35, 36, 30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6)
```

```
Tratam <- rep(1:6, each = 12)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5", "Tratamiento 6"))
```

```
Tratam <- gl(6, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                               "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5",  
                               "Tratamiento 6"))
```

```
mean(cantidad, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cantidad, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cantidad ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, 38, NA, NA, NA)
```

```
Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,  
          NA)
```

```
Trat6 <- c(38, 37, 35, 36, 30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat7 <- c(45, 46, 41, NA, NA, NA, 45, 44, 42, 40, 42, 43)
```

```
cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6, Trat7)
```

```
Tratam <- rep(1:7, each = 12)
```

```

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",
                                     "Tratamiento 5", "Tratamiento 6", "Tratamiento 7"))

```

```

Tratam <- gl(7, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5",
                              "Tratamiento 6", "Tratamiento 7"))

```

```

mean(cantidad, na.rm=TRUE)

```

```

tapply(cantidad, Tratam, summary)

```

```

p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam)

```

```

model.tables(p.aov, type = "mean")

```

```

summary(p.aov)

```

```

plot(cantidad ~ Tratam)

```

```

g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)

```

```

anova(g.lm)

```

```

lm(cantidad ~ Tratam)

```

```

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

Trat1 <- c(45, 46, 41, 23, 45, 53, 42, 40, 38, NA, NA, NA)

```

```

Trat2 <- c(38, 37, 35, 36, 34, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA)

Trat3 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA)

Trat4 <- c(35, 32, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA,
          NA)

cantidad <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)

Tratam <- rep(1:4, each = 12)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

Tratam <- gl(4, 12, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                               "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

mean(cantidad, na.rm=TRUE)

tapply(cantidad, Tratam, summary)

p.aov<-aov(cantidad ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(cantidad ~ Tratam)

g.lm<-lm(cantidad ~ Tratam)

anova(g.lm)

```

```
lm(cantidad ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

1.4.3 Aplicación 3

Una compañía azucarera, interesada en maximizar el rendimiento, desea comprobar si dicho rendimiento depende del tipo de fertilizante utilizado. A su disposición tiene 5 tipos de fertilizantes. No obstante, esta información está incompleta.

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51, 50)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, 57, NA)
```

```
Trat3 <- c(48, 50, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(47, 48, 49, 44, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(43, 46, 74, 45, 46, 43)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 6)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 6, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51, 50, 52)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, 57, NA, 58)
```

```
Trat3 <- c(48, 50, NA, NA, NA, NA, 49)
```

```
Trat4 <- c(47, 48, 49, 44, NA, NA, 45)
```

```

Trat5 <- c(43, 46, 74, 45, 46, 43, 60)

rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)

Tratam <- rep(1:5, each = 7)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",
                                     "Tratamiento 5"))

Tratam <- gl(5, 6, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, Tratam, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ Tratam)

g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

c) *Variación 3*

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, NA)
```

```
Trat3 <- c(48, 50, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(47, 48, 49, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(43, 46, 74, 45, 46)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 5)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 5, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) *Variación 4*

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51, 50)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, 57, NA)
```

```
Trat3 <- c(48, 50, NA, NA, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(47, 48, 49, 44, NA, NA)
```

```
Trat5 <- c(43, 46, 74, 45, 46, 43)
```

```
Trat6 <- c(49, 50, 51, 50, 48, 47)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6)
```

```
Tratam <- rep(1:6, each = 6)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5", "Tratamiento 6"))
```

```
Tratam <- gl(6, 6, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5",  
                             "Tratamiento 6"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, Tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ Tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51, 50)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, 57, NA)
```

```
Trat3 <- c(48, 50, NA, NA, NA, NA)
```

```

Trat4 <- c(47, 48, 49, 44, NA, NA)

Trat5 <- c(43, 46, 74, 45, 46, 43)

Trat6 <- c(49, 50, 51, 50, 48, 47)

Trat7 <- c(48, 48, 50, 51, 55, 53)

rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6, Trat7)

Tratam <- rep(1:7, each = 6)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",
                                     "Tratamiento 5", "Tratamiento 6", "Tratamiento 7"))

Tratam <- gl(7, 6, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5",
                              "Tratamiento 6", "Tratamiento 7"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, Tratam, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ Tratam)

```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Trat1 <- c(51, 49, 50, 49, 51, 50)
```

```
Trat2 <- c(56, 60, 56, 56, 57, NA)
```

```
Trat3 <- c(47, 48, 49, 44, NA, NA)
```

```
Trat4 <- c(43, 46, 74, 45, 46, 43)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 6)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(4, 6, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, Tratam, summary)
```

```

p.aov<-aov(rendimiento ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ Tratam)

g.lm<-lm(rendimiento ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

1.4.4 Aplicación 3

Cuatro investigadores desean determinar la calidad para hacer botánas “snacks” entre dos variedades de papa (*Sollanum tuberosa*: Fruit y Chola). El Diseño Experimental usado fue DCA o DIA, dos tratamientos y 4 repeticiones. Las variables son Grados Brix y pH:

a) Variación 1

```

Fruit <- c(8.6, 8.5, 8.6, 8.4)

Chola <- c(8.7, 8.7, 8.6, 8.7)

Brix <- c(Fruit, Chola)

Tratam <- rep(1:2, each = 4)

```

```

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Fruit", "Chola"))

Tratam <- gl(2, 4, labels = c("Fruit", "Chola"))

mean(Brix, na.rm=TRUE)

tapply(Brix, Tratam, summary)

p.aov <- aov(Brix ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(Brix ~ Tratam)

g.lm <- lm(Brix ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(Brix ~ Tratam)

summary(g.lm)

library(agricolae)

model <- aov(Brix ~ Tratam)

LSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

LSD.test(model, "Tratam", group=T, p.adj="bon",
          console=TRUE)

```

```

duncan.test(model, "Tratam", console=TRUE)

SNK.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

REGW.test(model, "Tratam", group=FALSE, console=TRUE)

outHSD <- HSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

outHSD

outWaller <- waller.test(model, "Tratam", group=TRUE,
                        console=TRUE)

print(outWaller$comparison)

scheffe.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

```

b) Variación 2

```

Fruit <- c(6.6, 6.6, 6.5, 6.6)

Chola <- c(6.1, 6.2, 6.1, 5.9)

pH <- c(Fruit, Chola)

Tratam <- rep(1:2, each = 4)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Fruit", "Chola"))

Tratam <- gl(2, 4, labels = c("Fruit", "Chola"))

mean(pH, na.rm=TRUE)

```

```

tapply(pH, Tratam, summary)

p.aov <- aov(pH ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(pH ~ Tratam)

g.lm <- lm(pH ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(pH ~ Tratam)

summary(g.lm)

library(agricolae)

model <- aov(pH ~ Tratam)

LSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

LSD.test(model, "Tratam", group=T, p.adj="bon",
          console=TRUE)

duncan.test(model, "Tratam", console=TRUE)

SNK.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

REGW.test(model, "Tratam", group=FALSE, console=TRUE)

```

```

outHSD <- HSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

outHSD

outWaller <- waller.test(model, "Tratam", group=TRUE,
                          console=TRUE)

print(outWaller$comparison)

scheffe.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

```

1.4.5 Aplicación 4

En una elaboración de yogurt con dos frutas se aplicaron 6 tratamientos, a 5 diferentes yogures/tratamiento: 500 Gr de Mora, 450 Gr de Durazno, 200 Gr de Piña, 600 Gr de Fresa y 454 Gr de Kiwi y 600 Gr de Uva. H_0 : No existe diferencia entre tratamientos e H_a : Existen diferencias entre tratamientos. El Diseño Experimental usado fue DCA o DIA. La variable es rendimiento en Gr:

a) Variación 1

```

Mora <- c(950, 700, 1100, 954, 900)

Durazno <- c(950, 650, 1050, 904, 950)

Pina <- c(700, 650, 800, 654, 800)

Fresa <- c(1100, 1050, 800, 1054, 1200)

Kiwi <- c(954, 904, 654, 1054, 1054)

```

```
Uva <- c(1100, 1050, 800, 1200, 1054)
```

```
Rendimiento <- c(Mora, Durazno, Pina, Fresa, Kiwi, Uva)
```

```
Tratam <- rep(1:6, each = 5)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("500GrMora",  
  "540GrDurazno", "200GrPina", "600GrFresa",  
  "454GrKiwi", "600GrUva"))
```

```
Tratam <- gl(6, 5, labels = c("500GrMora", "540GrDurazno",  
  "200GrPina", "600GrFresa", "454GrKiwi",  
  "600GrUva"))
```

```
mean(Rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(Rendimiento, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(Rendimiento ~ Tratam)
```

```

summary(g.lm)

library(agricolae)

model <- aov(Rendimiento ~ Tratam)

LSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

LSD.test(model, "Tratam", group=T, p.adj="bon",
          console=TRUE)

duncan.test(model, "Tratam", console=TRUE)

SNK.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

REGW.test(model, "Tratam", group=FALSE, console=TRUE)

outHSD <- HSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

outHSD

outWaller <- waller.test(model, "Tratam", group=TRUE,
                        console=TRUE)

print(outWaller$comparison)

scheffe.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

```

b) Variación 2

```
Mora <- c(24, 15, 21, 37, 33, 23)
```

```
Durazno <- c(14, 7, 12, 17, 14, 16)
```

```
Pina <- c(11, 9, 7, 13, 12, 18)
```

```
Fresa <- c(7, 7, 4, 7, 12, 18)
```

```
Kiwi <- c(19, 24, 19, 15, 10, 20)
```

```
Rendimiento <- c(Mora, Durazno, Pina, Fresa, Kiwi)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 6)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("500GrMora",  
  "540GrDurazno", "200GrPina", "600GrFresa",  
  "454GrKiwi"))
```

```
Tratam <- gl(5, 6, labels = c("500GrMora", "540GrDurazno",  
  "200GrPina", "600GrFresa", "454GrKiwi"))
```

```
mean(Rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(Rendimiento, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

```
library(agricolae)
```

```
model <- aov(Rendimiento ~ Tratam)
```

```
LSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)
```

```
LSD.test(model, "Tratam", group=T, p.adj="bon",  
          console=TRUE)
```

```
duncan.test(model, "Tratam", console=TRUE)
```

```
SNK.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)
```

```
REGW.test(model, "Tratam", group=FALSE, console=TRUE)
```

```
outHSD <- HSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)
```

```
outHSD
```

```
outWaller <- waller.test(model, "Tratam", group=TRUE,  
                          console=TRUE)
```

```
print(outWaller$comparison)
```

```
scheffe.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)
```

1.4.6 Aplicación 5

Un Ingeniero Agrónomo realizó la determinación del peso (g) de frutos de ciruela, también conocida como jobo, xocote, ciruela de huesito, jocote o cocota (*Spondias purpurea*), a partir de muestras recolectadas en siete puntos de comercialización.

```
Punto.venta1 <- c(14.0, 13.7, 18.0, 21.4, 19.0, NA, NA)

Punto.venta2 <- c(23.8, 24.4, 22.4, 20.8, 23.8, 18.0, 24.1)

Punto.venta3 <- c(18.5, 16.7, 12.4, 11.6, 13.2, 14.7, NA)

Punto.venta4 <- c(25.3, 17.2, 21.8, 18.0, 19.9, 13.9, 18.5)

Punto.venta5 <- c(16.4, 16.9, 17.3, 16.5, 20.6, NA, NA)

Punto.venta6 <- c(23.9, 22.3, 18.0, 20.4, 20.5, NA, NA)

Punto.venta7 <- c(18.1, 22.9, 17.8, 17.1, 15.5, 20.8, 17.8)

Peso.gramos <- c(Punto.venta1, Punto.venta2, Punto.venta3,
                  Punto.venta4,    Punto.venta5,    Punto.venta6,
                  Punto.venta7)

Puntos.venta <- gl(7, 7, labels = c("Punto.venta 1", "Punto.venta
                                     2", "Punto.venta 3", "Punto.venta 4", "Punto.venta 5",
                                     "Punto.venta 6", "Punto.venta 7"))

mean(Peso.gramos, na.rm=TRUE)
```

```

tapply(Peso.gramos, Puntos.venta, summary)

p.aov <- aov(Peso.gramos ~ Puntos.venta)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(Peso.gramos ~ Puntos.venta)

g.lm <- lm(Peso.gramos ~ Puntos.venta)

anova(g.lm)

lm(Peso.gramos ~ Puntos.venta)

summary(g.lm)

install.packages("agricolae")

library(agricolae)

model <- aov(Peso.gramos ~ Puntos.venta)

LSD.test(model, "Puntos.venta", console=TRUE)

LSD.test(model, "Puntos.venta", group=T, p.adj="bon",
          console=TRUE)

duncan.test(model, "Puntos.venta", console=TRUE)

```

```
SNK.test(model,      "Puntos.venta",      group=TRUE,  
          console=TRUE)
```

```
REGW.test(model,      "Puntos.venta",      group=TRUE,  
          console=TRUE)
```

```
outHSD <- HSD.test(model, "Puntos.venta", console=TRUE)
```

```
outWaller <- waller.test(model, "Puntos.venta", group= TRUE,  
          console=TRUE)
```

```
scheffe.test(model,      "Puntos.venta",      group=TRUE,  
          console=TRUE)
```

CAPÍTULO II

2 PRODUCCIÓN DE ZETAS

Un par de tesistas hicieron su investigación en producción de hongo comestibles:

2.1 ANOVA sobre Tiempo de Aparición de Primordios (TAP)

a) *Variación 1*

```
Trat1 <- c(26, 26, 30)
```

```
Trat2 <- c(24, 24, 24)
```

```
Trat3 <- c(28, 35, 30)
```

```
tiempo <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(tiempo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tiempo, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tiempo ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

Tabla 8. Programación de software R.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
library(agricolae)	Con base en (Mendiburu, Análisis Estadístico con "R", 2007), es necesario instalar el comando “agricolae” mediante “install.packages(“agricolae”)” para hacer las siguientes pruebas de medias de tratamientos:
model <- aov(longitud ~ especie)	
LSD.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS, LSD, t de Fisher ó Least Significant Difference).

LSD.test(model, "especie", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)	Prueba de Bonferroni.
Prueba de Dunnett o DHS	
duncan.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Duncan o Rangos Múltiples de Duncan.
SNK.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Student-Newman-Keuls (SNK) o Método de Keul.
REGW.test(model, "especie", group=FALSE, console=TRUE)	Prueba de Prueba Ryan, Einot and Gabriel and Welsch.
outHSD <- HSD.test(model, "especie", console=TRUE)	Prueba de Tukey o Tukey's W Procedure (HSD).
outWaller <- waller.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Prueba T Waller-Duncan's Bayesian K-Ratio.
scheffe.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)	Prueba de Scheffé (Scheffé's Test).

b) Variación 2

Trat1 <- c(26, 26, 30, 27)

Trat2 <- c(24, 24, 24, 25)

Trat3 <- c(28, 35, 30, 29)

tiempo <- c(Trat1, Trat2, Trat3)

```
Tratam <- rep(1:3, each = 4)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(tiempo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tiempo, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tiempo ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
Trat1 <- c(26, 30)
```

```
Trat2 <- c(24, 24)
```

```
Trat3 <- c(35,30)
```

```
tiempo <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 2)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1", "  
Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(tiempo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tiempo, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tiempo ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) *Variación 4*

```
Trat1 <- c(26, 26, 30)
```

```
Trat2 <- c(24, 24, 24)
```

```
Trat3 <- c(28,35,30)
```

```
Trat4 <- c(24, 26, 28)
```

```
tiempo <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1", " "
                                     Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", " Tratamiento
                              2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(tiempo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tiempo, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tiempo ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(26, 26, 30)
```

```
Trat2 <- c(24, 24, 24)
```

```
Trat3 <- c(28,35,30)
```

```
Trat4 <- c(24, 26, 28)
```

```
Trat5 <- c(24, 23, 33)
```

```
tiempo <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1", "  
Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
"Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", " Tratamiento 2",  
"Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```

mean(tiempo, na.rm=TRUE)

tapply(tiempo, Tratam, summary)

p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(tiempo ~ Tratam)

g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(tiempo ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

Trat1 <- c(26, 26, 30)

Trat2 <- c(24, 24, 24)

tiempo <- c(Trat1, Trat2)

Tratam <- rep(1:2, each = 3)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1", "
    Tratamiento 2"))

```

```
Tratam <- gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2"))
```

```
mean(tiempo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tiempo, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(tiempo ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tiempo ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tiempo ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

2.2 Número de Racimos (NRT)

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(6, 4, 3)
```

```
Trat2 <- c(5, 5, 6)
```

```
Trat3 <- c(3, 3, 4)
```

```

racimos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)

Tratam <- rep(1:3, each = 3)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))

Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento
                              2", "Tratamiento 3"))

mean(racimos, na.rm=TRUE)

tapply(racimos, Tratam, summary)

p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(racimos ~ Tratam)

g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(racimos ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

b) Variación 2

```
Trat1 <- c(6, 4, 3, 3)
```

```
Trat2 <- c(5, 5, 6, 5)
```

```
Trat3 <- c(3, 3, 4, 5)
```

```
racimos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 4)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(racimos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(racimos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(racimos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(racimos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
Trat1 <- c(6, 4)
```

```
Trat2 <- c(5, 5)
```

```
Trat3 <- c(3, 4)
```

```
racimos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 2)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(racimos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(racimos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(racimos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(racimos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Trat1 <- c(6, 4, 3)
```

```
Trat2 <- c(5, 5, 6)
```

```
Trat3 <- c(3, 3, 4)
```

```
Trat4 <- c(3, 3, 4)
```

```
racimos <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```

mean(racimos, na.rm=TRUE)

tapply(racimos, Tratam, summary)

p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(racimos ~ Tratam)

g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(racimos ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

e) Variación 5

```

Trat1 <- c(6, 4, 3)

Trat2 <- c(5, 5, 6)

Trat3 <- c(3, 3, 4)

Trat4 <- c(3, 3, 4)

Trat5 <- c(3, 5, 6)

racimos <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)

