



EDITORIAL ANDES COGNITIO

DISEÑOS EXPERIMENTALES Y SUS APLICACIONES MULTIDISCIPLINARIAS

De la teoría estadística a la práctica
in práctica en recursos
naturales, agroindustria e ingeniería



Moisés Arreguín Sámano
Janeth Paulina Segovia Chávez
Lizeth Fernanda Silva Godoy
Carolina Valeria Llanga Cruz

DISEÑOS EXPERIMENTALES Y SUS APLICACIONES MULTIDISCIPLINARIAS

*De la teoría estadística a la práctica en recursos naturales,
agroindustria e ingeniería*

Moisés Arreguín Sámano
Janeth Paulina Segovia Chávez
Lizeth Fernanda Silva Godoy
Carolina Valeria Llanga Cruz



Editorial Andes Cognition

DISEÑOS EXPERIMENTALES Y SUS APLICACIONES MULTIDISCIPLINARIAS

De la teoría estadística a la práctica en recursos naturales,
agroindustria e ingeniería

© Autores

Moisés Arreguín Sámano

Correo: marreguin@ueb.edu.ec

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

Institución: Universidad Estatal de Bolívar, Ecuador

Janeth Paulina Segovia Chávez

Correo: jpsegovia@espe.edu.ec

Orcid: <https://orcid.org/0000-0002-6551-3523>

Institución: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Ecuador

Lizeth Fernanda Silva Godoy

Correo: lfsilva3@espe.edu.ec

Orcid: <https://orcid.org/0000-0003-1597-3385>

Institución: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, Ecuador

Carolina Valeria Llanga Cruz

Correo: carolina.llanga@istcarloscisneros.edu.ec

Orcid: <https://orcid.org/0009-0007-3576-8916>

Institución: Instituto Superior Tecnológico Carlos Cisneros con condición de
Superior Universitario, Ecuador

Editorial "ANDES COGNITIO EDAC S.A.S."

DEPARTAMENTO DE EDICIÓN

Editado y Distribuido por:

Editorial: Andes Cognito
Sello Editorial: 978-9942-7408
Teléfono: 0995805659
Web: <https://andescognitio.org>
ISBN: 978-9942-7408-2-3
DOI: <https://doi.org/10.64230/0rsn3p73>

© Primera Edición

© Septiembre 2025

Impreso en Ecuador

Revisión de Ortografía

Lcda. Cristina Paola Chamorro Ortega

Diseño de Portada

Ing. Pamela Rosa Taco Hernández Mgs

Diagramación

Ing. Yoselyn Andrea Rogel Gaibor

Director Editorial

Ec. Juan F. Villacis U. Mgs.

Aviso Legal

El contenido de este libro incluyendo textos, imágenes, gráficos, tablas, cuadros y referencias bibliográficas es de exclusiva responsabilidad del/ de los autor (es). Las opiniones, datos y criterios expresados no representan necesariamente la postura institucional ni el pensamiento de la Editorial Andes Cognito.

Derechos de Autor ©

Este documento se publica bajo los términos y condiciones de la Licencia Creative Commons Reconocimiento – NoComercial – CompartirIgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0).



Todos los derechos de autor y de propiedad intelectual e industrial relativos al contenido de esta publicación pertenecen exclusivamente a la “Editorial Andes Cognitio” y a sus respectivos autores. Queda expresamente prohibida, bajo las sanciones establecidas por la legislación vigente, la reproducción total o parcial de esta obra, su almacenamiento en sistemas informáticos, su tratamiento digital, así como cualquier forma de distribución, transmisión o comunicación pública por medios electrónicos, mecánicos, ópticos, químicos, de grabación o fotocopia sin la debida autorización previa y por escrito de los titulares del copyright.

Se exceptúan únicamente los usos con fines académicos o de investigación científica, siempre que no persigan propósitos comerciales y se realicen de forma gratuita, debiendo citarse en todo momento a la fuente editorial correspondiente. Las opiniones vertidas en los distintos capítulos son de exclusiva responsabilidad de los autores y no reflejan necesariamente la postura institucional de la editorial.