```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
  "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
  "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
  2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento  
  5"))
```

```
mean(racimos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(racimos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(racimos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(racimos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) *Variación 6*

```
Trat1 <- c(6, 4, 3)
```

```
Trat2 <- c(5, 5, 6)
```

```
racimos <- c(Trat1, Trat2)
```

```
Tratam <- rep(1:2, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2"))
```

```
Tratam <- gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
                               2"))
```

```
mean(racimos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(racimos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(racimos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(racimos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(racimos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(racimos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

2.3 Número de Carpóforos por Racimo o Penca (NCR/P)

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(12, 13, 12)
```

```
Trat2 <- c(7, 8, 8)
```

```
Trat3 <- c(7, 9, 6)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)

plot(carpoforos ~ Tratam)

g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(carpoforos ~ Tratam)

summary(g.lm)

install.packages("agricolae")

library(agricolae)

model <- aov(carpoforos ~ Tratam)

LSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)

LSD.test(model, "Tratam", group=T, p.adj="bon",
          console=TRUE)

duncan.test(model, "Tratam", console=TRUE)

SNK.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

REGW.test(model, "Tratam", group=TRUE, console=TRUE)

outHSD <- HSD.test(model, "Tratam", console=TRUE)
```

```
outWaller <- waller.test(model, "Tratam", group= TRUE,  
  console=TRUE)
```

b) Variación 2

```
Trat1 <- c(12, 13, 12, 11)
```

```
Trat2 <- c(7, 8, 8, 9)
```

```
Trat3 <- c(7, 9, 6, 8)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 4)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
  "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
  2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(carpoforos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
Trat1 <- c(12, 13)
```

```
Trat2 <- c(7, 8)
```

```
Trat3 <- c(7, 9)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 2)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(carpoforos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Trat1 <- c(12, 13, 12)
```

```
Trat2 <- c(7, 8, 8)
```

```
Trat3 <- c(7, 9, 6)
```

```
Trat4 <- c(7, 9, 12)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(carpoforos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(12, 13, 12)
```

```
Trat2 <- c(7, 8, 8)
```

```
Trat3 <- c(7, 9, 6)
```

```
Trat4 <- c(7, 9, 12)
```

```
Trat5 <- c(7, 8, 13)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
  "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
  "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
  2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento  
  5"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(carpoforos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) *Variación 6*

```
Trat1 <- c(12, 13, 12)
```

```
Trat2 <- c(7, 9, 6)
```

```
carpoforos <- c(Trat1, Trat2)
```

```
Tratam <- rep(1:2, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2"))
```

```
Tratam <- gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento  
                               2"))
```

```
mean(carpoforos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(carpoforos, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(carpoforos ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(carpoforos ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(carpoforos ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

2.4 Ancho de Racimos (AR)

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(5.8, 4.7, 5.0)
```

```
Trat2 <- c(6.0, 6.1, 6.2)
```

```
Trat3 <- c(5.0, 4.3, 4.4)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
Trat1 <- c(5.8, 4.7, 5.0, 5.5)
```

```
Trat2 <- c(6.0, 6.1, 6.2, 6.0)
```

```
Trat3 <- c(5.0, 4.3, 4.4, 4.8)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 4)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
Trat1 <- c(5.8, 5.0)
```

```
Trat2 <- c(6.0, 6.2)
```

```
Trat3 <- c(5.0, 4.4)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 2)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam <- gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Trat1 <- c(5.8, 4.7, 5.0)
```

```
Trat2 <- c(6.0, 6.1, 6.2)
```

```
Trat3 <- c(5.0, 4.3, 4.4)
```

```
Trat4 <- c(4.8, 5.0, 5.2)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
Trat1 <- c(5.8, 4.7, 5.0)
```

```
Trat2 <- c(6.0, 6.1, 6.2)
```

```
Trat3 <- c(5.0, 4.3, 4.4)
```

```
Trat4 <- c(4.8, 5.0, 5.2)
```

```
Trat5 <- c(4.5, 5.2, 5.3)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Trat1 <- c(6.0, 6.1, 6.2)
```

```
Trat2 <- c(5.0, 4.3, 4.4)
```

```
ancho <- c(Trat1, Trat2)
```

```
Tratam <- rep(1:2, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2"))
```

```
Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))
```

```
mean(ancho, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(ancho, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(ancho ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(ancho ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(ancho ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(ancho ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

2.5 Longitud de Racimos (LR)

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1)
```

```
Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7)
```

```
Trat3 <- c(5.2, 4.5, 4.7)
```

```
longitud <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam<-gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(longitud, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(longitud, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1, 5.2)
```

```
Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7, 5.5)
```

```
Trat3 <- c(5.2, 4.5, 4.7, 5.0)
```

```
longitud <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 4)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam<-gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(longitud, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(longitud, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0)
```

```
Trat2 <- c(5.2, 5.4)
```

```
Trat3 <- c(5.2, 4.5)
```

```
longitud <- c(Trat1, Trat2, Trat3)
```

```
Tratam <- rep(1:3, each = 2)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
Tratam<-gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(longitud, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(longitud, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) *Variación 4*

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1)
```

```
Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7)
```

```
Trat3 <- c(5.2, 4.5, 4.7)
```

```
Trat4 <- c(5.2, 5.3, 5.4)
```

```
longitud <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4)
```

```
Tratam <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
Tratam <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(longitud, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(longitud, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1)
```

```
Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7)
```

```
Trat3 <- c(5.2, 4.5, 4.7)
```

```
Trat4 <- c(5.2, 5.3, 5.4)
```

```
Trat5 <- c(5.1, 5.2, 5.7)
```

```
longitud <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
Tratam <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",  
                                     "Tratamiento 5"))
```

```
Tratam <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```

mean(longitud, na.rm=TRUE)

tapply(longitud, Tratam, summary)

p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(longitud ~ Tratam)

g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)

anova(g.lm)

lm(longitud ~ Tratam)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1)

Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7)

longitud <- c(Trat1, Trat2)

Tratam <- rep(1:2, each = 3)

Tratam <- factor(Tratam, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2"))

```

```
Tratam<-gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))
```

```
mean(longitud, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(longitud, Tratam, summary)
```

```
p.aov <- aov(longitud ~ Tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(longitud ~ Tratam)
```

```
g.lm <- lm(longitud ~ Tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(longitud ~ Tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

2.6 Peso del Hongo Fresco (PHF)

a) Variación 1

```
trat1 <- c(270, 210, 360)
```

```
trat2 <- c(480, 420, 580)
```

```
trat3 <- c(280, 330, 360)
```

```
pshf <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```

trata <- rep(1:3, each=3)

trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))

trata <- gl(3, 3, labels = c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))

mean(pshf, na.rm=TRUE)

tapply(pshf, trata, summary)

p.aov <- aov(pshf ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pshf ~ trata)

g.lm <- lm(pshf ~ trata)

anova(g.lm)

lm(pshf ~ trata)

summary(g.lm)

library(agricolae)

model <- aov(pshf ~ trata)

LSD.test(model, "trata", console=TRUE)

LSD.test(model, "trata", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)

```

```
duncan.test(model, "trata", console=TRUE)
```

```
SNK.test(model, "trata", group=TRUE, console=TRUE)
```

```
REGW.test(model, "trata", group=FALSE, console=TRUE)
```

```
outHSD <- HSD.test(model, "trata", console=TRUE)
```

```
outWaller <- waller.test(model, "trata", group=TRUE,  
  console=TRUE)
```

```
scheffe.test(model, "trata", group=TRUE, console=TRUE)
```

b) Variación 2

```
trat1 <- c(270, 210, 360, 250)
```

```
trat2 <- c(480, 420, 580, 530)
```

```
trat3 <- c(280, 330, 360, 300)
```

```
pshf <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 4)
```

```
trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))
```

```
trata <- gl(3, 4, labels = c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))
```

```
mean(pshf, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pshf, trata, summary)
```

```

p.aov <- aov(pshf ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pshf ~ trata)

g.lm <- lm(pshf ~ trata)

anova(g.lm)

lm(pshf ~ trata)

summary(g.lm)

```

c) Variación 3

```

trat1 <- c(270, 360)

trat2 <- c(480, 580)

trat3 <- c(330, 360)

pshf <- c(trat1, trat2, trat3)

trata <- rep(1:3, each = 2)

trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))

trata <- gl(3, 2, labels = c("tratam1", "tratam2", "tratam3"))

mean(pshf, na.rm=TRUE)

```

```
tapply(pshf, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(pshf ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pshf ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(pshf ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pshf ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
trat1 <- c(270, 210, 360)
```

```
trat2 <- c(480, 420, 580)
```

```
trat3 <- c(280, 330, 360)
```

```
trat4 <- c(270, 290, 360)
```

```
pshf <- c(trat1, trat2, trat3, trat4)
```

```
trata <- rep(1:4, each = 3)
```

```
trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3",  
                              "tratam4"))
```

```
trata <- gl(4, 3, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3",  
                           "tratam4"))
```

```
mean(pshf, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pshf, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(pshf ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pshf ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(pshf ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pshf ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
trat1 <- c(270, 210, 360)
```

```
trat2 <- c(480, 420, 580)
```

```

trat3 <- c(280, 330, 360)

trat4 <- c(270, 290, 350)

trat5 <- c(270, 250, 330)

pshf <- c(trat1, trat2, trat3, trat4, trat5)

trata <- rep(1:5, each = 3)

trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3",
                              "tratam4", "tratam5"))

trata <- gl(5, 3, labels=c("tratam1", "tratam2", "tratam3",
                          "tratam4", "tratam5"))

mean(pshf, na.rm=TRUE)

tapply(pshf, trata, summary)

p.aov <- aov(pshf ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pshf ~ trata)

g.lm <- lm(pshf ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(pshf ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
trat1 <- c(270, 210, 360)
```

```
trat2 <- c(480, 420, 580)
```

```
pshf <- c(trat1, trat2)
```

```
trata <- rep(1:2, each=3)
```

```
trata <- factor(pshf, labels=c("tratam1", "tratam2"))
```

```
trata <- gl(2, 3, labels = c("tratam1", "tratam2"))
```

```
mean(pshf, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pshf, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(pshf ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pshf ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(pshf ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pshf ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

2.7 Contenido de Proteína (CP)

a) *Variación 1*

```
trat1 <- c(0.95, 1.17, 1.45)
```

```
trat2 <- c(1.74, 0.994, 0.886)
```

```
trat3 <- c(1.11, 1.56, 1.12)
```

```
cont.prot <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 3)
```

```
trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(cont.prot, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cont.prot, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cont.prot ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cont.prot ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
trat1 <- c(0.95, 1.17, 1.45, 1.20)
```

```
trat2 <- c(1.74, 0.994, 0.886, 0.8587)
```

```
trat3 <- c(1.11, 1.56, 1.12, 1.35)
```

```
cont.prot <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 4)
```

```
trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(cont.prot, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cont.prot, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cont.prot ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cont.prot ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
trat1 <- c(1.17, 1.45)
```

```
trat2 <- c(1.74, 0.994)
```

```
trat3 <- c(1.56, 1.12)
```

```
cont.prot <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 2)
```

```
trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(3, 2, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3"))
```

```
mean(cont.prot, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cont.prot, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(cont.prot ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cont.prot ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
trat1 <- c(0.95, 1.17, 1.45)
```

```
trat2 <- c(1.74, 0.994, 0.886)
```

```
trat3 <- c(1.11, 1.56, 1.12)
```

```
trat4 <- c(0.95, 1.11, 1.62)
```

```

cont.prot <- c(trat1, trat2, trat3, trat4)

trata <- rep(1:4, each = 3)

trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

trata <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

mean(cont.prot, na.rm=TRUE)

tapply(cont.prot, trata, summary)

p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(cont.prot ~ trata)

g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)

anova(g.lm)

lm(cont.prot ~ trata)

summary(g.lm)

```

e) *Variación 5*

```
trat1 <- c(0.95, 1.17, 1.45)

trat2 <- c(1.74, 0.994, 0.886)

trat3 <- c(1.11, 1.56, 1.12)

trat4 <- c(0.95, 1.11, 1.62)

trat5 <- c(0.98, 1.21, 1.32)

cont.prot <- c(trat1, trat2, trat3, trat4, trat5)

trata <- rep(1:5, each = 3)

trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",
                                     "Tratamiento 2", "Tratamiento 3", "Tratamiento 4",
                                     "Tratamiento 5"))

trata <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))

mean(cont.prot, na.rm=TRUE)

tapply(cont.prot, trata, summary)

p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)
```

```
plot(cont.prot ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(cont.prot ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Trat1 <- c(1.74, 0.994, 0.886)
```

```
Trat2 <- c(1.11, 1.56, 1.12)
```

```
cont.prot <- c(trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:2, each = 3)
```

```
trata <- factor(cont.prot, labels = c("Tratamiento 1",  
                                     "Tratamiento 2"))
```

```
trata <- gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))
```

```
mean(cont.prot, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(cont.prot, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(cont.prot ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)

plot(cont.prot ~ trata)

g.lm <- lm(cont.prot ~ trata)

anova(g.lm)

lm(cont.prot ~ trata)

summary(g.lm)
```

2.8 Eficiencia Biológica (EB)

a) Variación 1

```
trat1 <- c(55, 43, 73)

trat2 <- c(100.41, 121.33, 66.94)

trat3 <- c(63, 75.34, 82.19)

eb <- c(trat1, trat2, trat3)

trata <- rep(1:3, each = 3)

trata <- factor(eb, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                             "Tratamiento 3"))

trata <- gl(3, 3, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                           "Tratamiento 3"))
```

```
mean(eb, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(eb, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(eb ~ trata)
```

```
model.tables(eb, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(eb ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(eb ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(eb ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
trat1 <- c(22.50, 19.09, 34.28, 20.05)
```

```
trat2 <- c(47.50, 51.21, 57.42, 50.26)
```

```
trat3 <- c(27.72, 20.62, 27.69, 23.56)
```

```
eb <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 4)
```

```
trata <- factor(eb, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
mean(eb, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(eb, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(eb ~ trata)
```

```
model.tables(eb, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(eb ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(eb ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(eb ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
trat1 <- c(22.50, 34.28)
```

```
trat2 <- c(51.21, 57.42)
```

```

trat3 <- c(27.72, 27.69)

eb <- c(trat1, trat2, trat3)

trata <- rep(1:3, each = 2)

trata <- factor(eb, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                             "Tratamiento 3"))

trata <- gl(3, 2, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                           "Tratamiento 3"))

mean(eb, na.rm=TRUE)

tapply(eb, trata, summary)

p.aov <- aov(eb ~ trata)

model.tables(eb, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(eb ~ trata)

g.lm <- lm(eb ~ trata)

anova(g.lm)

lm(eb ~ trata)

summary(g.lm)

```

d) *Variación 4*

```
trat1 <- c(22.50, 19.09, 34.28)
```

```
trat2 <- c(47.50, 51.21, 57.42)
```

```
trat3 <- c(27.72, 20.62, 27.69)
```

```
trat4 <- c(22.72, 24.62, 25.43)
```

```
eb <- c(trat1, trat2, trat3, trat4)
```

```
trata <- rep(1:4, each = 3)
```

```
trata <- factor(eb, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
trata <- gl(4, 3, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))
```

```
mean(eb, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(eb, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(eb ~ trata)
```

```
model.tables(eb, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(eb ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(eb ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(eb ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
trat1 <- c(22.50, 19.09, 34.28)
```

```
trat2 <- c(47.50, 51.21, 57.42)
```

```
trat3 <- c(27.72, 20.62, 27.69)
```

```
trat4 <- c(22.72, 24.62, 25.43)
```

```
trat5 <- c(24.52, 23.42, 25.41)
```

```
eb <- c(trat1, trat2, trat3, trat4, trat5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
trata <- factor(eb, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                           "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(eb, na.rm=TRUE)
```

```

tapply(eb, trata, summary)

p.aov <- aov(eb ~ trata)

model.tables(eb, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(eb ~ trata)

g.lm <- lm(eb ~ trata)

anova(g.lm)

lm(eb ~ trata)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

trat1 <- c(22.50, 19.09, 34.28)

trat2 <- c(47.50, 51.21, 57.42)

eb <- c(trat1, trat2)

trata <- rep(1:2, each = 3)

trata <- factor(eb, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))

trata <- gl(2, 3, labels=c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))

mean(eb, na.rm=TRUE)

```

```

tapply(eb, trata, summary)

p.aov <- aov(eb ~ trata)

model.tables(eb, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(eb ~ trata)

g.lm <- lm(eb ~ trata)

anova(g.lm)

lm(eb ~ trata)

summary(g.lm)

```

2.9 Tasa de Producción (TP)

a) *Variación 1*

```

trat1 <- c(0.68, 0.58, 0.93)

trat2 <- c(1.53, 1.63, 1.85)

trat3 <- c(0.65, 0.49, 0.75)

tp <- c(trat1, trat2, trat3)

trata <- rep(1:3, each = 3)

```

```

trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3"))

trata <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3"))

mean(tp, na.rm=TRUE)

tapply(tp, trata, summary)

p.aov <- aov(tp ~ trata)

model.tables(tp, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(tp ~ trata)

g.lm <- lm(tp ~ trata)

anova(g.lm)

lm(tp ~ trata)

summary(g.lm)

library(agricolae)

model <- aov(tp ~ trata)

LSD.test(model, "trata", console=TRUE)

```

```
LSD.test(model, "trata", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)
```