Comité Científico Académico

Dr. Jorge Gualberto Paredes Gavilanez PhD.
Universidad Técnica Estatal de Quevedo

Dr. Oscar Patricio López Solís PhD.
Universidad Técnica de Ambato

Ec. Carlos Roberto López Paredes PhD.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo Extensión Orellana

Dr. Héctor Enrique Hernández Altamirano PhD.
Universidad Técnica de Ambato

Dr. Carlos Arturo Jara Santillán PhD.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Dr. Guillermo Carrillo Espinosa PhD,
Universidad Autónoma de Chapingo - México

Dra. Doris Coromoto Pernía Barragán PhD,
Universidad de los Andes Tachira Venezuela

Ec. María Gabriela González Bautista PhD.
Universidad Nacional de Chimborazo

My. Efraín Arguello Arellano, Mgs.
Tecnológico Universitario ARGOS – Policía Nacional del Ecuador

Ing. Liliana Priscila Campos Llerena Mgs.
Universidad Técnica de Ambato

Dr. Mario Humberto Paguay Cuví Mgs.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Ec. Oswaldo Javier Jacome Izurieta Mgs.
Universidad Técnica de Ambato

Ec. Juan Carlos Pérez Briceño Mgs.
Instituto Superior Universitario Bolivariano

Ec. Ligia Ximena Tapia Hermida Mgs.
Universidad Nacional de Chimborazo

Ing. Paula Alejandra Abdo Peralta Mgs.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Ing. Catherine Gabriela Frey Erazo Mgs.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Ing. Juan Enrique Ureña Moreno Mgs.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Ing. José Fernando Esparza Parra Mgs.
Escuela Superior Politécnica de Chimborazo

Ing. Alexis Gabriel Reinoso Haro Mgs.
Universidad Estatal de Bolívar

Constancia de Arbitraje

La Editorial Andes Cognito, hace constar que este libro proviene de una investigación realizada por los autores, siendo sometido a un arbitraje bajo el sistema de doble ciego, de contenido y forma por jurados especialistas. Además, se realizó una revisión del enfoque, paradigma y método investigativo; desde la matriz epistémica asumida por los autores, aplicándose las normas APA, Séptima Edición, proceso de anti plagio en línea Compilatio, garantizándose así la científicidad de la obra.

Comité Editorial

Eco. Juan Federico Villacis Uvidia Mgs.
Director de la Editorial Andes Cognito

Lcda. Andrea Damaris Hernández Allauca PhD.
Editora de Andes Cognito

PRÓLOGO

El presente texto surge como una respuesta a la creciente necesidad de integrar herramientas estadísticas, econométricas y matemáticas avanzadas en la toma de decisiones dentro del ámbito de la ingeniería, las ciencias económicas y las ciencias aplicadas. Su contenido ha sido cuidadosamente estructurado para brindar a estudiantes, docentes e investigadores una guía clara y rigurosa en el diseño de experimentos, la modelación de procesos y la optimización de sistemas bajo restricciones.

Es importante destacar que este texto no solo pretende ser un manual de consulta técnica, sino también una invitación a reflexionar sobre la forma en que los modelos matemáticos pueden contribuir a mejorar la eficiencia, la calidad y la capacidad predictiva en diversos campos del conocimiento. A lo largo de estas páginas, el lector encontrará no solo procedimientos, fórmulas y demostraciones, sino también fundamentos conceptuales y propuestas de análisis que promueven el pensamiento crítico y la solución estructurada de problemas complejos.

Agradecemos a todos los lectores que se acercan a esta obra con ánimo de aprender, aplicar y transformar.

Los autores

ÍNDICE GENERAL

PRÓLOGO	1
ÍNDICE GENERAL	2
INTRODUCCIÓN	5
CAPÍTULO I	8
DISEÑOS: DCA-DIA-DCR	8
1. Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR).....	8
1.1. Definición	8
1.2. Representación simbólica.....	9
1.3. Cuadro comparativo	14
1.4. Análisis de varianza con un único factor tratamiento y cuatro niveles (P, A, B y AB):	28
1.5. Aplicaciones.....	33
Aplicación 1	33
Aplicación 2.....	40
Aplicación 3.....	52