```
duncan.test(model, "trata", console=TRUE)
```

```
SNK.test(model, "trata", group=TRUE, console=TRUE)
```

```
REGW.test(model, "trata", group=FALSE, console=TRUE)
```

```
outHSD <- HSD.test(model, "trata", console=TRUE)
```

```
outWaller <- waller.test(model, "trata", group=TRUE,  
  console=TRUE)
```

```
scheffe.test(model, "trata", group=TRUE, console=TRUE)
```

b) Variación 2

```
trat1 <- c(0.68, 0.58, 0.93, 0.75)
```

```
trat2 <- c(1.53, 1.63, 1.85, 1.70)
```

```
trat3 <- c(0.65, 0.49, 0.75, 0.58)
```

```
tp <- c(trat1, trat2, trat3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 4)
```

```
trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
  "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(3, 4, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
  "Tratamiento 3"))
```

```

mean(tp, na.rm=TRUE)

tapply(tp, trata, summary)

p.aov <- aov(tp ~ trata)

model.tables(tp, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(tp ~ trata)

g.lm <- lm(tp ~ trata)

anova(g.lm)

lm(tp ~ trata)

summary(g.lm)

```

c) Variación 3

```

trat1 <- c(0.68, 0.58)

trat2 <- c(1.63, 1.85)

trat3 <- c(0.65, 0.75)

tp <- c(trat1, trat2, trat3)

trata <- rep(1:2, each = 3)

```

```
trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
trata <- gl(2, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3"))
```

```
mean(tp, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tp, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(tp ~ trata)
```

```
model.tables(tp, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tp ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(tp ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tp ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
trat1 <- c(0.68, 0.58, 0.93)
```

```
trat2 <- c(1.53, 1.63, 1.85)
```

```

trat3 <- c(0.65, 0.49, 0.75)

trat4 <- c(0.43, 0.59, 0.69)

tp <- c(trat1, trat2, trat3, trat4)

trata <- rep(1:4, each = 3)

trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

trata <- gl(4, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4"))

mean(tp, na.rm=TRUE)

tapply(tp, trata, summary)

p.aov <- aov(tp ~ trata)

model.tables(tp, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(tp ~ trata)

g.lm <- lm(tp ~ trata)

anova(g.lm)

lm(tp ~ trata)

```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
trat1 <- c(0.68, 0.58, 0.93)
```

```
trat2 <- c(1.53, 1.63, 1.85)
```

```
trat3 <- c(0.65, 0.49, 0.75)
```

```
trat4 <- c(0.43, 0.59, 0.69)
```

```
trat5 <- c(0.43, 0.53, 1.69)
```

```
tp <- c(trat1, trat2, trat3, trat4, trat5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                              "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2",  
                             "Tratamiento 3", "Tratamiento 4", "Tratamiento 5"))
```

```
mean(tp, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tp, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(tp ~ trata)
```

```
model.tables(tp, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tp ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(tp ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tp ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
trat1 <- c(0.68, 0.58, 0.93)
```

```
trat2 <- c(1.53, 1.63, 1.85)
```

```
tp <- c(trat1, trat2)
```

```
trata <- rep(1:2, each = 3)
```

```
trata <- factor(tp, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))
```

```
trata <- gl(3, 3, labels = c("Tratamiento 1", "Tratamiento 2"))
```

```
mean(tp, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(tp, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(tp ~ trata)
```

```
model.tables(tp, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(tp ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(tp ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(tp ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

CAPÍTULO III

3 TRATAMIENTOS CON REPETICIÓN: FUNDAMENTOS Y LABORATORIO

3.1 Aplicación de laboratorio

En un ensayo se aplicaron 5 tratamientos con cuatro repeticiones por tratamiento. Los rendimientos se presentan enseguida:

a) Variación 1

```
Trat1 <- c(45, 48, 52, 69)
```

```
Trat2 <- c(36,41,43,49)
```

```
Trat3 <- c(49, 48, 56, 59)
```

```
Trat4 <- c(37, 28, 27, 26)
```

```
Trat5 <- c(24, 26, 38, 34)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels=c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",  
"tratam 4", "tratam 5"))
```

```
trata <- gl(5,4, labels= c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",  
"tratam 4", "tratam 5"))
```

```

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, trata, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ trata)

g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ trata)

summary(g.lm)

```

b) Variación 2

```

Trat1 <- c(45, 48, 52, 69, 50)

Trat2 <- c(36, 41, 43, 49, 44)

Trat3 <- c(49, 48, 56, 59, 53)

Trat4 <- c(37, 28, 27, 26, 35)

Trat5 <- c(24, 26, 38, 34, 32)

rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)

```

```

trata <- rep(1:5, each = 5)

trata <- factor(trata, labels=c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",
                                "tratam 4", "tratam 5"))

trata <- gl(5, 5, labels= c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",
                              "tratam 4", "tratam 5"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, trata, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ trata)

g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ trata)

summary(g.lm)

```

c) Variación 3

```

Trat1 <- c(45, 48, 52, 69)

```

```

Trat2 <- c(36, 43, 49)

Trat3 <- c(49, 56, 59)

Trat4 <- c(37, 28, 27)

Trat5 <- c(26, 38, 34)

rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5)

trata <- rep(1:5, each = 3)

trata <- factor(trata, labels=c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",
                                "tratam 4", "tratam 5"))

trata <- gl(5, 3, labels= c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",
                             "tratam 4", "tratam 5"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, trata, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ trata)

g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Trat1 <- c(45, 48, 52, 69)
```

```
Trat2 <- c(36,41,43,49)
```

```
Trat3 <- c(49, 48, 56, 59)
```

```
Trat4 <- c(37, 28, 27, 26)
```

```
Trat5 <- c(24, 26, 38, 34)
```

```
Trat6 <- c(45, 50, 52, 65)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("tratam 1", "tratam 2", "tratam  
3", "tratam 4", "tratam 5", "tratam 6"))
```

```
trata <- gl(6, 4, labels = c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",  
"tratam 4", "tratam 5", "tratam 6"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Trat1 <- c(45, 48, 52, 69)
```

```
Trat2 <- c(36, 41, 43, 49)
```

```
Trat3 <- c(49, 48, 56, 59)
```

```
Trat4 <- c(37, 28, 27, 26)
```

```
Trat5 <- c(24, 26, 38, 34)
```

```
Trat6 <- c(45, 50, 52, 65)
```

```
Trat7 <- c(35, 45, 55, 67)
```

```
rendimiento <- c(Trat1, Trat2, Trat3, Trat4, Trat5, Trat6, Trat7)
```

```
trata <- rep(1:7, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("tratam 1", "tratam 2", "tratam  
3", "tratam 4", "tratam 5", "tratam 6", "tratam 7"))
```

```
trata <- gl(7, 4, labels = c("tratam 1", "tratam 2", "tratam 3",  
"tratam 4", "tratam 5", "tratam 6", "tratam 7"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

3.1.1 Los rendimientos de materia seca en Kg. se presentan

a) Variación 1

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94, 90)

tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 97, 90)

tratC <- c(83, 88, 82, 85, 88, 95, 94)

tratD <- c(72, 73, 75, 78, 80, 85, 84)

tratE <- c(77, 75, 76, 80, 95, 94, 98)

tratF <- c(79, 80, 95, 96, 94, 97, 89)

tratG <- c(91, 92, 95, 88, 89, 90, 95)

rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF, tratG)

trata <- rep(1:7, each = 7)

trata <- factor(trata, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                              "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                              "tratamiento F", "tratamiento G"))

trata <- gl(7, 7, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                          "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                          "tratamiento F", "tratamiento G"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94, 90, 94)
```

```
tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 97, 90, 93)
```

```
tratC <- c(83, 88, 82, 85, 88, 95, 94, 90)
```

```
tratD <- c(72, 73, 75, 78, 80, 85, 84, 75)
```

```
tratE <- c(77, 75, 76, 80, 95, 94, 98, 93)
```

```
tratF <- c(79, 80, 95, 96, 94, 97, 89, 78)
```

```
tratG <- c(91, 92, 95, 88, 89, 90, 95, 83)
```

```

rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF, tratG)

trata <- rep(1:7, each = 8)

trata <- factor(trata, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                                "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                                "tratamiento F", "tratamiento G"))

trata <- gl(7, 8, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                            "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                            "tratamiento F", "tratamiento G"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, trata, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ trata)

g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendimiento ~ trata)

summary(g.lm)

```

c) *Variación 3*

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94)
```

```
tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 90)
```

```
tratC <- c(83, 88, 82, 85, 95, 94)
```

```
tratD <- c(72, 73, 75, 80, 85, 84)
```

```
tratE <- c(77, 75, 80, 95, 94, 98)
```

```
tratF <- c(80, 95, 96, 94, 97, 89)
```

```
tratG <- c(91, 92, 95, 89, 90, 95)
```

```
rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF, tratG)
```

```
trata <- rep(1:7, each = 6)
```

```
trata <- factor(trata, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",  
                               "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",  
                               "tratamiento F", "tratamiento G"))
```

```
trata <- gl(7, 6, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",  
                           "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",  
                           "tratamiento F", "tratamiento G"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94, 90)
```

```
tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 97, 90)
```

```
tratC <- c(83, 88, 82, 85, 88, 95, 94)
```

```
tratD <- c(72, 73, 75, 78, 80, 85, 84)
```

```
tratE <- c(77, 75, 76, 80, 95, 94, 98)
```

```
tratF <- c(79, 80, 95, 96, 94, 97, 89)
```

```
tratG <- c(91, 92, 95, 88, 89, 90, 95)
```

```
tratH <- c(82, 85, 88, 91, 96, 98, 100)
```

```
rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF, tratG,  
                 tratH)
```

```
trata <- rep(1:8, each = 7)
```

```
trata <- factor(trata, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",  
                               "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",  
                               "tratamiento F", "tratamiento G", "tratamiento H"))
```

```
trata <- gl(8, 7, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",  
                           "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",  
                           "tratamiento F", "tratamiento G", "tratamiento H"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94, 90)
```

```
tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 97, 90)
```

```
tratC <- c(83, 88, 82, 85, 88, 95, 94)
```

```
tratD <- c(72, 73, 75, 78, 80, 85, 84)
```

```
tratE <- c(77, 75, 76, 80, 95, 94, 98)
```

```
tratF <- c(79, 80, 95, 96, 94, 97, 89)
```

```
tratG <- c(91, 92, 95, 88, 89, 90, 95)
```

```
tratH <- c(82, 85, 88, 91, 96, 98, 100)
```

```
tratI <- c(83, 87, 98, 93, 90, 96, 99)
```

```
rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF, tratG,  
                  tratH, tratI)
```

```
trata <- rep(1:9, each = 7)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("tratamiento A", "tratamiento B",  
                                "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",  
                                "tratamiento F", "tratamiento G", "tratamiento H",  
                                "tratamiento I"))
```

```
trata <- gl(9, 7, labels = c("tratamiento A", "tratamiento B",
                             "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                             "tratamiento F", "tratamiento G", "tratamiento H",
                             "tratamiento I"))
```

```
mean(rendimiento, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendimiento, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendimiento ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
tratA <- c(101, 93, 96, 99, 95, 94, 90)
```

```
tratB <- c(92, 90, 96, 95, 94, 97, 90)
```

```
tratC <- c(83, 88, 82, 85, 88, 95, 94)
```

```

tratD <- c(72, 73, 75, 78, 80, 85, 84)

tratE <- c(77, 75, 76, 80, 95, 94, 98)

tratF <- c(79, 80, 95, 96, 94, 97, 89)

rendimiento <- c(tratA, tratB, tratC, tratD, tratE, tratF)

trata <- rep(1:6, each = 7)

trata <- factor(trata, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                                "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                                "tratamiento F"))

trata <- gl(6, 7, labels=c("tratamiento A", "tratamiento B",
                            "tratamiento C", "tratamiento D", "tratamiento E",
                            "tratamiento F"))

mean(rendimiento, na.rm=TRUE)

tapply(rendimiento, trata, summary)

p.aov<-aov(rendimiento ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendimiento ~ trata)

g.lm<-lm(rendimiento ~ trata)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendimiento ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

3.2 Aplicación: Variedades de trigo

Se llevó a cabo un ensayo experimental con el propósito de evaluar cinco variedades de trigo harinero, correspondientes a los siguientes tratamientos: T1 = Cibambe; T2 = INIAP Cojitambo; T3 = INIAP Shalao; T4 = INIAP Mirador; y T5 = UEB Carnavaleiro. El lote de siembra presentó condiciones homogéneas, lo cual garantizó uniformidad en las unidades experimentales. El diseño contempló tres repeticiones, y la asignación de los tratamientos a las parcelas se efectuó mediante un procedimiento completamente al azar. Estimar:

3.2.1 La variable que se midió fue la altura de plantas en cm

a) Variación 1

```
Cibambe <- c(138.5, 138.8, 137.1)
```

```
Cojitambo <- c(113.1, 114.4, 113.8)
```

```
Shalao <- c(110.2, 110.5, 111.8)
```

```
Mirador <- c(115.6, 116.8, 116.9)
```

```
Carnavaleiro <- c(99.2, 99.6, 101.7)
```

```
altura <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero)
```

```
Trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                "Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
Trata <- gl(5, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
                             "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
mean(altura, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(altura, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(altura ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(altura ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```

Cibambe <- c(138.5, 138.8, 137.1, 136.8)

Cojitambo <- c(113.1, 114.4, 113.8, 114.5)

Shalao <- c(110.2, 110.5, 111.8, 110.9)

Mirador <- c(115.6, 116.8, 116.9, 116.2)

Carnavalero <- c(99.2, 99.6, 101.7, 100.05)

altura <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero)

Trata <- rep(1:5, each = 4)

Trata <- factor(Trata, labels=c("Cibambe", "Cojitambo",
                                "Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))

Trata <- gl(5, 4, labels=c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",
                            "Mirador", "Carnavalero"))

mean(altura, na.rm=TRUE)

tapply(altura, Trata, summary)

p.aov<-aov(altura ~ Trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(altura ~ Trata)

```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
Cibambe <- c(138.5, 138.8)
```

```
Cojitambo <- c(114.4, 113.8)
```

```
Shalao <- c(110.5, 111.8)
```

```
Mirador <- c(116.8, 116.9)
```

```
Carnavalero <- c(99.2, 99.6, 101.7)
```

```
altura <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero)
```

```
Trata <- rep(1:5, each = 2)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels=c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                "Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
Trata <- gl(5, 2, labels=c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
                            "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
mean(altura, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(altura, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(altura ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(altura ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Cibambe <- c(138.5, 138.8, 137.1)
```

```
Cojitambo <- c(113,1, 114.4, 113.8)
```

```
Shalao <- c(110.2, 110.5, 111.8)
```

```
Mirador <- c(115.6, 116.8, 116.9)
```

```
Carnavalero <- c(99.2, 99.6, 101.7)
```

```
Rayon F89 <- c(99.8, 99.9, 100.7)
```

```
altura <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero,  
           Rayon F89)
```

```
Trata <- rep(1:6, each = 3)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                  "Shalao", "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89"))
```

```
Trata <- gl(6, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
                             "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89"))
```

```
mean(altura, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(altura, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(altura ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(altura ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Cibambe <- c(138.5, 138.8, 137.1)
```

```
Cojitambo <- c(113.1, 114.4, 113.8)
```

```
Shalao <- c(110.2, 110.5, 111.8)
```

```
Mirador <- c(115.6, 116.8, 116.9)
```

```
Carnavalero <- c(99.2, 99.6, 101.7)
```

```
Rayon F89 <- c(99.8, 99.9, 100.7)
```

```
Kronstad F2004 <- c(99.8, 110.2, 114.4)
```

```
altura <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero,  
            Rayon F89, Kronstad F2004)
```

```
Trata <- rep(1:6, each = 3)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                  "Shalao", "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89",  
                                  "Kronstad F2004"))
```

```
Trata <- gl(6, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
                             "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89", "Kronstad  
                             F2004"))
```

```
mean(altura, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(altura, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(altura ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(altura ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Cojitambo <- c(113,1, 114.4, 113.8)
```

```
Shalao <- c(110.2, 110.5, 111.8)
```

```
Mirador <- c(115.6, 116.8, 116.9)
```

```
Carnavalero <- c(99.2, 99.6, 101.7)
```

```
altura <- c(Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 3)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Cojitambo", "Shalao",  
                                "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
Trata <- gl(4, 3, labels = c("Cojitambo", "Shalao", "Mirador",  
                             "Carnavalero"))
```

```
mean(altura, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(altura, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(altura ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(altura ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(altura ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(altura ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

3.2.2 La variable que se midió fue rendimiento de trigo en kg/parcela

a) Variación 1

```
Cibambe <- c(5.7, 5.9, 5.9)
```

```

Cojitambo <- c(8.9, 8.8, 8.8)

Shalao <- c(8.9, 9.9, 9.9)

Mirador <- c(10.9, 10.9, 10.9)

Carnavalero <- c(16.9, 16.9, 16.9)

rendtrigo <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador,
               Carnavalero)

tratam <- rep(1:5, each = 3)

tratam <- factor(tratam, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",
                                   "Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))

trata <- gl(5, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",
                             "Mirador", "Carnavalero"))

mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)

tapply(rendtrigo, tratam, summary)

p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendtrigo ~ tratam)

g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
Cibambe <- c(5.7, 5.9, 5.9, 5.8)
```

```
Cojitambo <- c(8.9, 8.8, 8.8, 9.0)
```

```
Shalao <- c(8.9, 9.9, 9.9, 9.2)
```

```
Mirador <- c(10.9, 10.9, 10.9, 10.92)
```

```
Carnavalero <- c(16.9, 16.9, 16.9, 17.0)
```

```
rendtrigo <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador,  
Carnavalero)
```

```
tratam <- rep(1:5, each = 4)
```

```
tratam <- factor(tratam, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
"Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
trata <- gl(5, 4, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
"Mirador", "Carnavalero"))
```

```
mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendtrigo, tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendtrigo ~ tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
Cibambe <- c(5.7, 5.9)
```