Aplicación 4.....	55
Aplicación 5.....	58
CAPÍTULO II.....	61
PRODUCCIÓN DE ZETAS.....	61
2.1. ANOVA sobre Tiempo de Aparición de Primordios (TAP).....	61
2.2. Número de Racimos (NRT)	67
2.3. Número de Carpóforos por Racimo o Penca (NCR/P)	73
2.4. Ancho de Racimos (AR)	78
2.5. Longitud de Racimos (LR).....	83
2.6. Peso del Hongo Fresco (PHF).....	89
2.7. Contenido de Proteína (CP)	94
2.8. Eficiencia Biológica (EB)	100
CAPÍTULO III	112
TRATAMIENTOS CON REPETICIÓN: Fundamentos y Laboratorio	112
3.1. Aplicación de laboratorio	112
3.2. Aplicación. Variedades de trigo	123

CAPÍTULO IV	137
APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS	137
4.1. Cultivo de arroz	137
4.2. Variedad de soya.....	149
4.3. Diámetro de panojas de Quinoa	160
4.4. Aplicación agronómicas generales	175
4.5. Evaluación de híbridos de maíz	185
CAPÍTULO V.....	198
APLICACIONES EN PROCESOS QUÍMICOS E INDUSTRIALES	198
5.1. Aplicación. Azufre.....	198
5.2. Incremento de peso	204
5.3. Forja metálica	209
5.4. Fábrica textil	215

INTRODUCCIÓN

El desarrollo del pensamiento cuantitativo y el dominio de técnicas matemáticas aplicadas constituyen pilares esenciales en la formación universitaria de las ciencias naturales, sociales e ingenierías. En este contexto, el presente libro titulado Fundamentos Matemáticos de Diseño Experimental y Optimización de Procesos tiene como propósito principal ofrecer una herramienta académica sólida y actualizada que facilite la comprensión, formulación y aplicación de modelos matemáticos en la solución de problemas reales.

Este texto se estructura en seis capítulos interrelacionados que permiten una progresión lógica del conocimiento. El primer capítulo introduce al lector en los principios fundamentales de la estimación estadística, abordando con profundidad el enfoque de máxima verosimilitud, los mínimos cuadrados ordinarios y su relación con la función de regresión poblacional. En el segundo capítulo, se desarrolla el análisis de modelos de superficie de respuesta, mostrando la utilidad de funciones lineales, cuadráticas y cúbicas para modelar relaciones complejas entre variables.

El tercer capítulo se enfoca en las transformaciones matemáticas y el uso de espacios vectoriales, fundamentos indispensables para comprender las restricciones en procesos de optimización. Posteriormente, en el cuarto capítulo, se aborda el cálculo de integrales múltiples aplicado a la estimación de parámetros, así como el análisis de varianza y la bondad de ajuste en modelos de regresión.

Los capítulos quinto y sexto presentan herramientas para la predicción mediante series temporales y el análisis de regresión múltiple, integrando conceptos clave

como multicolinealidad, valores atípicos y transformación de datos. Estas secciones se acompañan del uso de software como Microsoft Excel, que facilita la implementación práctica de los modelos presentados.

Este libro está diseñado tanto para estudiantes de pregrado como de posgrado, investigadores y profesionales que buscan mejorar sus competencias en el análisis cuantitativo. Al ofrecer una combinación equilibrada de teoría y aplicación, se espera que contribuya significativamente al desarrollo de habilidades analíticas y a la toma de decisiones fundamentadas en evidencia



EDITORIAL ANDES COGNITIO

CAPÍTULO I

DISEÑOS: DCA - DIA - DCR



CAPÍTULO I

DISEÑOS: DCA-DIA-DCR

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

1.1. Definición

El diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR), es aquel en que tratamientos se asignan completamente al azar a unidades experimentales o, igual, son asignadas completamente al a azar a tratamientos sin ninguna restricción y, en consecuencia, se considera un diseño eficiente cuando las unidades experimentales disponibles son muy homogéneas.

Su modelo estadístico lineal poblacional es Y_{ij} (Variable dependiente) =

μ_i (Media) + e_{ij} (Error experimental) = $\mu + \tau_i$ (Efecto de i-ésimo tratamiento) +

e_{ij} (Error experimental) tal que $i = 1, 2, 3, 4 \dots, t$ (t-ésimo tratamiento) y $j =$

$1, 2, 3, 4 \dots, n$ (n-ésima repetición), mientras que su muestral será

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

$\hat{e}_{ij}$ (Error experimental).

1.2. Representación simbólica

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

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	$\bar{Y}_{1.}$	$\bar{Y}_{2.}$	$\bar{Y}_{3.}$	$\bar{Y}_{4.}$	...	$\bar{Y}_{t.}$	$\bar{Y}_{..}$

CAPÍTULO 1. DISEÑOS: DCA-DIA-DCR

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 $\hat{\tau}_i^* =$
 $(\tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau}),$ Y_{ij} (Variable dependiente) $= (\mu_{(Media)} +$
 $\bar{\tau}) + (\tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau}) + e_{ij}$ (Error experimental) tal que se
tiene el modelo reparametrizado Y_{ij} (Variable dependiente) $= \mu^* + \hat{\tau}_i^* +$
 e_{ij} (Error experimental) $\Rightarrow \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = 0 \Rightarrow \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* =$
 $\sum_{i=1}^t n_i (\tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \bar{\tau}) =$
 $\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} - \sum_{i=1}^t n_i \bar{\tau} =$

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

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

$\sum_{i=1}^t n_i \tau_i \text{ (Efecto de } i\text{-ésimo tratamiento)} = 0$ e indica que se entra a matriz de rango completo, tal que las ecuaciones normales del modelo reparametrizado son

$$n\hat{\mu}^* + \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = Y_{..} \text{ y } n\hat{\mu}^* + n\hat{\tau}_i^* = Y_{i.} \text{ tal que si } \sum_{i=1}^t n_i \hat{\tau}_i^* = 0 \Rightarrow \hat{\mu}^* = \frac{Y_{..}}{n} =$$

$$\bar{Y} = \bar{Y}_{..} \text{ y, también, } \hat{\tau}_i^* = \frac{Y_{i.}}{n} - \bar{Y} = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}.$$

$$\text{Además, } e_{ij} = Y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\tau}_i = Y_{ij} - \bar{Y} - (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}) = Y_{ij} - \bar{Y} - \bar{Y}_{i.} + \bar{Y} = Y_{ij} -$$

$\bar{Y}_{i.}$. En modelo Y_{ij} (Variable dependiente) = $\mu^* + \tau_i^* + e_{ij}$ (Error experimental) se

reemplazan estimadores tal que Y_{ij} (Variable dependiente) = $\bar{Y} + (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}) + (Y_{ij} -$

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

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

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

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

$$\bar{Y}_{i.}) =$$

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

$$\therefore \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} \text{ (Variable dependiente)} - \bar{Y})^2}{\text{(Variación Total o Suma de Cuadrados del Total)}} =$$

$$\frac{n \sum_{i=1}^t (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y})^2}{\text{(Variación Explicada o Suma de Cuadrados de Tratamientos)}} +$$

$$\frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{\text{(Variación No Explicada o Suma de Cuadrados del Error)}}$$

CAPÍTULO 1. DISEÑOS: DCA-DIA-DCR

También, la suma atribuible a suma de cuadrados $\mu = \hat{\mu}Y_{..} = \left(\frac{Y_{..}}{n_i}\right)Y_{..} = \frac{Y_{..}^2}{tn} =$

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

τ_i (Efecto de i-ésimo tratamiento) $= \hat{\tau}_i Y_{i.} \Rightarrow \hat{\tau}_i Y_{i.} = \left(\frac{Y_{i.}}{n_i} - \frac{Y_{..}}{n}\right) Y_{i.} = \frac{Y_{i.}^2}{n} - \frac{Y_{..}^2}{tn} =$

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

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

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

(Variación Total o Suma de Cuadrados del Total)

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

(Variación Explicada o Suma de Cuadrados de Tratamientos) +

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

(Variación No Explicada o Suma de Cuadrados del Error) se puede expresar

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

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

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

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 $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (\bar{Y}_i - \bar{\bar{Y}})^2 = \sum \sum (\bar{Y}_i^2 + \bar{\bar{Y}}^2 - 2\bar{Y}_i \bar{\bar{Y}}) = n \sum \bar{Y}_i^2 + tn \bar{\bar{Y}}^2 - 2 \sum \bar{Y}_i \bar{\bar{Y}} = n \sum \frac{(\sum Y_{ij})^2}{n^2} + tn \frac{(\sum Y_{ij})^2}{(tn)^2} - 2n \frac{(\sum Y_{ij})}{n} \frac{(\sum Y_{ij})}{tn} = \frac{\sum (\sum Y_{ij})^2}{n} + \frac{(\sum Y_{ij})^2}{tn} - 2 \frac{(\sum \sum Y_{ij})^2}{tn} = \frac{\sum Y_i^2}{n} - \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij})^2}{tn}$; 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 $\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2 = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^n Y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i=1}^t Y_i^2}{n}$.