```
Cojitambo <- c(8.9, 8.8)
```

```
Shalao <- c(9.9, 9.9)
```

```
Mirador <- c(10.9, 10.9)
```

```
Carnavalero <- c(16.9, 16.9)
```

```
rendtrigo <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador,  
Carnavalero)
```

```
tratam <- rep(1:5, each = 2)
```

```
tratam <- factor(tratam, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                   "Shalao", "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
trata <- gl(5, 2, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",  
                             "Mirador", "Carnavalero"))
```

```
mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendtrigo, tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendtrigo ~ tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
Cibambe <- c(5.7, 5.9, 5.9)
```

```
Cojitambo <- c(8.9, 8.8, 8.8)
```

```

Shalao <- c(8.9, 9.9, 9.9)

Mirador <- c(10.9, 10.9, 10.9)

Carnavalero <- c(16.9, 16.9, 16.9)

Rayon F89 <- c(5.8, 5.9, 6.2)

rendtrigo <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador,
               Carnavalero, Rayon F89)

tratam <- rep(1:6, each = 3)

tratam <- factor(tratam, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",
                                   "Shalao", "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89"))

trata <- gl(6, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",
                             "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89"))

mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)

tapply(rendtrigo, tratam, summary)

p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendtrigo ~ tratam)

g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
Cibambe <- c(5.7, 5.9, 5.9)
```

```
Cojitambo <- c(8.9, 8.8, 8.8)
```

```
Shalao <- c(8.9, 9.9, 9.9)
```

```
Mirador <- c(10.9, 10.9, 10.9)
```

```
Carnavalero <- c(16.9, 16.9, 16.9)
```

```
Rayon F89 <- c(5.8, 5.9, 6.2)
```

```
Kronstad F2004 <- c(8.6, 8.9, 9.5)
```

```
rendtrigo <- c(Cibambe, Cojitambo, Shalao, Mirador,  
               Carnavalero, Rayon F89, Kronstad F2004)
```

```
tratam <- rep(1:7, each = 3)
```

```
tratam <- factor(tratam, labels = c("Cibambe", "Cojitambo",  
                                   "Shalao", "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89",  
                                   "Kronstad F2004"))
```

```
trata <- gl(7, 3, labels = c("Cibambe", "Cojitambo", "Shalao",
    "Mirador", "Carnavalero", "Rayon F89", "Kronstad
    F2004"))
```

```
mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendtrigo, tratam, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendtrigo ~ tratam)
```

```
g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendtrigo ~ tratam)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
Cojitambo <- c(8.9, 8.8, 8.8)
```

```
Shalao <- c(8.9, 9.9, 9.9)
```

```
Mirador <- c(10.9, 10.9, 10.9)
```

```

Carnavalero <- c(16.9, 16.9, 16.9)

rendtrigo <- c(Cojitambo, Shalao, Mirador, Carnavalero)

tratam <- rep(1:4, each = 3)

tratam <- factor(tratam, labels = c("Cojitambo", "Shalao",
                                   "Mirador", "Carnavalero"))

trata <- gl(4, 3, labels = c("Cojitambo", "Shalao", "Mirador",
                             "Carnavalero"))

mean(rendtrigo, na.rm=TRUE)

tapply(rendtrigo, tratam, summary)

p.aov<-aov(rendtrigo ~ tratam)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendtrigo ~ tratam)

g.lm<-lm(rendtrigo ~ tratam)

anova(g.lm)

lm(rendtrigo ~ tratam)

summary(g.lm)

```

CAPÍTULO IV

4 APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

4.1 Cultivo de arroz

Se desarrolló un ensayo experimental orientado a evaluar cinco niveles de aplicación de nitrógeno en el cultivo de arroz: T1 (0 kg/ha de N), T2 (20 kg/ha de N), T3 (40 kg/ha de N), T4 (60 kg/ha de N) y T5 (80 kg/ha de N). El diseño incluyó tres repeticiones, con el fin de garantizar la confiabilidad de los resultados. La variable de respuesta considerada en el estudio fue el rendimiento de grano de arroz, expresado en kilogramos por parcela.

4.1.1 Resultados promedios del rendimiento de arroz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2012.

a) Variación I

T1 <- c(4.5, 4.8, 4.7)

T2 <- c(8.3, 8.5, 8.2)

T3 <- c(12.5, 12.7, 12.9)

T4 <- c(16.2, 16.3, 16.4)

T5 <- c(20.5, 20.5, 20.7)

rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

```

trata <- rep(1:5, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",
    "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))

trata <- gl(5, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40
    kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendarroz ~ trata)

g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendarroz ~ trata)

summary(g.lm)

```

b) Variación 2

```
T1 <- c(4.5, 4.8, 4.7, 4.6)
```

```

T2 <- c(8.3, 8.5, 8.2, 8.4)

T3 <- c(12.5, 12.7, 12.9, 12.8)

T4 <- c(16.2, 16.3, 16.4, 16.5)

T5 <- c(20.5, 20.5, 20.7, 20.9)

rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

trata <- rep(1:5, each = 4)

trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))

trata <- gl(5, 4, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40
                             kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendarroz ~ trata)

g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
T1 <- c(4.8, 4.7)
```

```
T2 <- c(8.3, 8.5)
```

```
T3 <- c(12.7, 12.9)
```

```
T4 <- c(16.3, 16.4)
```

```
T5 <- c(20.5, 20.7)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 2)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(5, 2, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(4.5, 4.8, 4.7)
```

```
T2 <- c(8.3, 8.5, 8.2)
```

```
T3 <- c(12.5, 12.7, 12.9)
```

```
T4 <- c(16.2, 16.3, 16.4)
```

```
T5 <- c(20.5, 20.5, 20.7)
```

```
T6 <- c(21.5, 21.8, 21.4)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N",  
                                "90 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(6, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N", "90  
kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
T1 <- c(4.5, 4.8, 4.7)
```

```

T2 <- c(8.3, 8.5, 8.2)

T3 <- c(12.5, 12.7, 12.9)

T4 <- c(16.2, 16.3, 16.4)

T5 <- c(20.5, 20.5, 20.7)

T6 <- c(21.5, 21.8, 21.4)

T7 <- c(21.8, 21.9, 22.2)

rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)

trata <- rep(1:7, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",
    "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N",
    "90 kg/ha de N", "95 kg/ha de N"))

trata <- gl(7, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40
    kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N", "90
    kg/ha de N", "95 kg/ha de N"))

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(8.3, 8.5, 8.2)
```

```
T2 <- c(12.5, 12.7, 12.9)
```

```
T3 <- c(16.2, 16.3, 16.4)
```

```
T4 <- c(20.5, 20.5, 20.7)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
trata <- rep(1:4, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("20 kg/ha de N", "40 kg/ha de N",  
                                "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels = c("20 kg/ha de N", "40 kg/ha de N", "60  
kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendarroz ~ trata)

g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendarroz ~ trata)

summary(g.lm)

```

4.1.2 Resultados promedios del rendimiento de arroz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2013

a) Variación I

```

T1 <- c(4, 4, 5)

T2 <- c(9, 9, 10)

T3 <- c(12, 12, 13)

```

```
T4 <- c(15, 16, 15)
```

```
T5 <- c(23, 23, 22)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(4, 4, 5, 5)
```

```
T2 <- c(9, 9, 10, 10)
```

```
T3 <- c(12, 12, 13, 13)
```

```
T4 <- c(15, 16, 15, 14)
```

```
T5 <- c(23, 23, 22, 24)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(5, 4, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
T1 <- c(4, 5)
```

```
T2 <- c(9, 10)
```

```
T3 <- c(12, 13)
```

```
T4 <- c(16, 15)
```

```
T5 <- c(23, 22)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 2)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(5, 2, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(4, 4, 5)
```

```
T2 <- c(9, 9, 10)
```

```
T3 <- c(12, 12, 13)
```

```
T4 <- c(15, 16, 15)
```

```
T5 <- c(23, 23, 22)
```

```
T6 <- c(22, 23, 24)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N",  
                                "90 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(6, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
                             kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N", "90  
                             kg/ha de N"))
```

```
mean(rendarroz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendarroz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendarroz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendarroz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(4, 4, 5)
```

```
T2 <- c(9, 9, 10)
```

```
T3 <- c(12, 12, 13)
```

```
T4 <- c(15, 16, 15)
```

```
T5 <- c(23, 23, 22)
```

```
T6 <- c(22, 23, 24)
```

```
T7 <- c(23, 23, 25)
```

```
rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)
```

```
trata <- rep(1:7, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",  
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N",  
                                "90 kg/ha de N", "95 kg/ha de N"))
```

```
trata <- gl(7, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40  
kg/ha de N", "60 kg/ha de N", "80 kg/ha de N", "90  
kg/ha de N", "95 kg/ha de N"))
```

```

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendarroz ~ trata)

g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendarroz ~ trata)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```

T1 <- c(4, 4, 5)

T2 <- c(9, 9, 10)

T3 <- c(12, 12, 13)

T4 <- c(15, 16, 15)

rendarroz <- c(T1, T2, T3, T4)

trata <- rep(1:4, each = 3)

```

```

trata <- factor(trata, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N",
                                "40 kg/ha de N", "60 kg/ha de N"))

trata <- gl(4, 3, labels = c("0 kg/ha de N", "20 kg/ha de N", "40
                             kg/ha de N", "60 kg/ha de N"))

mean(rendarroz, na.rm=TRUE)

tapply(rendarroz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendarroz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendarroz ~ trata)

g.lm<-lm(rendarroz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendarroz ~ trata)

summary(g.lm)

```

4.2 Variedad de soya

Se efectuó un ensayo experimental con el propósito de evaluar seis variedades de soya, consideradas como tratamientos. El diseño contempló seis tratamientos con tres repeticiones cada uno, lo que

permitió fortalecer la validez de los resultados obtenidos. La variable de respuesta analizada fue el rendimiento de grano de soya, expresado en kilogramos por parcela, durante los ciclos agrícolas correspondientes a los años 2012 y 2013.

4.2.1 Resultados promedios del rendimiento de soya al 14% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2012

a) Variación 1

```
T1 <- c(3.3, 3.8, 3.9)
```

```
T2 <- c(4.6, 4.9, 5.2)
```

```
T3 <- c(4.8, 4.9, 5.4)
```

```
T4 <- c(5.5, 5.9, 6.1)
```

```
T5 <- c(8.3, 8.5, 8.9)
```

```
T6 <- c(8.5, 8.9, 9.1)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020"))
```

```
trata <- gl(6, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                             "L1050", "L1020"))
```

```
mean(rendsoya, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendsoya, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(3.3, 3.8, 3.9, 3.6)
```

```
T2 <- c(4.6, 4.9, 5.2, 5.1)
```

```
T3 <- c(4.8, 4.9, 5.4, 5.3)
```

```
T4 <- c(5.5, 5.9, 6.1, 6.0)
```

```

T5 <- c(8.3, 8.5, 8.9, 8.8)

T6 <- c(8.5, 8.9, 9.1, 9.0)

rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

trata <- rep(1:6, each = 4)

trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                                "L1050", "L1020"))

trata <- gl(6, 4, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                             "L1050", "L1020"))

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendsoya ~ trata)

g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendsoya ~ trata)

```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
T1 <- c(3.8, 3.9)
```

```
T2 <- c(4.9, 5.2)
```

```
T3 <- c(4.9, 5.4)
```

```
T4 <- c(5.9, 6.1)
```

```
T5 <- c(8.5, 8.9)
```

```
T6 <- c(8.9, 9.1)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 2)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020"))
```

```
trata <- gl(6, 2, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                             "L1050", "L1020"))
```

```
mean(rendsoya, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendsoya, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(3.3, 3.8, 3.9)
```

```
T2 <- c(4.6, 4.9, 5.2)
```

```
T3 <- c(4.8, 4.9, 5.4)
```

```
T4 <- c(5.5, 5.9, 6.1)
```

```
T5 <- c(8.3, 8.5, 8.9)
```

```
T6 <- c(8.5, 8.9, 9.1)
```

```
T7 <- c(8.3, 8.5, 8.3)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)
```

```
trata <- rep(1:7, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020", "INIAP 307"))
```

```
trata <- gl(7, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                             "L1050", "L1020", "INIAP 307"))
```

```
mean(rendsoya, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendsoya, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
T1 <- c(3.3, 3.8, 3.9)
```

```
T2 <- c(4.6, 4.9, 5.2)
```

```

T3 <- c(4.8, 4.9, 5.4)

T4 <- c(5.5, 5.9, 6.1)

T5 <- c(8.3, 8.5, 8.9)

T6 <- c(8.5, 8.9, 9.1)

T7 <- c(8.3, 8.5, 8.3)

T8 <- c(8.4, 8.6, 8.8)

rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8)

trata <- rep(1:8, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                                "L1050", "L1020", "INIAP 307", "INIAP 308"))

trata <- gl(8, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                              "L1050", "L1020", "INIAP 307", "INIAP 308"))

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(4.6, 4.9, 5.2)
```

```
T2 <- c(4.8, 4.9, 5.4)
```

```
T3 <- c(5.5, 5.9, 6.1)
```

```
T4 <- c(8.3, 8.5, 8.9)
```

```
T5 <- c(8.5, 8.9, 9.1)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("I302", "I303", "I304", "L1050",  
                                "L1020"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels = c("I302", "I303", "I304", "L1050",  
                             "L1020"))
```

```

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendsoya ~ trata)

g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendsoya ~ trata)

summary(g.lm)

```

4.2.2 Resultados promedios del rendimiento de soya al 14% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en año 2013

a) Variación I

```

T1 <- c(5.3, 5.4, 5.7)

T2 <- c(6.6, 6.9, 7.2)

T3 <- c(6.9, 7.3, 7.5)

```

```

T4 <- c(8.3, 8.5, 8.9)

T5 <- c(10.5, 10.9, 11.3)

T6 <- c(10.8, 10.9, 11.6)

rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

trata <- rep(1:6, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                                "L1050", "L1020"))

trata <- gl(6, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                              "L1050", "L1020"))

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendsoya ~ trata)

g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(5.3, 5.4, 5.7, 5.5)
```

```
T2 <- c(6.6, 6.9, 7.2, 7.0)
```

```
T3 <- c(6.9, 7.3, 7.5, 7.0)
```

```
T4 <- c(8.3, 8.5, 8.9, 8.8)
```

```
T5 <- c(10.5, 10.9, 11.3, 10.8)
```

```
T6 <- c(10.8, 10.9, 11.6, 10.7)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020"))
```

```
trata <- gl(6, 4, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                             "L1050", "L1020"))
```

```
mean(rendsoya, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendsoya, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
T1 <- c(5.4, 5.7)
```

```
T2 <- c(6.9, 7.2)
```

```
T3 <- c(7.3, 7.5)
```

```
T4 <- c(8.5, 8.9)
```

```
T5 <- c(10.9, 11.3)
```

```
T6 <- c(10.9, 11.6)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 2)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020"))
```

```
trata <- gl(6, 2, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                             "L1050", "L1020"))
```

```
mean(rendsoya, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendsoya, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendsoya ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(5.3, 5.4, 5.7)
```

```
T2 <- c(6.6, 6.9, 7.2)
```

```

T3 <- c(6.9, 7.3, 7.5)

T4 <- c(8.3, 8.5, 8.9)

T5 <- c(10.5, 10.9, 11.3)

T6 <- c(10.8, 10.9, 11.6)

T7 <- c(10.5, 10.8, 11.5)

rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)

trata <- rep(1:7, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                                "L1050", "L1020", "INIAP 307"))

trata <- gl(7, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                              "L1050", "L1020", "INIAP 307"))

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendsoya ~ trata)

```

```
g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendsoya ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(5.3, 5.4, 5.7)
```

```
T2 <- c(6.6, 6.9, 7.2)
```

```
T3 <- c(6.9, 7.3, 7.5)
```

```
T4 <- c(8.3, 8.5, 8.9)
```

```
T5 <- c(10.5, 10.9, 11.3)
```

```
T6 <- c(10.8, 10.9, 11.6)
```

```
T7 <- c(10.5, 10.8, 11.5)
```

```
T8 <- c(10.8, 10.9, 11.7)
```

```
rendsoya <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8)
```

```
trata <- rep(1:8, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",  
                                "L1050", "L1020", "INIAP 307", "INIAP 308"))
```

```

trata <- gl(8, 3, labels = c("Jupiter", "I302", "I303", "I304",
                             "L1050", "L1020", "INIAP 307", "INIAP 308"))

mean(rendsoya, na.rm=TRUE)

tapply(rendsoya, trata, summary)

p.aov<-aov(rendsoya ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendsoya ~ trata)

g.lm<-lm(rendsoya ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendsoya ~ trata)

summary(g.lm)

```

4.3 Diámetro de panojas de Quinua

Se llevó a cabo un ensayo experimental orientado a la evaluación de 11 accesiones de quinua, consideradas como tratamientos, con un esquema de tres repeticiones para cada una. Con el propósito de obtener información más robusta y confiable, el mismo experimento fue replicado en dos localidades distintas, lo que permitió contrastar el desempeño de los materiales en diferentes condiciones agroecológicas.