1.3. Cuadro comparativo

Diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR)		
Ventajas	Desventajas	Usos
Sencillo panificar.	No se puede controlar el error experimental; por lo tanto, no es un diseño muy preciso.	Útil en ensayos de laboratorio o invernadero, donde las diferencias entre unidades experimentales son insignificantes.
Existe más grado de libertad para estimar el error experimental.	Cuando se tiene diferente número de replicaciones por tratamiento, es necesario calcular un error estándar por cada pareja de medias si se requiere comparar sus diferencias.	
Flexible en cuanto a número de replicaciones y tratamientos.		
Puede tener diferente número de replicaciones por tratamiento sin que el análisis se complique.	Apropiado para pequeño número de tratamientos y para un material experimental homogéneo.	Se usa en ciertos tipos de experimentos con animales.
Útil cuando las unidades experimentales tienen una variabilidad uniforme repartida.		
Cuando se pierde alguna parcela experimental se puede considerar que tenía diferente número de replicaciones por tratamiento.	Debido a que las fuentes de variación no asociadas a tratamientos o niveles del factor en estudio, están incluidas en residuo como variación del azar, la buena	No se usa en experimentos del campo dado que no da facilidades para controlar el error experimental.

Diseño Completo Al Azar (DCA), Irrestricto al Azar (DIA) o Diseño Completamente Randomizado (DCR)		
Ventajas	Desventajas	Usos
Error experimental puede obtenerse separadamente por cada tratamiento para comprobar la suposición de homogeneidad del error.	precisión de análisis se ve comprometida.	

Su ANOVA es:

Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA)					
F. de V (Factor de VF (Variation factor	Gl (Grados de Li o Df (Degrees of f	SC (Suma de Cua o Sum Sq (Sum o	CM (Cuadrado M o Mean Sq (Mean	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 numer}	$\sum_1^t \left(\sum_1^r X \right)^2 / r$	SC/gl (numera	$\frac{C. M. \cdot \text{Trat}}{C. M. \cdot \text{Error}}$	$\frac{gl(\text{numera}}{gl(\text{denomin$
Intragrupo o Error	t(r - 1) _{(gl denomin}	Total- Tratamiento	SC/gl (denomin		

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

Análisis de Varianza o ANOVA para Diseño Completamente al Azar (DCA)					
F. de V _(Factor) VF _(Variation factor)	Gl _(Grados de libertad)	SC _(Sum of Squares) Sum Sq _(Sum of Squares)	CM _(Cuadrado Medio) Mean Sq _(Mean Square)	F _(calculada) F value _(Calculated)	F _(tablas)
Total	$(rt - 1)$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r Y_{ij}^2 - \left[\frac{Y_{..}^2}{(tr)} \right]$			
Intergrupo o Tratamiento	$(t - 1)_{(gl \text{ numerador})}$	$\frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{r} - \frac{Y_{..}^2}{(tr)}$	$SC/gl_{(numerador)}$	$\frac{C. M. \cdot \text{Trat}}{C. M. \cdot \text{Error}}$	$\frac{gl_{(numerador)}}{gl_{(denominador)}}$
Intragrupo o Error	$t(r - 1)_{(gl \text{ denominador})}$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r Y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i=1}^t Y_{i.}^2}{r}$	$SC/gl_{(denominador)}$		

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.

- g) Interpretar la ANOVA con base en el 3er criterio de lectura de ADEVA:
Comparación del valor de $|F_{\text{Calculado}}|$ respecto al valor de $|F_{\text{Tablas}}|$.
- h) Interpretar la ANOVA con base en el 4to criterio de lectura de ADEVA:
Valor de ρ – Value_(Rho value).
- i) 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 $\alpha = 0.01$).