4.3.1 Resultados promedios de los tratamientos en variable diámetro de panojas de Quinua en Cm en localidad Laguacoto en año 2014

a) Variación I

T1 <- c(6.65, 6.05, 6.51)

T2 <- c(7.54, 6.65, 7.63)

T3 <- c(6.72, 5.70, 6.08)

T4 <- c(7.29, 5.98, 7.78)

T5 <- c(6.78, 5.34, 5.93)

T6 <- c(6.49, 5.32, 5.55)

T7 <- c(6.98, 7.96, 6.18)

T8 <- c(6.46, 5.19, 6.39)

T9 <- c(7.38, 6.68, 9.25)

T10 <- c(5.76, 4.49, 5.64)

T11 <- c(8.44, 7.54, 11.14)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)

trata <- rep(1:11, each = 3)

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",  
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))
```

```
trata <- gl(11, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",  
                             "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))
```

```
mean(rendquinua, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendquinua, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(6.65, 6.05, 6.51, 6.70)
```

```
T2 <- c(7.54, 6.65, 7.63, 7.52)
```

```

T3 <- c(6.72, 5.70, 6.08, 5.90)

T4 <- c(7.29, 5.98, 7.78, 6.02)

T5 <- c(6.78, 5.34, 5.93, 6.92)

T6 <- c(6.49, 5.32, 5.55, 6.53)

T7 <- c(6.98, 7.96, 6.18, 7.60)

T8 <- c(6.46, 5.19, 6.39, 6.89)

T9 <- c(7.38, 6.68, 9.25, 6.78)

T10 <- c(5.76, 4.49, 5.64, 5.87)

T11 <- c(8.44, 7.54, 11.14, 9.46)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)

trata <- rep(1:11, each = 4)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))

trata <- gl(11, 4, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
T1 <- c(6.05, 6.51)
```

```
T2 <- c(7.54, 7.63)
```

```
T3 <- c(6.72, 6.08)
```

```
T4 <- c(7.29, 7.78)
```

```
T5 <- c(6.78, 5.93)
```

```
T6 <- c(6.49, 5.55)
```

```
T7 <- c(7.96, 6.18)
```

```
T8 <- c(6.46, 6.39)
```

```

T9 <- c(7.38, 9.25)

T10 <- c(5.76, 5.64)

T11 <- c(7.54, 11.14)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)

trata <- rep(1:11, each = 2)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))

trata <- gl(11, 2, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendquinua ~ trata)

g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(6.65, 6.05, 6.51)
```

```
T2 <- c(7.54, 6.65, 7.63)
```

```
T3 <- c(6.72, 5.70, 6.08)
```

```
T4 <- c(7.29, 5.98, 7.78)
```

```
T5 <- c(6.78, 5.34, 5.93)
```

```
T6 <- c(6.49, 5.32, 5.55)
```

```
T7 <- c(6.98, 7.96, 6.18)
```

```
T8 <- c(6.46, 5.19, 6.39)
```

```
T9 <- c(7.38, 6.68, 9.25)
```

```
T10 <- c(5.76, 4.49, 5.64)
```

```
T11 <- c(8.44, 7.54, 11.14)
```

```
T12 <- c(8.10, 7.43, 11.09)
```

```
rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11,  
                T12)
```

```

trata <- rep(1:12, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
    "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11",
    "Taruka Chaki"))

trata <- gl(12, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
    "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11", "Taruka
    Chaki"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendquinua ~ trata)

g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendquinua ~ trata)

summary(g.lm)

```

e) Variación 5

```
T1 <- c(6.65, 6.05, 6.51)
```

```
T2 <- c(7.54, 6.65, 7.63)
```

```
T3 <- c(6.72, 5.70, 6.08)
```

```
T4 <- c(7.29, 5.98, 7.78)
```

```
T5 <- c(6.78, 5.34, 5.93)
```

```
T6 <- c(6.49, 5.32, 5.55)
```

```
T7 <- c(6.98, 7.96, 6.18)
```

```
T8 <- c(6.46, 5.19, 6.39)
```

```
T9 <- c(7.38, 6.68, 9.25)
```

```
T10 <- c(5.76, 4.49, 5.64)
```

```
T11 <- c(8.44, 7.54, 11.14)
```

```
T12 <- c(8.10, 7.43, 11.09)
```

```
T13 <- c(8.12, 8.04, 12.01)
```

```
rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11,  
                T12, T13)
```

```
trata <- rep(1:13, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11",
                                "Taruka Chaki", "Antisana"))
```

```
trata <- gl(13, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11", "Taruka
                              Chaki", "Antisana"))
```

```
mean(rendquinua, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendquinua, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(6.65, 6.05, 6.51)
```

```

T2 <- c(7.54, 6.65, 7.63)

T3 <- c(6.72, 5.70, 6.08)

T4 <- c(7.29, 5.98, 7.78)

T5 <- c(6.78, 5.34, 5.93)

T6 <- c(6.49, 5.32, 5.55)

T7 <- c(6.98, 7.96, 6.18)

T8 <- c(6.46, 5.19, 6.39)

T9 <- c(7.38, 6.68, 9.25)

T10 <- c(5.76, 4.49, 5.64)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10)

trata <- rep(1:10, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10"))

trata <- gl(10, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

g) Variación 7

```
T1 <- c(7.65, 8.76, 9.99)
```

```
T2 <- c(8.99, 9.76, 10.78)
```

```
T3 <- c(9.80, 10.12, 12.15)
```

```
T4 <- c(9.99, 11.12, 12.99)
```

```
T5 <- c(10.10, 10.99, 13.20)
```

```
T6 <- c(12.89, 12.99, 14.50)
```

```
T7 <- c(14.23, 14.87, 15.10)
```

```
T8 <- c(13.89, 14.90, 15.10)
```

```

T9 <- c(17.20, 18.20, 20.20)

T10 <- c(6.40, 6.78, 7.69)

T11 <- c(25.70, 27.30, 30.35)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)

trata <- rep(1:11, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5", "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))

trata <- gl(11, 3, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",
                              "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendquinua ~ trata)

g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

h) Variación 8

```
T1 <- c(7.65, 8.76, 9.99, 8.56)
```

```
T2 <- c(8.99, 9.76, 10.78, 9.45)
```

```
T3 <- c(9.80, 10.12, 12.15, 10.15)
```

```
T4 <- c(9.99, 11.12, 12.99, 12.89)
```

```
T5 <- c(10.10, 10.99, 13.20, 13.16)
```

```
T6 <- c(12.89, 12.99, 14.50, 14.23)
```

```
T7 <- c(14.23, 14.87, 15.10, 15.08)
```

```
T8 <- c(13.89, 14.90, 15.10, 14.86)
```

```
T9 <- c(17.20, 18.20, 20.20, 20.10)
```

```
T10 <- c(6.40, 6.78, 7.69, 7.82)
```

```
T11 <- c(25.70, 27.30, 30.35, 29.86)
```

```
rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)
```

```
trata <- rep(1:11, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",  
                                "l2t5", "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))
```

```
trata <- gl(11, 4, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",  
                             "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))
```

```
mean(rendquinua, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendquinua, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

i) Variación 9

```
T1 <- c(8.76, 9.99)
```

```
T2 <- c(9.76, 10.78)
```

```

T3 <- c(10.12, 12.15)

T4 <- c(11.12, 12.99)

T5 <- c(10.10, 13.20)

T6 <- c(12.99, 14.50)

T7 <- c(14.87, 15.10)

T8 <- c(14.90, 15.10)

T9 <- c(18.20, 20.20)

T10 <- c(6.78, 7.69)

T11 <- c(27.30, 30.35)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11)

trata <- rep(1:11, each = 2)

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5", "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))

trata <- gl(11, 2, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",
                              "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10", "l2t11"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

```

```
p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

j) Variación 10

```
T1 <- c(7.65, 8.76, 9.99)
```

```
T2 <- c(8.99, 9.76, 10.78)
```

```
T3 <- c(9.80, 10.12, 12.15)
```

```
T4 <- c(9.99, 11.12, 12.99)
```

```
T5 <- c(10.10, 10.99, 13.20)
```

```
T6 <- c(12.89, 12.99, 14.50)
```

```
T7 <- c(14.23, 14.87, 15.10)
```

```
T8 <- c(13.89, 14.90, 15.10)
```

```

T9 <- c(17.20, 18.20, 20.20)

T10 <- c(6.40, 6.78, 7.69)

T11 <- c(25.70, 27.30, 30.35)

T12 <- c(24.60, 24.40, 29.46)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11,
                T12)

trata <- rep(1:12, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11",
                                "Taruka Chaki"))

trata <- gl(12, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11", "Taruka
                              Chaki"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

```

```
plot(rendquinua ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

k) Variación 11

```
T1 <- c(7.65, 8.76, 9.99)
```

```
T2 <- c(8.99, 9.76, 10.78)
```

```
T3 <- c(9.80, 10.12, 12.15)
```

```
T4 <- c(9.99, 11.12, 12.99)
```

```
T5 <- c(10.10, 10.99, 13.20)
```

```
T6 <- c(12.89, 12.99, 14.50)
```

```
T7 <- c(14.23, 14.87, 15.10)
```

```
T8 <- c(13.89, 14.90, 15.10)
```

```
T9 <- c(17.20, 18.20, 20.20)
```

```
T10 <- c(6.40, 6.78, 7.69)
```

```
T11 <- c(25.70, 27.30, 30.35)
```

```

T12 <- c(24.60, 24.40, 29.46)

T13 <- c(23.50, 27.50, 31.86)

rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10, T11,
                T12, t13)

trata <- rep(1:13, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11",
                                "Taruka Chaki", "Antisana"))

trata <- gl(13, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                              "l1t6", "l1t7", "l1t8", "l1t9", "l1t10", "l1t11", "Taruka
                              Chaki", "Antisana"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendquinua ~ trata)

g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendquinua ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

l) Variación 12

```
T1 <- c(7.65, 8.76, 9.99)
```

```
T2 <- c(8.99, 9.76, 10.78)
```

```
T3 <- c(9.80, 10.12, 12.15)
```

```
T4 <- c(9.99, 11.12, 12.99)
```

```
T5 <- c(10.10, 10.99, 13.20)
```

```
T6 <- c(12.89, 12.99, 14.50)
```

```
T7 <- c(14.23, 14.87, 15.10)
```

```
T8 <- c(13.89, 14.90, 15.10)
```

```
T9 <- c(17.20, 18.20, 20.20)
```

```
T10 <- c(25.70, 27.30, 30.35)
```

```
rendquinua <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9, T10)
```

```
trata <- rep(1:10, each = 3)
```

```

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5", "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10"))

trata <- gl(11, 3, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",
                              "l2t6", "l2t7", "l2t8", "l2t9", "l2t10"))

mean(rendquinua, na.rm=TRUE)

tapply(rendquinua, trata, summary)

p.aov<-aov(rendquinua ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendquinua ~ trata)

g.lm<-lm(rendquinua ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendquinua ~ trata)

summary(g.lm)

```

4.4 Aplicaciones agronómicas generales

Se ejecutó un ensayo experimental con el fin de evaluar cuatro raciones alimenticias (tratamientos) destinadas a la nutrición de cerdos. Dichas dietas fueron probadas en un total de nueve animales (repeticiones), lo

que permitió garantizar la validez de las observaciones. La variable de respuesta registrada correspondió al incremento de peso final, expresado en kilogramos por cada cerdo.

4.4.1 Resultados del experimento con cerdos. Peso en Kg/cerdo en año 2012

a) Variación 1

```
T1 <- c(35, 33, 33, 34, 34, 35, 33, 35, 33)
```

```
T2 <- c(34, 34, 35, 34, 33, 34, 35, 34, 34)
```

```
T3 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
T4 <- c(45, 46, 49, 44, 44, 46, 45, 46, 45)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 9)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(35, 33, 33, 34, 34, 35, 33, 35, 33, 34)
```

```
T2 <- c(34, 34, 35, 34, 33, 34, 35, 34, 34, 35)
```

```
T3 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41, 42)
```

```
T4 <- c(45, 46, 49, 44, 44, 46, 45, 46, 45, 48)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 10)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 10, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
T1 <- c(35, 33, 34, 34, 35, 33, 35, 33)
```

```
T2 <- c(34, 35, 34, 33, 34, 35, 34, 34)
```

```
T3 <- c(41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)
```

```
T4 <- c(45, 46, 49, 44, 46, 45, 46, 45)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 8)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 8, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```

mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)

tapply(pesocerdos, Trata, summary)

p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pesocerdos ~ Trata)

g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)

anova(g.lm)

lm(pesocerdos ~ Trata)

summary(g.lm)

```

d) Variación 4

```

T1 <- c(35, 33, 33, 34, 34, 35, 33, 35, 33)

T2 <- c(34, 34, 35, 34, 33, 34, 35, 34, 34)

T3 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)

T4 <- c(45, 46, 49, 44, 44, 46, 45, 46, 45)

T5 <- c(34, 35, 35, 38, 39, 40, 41, 42, 44)

pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

```

```

Trata <- rep(1:5, each = 9)

Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5"))

trata <- gl(5, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5"))

mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)

tapply(pesocerdos, Trata, summary)

p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pesocerdos ~ Trata)

g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)

anova(g.lm)

lm(pesocerdos ~ Trata)

summary(g.lm)

```

e) Variación 5

```

T1 <- c(35, 33, 33, 34, 34, 35, 33, 35, 33)

T2 <- c(34, 34, 35, 34, 33, 34, 35, 34, 34)

T3 <- c(41, 41, 44, 43, 41, 42, 44, 41, 41)

```

```

T4 <- c(45, 46, 49, 44, 44, 46, 45, 46, 45)

T5 <- c(34, 35, 35, 38, 39, 40, 41, 42, 44)

T6 <- c(33, 34, 36, 37, 39, 41, 43, 45, 44)

pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

Trata <- rep(1:6, each = 9)

Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5",
                                "T6"))

trata <- gl(6, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5", "T6"))

mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)

tapply(pesocerdos, Trata, summary)

p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pesocerdos ~ Trata)

g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)

anova(g.lm)

lm(pesocerdos ~ Trata)

```

```
summary(g.lm)
```

4.4.2 Resultados del experimento con cerdos. Peso en Kg/cerdo en año 2013

a) Variación 1

```
T1 <- c(40, 41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39)
```

```
T2 <- c(30, 28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28)
```

```
T3 <- c(28, 28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29)
```

```
T4 <- c(36, 36, 39, 38, 36, 37, 39, 36, 36)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 9)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(40, 41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39, 40)
```

```
T2 <- c(30, 28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28, 30)
```

```
T3 <- c(28, 28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29, 30)
```

```
T4 <- c(36, 36, 39, 38, 36, 37, 39, 36, 36, 37)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 10)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 10, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
T1 <- c(41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39)
```

```
T2 <- c(28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28)
```

```
T3 <- c(28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29)
```

```
T4 <- c(36, 39, 38, 36, 37, 39, 36, 36)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 8)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
trata <- gl(4, 8, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(40, 41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39)
```

```
T2 <- c(30, 28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28)
```

```
T3 <- c(28, 28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29)
```

```
T4 <- c(36, 36, 39, 38, 36, 37, 39, 36, 36)
```

```
T5 <- c(36, 37, 40, 41, 39, 40, 42, 43, 44)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
Trata <- rep(1:5, each = 9)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5"))
```

```
trata <- gl(5, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(40, 41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39)
```

```
T2 <- c(30, 28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28)
```

```
T3 <- c(28, 28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29)
```

```
T4 <- c(36, 36, 39, 38, 36, 37, 39, 36, 36)
```

```

T5 <- c(36, 37, 40, 41, 39, 40, 42, 43, 44)

T6 <- c(37, 36, 38, 40, 42, 43, 44, 40, 39)

pesocerdos <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

Trata <- rep(1:6, each = 9)

Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5",
                                  "T6"))

trata <- gl(6, 9, labels = c("T1", "T2", "T3", "T4", "T5", "T6"))

mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)

tapply(pesocerdos, Trata, summary)

p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(pesocerdos ~ Trata)

g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)

anova(g.lm)

lm(pesocerdos ~ Trata)

summary(g.lm)

```

f) *Variación 6*

```
T1 <- c(40, 41, 44, 39, 39, 41, 39, 41, 39)
```

```
T2 <- c(30, 28, 28, 29, 29, 30, 28, 30, 28)
```

```
T3 <- c(28, 28, 30, 29, 28, 29, 30, 29, 29)
```

```
pesocerdos <- c(T1, T2, T3)
```

```
Trata <- rep(1:3, each = 9)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("T1", "T2", "T3"))
```

```
trata <- gl(3, 9, labels = c("T1", "T2", "T3"))
```

```
mean(pesocerdos, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pesocerdos, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pesocerdos ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pesocerdos ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pesocerdos ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pesocerdos ~ Trata)
```

summary(g.lm)

4.5 Evaluación de híbridos de maíz

Se llevó a cabo un ensayo experimental orientado a la evaluación de seis híbridos de maíz duro, implementado en dos localidades del cantón Montalvo bajo la modalidad de experimento combinado en dos sitios. El diseño contempló tres repeticiones para garantizar la precisión estadística de los resultados. La variable de respuesta analizada correspondió al rendimiento de grano de maíz, expresado en kilogramos por parcela.

4.5.1 Resultados promedios de maíz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en la Localidad uno

a) Variación 1

T1 <- c(5.70, 6.98, 7.90)

T2 <- c(7.60, 9.50, 10.60)

T3 <- c(14.07, 15.90, 17.10)

T4 <- c(18.70, 19.80, 20.90)

T5 <- c(22.70, 23.80, 26.17)

T6 <- c(7.70, 8.90, 9.70)

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

```

trata <- rep(1:6, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("11t1", "11t2", "11t3", "11t4",
                                "11t5", "11t6"))

trata <- gl(6, 3, labels = c("11t1", "11t2", "11t3", "11t4", "11t5",
                              "11t6"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

b) Variación 2

```
T1 <- c(5.70, 6.98, 7.90, 7.50)
```

```

T2 <- c(7.60, 9.50, 10.60, 10.40)

T3 <- c(14.07, 15.90, 17.10, 16.80)

T4 <- c(18.70, 19.80, 20.90, 20.76)

T5 <- c(22.70, 23.80, 26.17, 25.45)

T6 <- c(7.70, 8.90, 9.70, 8.95)

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

trata <- rep(1:6, each = 4)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6"))

trata <- gl(6, 4, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                             "l1t6"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

```

```
g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
T1 <- c(6.98, 7.90)
```

```
T2 <- c(9.50, 10.60)
```

```
T3 <- c(15.90, 17.10)
```

```
T4 <- c(19.80, 20.90)
```

```
T5 <- c(23.80, 26.17)
```

```
T6 <- c(8.90, 9.70)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 2)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",  
                                "l1t5", "l1t6"))
```

```
trata <- gl(6, 2, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",  
                             "l1t6"))
```

```

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

d) Variación 4

```

T1 <- c(5.70, 6.98, 7.90)

T2 <- c(7.60, 9.50, 10.60)

T3 <- c(14.07, 15.90, 17.10)

T4 <- c(18.70, 19.80, 20.90)

T5 <- c(22.70, 23.80, 26.17)

T6 <- c(7.70, 8.90, 9.70)

```

```

T7 <- c(7.85, 8.95, 9.74)

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)

trata <- rep(1:7, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",
                                "l1t5", "l1t6", "INIAP-542"))

trata <- gl(7, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                             "l1t6", "INIAP-542"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

e) Variación 5

```
T1 <- c(5.70, 6.98, 7.90)
```

```
T2 <- c(7.60, 9.50, 10.60)
```

```
T3 <- c(14.07, 15.90, 17.10)
```

```
T4 <- c(18.70, 19.80, 20.90)
```

```
T5 <- c(22.70, 23.80, 26.17)
```

```
T6 <- c(7.70, 8.90, 9.70)
```

```
T7 <- c(7.85, 8.95, 9.74)
```

```
T8 <- c(7.79, 8.92, 9.76)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8)
```

```
trata <- rep(1:8, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",  
                                "l1t5", "l1t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))
```

```
trata <- gl(8, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",  
                             "l1t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))
```

```
mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendmaiz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendmaiz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(7.60, 9.50, 10.60)
```

```
T2 <- c(14.07, 15.90, 17.10)
```

```
T3 <- c(18.70, 19.80, 20.90)
```

```
T4 <- c(22.70, 23.80, 26.17)
```

```
T5 <- c(7.70, 8.90, 9.70)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",  
                                "l1t6"))
```

```
trata <- gl(5, 3, labels = c("l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5", "l1t6"))
```

```
mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendmaiz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendmaiz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

4.5.2 Resultados promedios de maíz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en la Localidad dos

a) Variación I

```
T1 <- c(8.20, 9.30, 10.70)
```

```

T2 <- c(10.20, 12.40, 13.50)

T3 <- c(15.20, 16.30, 17.50)

T4 <- c(19.60, 20.40, 21.50)

T5 <- c(27.80, 28.70, 30.80)

T6 <- c(6.30, 7.90, 8.80)

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

trata <- rep(1:6, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5", "l2t6"))

trata <- gl(6, 3, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",
                              "l2t6"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

```

```
g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(8.20, 9.30, 10.70, 9.50)
```

```
T2 <- c(10.20, 12.40, 13.50, 11.78)
```

```
T3 <- c(15.20, 16.30, 17.50, 16.89)
```

```
T4 <- c(19.60, 20.40, 21.50, 20.80)
```

```
T5 <- c(27.80, 28.70, 30.80, 30.46)
```

```
T6 <- c(6.30, 7.90, 8.80, 7.65)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
trata <- rep(1:6, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",  
                                "l2t5", "l2t6"))
```

```
trata <- gl(6, 4, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",  
                             "l2t6"))
```

```

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

c) Variación 3

```

T1 <- c(9.30, 10.70)

T2 <- c(12.40, 13.50)

T3 <- c(16.30, 17.50)

T4 <- c(20.40, 21.50)

T5 <- c(28.70, 30.80)

T6 <- c(7.90, 8.80)

```

```

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

trata <- rep(1:6, each = 2)

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5", "l2t6"))

trata <- gl(6, 2, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5",
                              "l2t6"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

d) *Variación 4*

```
T1 <- c(8.20, 9.30, 10.70)
```

```
T2 <- c(10.20, 12.40, 13.50)
```

```
T3 <- c(15.20, 16.30, 17.50)
```

```
T4 <- c(19.60, 20.40, 21.50)
```

```
T5 <- c(27.80, 28.70, 30.80)
```

```
T6 <- c(6.30, 7.90, 8.80)
```

```
T7 <- c(8.30, 9.90, 13.80)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)
```

```
trata <- rep(1:7, each = 3)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4",  
                                "l1t5", "l1t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))
```

```
trata <- gl(7, 3, labels = c("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",  
                             "l1t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))
```

```
mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(rendmaiz, trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type = "mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(rendmaiz ~ trata)
```

```
g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(8.20, 9.30, 10.70)
```

```
T2 <- c(10.20, 12.40, 13.50)
```

```
T3 <- c(15.20, 16.30, 17.50)
```

```
T4 <- c(19.60, 20.40, 21.50)
```

```
T5 <- c(27.80, 28.70, 30.80)
```

```
T6 <- c(6.30, 7.90, 8.80)
```

```
T7 <- c(8.30, 9.90, 13.80)
```

```
T8 <- c(10.30, 12.90, 14.80)
```

```
rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8)
```

```

trata <- rep(1:8, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("11t1", "11t2", "11t3", "11t4",
    "11t5", "11t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))

trata <- gl(8, 3, labels = c("11t1", "11t2", "11t3", "11t4", "11t5",
    "11t6", "INIAP-542", "INIAP-551"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

lm(rendmaiz ~ trata)

summary(g.lm)

```

f) Variación 6

```
T1 <- c(8.20, 9.30, 10.70)
```

```

T2 <- c(10.20, 12.40, 13.50)

T3 <- c(15.20, 16.30, 17.50)

T4 <- c(19.60, 20.40, 21.50)

T5 <- c(27.80, 28.70, 30.80)

rendmaiz <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

trata <- rep(1:5, each = 3)

trata <- factor(trata, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4",
                                "l2t5"))

trata <- gl(5, 3, labels = c("l2t1", "l2t2", "l2t3", "l2t4", "l2t5"))

mean(rendmaiz, na.rm=TRUE)

tapply(rendmaiz, trata, summary)

p.aov<-aov(rendmaiz ~ trata)

model.tables(p.aov, type = "mean")

summary(p.aov)

plot(rendmaiz ~ trata)

g.lm<-lm(rendmaiz ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(rendmaiz ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

CAPÍTULO V

5 APLICACIONES EN PROCESOS QUÍMICOS E INDUSTRIALES

5.1 Aplicación: Azufre

Se realizaron aplicaciones de azufre (S) al suelo en dos épocas del año, primavera y otoño, con el objetivo de controlar la pudrición en papa susceptible. Para cada dosis se establecieron cuatro parcelas experimentales, además de una parcela testigo sin aplicación (control), cada una con cuatro repeticiones por época. Los datos obtenidos fueron expresados como porcentaje de tubérculos afectados por pudrición en un total de 100 papas, presentándose en forma de valores promedio.

a) Variación 1

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26)
```

```
T2 <- c(9, 9, 16, 4)
```

```
T3 <- c(30, 7, 21, 9)
```

```
T4 <- c(16, 10, 18, 18)
```

```
T5 <- c(18, 24, 12, 19)
```

```
pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
Trata <- rep(1:5, each = 4)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Control 0", "Otoño 300",  
                                "Primavera 300", "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```
Trata <- gl(5, 4, labels = c("Control 0", "Otoño 300", "Primavera  
300", "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```
mean(pudripapa, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pudripapa, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pudripapa ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26, 25)
```

```
T2 <- c(9, 9, 16, 4, 8)
```

```

T3 <- c(30, 7, 21, 9, 10)

T4 <- c(16, 10, 18, 18, 12)

T5 <- c(18, 24, 12, 19, 14)

pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

Trata <- rep(1:5, each = 5)

Trata <- factor(Trata, labels = c("Control 0", "Otoño 300",
                                "Primavera 300", "Otoño 600", "Primavera 600"))

Trata <- gl(5, 5, labels = c("Control 0", "Otoño 300", "Primavera
                              300", "Otoño 600", "Primavera 600"))

mean(pudripapa, na.rm=TRUE)

tapply(pudripapa, Trata, summary)

p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(pudripapa ~ Trata)

g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26)
```

```
T2 <- c(9, 9, 16)
```

```
T3 <- c(30, 21, 9)
```

```
T4 <- c(16, 18, 18)
```

```
T5 <- c(18, 24, 19)
```

```
pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
Trata <- rep(1:5, each = 3)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Control 0", "Otoño 300",  
                                "Primavera 300", "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```
Trata <- gl(5, 3, labels = c("Control 0", "Otoño 300", "Primavera  
300", "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```
mean(pudripapa, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pudripapa, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pudripapa ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) Variación 4

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26)
```

```
T2 <- c(9, 9, 16, 4)
```

```
T3 <- c(30, 7, 21, 9)
```

```
T4 <- c(16, 10, 18, 18)
```

```
T5 <- c(18, 24, 12, 19)
```

```
T6 <- c(15, 20, 23, 25)
```

```
pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)
```

```
Trata <- rep(1:6, each = 4)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Control 0", "Otoño 300",
    "Primavera 300", "Otoño 600", "Primavera 600",
    "Primavera 450"))
```

```
Trata <- gl(6, 4, labels = c("Control 0", "Otoño 300", "Primavera
    300", "Otoño 600", "Primavera 600", "Primavera
    450"))
```

```
mean(pudripapa, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(pudripapa, Trata, summary)
```

```
p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pudripapa ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26)
```

```

T2 <- c(9, 9, 16, 4)

T3 <- c(30, 7, 21, 9)

T4 <- c(16, 10, 18, 18)

T5 <- c(18, 24, 12, 19)

T6 <- c(15, 20, 23, 25)

T7 <- c(10, 14, 16, 18)

pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)

Trata <- rep(1:7, each = 4)

Trata <- factor(Trata, labels = c("Control 0", "Otoño 300",
    "Primavera 300", "Otoño 600", "Primavera 600",
    "Primavera 450", "Otoño 450"))

Trata <- gl(7, 4, labels = c("Control 0", "Otoño 300", "Primavera
    300", "Otoño 600", "Primavera 600", "Primavera
    450", "Otoño 450"))

mean(pudripapa, na.rm=TRUE)

tapply(pudripapa, Trata, summary)

p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(pudripapa ~ Trata)
```

```
g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(pudripapa ~ Trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(30, 18, 32, 26)
```

```
T2 <- c(30, 7, 21, 9)
```

```
T3 <- c(16, 10, 18, 18)
```

```
T4 <- c(18, 24, 12, 19)
```

```
pudripapa <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
Trata <- rep(1:4, each = 4)
```

```
Trata <- factor(Trata, labels = c("Otoño 300", "Primavera 300",  
                                "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```
Trata <- gl(4, 4, labels = c("Otoño 300", "Primavera 300",  
                             "Otoño 600", "Primavera 600"))
```

```

mean(pudripapa, na.rm=TRUE)

tapply(pudripapa, Trata, summary)

p.aov<-aov(pudripapa ~ Trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(pudripapa ~ Trata)

g.lm<-lm(pudripapa ~ Trata)

anova(g.lm)

lm(pudripapa ~ Trata)

summary(g.lm)

```

5.2 Incremento de peso

Se evaluaron las respuestas productivas en un ensayo experimental cuyo objetivo fue determinar el aumento de peso en los granos de cinco lechones de la raza “Duroc”, alimentados con tres dietas diferentes. El estudio se llevó a cabo en un establecimiento ubicado en Tumbaco, provincia de Pichincha, durante el año 2016.

a) *Variación 1*

```
D1 <- c(60.00,66.67, 83.33, 70.00, 50.00)
```

```

D2 <- c(186.67, 160.00, 166.67, 200.00, 183.33)

D3 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 233.33, 246.67)

peslechon <- c(D1, D2, D3)

trata <- rep(1:3, each = 5)

trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))

trata <- gl(3, 5, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))

mean(peslechon, na.rm=TRUE)

tapply(peslechon, trata, summary)

p.aov <- aov(peslechon ~ trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(peslechon ~ trata)

g.lm <- lm(peslechon ~ trata)

anova(g.lm)

lm(peslechon ~ trata)

summary(g.lm)

```

b) Variación 2

```
D1 <- c(60.00,66.67, 83.33, 70.00, 50.00, 70.56)
```

```
D2 <- c(186.67, 160.00, 166.67, 200.00, 183.33, 188.50)
```

```
D3 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 233.33, 246.67, 260.70)
```

```
peslechon <- c(D1, D2, D3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 6)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))
```

```
trata <- gl(3, 6, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))
```

```
mean(peslechon, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(peslechon, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(peslechon ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(peslechon ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(peslechon ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(peslechon ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
D1 <- c(60.00,66.67, 83.33, 70.00)
```

```
D2 <- c(186.67, 166.67, 200.00, 183.33)
```

```
D3 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 246.67)
```

```
peslechon <- c(D1, D2, D3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 4)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))
```

```
trata <- gl(3, 4, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3"))
```

```
mean(peslechon, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(peslechon, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(peslechon ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(peslechon ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(peslechon ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(peslechon ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

d) *Variación 4*

```
D1 <- c(60.00,66.67, 83.33, 70.00, 50.00)
```

```
D2 <- c(186.67, 160.00, 166.67, 200.00, 183.33)
```

```
D3 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 233.33, 246.67)
```

```
D4 <- c(170.00, 165.00, 166.54, 190.85, 230.00)
```

```
peslechon <- c(D1, D2, D3, D4)
```

```
trata <- rep(1:4, each = 5)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3",  
                                "Dieta 4"))
```

```
trata <- gl(4, 5, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3", "Dieta  
4"))
```

```
mean(peslechon, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(peslechon, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(peslechon ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(peslechon ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(peslechon ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(peslechon ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
D1 <- c(60.00,66.67, 83.33, 70.00, 50.00)
```

```
D2 <- c(186.67, 160.00, 166.67, 200.00, 183.33)
```

```
D3 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 233.33, 246.67)
```

```
D4 <- c(170.00, 165.00, 166.54, 190.85, 230.00)
```

```
D5 <- c(178.54, 175.40, 186.74, 195.65, 230.89)
```

```
peslechon <- c(D1, D2, D3, D4, D5)
```

```
trata <- rep(1:5, each = 5)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3",  
                                "Dieta 4", "Dieta 5"))
```

```
trata <- gl(5, 5, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2", "Dieta 3", "Dieta  
4", "Dieta 5"))
```

```
mean(peslechon, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(peslechon, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(peslechon ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(peslechon ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(peslechon ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(peslechon ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
D1 <- c(186.67, 160.00, 166.67, 200.00, 183.33)
```

```
D2 <- c(250.00, 243.33, 266.67, 233.33, 246.67)
```

```
peslechon <- c(D1, D2)
```

```
trata <- rep(1:2, each = 5)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2"))
```

```
trata <- gl(2, 5, labels = c("Dieta 1", "Dieta 2"))
```

```
mean(peslechon, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(peslechon, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(peslechon ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(peslechon ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(peslechon ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(peslechon ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

5.3 Forja metálica

En una forja, entendida como el espacio donde se transforma el mineral de hierro en metal o se encuentra instalada la fragua, se emplean diversos hornos destinados al calentamiento de muestras metálicas. Se asume, de manera inicial, que todos los hornos operan bajo la misma temperatura de trabajo; sin embargo, existe la sospecha de que dicha

condición podría no cumplirse en la práctica. Para comprobarlo, se seleccionaron tres hornos de forma aleatoria y se registraron sus temperaturas en sucesivos ciclos de calentamiento, obteniéndose así las observaciones correspondientes.

a) Variación 1

```
H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60, NA)
```

```
H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA, NA)
```

```
H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85, 78.65)
```

```
horno <- c(H1, H2, H3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 6)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno  
3"))
```

```
trata <- gl(3, 6, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3"))
```

```
mean(horno, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(horno, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(horno ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(horno ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(horno ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(horno ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60, NA, 95.82)
```

```
H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA, NA, 80.75)
```

```
H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85, 78.65, 88.65)
```

```
horno <- c(H1, H2, H3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 7)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno  
3"))
```

```
trata <- gl(3, 7, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3"))
```

```
mean(horno, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(horno, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(horno ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(horno ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(horno ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(horno ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

c) Variación 3

```
H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60)
```

```
H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA)
```

```
H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85)
```

```
horno <- c(H1, H2, H3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 5)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno  
3"))
```

```
trata <- gl(3, 5, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3"))
```

```
mean(horno, na.rm=TRUE)
```

```

tapply(horno, trata, summary)

p.aov <- aov(horno ~ trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(horno ~ trata)

g.lm <- lm(horno ~ trata)

anova(g.lm)

lm(horno ~ trata)

summary(g.lm)

```

d) Variación 4

```

H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60, NA)

H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA, NA)

H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85, 78.65)

H4 <- c(88.90, 90.45, 88.50, 89.46, NA, 92.60)

horno <- c(H1, H2, H3, H4)

trata <- rep(1:4, each = 6)

```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3",  
                                "Horno 4"))
```

```
trata <- gl(4, 6, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3",  
                             "Horno 4"))
```

```
mean(horno, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(horno, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(horno ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(horno ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(horno ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(horno ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

e) *Variación 5*

```
H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60, NA)
```

```
H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA, NA)
```

```

H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85, 78.65)

H4 <- c(88.90, 90.45, 88.50, 89.46, NA, 92.60)

H5 <- c(89.85, 92.35, 96.53, 94.13, NA, NA)

horno <- c(H1, H2, H3, H4, H5)

trata <- rep(1:5, each = 6)

trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3",
                                "Horno 4", "Horno 5"))

trata <- gl(5, 6, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3",
                              "Horno 4", "Horno 5"))

mean(horno, na.rm=TRUE)

tapply(horno, trata, summary)

p.aov <- aov(horno ~ trata)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(horno ~ trata)

g.lm <- lm(horno ~ trata)

anova(g.lm)