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

Variación 1

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)	
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)	

Programación de software R	Observaciones o comentarios
<pre>longitud <- c(Iris.setosa, Iris.versicolor, Iris.virginica) especie <- rep(1:3, each = 15) 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)</pre>	Comando que indica aov = ANOVA 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. 2do criterio de lectura para ANOVAS: $C_{MedioTratamientos} > C_{MedioError}$. 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, Marchal y Mason 2004): a) Si $\rho < 0.10$ tiene alguna evidencia que H_0 no es verdadera.

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

Programación de software R	Observaciones o comentarios
library(agricolae)	Con base en (Mendiburu 2007), es necesario instalar el comando "agricolae" mediante "install.packages("agricolae")" para

Programación de software R	Observaciones o comentarios
	hacer las siguientes pruebas de medias de tratamientos:
<pre>model <- aov(longitud ~ especie)</pre>	
<pre>LSD.test(model, "especie", console=TRUE)</pre>	La prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS, LSD, t de Fisher ó Least Significant Difference) indica que <u>B. bassiana</u> . Bb (grupo a) tiene, con valor medio 4073335000, mayor porcentaje de patogenicidad que el hongo <u>M. anisopliae</u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.
<pre>LSD.test(model, "especie", group=T, p.adj="bon", console=TRUE)</pre>	La prueba de Bonferroni 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.
Prueba de Dunnett o DHS	

Programación de software R	Observaciones o comentarios
<pre>duncan.test(model, "especie", console=TRUE)</pre>	La prueba de Duncan o Rangos Múltiples de Duncan 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.
<pre>SNK.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)</pre>	La prueba de Student-Newman-Keuls (SNK) o Método de Keul 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, significativa.
<pre>REGW.test(model, "especie", group=FALSE, console=TRUE)</pre>	La prueba de Prueba Ryan, Einot and Gabriel and Welsch 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.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
<pre>outHSD <- HSD.test(model, "especie", console=TRUE)</pre>	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.
<pre>outWaller <- waller.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)</pre>	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.
<pre>scheffe.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)</pre>	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.</u>

Programación de software R	Observaciones o comentarios
	<u><i>anisopliae</i></u> . Ma (grupo b), con valor medio 569000000.

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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

Variación 1

```
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)
```

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)
```

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)
```

CAPÍTULO 1. DISEÑOS: DCA-DIA-DCR

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```


1.5. Aplicaciones

Aplicación 1

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

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)

Programación de software R	Observaciones o comentarios
library(agricolae)	Con base en (Mendiburu 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.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
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).

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

Aplicación 2

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

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)
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)
```

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, 35)
Trat3 <- c(30, 31, 33, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 32)
Trat4 <- c(45, 44, 42, 41, 39, 38, NA, NA, NA, NA, NA, NA, 40)
Trat5 <- c(35, 32, 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)
```

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)
```

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)
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)
```

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)
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)
```

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)
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)
```

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.

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)
```

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)
```

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)
```


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)
```

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)
```

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)
```

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:

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)
```

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)
```

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:

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)
```

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)
```

Aplicación 5

Un Ingeniero Agrónomo peso (Gr) óbitos, ciruela, jobo, xocote, ciruela de huesito, jocote o cocota (Spondias purpurea) de muestras obtenidas en 7 puntos de ventas.

```
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)
```



EDITORIAL ANDES COGNITIO

CAPÍTULO II

PRODUCCIÓN DE ZETAS



CAPÍTULO II

PRODUCCIÓN DE ZETAS

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

2.1. ANOVA sobre Tiempo de Aparición de Primordios (TAP)

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

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

Programación de software R	Observaciones o comentarios
library(agricolae)	Con base en (Mendiburu 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.

Programación de software R	Observaciones o comentarios
<code>scheffe.test(model, "especie", group=TRUE, console=TRUE)</code>	Prueba de Scheffé (Scheffé's Test).

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)
```

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)
```


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)
```

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)
```

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)

Variación 1

```
Trat1 <- c(6, 4, 3)
Trat2 <- c(5, 5, 6)
Trat3 <- c(3, 3, 4)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

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

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)
```

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)

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```


CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

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

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)

Variación 1

```
Trat1 <- c(5.3, 5.0, 5.1)
Trat2 <- c(5.2, 5.4, 5.7)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

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)

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)
```

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)
```

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)
```

Variación 4

```
trat1 <- c(270, 210, 360)
trat2 <- c(480, 420, 580)
trat3 <- c(280, 330, 360)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

Variación 6g

```
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)

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)
```

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)
```