```

```
lm(horno ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
H1 <- c(91.50, 98.30, 98.10, 93.50, 93.60, NA)
```

```
H2 <- c(88.50, 84.65, 79.90, 77.35, NA, NA)
```

```
H3 <- c(90.10, 84.80, 88.25, 73.00, 71.85, 78.65)
```

```
horno <- c(H1, H2, H3)
```

```
trata <- rep(1:3, each = 6)
```

```
trata <- factor(trata, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno  
3"))
```

```
trata <- gl(3, 6, labels = c("Horno 1", "Horno 2", "Horno 3"))
```

```
mean(horno, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(horno, trata, summary)
```

```
p.aov <- aov(horno ~ trata)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(horno ~ trata)
```

```
g.lm <- lm(horno ~ trata)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(horno ~ trata)
```

```
summary(g.lm)
```

5.4 Fábrica textil

En una fábrica textil se cuenta con un número considerable de telares destinados a la producción. Inicialmente, se asume que cada telar debería generar la misma cantidad de tela por unidad de tiempo; no obstante, esta premisa requiere ser verificada. Con este fin, se seleccionaron cinco telares de manera aleatoria y se registró la producción de tela en cinco mediciones distintas, cuyos resultados se presentan a continuación.

a) Variación 1

```
T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0, 14.1)
```

```
T2 <- c(13.9, 13.8, 13.9, 14.0, 14.0)
```

```
T3 <- c(14.1, 14.2, 14.1, 14.0, 13.9)
```

```
T4 <- c(13.6, 13.8, 14.0, 13.9, 13.7)
```

```
T5 <- c(13.8, 13.6, 13.9, 13.8, 14.0)
```

```
telar <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
textiles <- rep(1:5, each = 5)
```

```
textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
  "Telar 4", "Telar 5"))
```

```
textiles <- gl(5, 5, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
  "Telar 4", "Telar 5"))
```

```
mean(telar, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(telar, textiles, summary)
```

```
p.aov <- aov(telar ~ textiles)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(telar ~ textiles)
```

```
g.lm <- lm(telar ~ textiles)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(telar ~ textiles)
```

```
summary(g.lm)
```

b) Variación 2

```
T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0, 14.1, 14.1)
```

```

T2 <- c(13.9, 13.8, 13.9, 14.0, 14.0, 13.8)

T3 <- c(14.1, 14.2, 14.1, 14.0, 13.9, 14.2)

T4 <- c(13.6, 13.8, 14.0, 13.9, 13.7, 13.7)

T5 <- c(13.8, 13.6, 13.9, 13.8, 14.0, 13.8)

telar <- c(T1, T2, T3, T4, T5)

textiles <- rep(1:5, each = 6)

textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",
                                     "Telar 4", "Telar 5"))

textiles <- gl(5, 6, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",
                                "Telar 4", "Telar 5"))

mean(telar, na.rm=TRUE)

tapply(telar, textiles, summary)

p.aov <- aov(telar ~ textiles)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(telar ~ textiles)

g.lm <- lm(telar ~ textiles)

```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(telar ~ textiles)
```

```
summary(g.lm)
```

c) *Variación 3*

```
T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0)
```

```
T2 <- c(13.9, 13.9, 14.0, 14.0)
```

```
T3 <- c(14.2, 14.1, 14.0, 13.9)
```

```
T4 <- c(13.8, 14.0, 13.9, 13.7)
```

```
T5 <- c(13.8, 13.9, 13.8, 14.0)
```

```
telar <- c(T1, T2, T3, T4, T5)
```

```
textiles <- rep(1:5, each = 4)
```

```
textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
                                     "Telar 4", "Telar 5"))
```

```
textiles <- gl(5, 4, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
                                "Telar 4", "Telar 5"))
```

```
mean(telar, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(telar, textiles, summary)
```

```

p.aov <- aov(telar ~ textiles)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(telar ~ textiles)

g.lm <- lm(telar ~ textiles)

anova(g.lm)

lm(telar ~ textiles)

summary(g.lm)

```

d) Variación 4

```

T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0, 14.1)

T2 <- c(13.9, 13.8, 13.9, 14.0, 14.0)

T3 <- c(14.1, 14.2, 14.1, 14.0, 13.9)

T4 <- c(13.6, 13.8, 14.0, 13.9, 13.7)

T5 <- c(13.8, 13.6, 13.9, 13.8, 14.0)

T6 <- c(13.5, 13.7, 13.8, 13.9, 14.2)

telar <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6)

textiles <- rep(1:6, each = 5)

```

```
textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
  "Telar 4", "Telar 5", "Telar 6"))
```

```
textiles <- gl(6, 5, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
  "Telar 4", "Telar 5", "Telar 6"))
```

```
mean(telar, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(telar, textiles, summary)
```

```
p.aov <- aov(telar ~ textiles)
```

```
model.tables(p.aov, type="mean")
```

```
summary(p.aov)
```

```
plot(telar ~ textiles)
```

```
g.lm <- lm(telar ~ textiles)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(telar ~ textiles)
```

```
summary(g.lm)
```

e) Variación 5

```
T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0, 14.1)
```

```
T2 <- c(13.9, 13.8, 13.9, 14.0, 14.0)
```

```

T3 <- c(14.1, 14.2, 14.1, 14.0, 13.9)

T4 <- c(13.6, 13.8, 14.0, 13.9, 13.7)

T5 <- c(13.8, 13.6, 13.9, 13.8, 14.0)

T6 <- c(13.5, 13.7, 13.8, 13.9, 14.2)

T7 <- c(13.5, 13.8, 14.0, 14.2, 14.1)

telar <- c(T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7)

textiles <- rep(1:7, each = 5)

textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",
                                     "Telar 4", "Telar 5", "Telar 6", "Telar 7"))

textiles <- gl(7, 5, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",
                                 "Telar 4", "Telar 5", "Telar 6", "Telar 7"))

mean(telar, na.rm=TRUE)

tapply(telar, textiles, summary)

p.aov <- aov(telar ~ textiles)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(telar ~ textiles)

```

```
g.lm <- lm(telar ~ textiles)
```

```
anova(g.lm)
```

```
lm(telar ~ textiles)
```

```
summary(g.lm)
```

f) Variación 6

```
T1 <- c(14.0, 14.1, 14.2, 14.0, 14.1)
```

```
T2 <- c(13.9, 13.8, 13.9, 14.0, 14.0)
```

```
T3 <- c(14.1, 14.2, 14.1, 14.0, 13.9)
```

```
T4 <- c(13.6, 13.8, 14.0, 13.9, 13.7)
```

```
telar <- c(T1, T2, T3, T4)
```

```
textiles <- rep(1:4, each = 5)
```

```
textiles <- factor(telar, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
                                     "Telar 4"))
```

```
textiles <- gl(4, 5, labels = c("Telar 1", "Telar 2", "Telar 3",  
                                 "Telar 4"))
```

```
mean(telar, na.rm=TRUE)
```

```
tapply(telar, textiles, summary)
```

```
p.aov <- aov(telar ~ textiles)

model.tables(p.aov, type="mean")

summary(p.aov)

plot(telar ~ textiles)

g.lm <- lm(telar ~ textiles)

anova(g.lm)

lm(telar ~ textiles)