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)
```


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)
```

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)
```

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)

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)
```

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)
```

Variación 3

```
trat1 <- c(22.50, 34.28)
trat2 <- c(51.21, 57.42)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
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)
```

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)
```

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)
```

CAPÍTULO 2. PRODUCCIÓN DE ZETAS

```
plot(tp ~ trata)
g.lm <- lm(tp ~ trata)
anova(g.lm)
lm(tp ~ trata)
summary(g.lm)
```

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)
```

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)
```

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)
```



EDITORIAL ANDES COGNITIO

CAPÍTULO III

TRATAMIENTOS CON REPETICIÓN: Fundamentos y Laboratorio

CHAPTER

TREATMENTS WITH REPETITION:

Fundamentals and Laboratory



CAPÍTULO III

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:

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

Los rendimientos de materia seca en Kg. se presentan:

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 realizó un experimento para evaluar cinco variedades de trigo harinero (Tratamientos: T1 = Cibambe; T2= INIAP Cojitambo; T3 = INIAP Shalao; T4 = INIAP Mirador y T5 = UEB Carnavalero). Las condiciones del lote fueron homogéneas. Se tuvieron tres repeticiones. El sorteo de los tratamientos fue completamente al azar. Estimar:

3.2.1. La variable que se midió fue la altura de plantas en cm:

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)
Carnavalero <- 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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```


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)
```

3.2.7. La variable que se midió fue rendimiento de trigo en kg/parcela:

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```



EDITORIAL ANDES COGNITIO

CAPÍTULO IV

APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS



CAPÍTULO IV

APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

4.1. Cultivo de arroz

Se realizó un experimento para evaluar cinco dosis 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). Se tuvieron tres repeticiones. La variable que se midió fue el rendimiento de arroz en kg/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.

Variación 1

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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.

Variación 1

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 realizó un experimento para evaluar seis variedades de soya. Se tuvieron seis tratamientos con tres repeticiones. La variable que se midió fue el rendimiento de soya en Kg/parcela en 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.

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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.

Variación 1

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 realizó un experimento para evaluar 11 accesiones de Quinua (tratamientos) con tres repeticiones. Para generar información más consistente, se replicó este mismo experimento en dos localidades.

4.3.1. Resultados promedios de los tratamientos en variable diámetro de panojas de Quinua en Cm en localidad Laguacoto en año 2014.

Variación 1

```
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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 4. APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

```
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)
```

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)
```

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)
```

CAPÍTULO 4. APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

```
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)
```


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)
```

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)
```

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"))
```

CAPÍTULO 4. APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

```
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)
```

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)
```

CAPÍTULO 4. APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

```
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)
```

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. Aplicación agronómicas generales

Se realizó un experimento para evaluar cuatro raciones (Tratamientos) alimenticias para alimentación de cerdos. Las raciones alimenticias, se evaluaron en 9 cerdos (repeticiones). La variable que se midió fue el incremento de peso final en Kg/cerdo.

4.4.1. Resultados del experimento con cerdos. Peso en Kg/cerdo en año 2012.

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)
```

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)
```


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)
```

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)
```

CAPÍTULO 4. APLICACIONES EN CULTIVOS AGRÍCOLAS

```
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)
```

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.

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 realizó un experimento para evaluar seis híbridos de maíz duro en dos localidades del Cantón Montalvo (Experimento combinado en dos localidades). Se tuvieron tres repeticiones. La variable que se midió fue el rendimiento de maíz en Kg/parcela.

4.5.1. Resultados promedios de maíz al 13% de humedad en Kg/parcela como efecto de los tratamientos en la Localidad uno.

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("l1t1", "l1t2", "l1t3", "l1t4", "l1t5",
                                "l1t6"))
trata <- gl(6, 3, 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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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.

Variación 1

```
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)
```

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)
```


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)
```

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)
```

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("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)
```

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)
```



EDITORIAL ANDES COGNITIO

CAPÍTULO V

APLICACIONES EN PROCESOS QUÍMICOS E INDUSTRIALES



CAPÍTULO V

APLICACIONES EN PROCESOS QUÍMICOS E INDUSTRIALES

5.1. Aplicación. Azufre

Se han hecho aplicaciones de azufre (S) al suelo, dos dosis: (primavera y otoño) para controlar la pudrición susceptible en la papa. Se hicieron 4 parcelas para cada tratamiento, más una no tratada (control) con 4 repeticiones en cada época. Los datos están expresados como % de pudrición en 100 papas. (Se dan los valores promedio).

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 de un proceso experimental cuyo propósito fue medir el incremento del peso en granos de cinco lechones de la raza “Duroc” con tres dietas, en un estado y en Tumbaco, Pichincha en 2016.

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 (lugar donde se reduce a metal el mineral de hierro o donde está instalada la fragua) se usan varios hornos para calentar muestras de metal. Se supone que todos los hornos operan a la misma temperatura. Aunque, se sospecha que quizás esto probablemente no sea verdad. Se escogieron aleatoriamente tres hornos y se anotaron sus temperaturas en sucesivos calentamientos, obteniéndose las respectivas observaciones:

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)

```

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 de textiles dispone de un gran número de telares. En principio, se supone que cada uno de ellos debe producir la misma cantidad de tela por unidad de tiempo. Para investigar esta suposición se seleccionan al azar cinco telares, se mide la cantidad de tela producida en cinco ocasiones diferentes y se muestran enseguida:

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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)
```

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 N0. 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*. Caracas, 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). *Estrategias 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 1. 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, Environmental, 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 Company.

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*. Obtenido de 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 Python 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*. Obtenido de Optimización global: http://www.dma.uvigo.es/~aurea/Optimizaci%C3%B3n_global.pdf?fbcl

id=IwAR1z2kTahmpEcDLkOYNhhObwwxDVviGT62FDMF6uGU1b
yE4MU39bTK_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 Environments. *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.: McGraw-Hill 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 Igarsa. Paracuellos de Jarama, Madrid, España: Rama 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*. Obtenido de 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 Prensa.
- 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.

Trívez, 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 Nueva Granada.

- Vásquez, A. V. (2014). *Diseños Experimentales con SAS*. Cajamarca, Perú: CONCYTEC FONDECYT.
- Vega, G. C. (05 de Mayo de 2021). *IESIP*. Obtenido de iesip.edu.ve: <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.



EDITORIAL ANDES COGNITIO



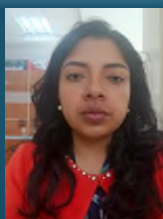
Moisés Arreguín Sámano

Moisés Arreguín Sámano Profesor e investigador de la Universidad Estatal de Bolívar (UEB), Ecuador.



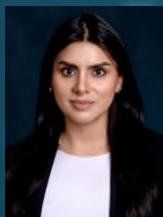
Janeth Paulina Segovia Chávez

Ingeniera en Electrónica e Instrumentación, Máster Universitario en Ingeniería Matemática y Computación, y Magíster en Tecnologías Educativas para la Gestión y Práctica Docente. Con más de quince años de experiencia en la educación superior, se desempeña en el Departamento de Ciencias Exactas de la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE. Ha desarrollado su labor académica integrando la matemática, la tecnología, la innovación y la investigación. Su trabajo se orienta a fortalecer procesos formativos inclusivos y de calidad, con el propósito de contribuir al desarrollo académico.



Lizeth Fernanda Silva Godoy

Tecnóloga en Ciencias de la Seguridad, mención Aérea y Terrestre, por el Instituto Tecnológico Superior Aeronáutico de la ciudad de Latacunga. Obtuvo el título de Licenciada en Ciencias de la Educación, mención Ciencias Exactas, en la Universidad Nacional de Chimborazo, Riobamba, y el grado de Máster Universitario en Ingeniería Matemática y Computación en la Universidad Internacional de La Rioja, España. Actualmente, se desempeña como Profesora Ocasional 2 (TC) en el Departamento de Ciencias Exactas de la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, sede Latacunga



Carolina Valeria Llanga Cruz

Arquitecta con Maestría en Matemática Aplicada, mención en Matemática Computacional. Experta en aseguramiento de la calidad educativa, con amplia experiencia como analista técnica en evaluación institucional. Docente a tiempo completo en educación superior, con trayectoria en gestión académica, capacitación docente y supervisión de proyectos en construcción. Certificada como formadora por SETEC y par evaluador por CACES. Comprometida con la mejora continua y la innovación educativa.

ISBN: 978-9942-7408-2-3



9 789942 740823