summary(g.lm)
```

BIBLIOGRAFÍA

- Adams, J. A., Benitez, M. D., Guidek, R. C., & Domínguez, G. A. (2016). *Enseñanza de Programación Lineal y Juegos de Empresa*. Asunción, Paraguay: Universidad Autónoma de Paraguay.
- Adhikari, R., & Dandekar, R. (2012). Optimization models for control of parasitic diseases. *Mathematical and Computer Modelling*, 56(1-2), 233-250.
- Ahuja, R. K., Magnanti, T. L., & Orlin, J. B. (1993). *Network Flows. Theory, Algorithms and Applications*. Upper Saddle River. New Jersey, USA.: Prentice-Hall, Inc.
- Alarcón, S. (1998). La programación estocástica discreta como instrumento de planificación de plantaciones de olivos en Castilla-La Mancha. *Economía Agraria NO. 183*, 173-200.
- Alidaee, A., & Aneja, Y. P. (2018). *Non-predetermined goal programming*. In *Operations research: A model-based approach*. New Jersey, U.S.A.: Springer, Cham.
- Ancco, P. R., Chalco, C. D., Clavijo, T. P., Delgado, H. P., Huarac, S. Y., & Ugarte, F. D. (2020). Métodos para el procesamiento de imágenes digitales. *Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Cusco Perú*, 1-8.
- Anderson, D. R., Sweeney, D. J., & Williams, T. A. (2006). *Estadística para administración y economía*. Col. Cruz Manca, Santa Fe, México, D. F.: Cengage Learning Editores, S. A. de C. V.

- Arévalo, J. J., Castro, A., & Villa, É. (2002). Un análisis del ciclo económico en competencia imperfecta. *Revista de Economía Institucional*, vol. 4, núm. 7, segundo semestre, 11-39 Pp.
- Arriaza, G. A., Fernández, P. F., López, S. M., Muñoz, M. M., Pérez, P. S., & Sánchez, N. A. (2008). *Estadística Básica con R y R-Commander*. Cádiz, España: Servicio de Publicaciones de la Universidad de Cádiz.
- Atucha, A. J., & Gualdoni, P. (2018). *El funcionamiento de los mercados*. Mar de Plata, Argentina: Facultad de Ciencias Económicas y Sociales, Universidad Nacional de Mar del Plata.
- Avdoshin, S. M., & Pesotskaya, E. Y. (2011). Software risk management. *National Research University Higher School of Economics* , 1-6 Pp.
- Baquela, E. G., & Redchuk, A. (2013). *Optimización Matemática con R. Volumen I: Introducción al modelado y resolución de problemas*. Madrid, España: Bubok Publishing S. L.
- Bazaraa, M. S., Sherali, H. D., & Shetty, C. M. (2009). *Nonlinear programming: Theory and applications*. Hoboken, New Jersey, U.S.A.: John Wiley & Sons, Inc, Publication.
- Bertsimas, D., & Tsitsiklis, J. N. (1997). *Introduction to Linear Optimization*. Belmont, Mass. U.S.A.: Athena Scientific, Belmont, Massachusetts.
- Bertsimas, D., Teo, C., & Vohra, R. (1999). On dependent randomized rounding algorithms. *ELSEVIER*, 105 –114.

- Bhatt, A., Das, V., & Sundaram, V. (2011). Economic analysis of malaria control programs: A review of the literature. *Malaria Journal*, 10(1), 202.
- Birge, J. R., & Louveaux, F. (2011). *Introduction to Stochastic Programming*. New York, USA: Springer Science+Business Media, .
- Brambila, P. J. (2011). *Bioeconomía: Instrumentos para su análisis económico*. Texcoco, estado de México. México: Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) y Colegio de Postgraduados (COLPOS).
- Broz, D., Mac Donagh, P., Arce, J., & Yapura, P. (2017). La Investigación Operativa, la Ingeniería Forestal y los Problemas Sectoriales: Ante la Necesidad de un Cambio de Paradigma. *Yvyrareta*, 64-72.
- Burbano, R., Espinosa, A. M., & Horna, L. (2018). *Economía para matemáticos*. Quito, Ecuador: Escuela Politécnica Nacional (EPN).
- Burkard, R., Dell'Amico, M., & Martello, S. (2012). *Operations research: Theory and practice*. New Jersey, U.S.A.: Springer Science & Business Media.
- Bustos, F. E. (2023). *La importancia del teorema de suficiencia de Kuhn-Tucker en la tarea de decisiones organizacionales*. Carácas, Venezuela: Escuela Superior de Cómputo de Venezuela.
- Cabrera, G. E., & Díaz, G. E. (2021). *Manual de uso de Jupyter Notebook para aplicaciones docentes*. Madrid, España: Universidad Complutense de Madrid.

- Camps, P. R., Casillas, S. L., Costal, C. D., Gibert, G. M., Martín, E. C., & Pérez, M. O. (2005). *Software libre. Bases de datos*. Av. Tibidado, 39-43, Barcelona España: Fundació per a la Universitat Oberta de Catalunya. Eureka Media, SL.
- Capa, S. H. (2015). *Probabilidades y estadística para una gestión científica de la información*. Quito, Ecuador: Escuela Politécnica Nacional .
- Carballo, R. E., & Peñate, P. E. (2014). *Benchmarking de Herramientas Forenses Móviles*. Managua: COMPDES, UNAN, Managua.
- Carro, P. R. (2014). *Investigación de operaciones en administración. 1ra Edición*. Mar de Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina: Facultad de Ciencias Económicas y Sociales. Universidad Nacional de Mar de Plata.
- Cestero, E. V., & Caballero, A. M. (2017). *Data Science y Redes Complejas. Métodos y aplicaciones*. Tomás Bretón, 21-28045, Madrid, España: Editorial Centro de Estudios Ramón Areces, S. A.
- Challenger, P. I., Díaz, R. Y., & Becerra, G. R. (Abril-Junio, 2014). El lenguaje de programación Python. *Ciencias Holguín*, vol. XX, núm. 2., 1-13.
- Dantzig, G. B. (1963). *Linear Programming and Extensions*. Chichester, West Sussex, U.S.A.: Princeton University Press.
- Dantzig, G. B., & Wolfe, P. (1954). The decomposition principle for linear programming. *Operations Research*, 2(1), 76-81.
- Daza, P. J. (2006). *Estadística Aplicada con Excel*. Lima, Perú: Grupo Editorial Megabyte s.a.c.

- De los Reyes García, M. M., & Romero, C. J. (2004). *Investigación de operaciones I*. UAM Unidad Azcapotzalco. Av. San Pablo 180. Col. Reynosa Tamaulipas. Delegación Azcapotzalco. México, D. F.: División de Ciencias Básicas e Ingeniería. Departamento de Sistemas. Universidad Autónoma Metropolitana-Azcapotzalco.
- De Mendiburu, F. (2007). *Análisis estadístico con R*. Av. Túpac Amaru 210, Rímac 15333, Lima, Perú: Sección de extensión universitaria y proyección social. Centro de estudiantes de facultad de ingeniería económica y ciencias sociales. Universidad Nacional de Ingeniería.
- De Mendiburu, F. (2017). *Tutorial de agricolae (Versión 1.2-8)*. La Molina-Perú: Departamento Académico de Estadística e Informática de la Facultad de Economía y Planificación. Universidad Nacional Agraria La Molina-Perú.
- Delgado, Q. S. (2023). *Aprende Python*. Ciudad de México, México: Mundi Prensa.
- Deng, Z. X., & Wang, X. (2022). A survey on non-predetermined goal programming. *European Journal of Operational Research*, 297(2), 1115-1133.
- Devia, J., Azacon, J., López, N., Villarroel, Z., Carvajal, A., Rodríguez, B., . . . Suárez, F. (2012). *Software TORA*. Maturín, Venezuela: Núcleo de Monagas. Universidad de Oriente de Venezuela.
- Di Perro, M. (2017). What is the Blocchaing? *School of Computing at DePaul University, Chicago, IL, USA*, 92-95.

- Díaz, C. M., & Gómez, M. P. (2011). *Comportamiento de volatilidad del tipo de México 1970 a 2010*. Michoacán, México: Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.
- DiLorenzo, T. J. (1992). El Mito del Monopolio Natural. *The Review of Austrian Economics* Vol. 9, No. 2 , 1-15 Pp.
- Eiselt, H. A., & Sandblom, C. L. (2009). *Integer programming: Theory and practice*. New Jersey, U.S.A.: Springer.
- Engler, P. A. (2009). *Estrategías del manejo del riesgo*. Quilamapu, Chillán, Chile: TRAMA Impresores S. A.
- Galindo, D. T. (2006). *Estadística. Métodos y Aplicaciones*. Quito, Ecuador: Prociencia Editores.
- Garcés, R. A. (2020). *Optimización convexa. Aplicaciones en operación y dinámica de sistemas de potencia*. Pereira, Colombia: Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.
- García, M. A., & García, S. (2015). Investigación de operaciones en el control de enfermedades parasitarias. *Revista de Investigación Académica*, 26, 1-12.
- García, M. M., & Romero, C. J. (2004). *Investigación de operaciones I. 1ra parte*. Delegación Azcapotzalco, D. F.: Universidad Autónoma Metropolitana (UAM-Azcapotzalco).
- Gen, M., & Cheng, R. (2000). *Genetic algorithms and engineering optimization*. New York, U.S.A.: Wiley-Interscience Publication.

- Gómez, G. M., Danglot, B. C., & Vega, F. L. (2003). Sinopsis de pruebas estadísticas no paramétricas. Cuándo usarlas. *Revista Mexicana de Pediatría*, 10.
- Gómez, P. M. (2006). *Introducción a la microeconomía*. Barcelona, España: Universidad de Barcelona.
- González, B. G. (1985). *Métodos Estadísticos y Principios de Diseño Experimental*. Quito, Ecuador: Facultad de Ciencias Agrícolas. Universidad Central del Ecuador.
- González, B. G. (2010). *Métodos estadísticos y principios de diseño experimental*. Quito, Ecuador: Universidad Central del Ecuador.
- González, J. A., García, S. J., Chalita, T. L., Matus, G. J., Cruz, G. B., Sangerman, J. D., . . . Fortis, H. M. (2012). Modelo de equilibrio espacial para determinar costos de transporte en la distribución de durazno en México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas Vol.3 Núm.4* , 701-712 Pp.
- Grossman, S. S., & Flores, G. J. (2012). *Álgebra Lineal*. México D. F.: Colonia Santa Fe, Delegación Álvaro Obregón, México D. F.
- Guerrero, S. H. (2009). *Programación Lineal Aplicada*. Bogotá, Colombia: Ecoe Ediciones.
- Gujarati, D. N., & Porter, D. C. (2010). *Econometría*. Delegación Álvaro Obregón, México, D. F.: McGraw-Hill/Interamericana Editorres, S.A. de C.V.

- Hernández, N., Soto, F., & Caballero, A. (2009). Modelos de simulación de cultivos, características y usos. *Cultivos Tropicales*, vol. 30, núm. 1, 73-82 Pp.
- Hernandez, S. R., Fernandez, C. C., & Baptista, L. P. (2006). *Metodología de la investigación*. Colonia Desarrollo Santa Fe, Delegación Álvaro Obregón, México, D. F. : McGraw Hill/Interamericana Editores, S.A. de C. V.
- Herrera, A. L. (2009). *Perspecctivas para la carna de bovino en México aplicando un sistema de trazabilidad*. Campus Montecillo, Texcoco, estado de México: Colegio de Postgraduados. Tesis de maestría.
- Hillier, F. S., & Lieberman, G. J. (2010). *Introducción a la investigación de operaciones*. Delegación Álvaro Obregón, México D. F.: McGraw-Hill Companies, Inc.
- Hillier, F. S., & Lieberman, G. J. (2015). *Operations Reseach*. New York, U.S.A.: McGraw-Hill Education.
- Hung, M. T., & Hung, C. C. (2019). A review of non-predetermined goal programming: Methods, applications, and challenges. *European Journal of Operational Research*, 274(3), 909-924.
- Hurtado, M. J., & Gómez, F. R. (2010). *Diseño Experimental*. Valencia, España: Universidad de Valencia.
- Iusem, A. N. (2003). On the convergence properties of the projected gradient method for convex optimization. *Computational and Applied Mathematics*, 37–52.

- Kaiser, H. M., & Messer, K. D. (2011). *Mathematical Programming for Agricultural, Enviromental, and Resource Economics*. Rosewood Drive, Danvers, United States of America: John Wiley & Sons, Inc.
- Kmenta, J. (1971). *Elements of econometrics*. Collier Macmillan Canada, Inc.: Macmillan Publishing Ccompany.
- Larrañaga, L. J., Zulueta, G. E., Elizagarate, U. F., & Alzola, B. J. (2020). Algoritmos Meméticos en problemas de Investigación Operativa. *Escuela Universitaria de Ingeniería de Vitoria-Gasteiz. Universidad del País Vasco Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV-EHU)*., 1-19.
- Leek, J. T., & Peng, R. D. (2015). *Statistics: P values are just the tip of the iceberg*. Maryland, USA.: School of Public Health in Baltimore.
- Li, H., Zhang, J., & Zhang, X. (2019). Randomized rounding for general integer programs. *Operations Research Letters*, 47(2), 164-169.
- Li, W., & Yang, L. (2022). A novel non-predetermined goal programming model for renewable energy planning. *Energy*, 220, 122772.
- Lind, D. A., Marchal, W. G., & Mason, R. D. (2004). *Estadística para Administración y Economía*. Col. del Valle, México D. F.: Alfaomega Grupo Editor S. A. de C. V.
- Lind, D. A., Marchal, W. G., & Mason, R. D. (2006). *Estadística para Administración y Economía*. Col. del Valle, México D. F.: Alfa Omega Grupo Editor S. A. de C. V.
- López, B. E., & González, R. B. (2014). *Diseño y Análisis de Experimentos. Fundamentos y Aplicaciones en Agronomía*. Ciudad Universitaria

zona 12. Ciudad de Guatemala: Universidad de San Carlos de Guatemala, Facultad de Agronomía.

Loubet, B. (2020). *Excel: Herramienta Solver*. Centro Universitario, Ciudad de Mendoza. Provincia de Mendoza, Argentina.: Facultad de ciencias económicas. Universidad Nacional de Cuyo.

Ipízar, M. J. (12 de Octubre de 2023). *Universidad Latina*. La organización industrial:
<https://cisprocr.com/cispro/system/files/Clase%209%20Organizaci%C3%B3n%20Industrial.pdf>

Luenberger, D. G. (1984). *Linear and Nonlinear Programming*. New Jersey, U.S.A.: Springer.

Machado, D. E., & Coto, F. H. (2017). Sistema de adquisición de datos con Pyhton y Arduino. *Revista, Ciencia, Ingeniería y Desarrollo Tec Lerdo*, 1-6.

Madrid, C. C. (2020). Filosofía de la ciencia del cambio climático: Modelos, problemas e incertidumbres. *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*, vol. 20, núm. 41, 201-234 Pp.

Martínez, Á. (26/10/2023 de Octubre26 de 2023). *Optimización global*. Optimización global:
http://www.dma.uvigo.es/~aurea/Optimizaci%C3%B3n_global.pdf?fclid=IwAR1z2kTahmpEcDLkOYNhhObwwxDVviGT62FDMF6uGU1byE4MU39bTK_6L68

Martínez, A. L. (2013). *Modelo de Programación Cuadrática y Ratios Financieros para minimizar el riesgo de las inversiones en la Bolsa*

de Valores de Lima. Lima, Perú: Facultad de Ciencias Matemáticas, E.A.P. de Investigación Operativa. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Mehrotra, S. (2022). Non-predetermined goal programming: A review of recent advances. *Journal of the Operational Research Society*, 73(5), 1018-1032.

Mendiburu, F. (2007). *Análisis Estadístico con "R"*. Lima, Perú: Sección de Extensión Universitaria y Proyección Social. Centro de Estudios de la Facultad de Ingeniería Económica y Ciencias Sociales. Universidad Nacional de Ingeniería.

Mendiburu, F. (2015). *Agricolae tutorial (Version 1.2-3)*. La Molina, Perú: Departamento Académico de Estadística e Informática de la Facultad de Economía y Planificación. Universidad Agraria La Molina.

Mijangos, L. J. (2019). *Investigación de Operaciones II*. Tuxtla Guitiérrez, Chiapas, México: Instituto Tecnológico de Tuxtla Guitiérrez.

Moghaddam, S. A., Arabshahi, A., Yazdani, D., & Dehshibi, M. M. (2012). A novel Hybrid Algorithm for Optimization in Multimodal Dynamic Enviroments. *ResearchGate*, 143-148.

Montgomery, D. C. (2004). *Diseño y análisis de experimentos*. México, D. F.: Limusa S. A. de C. V.

Montgomery, D. C. (2012). *Design and analysis of experiments*. Arizona, USA: John Wiley & Sons, Inc.

- Mora Flores, W. (2019). *Cálculo en Varias Variables. Visualización interactiva*. San José de Costa Rica: Escuela de Matemática, Instituto Tecnológico de Costa Rica.
- Mora, W. F. (2016). *Cálculo en Varias Variables*. San José de Costa Rica: Instituto Tecnológico de Costa Rica. Escuela de Matemática.
- Muñoz, C. R., Ochoa, H. M., & Morales, G. M. (2011). *Investigación de operaciones*. Delegación Álvaro Obregón, México D. F.: McGraw-Hill/Interamericana Editores, S.A. DE C.V.
- Murillo, F. E. (2016). Riesgo agropecuario. *Revista de la Carrera de Ingeniería Agronómica – UMSA*, 103-127 Pp.
- Navidi, W. (2006). *Estadística para ingenieros y científicos*. Colonia Desarrollo Santa Fe, Delegación Álvaro Obregón, México, D. F.: McGrawHill McGraw-Hill/Interamericana Editores, S. A. de C. V.
- Nocedal, J., & Wright, S. J. (2006). *Numerical optimization*. New Jersey, U.S.A.: Springer Science & Business Media.
- Nolasco, V. J. (2018). *Python. Aplicaciones prácticas*. Calle Jarama, 3A, Polígono Industrial Igarza. Paracuellos de Jarama, Madrid, España: Ra-Ma Editorial.
- Oliveira, W., Rocha, R. S., & Katz, N. (2010). Esquistossomose mansônica: situação atual e perspectivas de controle. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 43(2), 123-130.
- O'Neill, P., & Thomas, J. (2010). Mathematical modelling of infectious diseases. *Nature Reviews Microbiology*, 8(11), 803-814.

- Padrón, C. E. (1996). *Diseños Experimentales: con aplicaciones a la agricultura y la ganadería*. Ciudad de México, México: Trillas. Mex.
- Parra, R. F. (2016). *Curso de Estadística con R*. Santander, Cantabria: Instituto Cántabro de Estadística.
- Pérez, A. E. (2017). *Relajación Lagrangiana, métodos heurísticos y metaheurísticos en algunos modelos de Localización e Inventarios*. Valladolid, España: Máster en investigación en Matemáticas, Universidad de Valladolid.
- Prawda, W. J. (2004). *Métodos y modelos de investigación de operaciones Vol. I: Modelos determinísticos*. Ciudad de México, México: Limusa. Noriega Editores.
- Quintana, S. F. (octubre 2016/marzo 2017). Dinámica, escalas y dimensiones del cambio climático. *Tla-Melaua, revista de Ciencias Sociales. Facultad de Derecho y Ciencias Sociales, año 10, núm. 41*, 180-200 Pp.
- Ravindran, A., & Garg, D. P. (2018). *Meta-heuristics for optimization*. New Jersey, U.S.A.: Springer.
- Rodríguez, C. E. (11 de Octubre de 2023). *La competencia imperfecta*. Biblioteca digital de la Universidad Católica Argentina: <http://bibliotecadigital.uca.edu.ar/repositorio/contribuciones/competencia-imperfecta-carlos-rodriguez.pdf>
- Rodríguez, V. A. (2007). Cambio climático, agua y agricultura. *Desarrollo Rural Sostenible, N° 1, II Etapa*, 13-23 Pp.

- Rojas, C. L., & Rojas, C. L. (2000). *Exploración al diseño experimental*. Granada, España: Ciencia e Ingeniería Neogranadina, 9, 51–59. Universidad Militar Nueva Granada.
- Romero, C., & Ventura, S. (2013). *Metaheuristics: Applications to optimization and machine learning*. New Jersey, U.S.A.: Springer.
- Rosales, A. J. (2001). *Análisis y diseño en el espacio de estado utilizando Matlab*. Quito, Ecuador: Escuela de Ingeniería, Escuela Politécnica Nacional .
- Rosell, E. K. (2022). *Optimización con programación dinámica*. Barcelona, España: Facultad de Matemáticas e Informática, Universidad de Barcelona.
- Rossum, V. G. (2009). *Tutorial Python versión 2.5.2*. Ciudad de México, México: Mundi Prens.
- Salas, F. V. (2009). Modelos de negocio y nueva economía industrial. *Universia Business Review | Tercer Trimestre*, 1-24 Pp.
- Sampayo, M. S. (2019). *Apuntes de economía del medio ambiente*. Iztacala, D. F., México: Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).
- Sarasa, C. A. (2017). *Gestión de la información web usando Python*. Rambla del Poblenou, 156. Barcelona, España.: Editorial UOC (Oberta UOC Publishing, SL).
- SEMARNAT, & CONAFOR. (2019). *Estrategia Nacional de Sanidad Forestal 2019-2024*. Ciudad de México, México.: Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales; Comisión Nacional Forestal.

- Szigeti, F., Cardillo, J., Hennes, J. C., & Calvet, J. L. (2014). El Método de Relajación Aplicado a Optimización de Sistemas Discretos. *ResearchGate*, 1-9.
- Taha, H. A. (2004). *Investigación de operaciones 7ma Edición*. Atlacomulco No. 500-5° piso. Col. Industrial Atoto. Naucalpan de Juárez, Edo. de México: Pearson Educación de México, S.A. de C.V.
- Taha, H. A. (2012). *Investigación de Operaciones*. Fayetteville, Arkansas, USA: PEARSON EDUCACIÓN DE MÉXICO, S.A. de C.V.
- Taha, H. A. (2012). *Investigación de Operaciones*. Fayetteville, Arkansas, USA: PEARSON EDUCACIÓN DE MÉXICO, S.A. de C.V.
- Toledo, T. R. (2009). *El riesgo en la agricultura*. Quilamapu, Chillán, Chile: TRAMA Impresores S. A.
- Triola, M. F. (2004). *Estadística*. Col. Industrial Atoto, Naucalpan de Juárez, Edo. de México: Pearson Educación de México, S. A. de C. V.
- Trávez, B. F. (2004). Economía Espacial: una disciplina en auge. *Estudios de Economía Aplicada*, Vol. 22-3, 409-429 Pp.
- Urquía, M. A., & Martín, V. C. (2016). *Métodos de simulación y modelado*. Madrid, España: Universidad Nacional de Educación a Distancia.
- Valencia, N. E. (2018). *Investigación Operativa. Programación lineal, problemas resueltos con soluciones detalladas*. San Juan Bautista de Ambato, Provincia Tungurahua, Ecuador: Universidad Técnica de Ambato (UTA).

- Vanegas, C. J. (2018). *Metodología para la planeación de requerimientos de materiales-MRP*. Bogotá, Colombia: Facultad de Ingeniería. Especialización en Gerencia Integral de Proyectos. Universidad Militar Bueva Granada.
- Vásquez, A. V. (2014). *Diseños Experimentales con SAS*. Cajamarca, Perú: CONCYTEC FONDECYT.
- Vega, G. C. (05 de Mayo de 2021). *IESIP*. [iesip.edu.ve: https://virtual.iesip.net/mod/page/view.php?id=5933](https://virtual.iesip.net/mod/page/view.php?id=5933)
- Velásquez, S., & Velásquez, R. (2012). Modelado con variables aleatorias en simulink utilizando simulación Montecarlo. *Universidad, Ciencia y Tecnología, Vol. 16, No. 64*, 203-211 Pp.
- Vercher, G. E. (2015). Soft Computing approaches to portfolio selection. *Boletín de Estadística e Investigación Operativa. Vol. 31. No. 1*, 23-46.
- Vicéns, O. J., Herrarte, S. A., & Medina, M. E. (2005). *Análisis de la varianza (ANOVA)*. Distrito Federal, México: Trillas, S. A.
- Villota, C. E. (2010). *Control moderno y óptimo (MT 227C)*. Lima, Perú: Departamento Académico de Ingeniería Aplicada, Facultad de Ingeniería Mecánica, Universidad Nacional de Ingeniería.
- Wackerly, D. D., Mendenhall III, W., & Scheaffer, R. L. (2010). *Estadística matemática con aplicaciones*. Col. Cruz Manca, Santa Fé. México, D.F.: Cengage Learning Editores, S.A.

Wasserstein, R. L., & Lazar, N. A. (2016). *Advance online publication The American Statistician* .

World, H. O. (2016). *Global technical strategy for malaria 2016-2030*. Geneva, Switzerland: Geneva, Switzerland: World Health Organization.

Zill, D. G., & Wright, W. S. (2011). *Cálculo. Trascendentes tempranas*. Delegación Álvaro Obregón, México, D. F.: McGRAW-HILL/INTERAMERICANA EDITORES, S.A. DE C.V.



**Diseños experimentales con algoritmos R: una herramienta
matemática teórico - práctica para ingeniería en gestión de riesgos,**
se publicó en el mes de diciembre de 2025.

ISBN: 978-9907-0-0402-1

**Grupo Editorial BLR
Ecuador
Cel: +593 98 320 4362
<https://grupoblz.com/>
publicaciones@grupoblz.com**

BIOGRAFÍA DE LOS AUTORES

Moisés Arreguín Sámano:

Profesor e Investigador de Ingeniería en Gestión del Riesgo de la Universidad Estatal de Bolívar.

Johanna Fernanda Dueñas Durán:

Ingeniera en Geología, con más de 15 años de experiencia en el sector petrolero y educación, especializada en el análisis de rípios y en el uso de software para control litológico. Complementó su formación con una maestría en Prevención y Gestión de Riesgos en el IAEN.

José Abelardo Paucar Camacho:

Profesor e Investigador en la Universidad Estatal de Bolívar con 27 años de experiencia, director de carrera, director o coordinador de proyectos de investigación y vinculación, publicaciones científicas, ponente en congresos científicos y consultor en el área de gestión de riesgos de desastres, desarrollo local, ordenamiento territorial y ambiente.

María Transito Vallejo Illijama:

Mgtr. coordinadora de la carrera de Ingeniería en Riesgos de Desastres, magíster en economía con mención en Gestión Económica de Riesgos de Desastres y Desarrollo Sostenible, Maestría en Hidráulica mención Gestión de Recursos Transformando sus publicaciones en referencias mundiales Hídricos y Agroecología. Investigadora acreditada, docente universitaria y capacitador independiente en temas de recurso hídricos, productivos y ambientales.

DISEÑOS EXPERIMENTALES CON ALGORITMOS R: UNA HERRAMIENTA MATEMÁTICA TEÓRICO-PRÁCTICA PARA INGENIERÍA EN GESTIÓN DE RIESGOS

Estimado lector, esta obra constituye una réplica metódica a la demanda existente de amalgamar metodologías cuantitativas provenientes de la estadística, la econometría y el análisis matemático complejo, con el propósito de robustecer los procesos de decisión en los dominios de la ingeniería, las finanzas y las disciplinas científicas de corte empírico. Su corpus ha sido meticulosamente organizado con el objetivo fundamental de proveer al alumnado, al cuerpo docente y a la comunidad investigadora un compendio accesible y a la vez exhaustivo. Este marco de referencia se orienta al planeamiento experimental, la representación formal de fenómenos y la obtención de soluciones óptimas para sistemas multivariantes sujetos a condicionantes específicas.

Cabe resaltar que la presente publicación trasciende la mera función de un compendio de consulta especializada, posicionándose asimismo como una incitación al examen crítico sobre el papel de los formalismos matemáticos en la optimización de la eficacia, la excelencia y la prospectiva en múltiples esferas del saber.

Agradecemos a todos los lectores que se acercan a esta obra con ánimo de aprender, aplicar y transformar.



Grupo Editorial BLR
Ecuador
Cel: +593 98 320 4362
<https://grupobl.com/>
publicaciones@grupobl.com

ISBN: 978-9907-0-0402-1



ISBN: