
Comparación de diseños experimentales
en ensayos parcelarios de cebada en el
Uruguay

Informe Final de Pasantía

María Inés Berro Rovella
Licenciatura en Estadística
Facultad de Ciencias Económicas y Administración
Universidad de la República

Abril, 2011.

Documento maquetado con T_EX_S v.1.0+.

Comparación de diseños experimentales en ensayos parcelarios de cebada en el Uruguay

Tutoras:

MSc. Laura Nalbarte y PhD. Lucía Gutierrez

**Licenciatura en Estadística
Facultad de Ciencias Económicas y Administración
Universidad de la República**

Abril, 2011.

Copyright © María Inés Berro Rovella

Resumen

Los diseños experimentales de bloques completos al azar son los comúnmente utilizados en ensayos de agricultura. Sin embargo, la heterogeneidad entre parcelas puede causar baja precisión en las comparaciones entre las medias de los tratamientos. Este problema se magnifica en ensayos donde el número de tratamientos a comparar es grande. Diseños de bloques incompletos o diseños columna-hilera han sido propuestos como alternativos para incrementar la precisión en estos casos. Estos diseños mejoran las comparaciones por controlar mayor heterogeneidad entre las unidades experimentales. De todos modos, estos diseños no han sido muy utilizados por los investigadores debido a su mayor complejidad en la aleatorización y en los análisis. El objetivo de este trabajo fue comparar la eficiencia de varios diseños experimentales en un ensayo de variedades de cebada. Se comparó la eficiencia relativa del diseño de bloques completos al azar contra dos diseños de bloques incompletos y un diseño columna-hilera. Los datos provienen de un ensayo que fue concebido como un diseño columna-hilera con tres bloques en dos localidades en Uruguay. Se testearon 358 genotipos de cebada provenientes de diferentes programas de mejoramiento genético, a los cuales se les midieron 8 variables relacionadas con rendimiento y calidad de grano. Se ajustaron los cuatro modelos para cada una de estas variables. La selección de modelos se realizó mediante la comparación de: el Test de Razón de Verosimilitud (LRT) usando el modelo asociado a bloques completos en la hipótesis nula, Bayesian Information Criterion (BIC), el Cuadrado Medio del Error (CMEE), un Factor de Eficiencia (FE) y la Diferencia Mínima significativa (DMS). El LRT detectó diferencias significativas entre el modelo asociado al diseño de bloques incompletos y el modelo asociado al diseño en bloques completos al azar, para la variable altura de planta. Para el resto de las variables el test de razón de verosimilitud no arrojó diferencias significativas entre los modelos, por lo que el diseño más eficiente para estas variables según este criterio resultó ser el diseño de bloques completos. Por otro lado, los otros criterios de selección mostraron valores menores para todos los modelos asociados al diseño columna-hilera, sugiriendo a este diseño como el más eficiente. No obstante, las diferencias entre los valores arrojados por dichos criterios respecto a los otros modelos son pequeñas. Por lo tanto, el diseño columna hilera no resultó ser más eficiente respecto a los otros tres

diseños analizados. En estudios donde se pretenda medir muchas variables al mismo tiempo, puede ser que el diseño elegido no sea el más eficiente para el conjunto de las variables, y es posible que se pierda precisión para alguna de ellas. Finalmente se realizó el diagnóstico de los modelos que resultaron ser los más eficientes y también a los modelos asociados al diseño columna-hilera. Para los primeros se encontró que el supuesto de normalidad de los residuos no se cumple en ninguno y el de homocedasticidad solo en uno de los seis modelos analizados. Para los modelos columna-hilera los residuos no resultaron ser normales y el supuesto de homocedasticidad se cumple para dos de los seis modelos. Es evidente que estos modelos no son del todo correctos para analizar estos datos. No obstante, no se espera que el no cumplimiento de los supuestos influya en la comparación de la eficiencia de los diseños. Al final del trabajo se proponen nuevas hipótesis para seguir trabajando con el objetivo de encontrar modelos que ajusten correctamente.

Índice

| | |
|--|-----------|
| Resumen | v |
| 1. Introducción | 1 |
| 1.1. Introducción | 1 |
| 2. Objetivos | 3 |
| 2.1. Objetivos | 3 |
| 3. Marco Teórico Agronómico | 5 |
| 3.1. Germoplasma, diversidad y mejoramiento. | 5 |
| 3.2. Cebada | 7 |
| 4. Marco teórico Estadístico | 9 |
| 4.1. Diseño experimental | 9 |
| 4.1.1. Principios de diseños de experimentos | 10 |
| 4.1.2. Algunas definiciones | 10 |
| 4.1.3. Componentes del diseño experimental | 11 |
| 4.2. Algunos diseños experimentales | 12 |
| 4.2.1. Diseño de bloques completos al azar. | 12 |
| 4.2.2. Diseño de bloques incompletos | 13 |
| 4.2.3. Diseño de Columna-Hilera | 14 |
| 4.2.4. Comparación de diseños de bloques incompletos y de bloques completos al azar. | 15 |
| 4.3. Modelos lineales generales | 17 |
| 4.3.1. Modelos fijos | 17 |
| 4.3.2. Modelos mixtos | 17 |
| 4.3.3. Estimación basada en la verosimilitud | 17 |
| 4.4. Criterios de selección de modelos | 21 |
| 4.5. Antecedentes en comparación de modelos para diseños de experimentos. | 24 |
| 5. Análisis descriptivo | 27 |

| | |
|---|-----------|
| 5.1. El ensayo y los datos | 27 |
| 5.2. Distribución de las variables de respuesta | 29 |
| 6. Análisis de resultados | 33 |
| 6.1. Análisis de resultados | 33 |
| 6.2. Diagnóstico | 38 |
| 6.3. Síntesis del trabajo | 45 |
| 7. Conclusiones y propuestas | 47 |
| 7.1. Conclusiones | 47 |
| 7.2. Propuestas | 48 |
| 8. Apéndice 1: Análisis de varianza y estimación de componentes de varianza por variable | 51 |
| 9. Apéndice 2: Test de Levene modificado. | 59 |

Índice de figuras

| | |
|--|----|
| 5.1. Diagramas de caja de las seis variables medidas en el ensayo de cebada. | 30 |
| 5.2. Diagramas de caja de las seis variables medidas en el ensayo de cebada, por localidad y bloque. | 32 |
| 6.1. Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables YLD y DTA de los modelos asociados al diseño RCBD y para la variable HTOT asociado al diseño IBDC. | 39 |
| 6.2. Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables BWT, NTIL y NSPK de los modelos asociados al diseño RCBD. | 40 |
| 6.3. Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables YLD, DTA y HTOT para el modelo asociado al diseño RC-D. | 43 |
| 6.4. Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables BWT, NTIL y NSPK para el modelo asociado al diseño RC-D. | 44 |

Índice de Tablas

| | |
|---|----|
| 4.1. Número de ensayos y factor de eficiencia promedio agrupados por cultivo en el estudio de Seeger y Kjeller (1988). | 24 |
| 4.2. Número de ensayos y eficiencia promedio agrupadas por el coeficiente de variación en el análisis del diseño en bloques completos para el estudio de Seeger y Kjeller (1988). | 25 |
| 4.3. Varianzas promedio de la diferencia entre dos medias y el factor de eficiencia comparando el diseño de bloques completos con los tres diseños para los dos conjuntos de datos en el estudio de Lin et al.(1993). | 26 |
| 5.1. Abreviación utilizada para las variables medidas en el ensayo de cebada. | 28 |
| 5.2. Frecuencia de datos faltantes de las variables por bloque y localidad en el ensayo de cebada | 29 |
| 5.3. Medidas de resumen de las seis variables, por bloque y localidad. | 31 |
| 6.1. Abreviación de los modelos ajustados para las seis variables. . | 34 |
| 6.2. Valores del estadístico del test de razón de verosimilitud, utilizando en la H_0 el diseño RCBD, para todas las variables. . . | 35 |
| 6.3. Valores del criterio de selección BIC para todos los modelos. . | 36 |
| 6.4. Valores del criterio de selección CMEE para todos los modelos. | 36 |
| 6.5. Valores de la diferencia mínima significativa entre las medias de dos tratamientos para todos los modelos. | 37 |
| 6.6. Valores del factor de eficiencia respecto al diseño en bloques completos para todos los modelos | 37 |
| 6.7. Test de diagnóstico para los modelos asociados a los diseños que resultaron ser más eficientes. | 41 |
| 6.8. Test de diagnóstico para los modelos asociados al diseño columna-hilera | 42 |
| 8.1. Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Rendimiento (YLD) | 52 |

| | | |
|------|---|----|
| 8.2. | Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Días a floración (DTA) | 53 |
| 8.3. | Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Altura de planta (HTOT) | 54 |
| 8.4. | Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Peso de materia verde (BWT) | 55 |
| 8.5. | Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Número de macollos(NTIL) | 56 |
| 8.6. | Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Número de espigas (NSPK) | 57 |

Capítulo 1

Introducción

1.1. Introducción

La cebada (*Hordeum vulgare L.*) es una de las especies más importantes del mundo. Fue uno de los primeros cultivos en ser domesticados hace 10.000 años (Harlan, 1971, citado por Gutierrez, et al., 2009) y hace más de cien años que es cultivada de manera intensiva (van Hintum, 1994; citado por Gutierrez, et al., 2009). A pesar del largo tiempo que hace que es cultivada por el hombre, todavía es un cultivo muy diverso y se adapta a muchas condiciones ambientales (Hayes et al., 2003, citado por Gutierrez, et al., 2009) incluyendo tolerancia al frío, a la sequía y a condiciones de salinidad y alcalinidad (Gutierrez, et al., 2009). La cebada en Uruguay es el segundo cultivo en importancia entre las opciones de invierno y el tercer cultivo de secano en cuanto a área (URUGUAY.MGAP. DIEA, 2007). El destino principal del grano es la producción de malta para la exportación. En consecuencia, la calidad del grano remitido por los productores a la industria maltera es un elemento clave en esta cadena agroindustrial. Esto lleva a que la comercialización de la cebada en Uruguay se de bajo la modalidad de contrato entre el agricultor y la industria (Abeledo, 2006).

Las evaluaciones para comparar diferentes tratamientos se realizan en ensayos en el campo que en general son llevados a cabo con diseños experimentales de bloques completos al azar (Brownie et al, 1993). El objetivo del bloqueo es controlar la heterogeneidad del material del ensayo, asegurando que dentro de cada bloque los tratamientos sean evaluados en similares condiciones tanto ambientales como operacionales o de manejo, y así obtener buenas estimaciones de los efectos de los tratamientos, además de mejorar la precisión del ensayo. En ensayos donde se prueba un número grande de tratamientos, es necesario utilizar bloques más grandes y cuanto más grande el tamaño de los mismos se espera que mayor sea la heterogeneidad dentro. Los diseños en bloques incompletos (IBD por su nombre en ingles) a una o

dos vías y en diferentes arreglos, han sido propuestos como métodos alternativos para incrementar la precisión en estos casos. Estos diseños mejoran las comparaciones por controlar aún más la heterogeneidad en las unidades experimentales (Patterson et al., 1978). De todos modos, estos diseños han sido poco utilizados por los investigadores debido a su mayor complejidad en la aleatorización de los tratamientos y en los análisis de resultados. Adicionalmente, la pérdida de grados de libertad en la aleatorización puede hacer que no sean estos diseños los más eficientes para todas las situaciones.

La elección del diseño del experimento es muy importante ya que de ésta depende la precisión del mismo y las conclusiones a las que se pueda llegar.

El presente trabajo tiene como objetivo la comparación de diseños de experimentos en bloques incompletos con diferentes arreglos. Para ello se utilizaron los datos de un ensayo realizado en 2005 donde se evaluaron líneas avanzadas de cebada con el objetivo de analizar su diversidad genética. El presente documento está estructurado en 7 capítulos y un anexo estadístico. En el siguiente capítulo se describen los objetivos originales del ensayo de cebada instalado en 2005, así como los objetivos particulares de este trabajo. En los capítulos tres y cuatro se desarrolla el marco teórico del trabajo desde el punto de vista agronómico y estadístico, respectivamente y junto al último se presenta una sistematización y revisión de resultados obtenidos por otros investigadores. En el capítulo cinco se describen las características del ensayo y los datos así como también la descripción de las variables medidas. En el capítulo seis se presentan los resultados de la comparación de los modelos y el diagnóstico de los mismos. Por último en el capítulo siete se realiza una síntesis y resumen de las conclusiones del trabajo, así como también se describen consideraciones para trabajos futuros. En los anexos estadísticos se adjuntan análisis y resultados que se mencionan en el correr de los capítulos cinco y seis.

Capítulo 2

Objetivos

En este capítulo describe por un lado, los principales objetivos y algunos de los resultados obtenidos en la investigación del ensayo de cebada implementado en el año 2005. Por otro lado describen los objetivos del presente trabajo así como las hipótesis y preguntas que lo guían.

2.1. Objetivos

El objetivo del ensayo en el año 2005, fue desarrollar una metodología de evaluación de caracteres cuantitativos y marcadores moleculares compatibles con el intercambio de germoplasma en 353 genotipos de cebada, provenientes de 23 programas de mejoramiento genético, así como también la caracterización y descripción de la diversidad genética de los caracteres medidos.

El ensayo para dichos propósitos fue concebido como un diseño columna-hilera, debido al importante número de genotipos a comparar y la conocida variabilidad de los suelos en el Uruguay. Más exactamente el ensayo fue instalado en dos localidades del Uruguay, en La Estanzuela departamento de Colonia y en Young departamento de Rio Negro. En cada localidad se contó con tres bloques de 20 columnas y 20 hileras cada uno. Los 353 genotipos fueron aumentados por 5 variedades de ciclo uruguayo, haciendo un total de 358 genotipos evaluados, representando así la distribución mundial del cultivo.

A través de la estimación conjunta de la diversidad a nivel molecular y fenotípica, se lograron identificar programas de mejoramiento que podrían beneficiarse del intercambio de germoplasma, y programas de mejoramiento con características únicas deseables para conservar (Gutierrez et al, 2009).

El presente trabajo tiene como objetivo evaluar la eficiencia del diseño

planteado en el ensayo de cebada, así como también compararlo con otros tres diseños: un diseño de bloques incompletos usando como los sub-bloques las columnas, otro de bloques incompletos usando las hileras como los sub-bloques, y un diseño en bloques completos al azar. La eficiencia de los ensayos es medida en términos de la capacidad que tienen los modelos asociados a los diferentes diseños de detectar diferencias significativas entre las medias de tratamiento, dada la variable de respuesta. La evaluación se realizó para ocho de las variables medidas en el ensayo de cebada.

Las hipótesis y preguntas que guían el análisis de los datos son:

- El diseño experimental en Columna-Hilera es el más eficiente al testear un número grande de tratamientos.
¿Es el diseño en bloques completos o el diseño en bloques incompleto el más eficiente? ¿Cómo es la eficiencia de los diferentes diseños? El diseño más eficiente, ¿Cuánto más eficiente es respecto de los otros?
- Al complejizar el diseño controlando la variación de otros componentes se pierden grados de libertad. La hipótesis es que se compensa la pérdida de grados de libertad con el incremento en el control de la variabilidad.
- Existe un único diseño experimental más eficiente para todas las variables.
¿Hay un único diseño más eficiente para todos o puede variar el mejor diseño en función de las variables medidas?

Capítulo 3

Marco Teórico Agronómico

En el presente capítulo se definen los conceptos de germoplasma, diversidad genética y mejoramiento genético, desarrollando los aspectos principales de los mismos. Por último se presentan las características productivas de la cebada.

3.1. Germoplasma, diversidad y mejoramiento.

El *germoplasma* es el conjunto de genes que se transmite por la reproducción a la descendencia por medio de gametos o células reproductoras. Con el fin de conservar este material genético en cualquiera de sus formas u órganos reproductivos (semillas, esquejes, tubérculos, etc) se han establecido en el mundo los llamados "bancos de germoplasma": su misión consiste en ubicar, recolectar, conservar y caracterizar el germoplasma de las plantas que, por sus atributos son consideradas de interés prioritario para beneficio de la humanidad, además de aportar conocimiento científico orientado a la optimización de la conservación y uso de los recursos fitogenéticos (Brown, A.H.D et al, 1989).

Se entiende por *diversidad genética* a la variación de los alelos en genes dentro de cada especie, abarca a poblaciones de la misma especie o la variación genética de una población (Zamudio, 2005). La función de la diversidad genética (expresada o no en los individuos de una especie) es la de mantener una reserva de condiciones -de variación- de respuesta al medio, que permita la adaptación y la supervivencia en el futuro (Zamudio, 2005).

Se define el *mejoramiento genético* como el arte y la ciencia de mejorar o destacar las características biológicas de interés humano (Bernardo, 2002). A través de cambios en el genotipo (la constitución genética) de los individuos, se busca incrementar el rendimiento o productividad; incrementar la resistencia a agentes abióticos y bióticos adversos, la belleza, la calidad o el

rango de adaptación de las especies domésticas.

La diversidad genética es esencial para el desarrollo sustentable de los sistemas agrícolas y para el propósito del mejoramiento genético (Gepts, 2006, citado por Gutierrez et al, 2009). Un sistema agrícola sustentable requiere diversidad genética para ser estable frente a los cambios en el ambiente. A través de la introducción e intercambio de germoplasma los programas de mejoramiento se aseguran mantener los progresos genéticos, así como también poder responder ante los cambios impredecibles del ambiente (Gepts, 2006, citado por Gutierrez et al, 2009).

Dada la importancia de aumentar la variabilidad de los cultivos agrícolas en las últimas décadas ha existido una importante asignación de recursos económicos y humanos a la prospección, colección y conservación de germoplasma.

Existen muchas estrategias para conservar los recursos genéticos o el germoplasma, incluido el uso de cruzamientos entre elites conocidas a medida que avanza el ciclo del mejoramiento (Bernardo, 2002; citado por Gutierrez et al, 2009). El uso de germoplasma de élite conduce a la obtención de ganancia genética en caracteres cuantitativos, debido a la acumulación de alelos favorables (Rasmusson and Phillips, 1997; citado por Gutierrez et al, 2009). Por lo que genotipos deseables para el intercambio de germoplasma serían líneas de élite con nuevos alelos favorables en los loci de interés. Por este propósito, la evaluación y valoración continua de la diversidad y performance del germoplasma de elites es necesaria (Gutierrez et al, 2009). El intercambio de germoplasma de élite entre los programas de mejoramiento es una forma efectiva para aumentar la ganancia genética. Sin embargo, no todos los genotipos de élite tendrán buenos resultados en todos los ambientes. Los genotipos están adaptados al medio ambiente en el que fueron seleccionados y sus respuestas serán mejor en esas condiciones (Simmonds, 1991; citado por Gutierrez et al, 2009). Además, la adaptación depende directamente de los objetivos de los programas de mejoramiento y de las condiciones ambientales en los que fueron evaluados (Atlin et al. 2001; Ceccarelli, 1994; citados por Gutierrez et al, 2009).

Dada la importancia de mantener la diversidad genética para el desarrollo de los sistemas y el papel protagónico del intercambio de germoplasma sobre la conservación de dicha diversidad, es de gran relevancia la investigación en el desarrollo de métodos de evaluación de la diversidad genética entre genotipos a través de diseños experimentales apropiados.

3.2. Cebada

La cebada (*Hordeum vulgare L.*) pertenece a la familia *Gramineae*; tribu *Triticeae* y género *Hordeum*. Es una gramínea anual de ciclo invernal. Fue uno de los primeros cultivos en ser domesticados hace 10.000 años (Harlan, 1971; citado por Gutierrez et al, 2009) y hace más de cien años es cultivada de manera intensiva (van Hintum, 1994; citado por Gutierrez et al, 2009). A pesar del largo tiempo que hace que es cultivada por el hombre, todavía es un cultivo muy diverso y se adapta a muchas condiciones ambientales (Hayes et al., 2003; citado por Gutierrez et al, 2009), incluyendo tolerancia al frío, a la sequía y a condiciones de salinidad y alcalinidad (Gutierrez, et al., 2009). Dicha adaptación de la cebada a diferentes condiciones permite que este cultivo se encuentre distribuido en todo el planeta abarcando unos 90 países, tanto en regiones subtropicales como en zonas frías y altas. Siendo hoy, uno de los principales cultivos cerealeros del mundo junto con el trigo, arroz, maíz y sorgo. Ocupa 55 millones de hectáreas, lo que representa, como cultivo agrícola, el cuarto lugar en superficie del mundo luego del trigo, arroz y maíz (Castro, 1997). A pesar de su amplia distribución, la principal área y producción de cebada se concentran en el hemisferio norte. Los diez primeros países productores representan el 70 % de la producción mundial y siete de ellos están en Europa mientras que Norteamérica representa el 13 % de la producción y América del sur el 1.04 %. De ese 1.04 %, el MERCOSUR representa las tres cuartas partes (Vidal, R, 2005). El principal uso a nivel mundial de la cebada es la alimentación de animales, siendo considerado un grano de muy buena calidad, representando este destino el 67 % de la producción mundial de cebada. También es utilizada para el pastoreo directo como verdeo. El segundo destino en importancia es la producción industrial de malta, donde se destina un 17 %, que es utilizada para la producción de cerveza, bebidas destiladas y alimento humano. El restante 16 % se destina para alimento humano, principalmente en regiones donde no es posible, por razones ecológicas, la siembra de otros cereales (Vidal, R., 2005).

En Uruguay tiene como principal destino de producción el proceso de malteo, a través del cual se obtiene la malta para la posterior elaboración de cerveza (Abeledo, 2006). La calidad de la cebada malteada depende de factores genéticos de las variedades utilizadas, del manejo agrícola empleado para su cultivo, de factores ambientales y de las condiciones del malteado. Para mantener su competitividad, las malterías influyen en todos los aspectos del proceso de producción. Esto lleva a que la comercialización de la cebada en Uruguay se da bajo la modalidad de contrato entre el agricultor y la industria. A través del mismo, la industria brinda asistencia técnica, provee de semillas elegidas de acuerdo con el tipo de malta a producir y se compromete en la compra de su producción. Existe así una integración vertical del complejo agroindustrial cebada-malta que facilita una gestión integral

de la calidad del producto y la programación de las campañas agrícolas en función de las demandas estimadas (Abeledo, 2006).

Capítulo 4

Marco teórico Estadístico

En este capítulo se desarrollan los principales conceptos estadísticos del diseño experimental. Primero se describen los aspectos principales de los diseños, y de los modelos estadísticos asociados a los cuatro diseños a comparar en el presente trabajo. Luego se describe el modelo lineal del cual provienen los modelos analizados y su método de estimación. Por otra parte se presentan los criterios de selección de modelos utilizados en la comparación de los diseños. Por último, se presenta una revisión y sistematización de tres artículos que por un lado presentan la problemática de la variación entre unidades experimentales en ensayos de mejoramiento genético y por otro evalúan la eficiencia de algunos diseños experimentales.

4.1. Diseño experimental

En el estudio experimental de un fenómeno se plantea una hipótesis para cuya prueba se diseña un procedimiento de ejecución, un diseño de experimento. Un experimento puede ser pensado como una prueba que se realiza sobre un proceso o fenómeno en donde intervienen un conjunto de variables de entrada y como resultado se obtiene una variable de salida (Montgomery, 2005). Dado que la realidad en la que se encuentra el experimento es compleja y que da lugar a la existencia de una infinidad de factores que pueden afectar al proceso, para estudiar el fenómeno se realiza una simplificación de los factores considerando los aspectos que tienen mayor importancia. Los factores de menor incidencia o escaso impacto no son incluidos en el experimento y por lo tanto contribuyen a la variabilidad en las medidas obtenidas para cada unidad de estudio.

4.1.1. Principios de diseños de experimentos

Los principios básicos del diseño de experimentos generan el soporte sobre el que se construyen las técnicas de análisis. Los tres principios del diseño de experimentos planteados por Fisher son: la repetición, la aleatorización y el control local (Montgomery, 2005).

La repetición implica estudiar al menos dos unidades de insumo similares bajo las mismas condiciones controladas del proceso. De esta forma es posible por un lado obtener una estimación del error experimental, ya que el proceso no produce exactamente el mismo resultado por unidades similares. Sin la repetición no se podría distinguir al observar un resultado en el proceso, si la causa de ese resultado es la unidad de experimentación o el proceso que se le aplicó a esa unidad. A su vez, cuando se utilizan medias muestrales para estimar el efecto de un factor en el experimento, la repetición permite obtener una estimación más precisa de ese efecto (Montgomery, 2005).

Por aleatorización se entiende que tanto la asignación del material experimental, como el orden en que se realizan los ensayos del experimento se determinan al azar (Montgomery, 2005). Esto se hace buscando evitar sesgos introducidos en la elección de las unidades, y así al momento de hacer comparaciones entre las medias de tratamientos asegurarse que ninguna se vea favorecida o perjudicada sistemáticamente por alguna fuente extraña de variación. Además, uno de los supuestos de los modelos estadísticos es que los errores sean variables aleatorias independientes. La aleatorización hace que este supuesto se cumpla (Montgomery, 2005).

El control local de la variación se realiza para mejorar la precisión de las comparaciones que se hacen entre las medias de tratamientos de interés. Consiste en controlar aquellos aspectos que puedan generar confusión en el resultado del proceso. El error experimental es todo lo que no es debido a la variación entre los efectos de tratamiento. Si se identifican otras fuentes de variación que no provienen de los tratamientos, éstas se deben controlar imponiendo restricciones en la aleatorización con el fin de que el error experimental sea reducido al mínimo posible (Montgomery, 2005).

4.1.2. Algunas definiciones

En diseño de experimentos se denominan *factores* a los aspectos que influyen sobre el proceso. Los factores pueden ser controlados, cuando el experimentador tiene un rol activo sobre ellos y es él quien determina si se aplica tal o cual factor; o pueden ser no controlados. Además los factores controlados pueden ser de interés o no para la investigación. Los factores

que son de interés son aquellos sobre los cuales se quiere realizar inferencias, mientras los que no son de interés están asociados al control local o bloqueo, si no fueran considerados no se estaría cumpliendo con el tercer principio del diseño experimental (Montgomery, 2005).

Se llama *nivel* a cada una de las intensidades probadas de los factores, y *tratamiento* a la combinación de los diferentes niveles de cada factor.

A cada objeto o sujeto sobre el cual se aplica un tratamiento se lo denomina *unidad experimental*, es la mínima unidad de análisis. Cuando las unidades experimentales son heterogéneas entre sí se las suele agrupar en *bloques*.

Luego de aplicar los tratamientos a las unidades experimentales, se mide una variable de interés denominada *variable de respuesta*.

El elemento clave del análisis estadístico es la variabilidad que presenta la variable de respuesta, y cómo la misma puede ser descompuesta en diversas fuentes. Se llama variación total a la variabilidad que presenta el fenómeno estudiado en el proceso, que se divide en dos fuentes. Por un lado en variabilidad atribuida a los factores controlados, ya sean de interés o no. Por otro lado está la que tiene su origen en la variabilidad natural de las unidades experimentales, que se denomina componente residual.

Como se plantea en Cugliari (2007) el *Diseño Estadístico de Experimentos* es el proceso de planificar un experimento. Esto es, elegir las unidades experimentales, los factores, las combinaciones de los mismos, la asignación aleatoria de los tratamientos a las unidades, la creación o no de grupos con el fin de controlar variabilidad, y de analizar luego sus resultados mediante técnicas estadísticas, identificando las fuentes de variación del proceso estudiado, tanto sistemáticas como las aleatorias, y lograr discernir si las diferencias en los datos se producen por el azar de la muestra o por la existencia de diferencias verdaderas entre los tratamientos.

4.1.3. Componentes del diseño experimental

Todo diseño experimental puede ser examinado como la conjunción de tres componentes: la estructura del diseño, la estructura de los tratamientos y el esquema de aleatorización (Cugliari, 2007).

El primero de los componentes, la estructura del diseño, refiere a la manera de considerar las unidades experimentales, esto es si se deben agrupar las unidades experimentales y cómo se debe hacerlo.

El segundo componente, la estructura de los tratamientos considera el número de factores de interés a ser estudiados, los niveles que toman los mismos, y los cruzamientos entre los niveles de los distintos factores. La complejidad de la estructura de los tratamientos crece con el número de tratamientos, la presencia de tratamientos de control o restricciones técnicas que no permitan probar todos los cruzamientos en los factores. Los factores pueden ser definidos como fijos o aleatorios, los primeros son cuando los niveles de los factores utilizados por el experimentador son los niveles de interés específicos. Esto implica que las inferencias estadísticas que se hagan sobre estos factores están limitadas a estos niveles específicos estudiados (Montgomery, 2005).

En algunas situaciones, los niveles de los factores se eligen al azar de una población con gran número de posibles niveles, ya que las conclusiones que interesan sacar son acerca de toda la población y no solo de los niveles que se usaron en el diseño experimental. En esta situación se dice que los factores son aleatorios (Montgomery, 2005).

El tercer y último componente, es el esquema de aleatorización el que termina de definir el diseño de experimentos ya que es la forma en que se relaciona la estructura de los tratamientos con la estructura del diseño.

4.2. Algunos diseños experimentales

Un diseño experimental debe adecuarse al material experimental con el que se cuenta y a las clases de preguntas que desee contestar el investigador. En esta sección se describirán los diseños experimentales y sus modelos estadísticos asociados que son comparados en el presente trabajo. Estos diseños son: diseño en bloques completos al azar, diseño en bloques incompletos y diseño en columna-hilera.

4.2.1. Diseño de bloques completos al azar.

Cuando el material experimental con el que se cuenta no es completamente homogéneo, se buscará formar grupos de unidades homogéneas. El objetivo de la agrupación es controlar la variabilidad del material, de manera que los grupos sean homogéneos al interior de ellos y heterogéneos entre ellos. Se aleatorizan la asignación de los tratamientos dentro de cada grupo o bloque homogéneo, de modo que dentro de cada uno haya por lo menos una repetición de cada tratamiento. De esta manera es controlada la fuente de variación conocida que no es generada por los tratamientos.

El modelo lineal asociado a un diseño de bloques completos al azar es:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

$$\forall \quad i = 1, \dots, t, \quad j = 1, \dots, r$$

siendo y_{ij} la respuesta del i -ésimo tratamiento en el j -ésimo bloque, μ la media general, τ_i el efecto del i -ésimo tratamiento, β_j el efecto del j -ésimo bloque y ϵ_{ij} variables aleatorias asociadas al i -ésimo tratamiento y a la j -ésima unidad experimental; se suponen independientes e idénticamente distribuidas, $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$. Se asume que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

Para la construcción de la estructura de aleatorización del diseño, primero se aleatorizan las unidades experimentales dentro de cada bloque y luego se aleatoriza la asignación de los tratamientos a las unidades experimentales.

4.2.2. Diseño de bloques incompletos

Estos diseños están arreglados en bloques o grupos que son más pequeños que una repetición completa, o sea que cada tratamiento no está presente en cada uno de los bloques. Situaciones como éstas ocurren por limitaciones del material experimental, sobre todo relacionado con el tamaño físico del bloque y con el número de tratamientos considerados. El objetivo es controlar más variabilidad de la que es posible con bloques completos al azar.

Los diseños de bloques incompletos se pueden clasificar por un lado como resolubles y no resolubles, y por otro como balanceados o parcialmente balanceados. El diseño es resoluble cuando los bloques se pueden agrupar en repeticiones completas, o sea que cada repetición compuesta de bloques incompletos contiene a todos los tratamientos una sola vez. Una característica de estos diseños es que si bien se piensan como bloques incompletos es posible analizarlos estadísticamente como en bloques completos tomando las repeticiones completas como un bloque (Cochran-Cox, 1983), esta idea se retomará más adelante. En los diseños en bloques incompletos no resolubles no es posible la agrupación en repeticiones completas, esto se da principalmente por restricciones en el material experimental.

El balance en el diseño refiere al número de veces en que dos tratamientos están juntos en un mismo bloque. Cuando todos los pares de tratamientos están juntos el mismo número de veces se dice que es un diseño balanceado, y parcialmente balanceado es cuando algún o algunos pares de tratamiento están más veces juntos en el ensayo que el conjunto de los tratamientos. El balance en el diseño asegura que todos los pares de tratamientos se comparan aproximadamente con la misma precisión (Cochran-Cox, 1983).

Aunque un diseño balanceado puede construirse con cualquier número de tratamientos y cualquier número de unidades por bloque, el número mínimo de repeticiones queda fijado por estas dos variables. En casi todos los casos, este número es demasiado grande para las condiciones comunes de la experimentación (Cochran-Cox, 1983). El análisis estadístico de los diseños parcialmente balanceados es más complejo, pero permite más libertad en la elección del número de las repeticiones. Como consecuencia, si la variación entre los bloques es grande, algunos pares de tratamiento se comparan en forma más precisa que otros, ya que hay pares de tratamientos que se comparan un número mayor de veces.

El modelo lineal asociado a un diseño de bloques incompletos resolubles es:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \gamma_{k(j)} + \epsilon_{ijk}$$

$$\forall \quad i = 1, \dots, t, \quad j = 1, \dots, r \quad k = 1, \dots, b$$

siendo y_{ijk} la respuesta del i -ésimo tratamiento en el k -ésimo bloque dentro de la j -ésima repetición, μ la media general, τ_i el efecto del i -ésimo tratamiento, β_j es el efecto de la j -ésima repetición, $\gamma_{k(j)}$ el efecto del k -ésimo bloque que esta en la j -ésima repetición, y ϵ_{ijk} variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas, $\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$. Se asume que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

La construcción de la estructura de aleatorización del diseño en bloques incompletos resolubles se realiza de la siguiente forma: para la primera repetición se aleatorizan todas las unidades experimentales; en las sucesivas repeticiones se aleatorizan con la restricción de que todos los pares de tratamientos queden juntos en los bloques incompletos la misma cantidad de veces. Por ejemplo, si en la repetición uno el tratamiento 2 esta en el mismo bloque con el 6, y no está con el tratamiento 1, se busca que en la repetición dos el tratamiento 2 quede con el tratamiento 1 y que no quede con el tratamiento 6 y así sucesivamente.

4.2.3. Diseño de Columna-Hilera

Estos diseños son de la familia de los bloques incompletos, se diferencian en que son a dos vías o en dos direcciones(columna e hilera), en vez de en una. Al igual que en los bloques incompletos, estos diseños se utilizan cuando el número de tratamientos es muy grande.

El modelo lineal asociado a un diseño columna-hilera resoluble es:

$$y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \beta_j + \delta_{k(j)} + \gamma_{l(j)} + \epsilon_{ijkl}$$

$$\forall i = 1, \dots, t, \quad j = 1, \dots, r, \quad k = 1, \dots, h, \quad l = 1, \dots, c$$

siendo y_{ijkl} la respuesta del i -ésimo tratamiento que está ubicado en la k -ésima columna y la l -ésima hilera de la j -ésima repetición, μ la media general, τ_i el efecto del i -ésimo tratamiento, β_j el efecto de la j -ésima repetición, $\delta_{k(j)}$ el efecto de la k -ésima columna de la j -ésima repetición, $\gamma_{l(j)}$ el efecto de la l -ésima hilera de la j -ésima repetición y ϵ_{ijkl} variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas, $\epsilon_{ijkl} \sim N(0, \sigma^2)$. Se asume que no existe interacción entre bloques y tratamientos.

La estructura de aleatorización es similar a la del diseño de bloques incompletos, pero las restricciones impuestas implican que los tratamientos queden igual número de veces juntos en la misma columna y además que queden igual número de veces juntos en la misma fila.

4.2.4. Comparación de diseños de bloques incompletos y de bloques completos al azar.

Se requiere trabajo adicional para construir y aleatorizar un diseño en bloques incompletos respecto a uno en bloques completos. La ganancia en exactitud sobre el diseño en bloques al azar depende del tipo de material experimental y puede esperarse que aumente cuando el número de tratamientos se incrementa (Cochran y Cox, 1983). El diseño de bloques incompletos tiene una propiedad importante: si son resolubles estos diseños se pueden arreglar tanto en bloques incompletos como en repeticiones completas, pudiendo ser considerados como diseños en bloques al azar con restricciones adicionales dentro de cada repetición. Ha sido demostrado por Yates (1940) que estos diseños pueden ser analizados como si fueran en bloques al azar. Implicando que las medias de tratamientos no ajustadas (por los bloques incompletos) dan estimaciones insesgadas de los efectos verdaderos de tratamientos y que las pruebas F y t no pierden su validez. No obstante el análisis será en general menos exacto que el realizado con los componentes del diseño de bloques incompletos (Cochran y Cox, 1983).

Por otro lado, si existen diferencias reales entre los bloques, el verdadero error de la diferencia entre dos medias de tratamientos sin ajustar por el bloque donde ocurren es más pequeño para un par de tratamientos que ocurre en el mismo bloque que para un par que no ocurre simultáneamente en un bloque. De aquí que el análisis en bloques al azar, por considerar el mismo error estándar para la diferencia entre cualquier par de tratamientos, sobreestimaría el verdadero error para algunos pares y lo subestimaría para otros. Sin embargo Yates (1939) demuestra que si un diseño en bloques al azar se sobrepone en el mismo sitio experimental, con los mismos efectos de bloque, el error verdadero de la diferencia varía además, de un par de tratamientos a otro, a causa de que la aleatorización establece algunos pares

de tratamientos en el mismo bloque y en otros no. No obstante si la variación entre los bloques incompletos no es mayor que la que hay dentro de los bloques, el análisis estadístico se reduce automáticamente al de un diseño de bloques completos al azar (Cocharan y Cox, 1983).

Otra elemento a considerar es que el análisis en bloques al azar puede ser más útil cuando se miden varias variables o características en cada unidad experimental. Ya que en la formación de bloques incompletos, la agrupación de las unidades es en relación a la variable a medir más importante, y puede que para otras variables del mismo experimento, el agrupamiento no sea efectivo; en tales casos, el análisis de bloques al azar será más eficiente, como también con las variables de interés secundario donde no se requiera máxima exactitud (Cocharan y Cox, 1983).

Por último, en algunos ensayos donde el número de unidades experimentales es grande es probable que se pierdan unidades, por que se dañaron o destruyeron en el curso del experimento, de tal manera que no se incluyan en el análisis estadístico. Con datos incompletos los cálculos de los ajustes de los bloques se dificultan y los diseños en bloques incompletos no pueden usarse con todas sus ventajas. En el momento de hacer las comparaciones, por un lado no todos los pares de tratamientos serán comparados con igual precisión y por otro las estimaciones de los efectos de los bloques y sus comparaciones se verán afectadas también (Cocharan y Cox, 1983).

4.3. Modelos lineales generales

4.3.1. Modelos fijos

El modelo lineal general de efectos fijos es:

$$y = X\beta + \epsilon$$

siendo y un vector aleatorio cuyas componentes son variables aleatorias observables, ϵ es un vector compuesto por variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas, $\epsilon \sim N(0, \sigma^2)$; β un vector de parámetros y X una matriz generalmente llamada matriz de diseño que incluye las variables explicativas.

4.3.2. Modelos mixtos

Un modelo lineal mixto es un caso particular del modelo lineal descripto antes, donde se asume que algunos de los componentes son de efecto aleatorios y otros de efectos fijos. El modelo lineal de efectos mixtos es:

$$y = X\beta + Zu + \epsilon$$

siendo y un vector aleatorio de $(n \times 1)$, β un vector de parámetros desconocido de efectos fijos de $(s \times 1)$, u un vector de efectos aleatorios compuesto de variables aleatorias $(p \times 1)$, X y Z son las matrices de diseño de dimensiones $(n \times s)$ y $(n \times p)$ respectivamente.

asumiendo

$$u \sim N(0, G)$$

$$\epsilon \sim N(0, R)$$

$$\text{Cov}(u, \epsilon) = 0$$

La distribución de y es:

$$y \sim N(X\beta, \Sigma)$$

$$\Sigma = ZGZ' + R$$

4.3.3. Estimación basada en la verosimilitud

Considerando el modelo mixto descrito anteriormente:

$$y = X\beta + Zu + \epsilon$$

en el método de estimación de máxima verosimilitud (ML); la función de verosimilitud normal multivariada es:

$$L(\beta, \Sigma, Y) = (2\pi)^{-n/2} |\Sigma|^{-1/2} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (Y - X\beta)' \Sigma^{-1} (Y - X\beta) \right\}$$

Se opera por conveniencia con el logaritmo de la función de verosimilitud, y dado el vector de observaciones y , se obtienen los valores de β y Σ que hacen máxima esta función:

$$\text{Log}(L(\beta, \Sigma, Y)) = -\frac{n}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2} \log(|\Sigma|) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)' \Sigma^{-1} (Y - X\beta)$$

Los estimadores máximos verosímiles son consistentes y eficientes asintóticamente y bajo condiciones de "suave regularidad" su distribución asintótica es normal. Pero la mayoría de estas propiedades son asintóticas por lo que se requieren tamaños de muestra grandes (Littell et al, 2006). No obstante, el estimador máximo verosímil para la varianza es sesgado, el sesgo del estimador disminuye cuando el tamaño de la muestra aumenta y está vinculado a que no se considera en la estimación que μ es desconocida.

Dado que el estimador ML produce estimaciones sesgadas de la varianza por no tener en cuenta los grados de libertad que se pierden al estimar la media, surge la idea de los estimadores de máxima verosimilitud restringida (REML, Restricted Maximum Likelihood). Esta idea introducida de acuerdo con Searle (1989) por Thompson (1962) y formalizada de forma general para diseños no balanceados y distribución normal por Patterson y Thompson (1971), consiste en factorizar la verosimilitud completa en dos partes independientes, una de las cuales no contiene la media, asumiendo que por usar esta parte de la verosimilitud no se pierde información con respecto a usar la verosimilitud completa. La verosimilitud restringida, se corresponde con la verosimilitud asociada a una combinación lineal de las observaciones, cuya media es nula y cumple las condiciones mencionadas anteriormente (ser un factor independiente del otro con el que se reproduce la verosimilitud completa y no suponer pérdida de información con respecto a usar los datos originales).

En vez de considerar el logaritmo de la verosimilitud de y , se considera el logaritmo de la verosimilitud de Ky , donde K verifica que $E(Ky) = 0$. K es llamada matriz de "contrastes de erro".

Se define $M = I - X(X'X)^{-1}X'$, y con las filas de M se construye un conjunto linealmente independiente de dimensión $n - \text{rango}(X) = n - p$, el llamado K "contrastes de error".

Consideramos un modelo simple:

$$y = 1\mu + \epsilon \quad \epsilon \sim N(0, \sigma^2 I)$$

donde $p = 1$ (número de parámetros de efectos fijos), $X = I$ y $M = I - J/n$,

donde J es una matriz de unos de dimensión $n \times n$. Se elige como matriz de contrastes de error, las $n-1$ filas de M .

$$K_{(n-1) \times n} = \begin{bmatrix} 1 - \frac{1}{n} & -\frac{1}{n} & \cdots & -\frac{1}{n} \\ -\frac{1}{n} & 1 - \frac{1}{n} & \cdots & -\frac{1}{n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ -\frac{1}{n} & -\frac{1}{n} & \cdots & 1 - \frac{1}{n} \end{bmatrix}$$

$$\Rightarrow Ky = \begin{bmatrix} Y_1 - \bar{Y} \\ Y_2 - \bar{Y} \\ \vdots \\ Y_{n-1} - \bar{Y} \end{bmatrix}$$

donde Ky resultó ser las desviaciones respecto de la media de las primeras $n - 1$ observaciones. La transformación de los datos realizada mediante el método REML al parecer reduce el conjunto de los datos de n a $n - 1$ observaciones, pero no pierde información de la muestra. Ya que conociendo \bar{Y} y las primeras $n - 1$ observaciones es posible construir el conjunto de los n datos. En palabras de Harville (1977, citado por Littell, et al., 2006): “El estimador REML no ignora información de la utilizada por el estimador ML”. Cualquiera sea el conjunto de las filas de M , todos los vectores Ky son suficientes para estimar σ^2 .

Denotamos $KY = U$ y $V(U) = \sigma^2 KK' = \sigma^2 P$. La matriz $P = KK'$ cuenta con las siguientes propiedades: $|P| = 1/n$, $P^{-1} = I_{n-1} + J_{n-1}$.

El -2 Log verosimilitud de U es:

$$-2l_R(\sigma^2, u) = (n - 1) \ln(\sigma^2) + \frac{1}{\sigma^2} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2 + c_R$$

y la solución es la estimación REML:

$$\hat{\sigma}_{R}^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$$

El estimador REML para la varianza es igual a la varianza muestral y es insesgado. Si se observa $\hat{\sigma}_{ML}^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$ (estimador máximo verosímil para el caso simple) y $\hat{\sigma}_{R}^2$ ambos contienen en el numerador a la suma de cuadrados de las desviaciones respecto de la media muestral. No obstante la presencia de la media muestral en las formulas tiene diferentes orígenes. En ML se sustituye μ por el estimador ML de la media que es \bar{y} . En REML se elimina la media desconocida de la estimación conjunta y \bar{y} aparece en la formula de $\hat{\sigma}^2$ porque la forma cuadrática $u'P^{-1}u$ es igual a la suma de cuadrados de las observaciones. Esto subraya el hecho de que REML no da estimaciones de parámetros de efectos fijos, solamente estimaciones para los parámetros de covarianza.

Para el modelo lineal general, el proceso es igual, se forma la matriz de contrastes de error basados en filas independientes de la matriz de proyección M . Para cualquier conjunto de filas de M , la siguiente función objetivo es común para la estimación de REML.

$$-2l_R(\theta; Ky) = \log|K\Sigma(\theta)K'| + y'K'\Sigma(\theta)^{-1}Ky + c_R$$

Siendo θ el vector de parámetros presentes en las dos matrices de covarianzas G y R , por lo tanto en Σ . El estimador REML de θ es el vector $\hat{\theta}_R$ que minimiza la ecuación anterior y los elementos están en el espacio paramétrico de θ . Por otro lado las estimaciones de los efectos fijos se obtienen mediante el método de mínimos cuadrados generalizados utilizando al estimación REML de los parámetros de covarianza $\hat{\theta}_R$.

$$\hat{\beta}_R = (X'\Sigma(\hat{\theta}_R)^{-1}X)^{-1}X'\Sigma(\hat{\theta}_R)^{-1}y$$

4.4. Criterios de selección de modelos

Como ya se mencionó el objetivo principal de este trabajo es la comparación en términos de eficiencia de los diseños de experimentos. En esta sección se describen los indicadores utilizados para la comparación y selección de los modelos considerados. La selección de modelos se realizó teniendo en cuenta dos criterios: el de parsimonia donde se busca el modelo con mejor ajuste, tomando en cuenta su complejidad o la cantidad de parámetros y mediante el factor de eficiencia que estima la relación entre la eficiencia de dos diseños. Se seleccionan los modelos que presenten el mejor balance entre la capacidad de ajuste y su complejidad. Modelos con un mayor número de parámetros tienden a ajustar mejor, pero son más inestables a la hora de realizar predicciones.

A continuación se presentan los cinco indicadores o criterios utilizados:

- Test de razón verosimilitud (LRT por su sigla en ingles) para testear:

$$H_0 : \theta \in \Theta_0$$

$$H_1 : \theta \in \Theta_0^c$$

$$\lambda(x) = \frac{\text{Max}_{\Theta_0} L(\theta/x)}{\text{Max}_{\Theta_0^c} L(\theta/x)}$$

donde en nuestro caso, H_0 considera los parámetros del modelo más simple que es el modelo con un diseño de bloques completos al azar, y H_1 considera modelos más complejos que éste, con mayor número de parámetros. Siendo $\text{Max}_{\Theta_0} L(\theta/x)$ el máximo de la función de verosimilitud en el espacio paramétrico Θ_0 y $\text{Max}_{\Theta_0^c} L(\theta/x)$ el máximo de la función de verosimilitud en el espacio paramétrico Θ_0^c . El estadístico $-2\log\lambda(x)$ tiene distribución aproximadamente chi-cuadrado con grados de libertad igual a la diferencia del número de parámetros de los espacios Θ_0 y Θ_0^c , o sea la diferencia de los grados de libertad de los modelos (Casella, G., Berger, R., 2002). Para que el test sea válido, además de que los modelos mixtos deben tener los mismos componentes fijos, los componentes aleatorios deben estar anidados en los modelos que se están comparando.

La estrategia del trabajo fue comenzar ajustando un modelo para el diseño columna-hilera y luego ir quitando fuentes de variación (todas de componentes aleatorios), obteniendo así modelos más simples, hasta llegar al de bloques completos al azar. Los diferentes test de razón de verosimilitud realizados tienen en cada caso el diseño de bloques completos al azar en el numerador y en el denominador la verosimilitud de cada uno de los otros tres diseños. O sea que por cada variable se realizan tres pruebas.

- Bayesian Information Criterion (BIC): corrige el criterio de verosimilitud considerando el número de parámetros estimados y el número de observaciones.

$$BIC = -2\log(L(\theta/x)) + \log(n)k$$

donde $L(\theta/x)$ es el valor de la verosimilitud evaluada en el estimador máximo-verosímil, n es el número de observaciones y k el número de parámetros estimados en el modelo. Un modelo es elegido ante otro si el valor de BIC asociado a él es menor (Schwarz, 1978).

- Cuadrado medio del error (CMEE): es la varianza residual, refleja la capacidad de ajuste del modelo, a menor CMEE mayor es el ajuste, por lo que se prefieren modelos con menor CMEE.

$$CMEE = \frac{\sum \hat{\epsilon}_i^2}{n - k} = \frac{SCE}{n - k}$$

donde SCE es la suma de cuadrados del error.

- Factor de eficiencia (FE):

$$FE = \left(\frac{SED_A}{SED_B} \right)^2 = \left(\frac{2 \times CMEE_A/r_A}{2 \times CMEE_B/r_B} \right)$$

siendo SED_A la estimación del desvío promedio de la diferencias de dos medias en el diseño A y SED_B la estimación del desvío promedio de la diferencias de dos medias en el diseño B , r es el número de repeticiones en el ensayo. El factor de eficiencia es el cociente entre los desvíos promedio estimados de la diferencias de dos medias, de los diseños. Por ejemplo el cociente entre el desvío promedio con que un diseño A estimaría las diferencias entre dos medias de tratamientos y el desvío promedio con que el otro diseño B estimaría esas diferencias.

- Diferencia mínima significativa entre dos medias de tratamientos(DMS)

La diferencia mínima significativa indica la diferencia mínima que debe existir entre las medias de dos tratamientos para que su diferencia sea estadísticamente significativa.

$$DMS = t_{(gl.err;\alpha/2)} \sqrt{\frac{2CMEE}{r}}$$

siendo $CMEE$ el cuadrado medio del error, r el número de repeticiones del tratamiento.

Se interpreta: a menor DMS, mejor precisión tiene el modelo para encontrar diferencias entre dos medias de tratamientos, ya que detecta menores diferencias entre las medias de los tratamientos.

4.5. Antecedentes en comparación de modelos para diseños de experimentos.

Qiao et al., (2000) en el artículo “Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trial” plantea que un rasgo común en los experimentos de mejoramiento genético es la presencia sistemática de heterogeneidad entre las unidades experimentales, haciendo poco conveniente el uso de diseños en bloques completos para muchos de los ensayos. Durante la segunda mitad del siglo pasado los investigadores fueron introduciendo diferentes diseños con el objetivo de controlar esa variabilidad, diseños en bloques incompletos con diferentes arreglos, en una vía y en dos vías. Varios autores citados por Qiao et al., (2000) mostraron que estos diseños resultan más eficientes que los bloques completos.

P. Seeger y M. Kjeller (1988) en el artículo “Efficiency of generalized lattices in Swedish variety trial” plantean el problema de que con un número grande de tratamientos a testear, como es común en los ensayos de mejoramiento genético, los bloques deben ser grandes también, incrementándose así la heterogeneidad dentro de los mismos y disminuyendo la precisión al comparar los tratamientos. El propósito del artículo fue evaluar la eficiencia de ensayos oficiales en Suecia concebidos como diseños en bloques incompletos, y compararlos con diseños en bloques completos. Los datos provienen de 70 ensayos de cebada y semilla de oleaginosa, todos ellos de dieciocho tratamientos en bloques incompletos arreglados en cuatro repeticiones, donde en cada una se tenían tres bloques incompletos de tamaño seis. Los resultados en este estudio mostraron que para los 70 ensayos los diseños en bloques incompletos fueron más eficientes. Se puede ver en la tabla 4.1, que en promedio, la varianza de la diferencia entre dos medias de tratamiento para el diseño en bloques completos es 48 % mayor que para el diseño de bloques incompletos. Estas medias muestran que se puede usar un diseño en bloques incompletos con tres repeticiones obteniendo la misma precisión que con 4 repeticiones en un diseño de bloques completos.

Tabla 4.1: Número de ensayos y factor de eficiencia promedio agrupados por cultivo en el estudio de Seeger y Kjeller (1988).

| | Cebada | Oleaginosos | Ambos |
|--------------------|---------------|--------------------|--------------|
| Nº de tratamientos | 18 | 18 | 18 |
| Nº de ensayos | 53 | 14 | 67 |
| FE promedio | 1.49 | 1.43 | 1.48 |

4.5. Antecedentes en comparación de modelos para diseños de experimentos.25

En la tabla 4.2, se presentan los promedios de los factores de eficiencia con los coeficientes de variación (CV) obtenidos en el diseño en bloques completos. En cada grupo (construidos en función del CV) se puede ver como la eficiencia media se incrementa con el CV.

Tabla 4.2: Número de ensayos y eficiencia promedio agrupadas por el coeficiente de variación en el análisis del diseño en bloques completos para el estudio de Seeger y Kjeller (1988).

| | Coeficiente de variación | | | |
|---------------|--------------------------|-------------|----------|----------|
| | $\leq 4,94$ | 4,50 – 5,99 | 6 – 7,49 | ≥ 7 |
| Nº de ensayos | 17(25) | 11(16) | 11(16) | 28(42) |
| FE promedio | 1,15 | 1,32 | 1,44 | 1,75 |

En paréntesis están los porcentajes de ensayos dentro de los grupos en el estudio. Seeger y Kjeller (1988) concluyen además respecto al diseño en bloques incompletos que: (1) el uso de estos diseños está disponible para cualquier número de tratamientos y cualquier número de repeticiones; (2) son fáciles de construir por algoritmos computacionales; (3) cuando son resolubles (cada repetición contiene todos los tratamientos) en el campo son indistinguibles de los diseños en bloques completos, y es posible el análisis como tales; (4) tienen mayor precisión que los bloques completos cuando el número de tratamientos a comparar es grande.

Por otro lado, según C.S. Lin, et al. (1993), el éxito de la aplicación de los diseños de bloques completos al azar en experimentación depende por un lado de si el bloqueo está hecho en la misma dirección de la variación del suelo o no, y por otro, de si la variación dentro del bloque es homogénea. El artículo “Performance of randomized block designs in field experiments” tiene como propósito analizar el problema de la orientación de los bloques completos y analizar algunas alternativas cuando éste no es efectivo para controlar la variación del suelo. Para el segundo propósito trabajó con dos conjuntos de datos provenientes de diferentes diseños de bloques incompletos, donde a los dos se los analizó como diseños en bloques completos, como diseños en bloques incompletos y como diseños columna-hilera y luego los comparó utilizando el factor de eficiencia. Los diferentes análisis para los dos conjuntos de datos indican que a más parámetros de posición, más chico es el cuadrado medio del error (CMME). Y en términos de eficiencia relativa en el segundo conjunto de datos los diseños en bloques incompletos y columna hilera son más eficientes que el de bloques completos. En la tabla 4.3 se presenta un resumen con las varianzas y factores de eficiencia obtenidos para los cuatro diseños en los dos conjuntos de datos.

Tabla 4.3: Varianzas promedio de la diferencia entre dos medias y el factor de eficiencia comparando el diseño de bloques completos con los tres diseños para los dos conjuntos de datos en el estudio de Lin et al.(1993).

| Diseño | Set 1 | | Set 2 | |
|----------------------------------|--------------|--------------------------|--------------|--------------------------|
| | V | FE_v | V | FE_v |
| Bloques completos | 17742 | 1.00 | 77482 | 1.00 |
| Bloques incompletos ¹ | 15581 | 1.14 | 33819 | 2.29 |
| Bloques incompletos ² | 18112 | 0.98 | 34364 | 2.25 |
| Columna-hilera | 26182 | 0.68 | 43318 | 1.79 |

Siendo V la varianza promedio de la diferencia entre dos medias de los ensayos y FE_v el factor de eficiencia, el cociente entre las varianzas promedio de la diferencia entre dos medias de los diseños, respecto siempre a la varianza del diseño en bloques completos.

Las conclusiones generales del estudio de Lin et al.(1993) fueron: (1) que cuando la variabilidad dentro de los bloques es homogénea, los bloques completos son satisfactorios y (2) cuando la orientación del bloque es un problema o no hay homogeneidad dentro del bloque, usar información sobre la posición o dirección del bloque, realizando análisis en bloques incompletos a una o dos vías es muy útil a la hora de controlar la variabilidad.

Capítulo 5

Análisis descriptivo

En este capítulo se realiza la primera aproximación al objeto de estudio mediante el análisis exploratorio de los datos con el fin de tener una idea primaria de su estructura. Primero se explica el ensayo del cual surgen los datos y luego se los analiza incluyendo indicadores numéricos que resumen la distribución de los mismos, así como instrumentos gráficos que dan una idea de su estructura.

5.1. El ensayo y los datos

El ensayo fue instalado en el año 2005 en dos campos experimentales de INIA, uno en la localidad de La Estanzuela, departamento de Colonia y el otro en la localidad de Young, departamento de Rio Negro. El objetivo fue evaluar 353 genotipos de cebada provenientes de 23 programas de mejoramiento genético. Aumentados por 5 testigos de ciclo Uruguayo, obteniendo un total de 358 genotipos, representando así la distribución mundial del cultivo. Se realizó un diseño de columna-hilera de 20 por 20, con tres bloques en cada localidad. Las unidades experimentales fueron micro-parcelas donde se sembraron 20 semillas genéticamente idénticas provenientes de cada uno de los genotipos.

Se midieron ocho variables relacionadas con calidad y rendimiento. El procedimiento consistió en medir las 20 plantas de la parcela. En la tabla 5.1 se presentan los nombres y nomenclatura de las variables.

Lo primero que se observó al explorar los datos fue un número importante de datos faltantes. Dada la naturaleza del ensayo es de esperar ciertos niveles de datos faltantes; puede suceder que la parcela no germine o que se mueran las plantas. No obstante, se espera que no exista un patrón determinado y que los datos faltantes estén aleatoriamente distribuidos. Una vez

Tabla 5.1: Abreviación utilizada para las variables medidas en el ensayo de cebada.

| |
|--|
| YLD: Rendimiento medida en gm^{-2} |
| DTA: Días a floración |
| HTOT: Altura de planta medida en centímetros |
| BWT: Peso de materia verde medida en gm^{-2} |
| NTIL: Número de macollos (tallos) |
| NSPK: Número de espigas |
| TWT: Peso volumétrico del grano en gL^{-1} |
| W100G: Peso de 100 granos medido en gramos |

analizados por variable se obtuvieron los siguientes resultados. En dos de las ocho variables se encontraron muchos datos faltantes: Peso de 100 granos tiene tres de los seis bloques con datos faltantes, representando el 54 % de las observaciones, Peso volumétrico del grano el 23 % de datos faltantes y están ubicados casi en su totalidad en el bloque 3 de la localidad La Estanzuela, o sea que falta casi un bloque completo. Debido la cantidad de datos faltantes que presentan estas dos variables se resolvió no incluirlas en el análisis ya que podrían distorsionar las comparaciones entre los modelos. El resto de las variables medidas presentan entre un 5 % y un 10 % de datos faltantes. Observando este porcentaje de datos faltantes a través de los bloques, las variables tienen por bloque una distribución similar de los datos. Los bloques tienen aproximadamente los mismos niveles de datos faltantes, a través de las variables; por ejemplo: para todas, el bloque 1 de Young, es el que presenta el mayor porcentaje, en el entorno del 15 %. Se presenta en la tabla 5.2 la frecuencia de los datos faltantes por variable.

Tabla 5.2: Frecuencia de datos faltantes de las variables por bloque y localidad en el ensayo de cebada

| Variables | La Estanzuela | | | Young | | |
|-----------|---------------|----------|-------------|-------------|-------------|----------|
| | Bloque 1 | Bloque 2 | Bloque 3 | Bloque 1 | Bloque 2 | Bloque 3 |
| YLD | 0,04 | 0,08 | 0,09 | 0,14 | 0,10 | 0,11 |
| DTA | 0,03 | 0,08 | 0,09 | 0,13 | 0,08 | 0,09 |
| HTOT | 0,03 | 0,08 | 0,11 | 0,17 | 0,11 | 0,10 |
| BWT | 0,03 | 0,08 | 0,09 | 0,13 | 0,09 | 0,09 |
| NTIL1 | 0,02 | 0,08 | 0,08 | 0,13 | 0,09 | 0,09 |
| NSPK | 0,03 | 0,08 | 0,08 | 0,13 | 0,09 | 0,09 |
| TWT | 0,05 | 0,08 | 0,93 | 0,15 | 0,11 | 0,12 |
| W100G | 0,05 | 0,09 | 1,00 | 1,00 | 1,00 | 0,12 |

Las variables que no se incluyen en el análisis por el número de los datos faltantes que presentan son: W100G, peso de 100 gramos y TWT, peso volumétrico del grano.

La existencia de datos faltantes hace que si bien el diseño se pensó como balanceado, finalmente no lo sea. De todos modos las estimaciones de los modelos fueron realizadas mediante el método REML mencionado en el capítulo anterior y dado su robustez frente a problemas de este tipo, se espera que estos niveles de datos faltantes no afecten los análisis y sus conclusiones.

5.2. Distribución de las variables de respuesta

En esta sección se realiza el análisis descriptivo de las variables de respuesta. Se presentan en la figura 5.1 los diagramas de caja de las variables que fueron incluidas en el análisis, en la figura 5.2 los diagramas de caja de las seis variables por bloque y localidad y en la tabla 5.3 las medidas de resumen de cada variable por bloque y localidad.

Las variables de respuesta presentan datos extremos y recorrido intercuartílico menor al rango de la variable. La mayoría son simétricas, salvo DTA, YLD y NSPK que presentan una leve asimetría. Los valores de los coeficientes de variación están en el entorno de 0,21 y 0,45, no habiendo grandes diferencias en la dispersión de las variables en las localidades a través de los bloques.

En los diagramas de caja de las variables de respuesta por localidad y

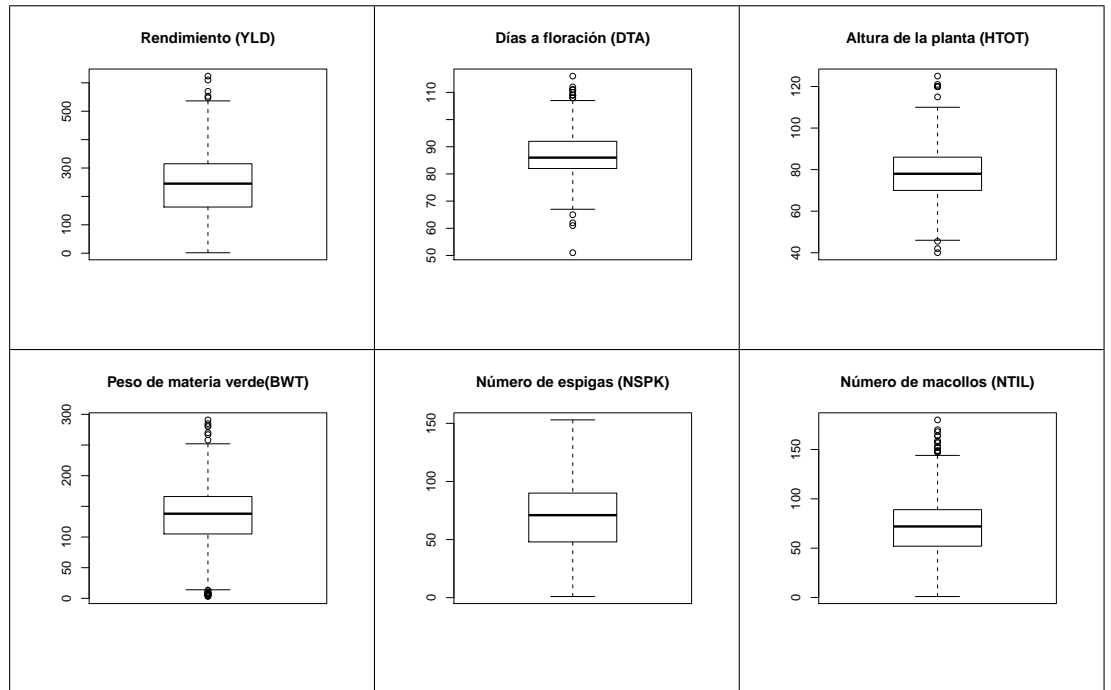


Figura 5.1: Diagramas de caja de las seis variables medidas en el ensayo de cebada.

bloques se puede observar niveles medianos similares entre los bloques dentro de las localidades y entre las localidades los niveles medianos son diferentes. Tanto los diagramas como las medidas resumen muestran pequeñas diferencias entre las localidades, siendo los niveles en La Estanzuela superiores que en Young para todas las variables, salvo para la variable NTIL que presenta mayores valores en la localidad de Young. De todos modos estos valores medianos por bloque y localidad no se alejan del nivel mediano de la variable. Respecto a la dispersión, en la localidad de Young todas las variables muestran niveles apenas superiores que en La Estanzuela.

Tabla 5.3: Medidas de resumen de las seis variables, por bloque y localidad.

| Variables | La Estanzuela | | | Young | | | Gral. | |
|-----------|---------------|----------|----------|----------|----------|----------|-------|--------|
| | Bloque 1 | Bloque 2 | Bloque 3 | Bloque 1 | Bloque 2 | Bloque 3 | | |
| YLD | \bar{x} | 317,7 | 300,9 | 253,7 | 172,4 | 199,4 | 192,5 | 239,3 |
| | $x_{0,5}$ | 324,8 | 310,8 | 262 | 167,8 | 208,7 | 185,6 | 245 |
| | s | 100,59 | 86,2 | 83,75 | 88,76 | 88,51 | 84,63 | 106,37 |
| | CV | 0,316 | 0,286 | 0,330 | 0,514 | 0,443 | 0,439 | 0,444 |
| DTA | \bar{x} | 89,89 | 89,14 | 90,57 | 83,26 | 82,58 | 82,56 | 86,41 |
| | $x_{0,5}$ | 90 | 90 | 91 | 83 | 82 | 83 | 86 |
| | s | 6,23 | 5,31 | 6,11 | 7,81 | 7,37 | 6,83 | 7,54 |
| | CV | 0,069 | 0,059 | 0,067 | 0,093 | 0,089 | 0,082 | 0,087 |
| HTOT | \bar{x} | 85,47 | 86,73 | 85,51 | 69,7 | 71,99 | 70,67 | 78,51 |
| | $x_{0,5}$ | 85 | 86 | 85 | 70 | 72 | 70,5 | 78 |
| | s | 10,189 | 9,93 | 10,14 | 8,16 | 8,59 | 8,11 | 12,08 |
| | CV | 0,119 | 0,114 | 0,118 | 0,117 | 0,119 | 0,114 | 0,153 |
| BWT | \bar{x} | 159 | 156,4 | 140,5 | 123,3 | 119,7 | 115,9 | 134,7 |
| | $x_{0,5}$ | 160 | 161 | 141 | 125 | 124 | 114 | 138 |
| | s | 41,56 | 38,95 | 40,68 | 46,74 | 42,28 | 40,3 | 46,72 |
| | CV | 0,261 | 0,249 | 0,289 | 0,379 | 0,353 | 0,347 | 0,346 |
| NTIL | \bar{x} | 66,13 | 77,66 | 66,53 | 74,28 | 72,21 | 75,83 | 71,8 |
| | $x_{0,5}$ | 65 | 78 | 67 | 72 | 72 | 76 | 72 |
| | s | 19,69 | 24,23 | 22,98 | 31,27 | 27,98 | 27,92 | 26,76 |
| | CV | 0,297 | 0,312 | 0,345 | 0,420 | 0,387 | 0,368 | 0,372 |
| NSPK | \bar{x} | 75,49 | 78,4 | 70,62 | 67,46 | 64,54 | 64,26 | 69,62 |
| | $x_{0,5}$ | 77,5 | 80 | 72 | 68 | 65 | 63,5 | 71 |
| | s | 24,8 | 26,26 | 25,35 | 29,6 | 27,79 | 25,35 | 27,5 |
| | CV | 0,328 | 0,334 | 0,358 | 0,438 | 0,430 | 0,394 | 0,395 |

En la figura 5.2 por variable se presentan en el eje de las abscisas los seis bloques, con la letras se especifican las localidades: E para la Estanzuela y Y para Young, y están enumerados los bloques del uno al tres. Siendo 1E, el bloques uno de la Estanzuela, 2E el bloque dos de la Estanzuela, etc.

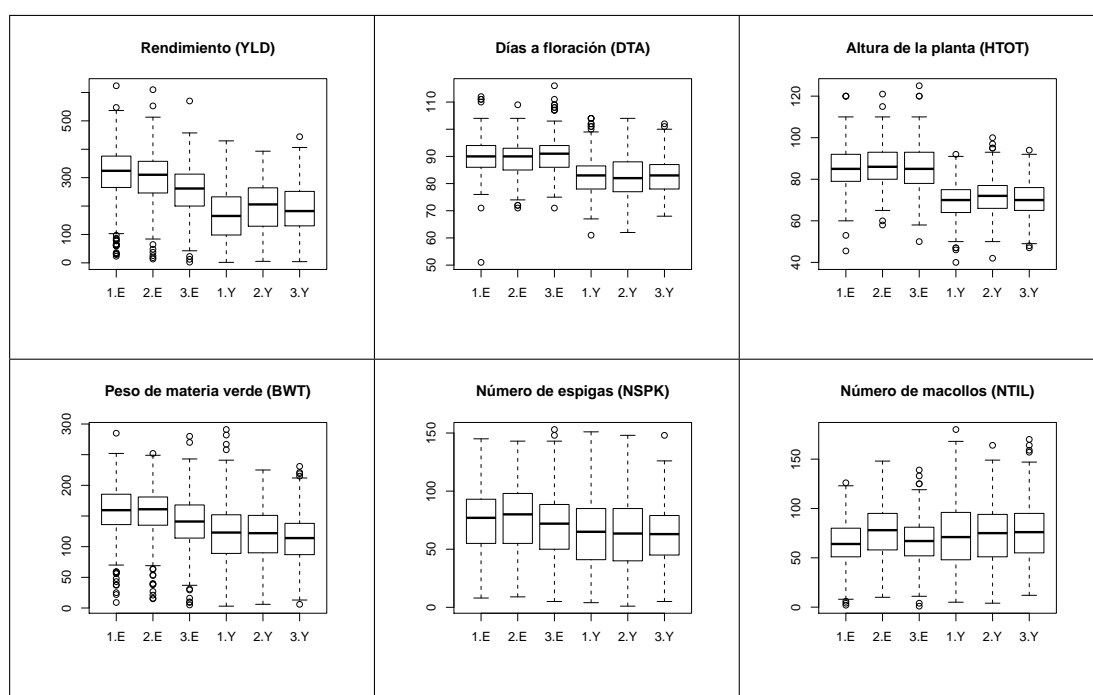


Figura 5.2: Diagramas de caja de las seis variables medidas en el ensayo de cebada, por localidad y bloque.

Capítulo 6

Análisis de resultados

El objetivo principal del presente trabajo es el análisis de la eficiencia de los cuatro diseños de experimentos reseñados en el capítulo cuatro, y ver como las conclusiones pueden modificarse al cambiar la variable de respuesta. En este capítulo se desarrolla en tres partes. Primero se ajustan los cuatro modelos correspondientes a los diseños que se están evaluando para luego compararlos mediante los criterios de selección descritos en el marco teórico. En segundo lugar se realiza el diagnóstico correspondiente para los diferentes modelos. Por último se realiza una síntesis del trabajo.

6.1. Análisis de resultados

El ensayo realizado en 2005 fue concebido con un diseño de columnahilera (R-CD por su nombre en ingles). La estrategia del presente trabajo fue comenzar ajustando un modelo para dicho diseño, luego ir eliminando fuentes de variabilidad, obteniendo así modelos para los diseños de bloques incompletos uno con la aleatorización en el sentido de las columnas (IBDC por su nombre en ingles) y el otro en el sentido de las filas (IBDR por su nombre en ingles), y por último el diseño más sencillo el de bloques completos al azar (RCBD por su nombre en ingles). Los cuatro modelos fueron ajustados para las seis variables descritas en el capítulo anterior. Estas son: rendimiento (YLD), días a floración (DTA), altura de planta (HTOT), peso de materia verde (BWT), número de macollos (NTIL) y número de espigas (NSPK). A continuación en la tabla 6.1 se resume la abreviación de los cuatro modelos analizados.

Tabla 6.1: Abreviación de los modelos ajustados para las seis variables.

| |
|--|
| R-CD: Diseño columna-hilera. |
| IBDC: Diseño de bloques incompletos, sin el componente fila. |
| IBDR: Diseño de bloques incompletos, sin el componente columna. |
| RCBD: Diseño de bloques completos, sin los componentes fila y columna. |

El modelo para el diseño Columna-Hilera en bloques anidados en las localidades con interacción genotipo-localidad (R-CD):

$$Y_{ijklm} = \mu + \tau_i + \gamma_j + \beta_{k(j)} + \delta_{l(kj)} + \lambda_{m(kj)} + (\tau\gamma)_{ij} + \epsilon_{ijklm}$$

Siendo Y_{ijklm} la variable observada del i -ésimo genotipo que ésta en la j -ésima localidad, en el k -ésimo bloque, la l -ésima columna y la m -ésima hilera, μ la media general, τ_i el efecto del i -ésimo genotipo, γ_j el efecto de la j -ésima localidad, $\beta_{k(j)}$ el efecto del k -ésimo bloque anidado en la j -ésima localidad, $\delta_{l(kj)}$ el efecto de l -ésima columna que esta en el k -ésimo bloque y la j -ésima localidad, $\lambda_{m(kj)}$ el efecto de la m -ésima hilera que esta en el k -ésimo bloque, anidado en la j -ésima localidad, $(\tau\gamma)_{ij}$ la interacción del i -ésimo genotipo con la j -ésima localidad y ϵ_{ijklm} el residuo asociado al i -ésimo genotipo que esta en la j -ésima localidad, en el k -ésimo bloque, la l -ésima columna y la m -ésima hilera. con $i = 1, \dots, 358$; $j = 1, 2$; $k = 1, 2, 3$; $l = 1, \dots, 20$; $m = 1, \dots, 20$.

Los modelos involucrados en el análisis son mixtos, ya que como se mencionó anteriormente el efecto bloque anidado en las localidades fue definido como aleatorio, así como el efecto columna y el efecto hilera. Al definir estos componentes del modelo como aleatorios lo que se busca es representar la variación que está presente dentro de las localidades, ya que no sólo no son de interés los niveles que son probados, ni los efectos de éstos componentes, ni tampoco hacer inferencias sobre las medias de los bloques o de las columnas o las hileras. El objetivo es controlar y estimar la variabilidad dentro de las localidades. Los componentes fijos de los modelos son los tratamientos, en este caso los 358 genotipos, las localidades y la interacción entre genotipo y localidad.

Se ajustaron los 4 modelos para las seis variables, y se probó si los mismos detectan diferencias significativas entre las medias de los genotipos. Para las seis variables se encontró que los cuatro modelos detectan al menos una diferencia entre las medias de los genotipos para un nivel de significación 0,05. O sea, existe al menos una diferencia significativa en la respuesta de los genotipos dada la variable de respuesta.¹

¹ En el anexo 1 se presentan los análisis de varianza de los factores fijos del modelo, así como la estimación de los componentes de varianza y sus errores estándar correspondientes.

Una vez que se ajustaron los modelos y se analizó la significación, se pasó a compararlos utilizando los criterios mencionados en el capítulo anterior. Primero se realizó el test de razón de verosimilitud (LRT), utilizando en H_0 el modelo asociado al diseño de bloques completos al azar (RCBD) y testeando por vez con los otros tres modelos. El modelo asociado al diseño de bloques incompletos en el sentido de las columnas (IBDC) resultó significativamente más eficiente que el modelo RCBD para la variable altura de planta (HTOT). Para las restantes cinco variables no se rechaza la hipótesis nula en cada una de las tres pruebas, o sea no se encontraron diferencias significativas entre RCBD y los otros tres modelos. En la tabla 6.2 está los valores que toma el estadístico del test de razón de verosimilitud.

Tabla 6.2: Valores del estadístico del test de razón de verosimilitud, utilizando en la H_0 el diseño RCBD, para todas las variables.

| | IBDR | | IBDC | | R-CD | |
|------|----------------|---------|----------------|---------------------|----------------|---------|
| | $-2Log\lambda$ | p-valor | $-2Log\lambda$ | p-valor | $-2Log\lambda$ | p-valor |
| YLD | 0 | >0.9999 | 11.6 | >0.9999 | 11.6 | >0.9999 |
| DTA | 4.4 | >0.9999 | 5.9 | >0.9999 | 10.5 | >0.9999 |
| HTOT | 1.1 | >0.9999 | 200.9 | <0.000001 | 225.1 | 0.5418 |
| BWT | 2.8 | >0.9999 | 15.7 | >0.9999 | 19.7 | >0.9999 |
| NTIL | 12.3 | >0.9999 | 7 | >0.9999 | 20.2 | >0.9999 |
| NSPK | 2.6 | >0.9999 | 19 | >0.9999 | 22.3 | >0.9999 |

Los criterios CMEE, BIC y DMS presentaron menores valores en los modelos asociados al diseño columna-hilera. Observando por variable a través de los diseños, los valores de los indicadores disminuyen a medida que el diseño tiene más componentes.

Tabla 6.3: Valores del criterio de selección BIC para todos los modelos.

| | BIC | | | |
|------|---------|---------|----------------|----------------|
| | RCBD | IBDR | IBDC | R-CD |
| YLD | 18048.4 | 18048.4 | 18038.6 | 18038.6 |
| DTA | 9338.6 | 9336.0 | 9334.5 | 9331.6 |
| HTOT | 10291.9 | 10292.6 | 10072.8 | 10070.4 |
| BWT | 16125.5 | 16124.6 | 16111.7 | 16109.3 |
| NTIL | 14105.9 | 14095.4 | 14100.7 | 14089.3 |
| NSPK | 14108.0 | 14107.3 | 14090.9 | 14089.4 |

Tabla 6.4: Valores del criterio de selección CMEE para todos los modelos.

| | CMEE | | | |
|------|---------|---------|---------|----------------|
| | RCBD | IBDR | IBDC | R-CD |
| YLD | 6207.78 | 6207.78 | 5957.35 | 5957.34 |
| DTA | 172.343 | 168.305 | 167.494 | 163.371 |
| HTOT | 360.567 | 356.566 | 274.255 | 267.733 |
| BWT | 1474.37 | 1448.67 | 1404.54 | 1370.58 |
| NTIL | 391.03 | 375.10 | 379.17 | 362.51 |
| NSPK | 393.44 | 386.71 | 372.81 | 365.15 |

Adicionalmente, se calculó el DMS (diferencia mínima significativa) como otra medida de precisión del modelo ya que representa la diferencia mínima entre dos medias de genotipos que debe existir para que los tratamientos sean significativamente diferentes, y cuanto menor esa diferencia mayor poder tiene el mismo. El DMS resultó menor en aquellos modelos asociados al diseño columna-hilera, salvo para la variable YLD, que el menor DMS se da en el modelo IBDC. Cabe destacar que las diferencias de los DMS entre los modelos son mínimas, están entre 2,5 % y 3,6 %. Salvo para la variable en el que el diseño más eficiente fue el IBDC (según el test de razón de verosimilitud), donde el DMS es 15 % menor que para los otros tres. Estos resultados son coherentes con el BIC y el CMEE, que por un lado mostraron entre los modelos diferencias pequeñas y por otro sugieren el diseño columna-hilera como el más eficiente.

Por último, en la tabla 6.6 se presentan los valores del factor de eficiencia. Según el factor de eficiencia serían necesarias 10 % más de repeticiones en el diseño RCBD para obtener la misma eficiencia que se obtuvo con el IBDC o con R-CD para la variable HTOT. Para el resto de las variables el factor

Tabla 6.5: Valores de la diferencia mínima significativa entre las medias de dos tratamientos para todos los modelos.

| Variables | DMS | | | |
|-----------|--------|--------|---------------|---------------|
| | RCBD | IBDR | IBDC | R-CD |
| YLD | 220,17 | 220,23 | 215,74 | 215,80 |
| DTA | 36,68 | 36,26 | 36,17 | 35,73 |
| HTOT | 53,06 | 52,77 | 46,28 | 45,74 |
| BWT | 107,29 | 106,38 | 104,74 | 103,50 |
| NTIL | 55,25 | 54,13 | 54,42 | 53,23 |
| NSPK | 55,42 | 54,96 | 53,96 | 53,42 |

de eficiencia no mostró diferencias entre los modelos. O sea que al agregar componentes o factores al modelo, éste no mejora su eficiencia a la hora de detectar diferencias significativas entre las variedades (tratamientos).

Tabla 6.6: Valores del factor de eficiencia respecto al diseño en bloques completos para todos los modelos

| | FE | | |
|------|-------|-------|--------------|
| | IBDR | IBDC | R-CD |
| YLD | 1,000 | 1,009 | 1,009 |
| DTA | 1,002 | 1,004 | 1,006 |
| HTOT | 1,001 | 1,106 | 1,109 |
| BWT | 1,002 | 1,010 | 1,013 |
| NTIL | 1,008 | 1,004 | 1,013 |
| NSPK | 1,002 | 1,012 | 1,014 |

A modo de conclusión se podría destacar, por un lado según el LRT el diseño de bloques incompletos fue más eficiente que los modelos en bloques completos en una de las seis variables analizadas. Para las restantes cinco variables el modelo de bloques completos resultó más eficiente, o sea que no se encontraron diferencias significativas con los demás diseños. Por otro lado cabe señalar que los criterios de selección de modelos utilizados para comparar los diseños, salvo el LRT resultaron coherentes entre ellos y mostraron una menores valores en todas las variables para a los modelos asociados a los diseños columna-hilera. No obstante con del test de razón de verosimilitud se concluyó que al agregar componentes o factores al modelo, éste no mejora su performance en lo que refiere a la detección de diferencias entre los genotipos o tratamientos.

6.2. Diagnóstico

En esta sección se presentan los resultados obtenidos del diagnóstico de los modelos mixtos realizado en el software estadístico R. Se utilizaron las librerías *stasts* y *nortest* para las pruebas formales y los gráficos. Se analiza un modelo por variable que surge de la selección de modelos realizada en la sección anterior. Finalmente se observaron los residuos de los modelos asociados al diseño columna-hilera.

Se presentan en la figura 6.1 y 6.2 los gráficos de diagnóstico de los residuos de los modelos que resultaron ser más eficientes.

Los diagramas de caja presentan residuos simétricos y centrados entorno al cero, con muchos residuos extremos. Los gráficos QQ-plot (cuantíl-cuantíl) muestran claras desviaciones de la normalidad, en especial en las colas de las distribuciones. La excepción la representa la variable YLD donde las observaciones parecen estar alineadas, o sea que los cuantiles observados y teóricos son parecidos. En todos casos están presentes muchos residuos extremos. Por otro lado, los gráficos de dispersión de los residuos muestran que el supuesto de homogeneidad de varianza no se cumple. En el gráfico de dispersión de residuos vs. predichos, los valores predichos más chicos están menos dispersos que los valores predichos más grandes, y en los gráficos de dispersión de residuos vs. unidades experimentales (parcelas), para los modelos asociados a las variables DTA, HTOT, NTIL, NSPK se presentan menores niveles de dispersión para las primeras 1200 parcelas que para las últimas. Cabe resaltar que las unidades experimentales están ordenadas por localidad, las primeras 1200 corresponden a La Estanzuela y las últimas a la localidad de Young, por lo que hay mayor dispersión en la localidad de Young que en La Estanzuela. A partir del análisis gráfico se concluye que los supuestos no se estarían cumpliendo, salvo en lo que refiere a la simetría de los residuos y la media de los mismos.

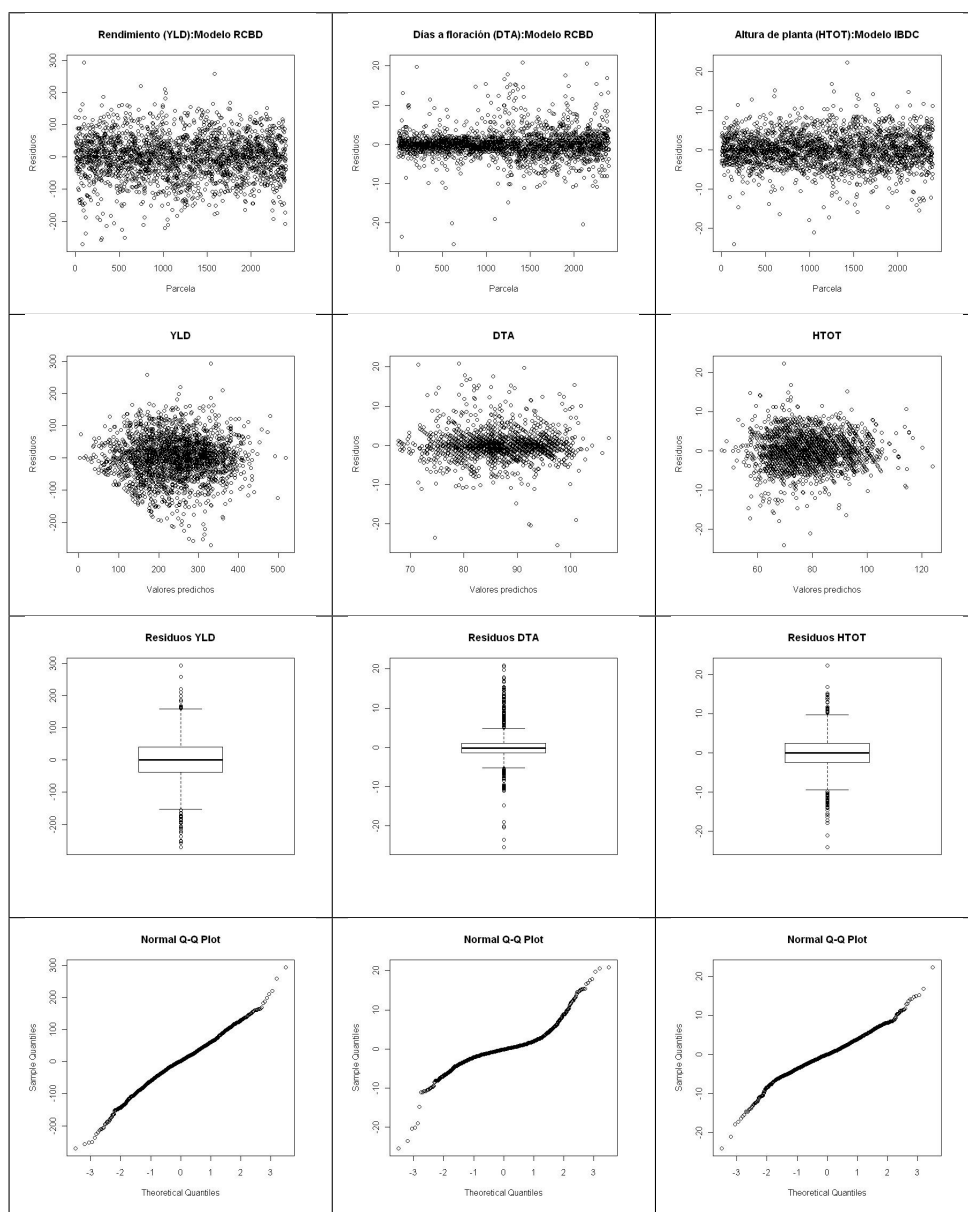


Figura 6.1: Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables YLD y DTA de los modelos asociados al diseño RCBD y para la variable HTOT asociado al diseño IBDC.

Los test formales de diagnóstico confirman lo que se observaba en el diagnóstico gráfico. Los test de normalidad Shapiro-Wilk (Royston, 1995), y el de Lilliefors (Stephens, M.A., 1974) arrojan p-valores inferiores al 0,05, por lo que no se estaría cumpliendo con los supuestos de normalidad. Respecto al supuesto de homogeneidad de varianza, se chequeó el test modificado de

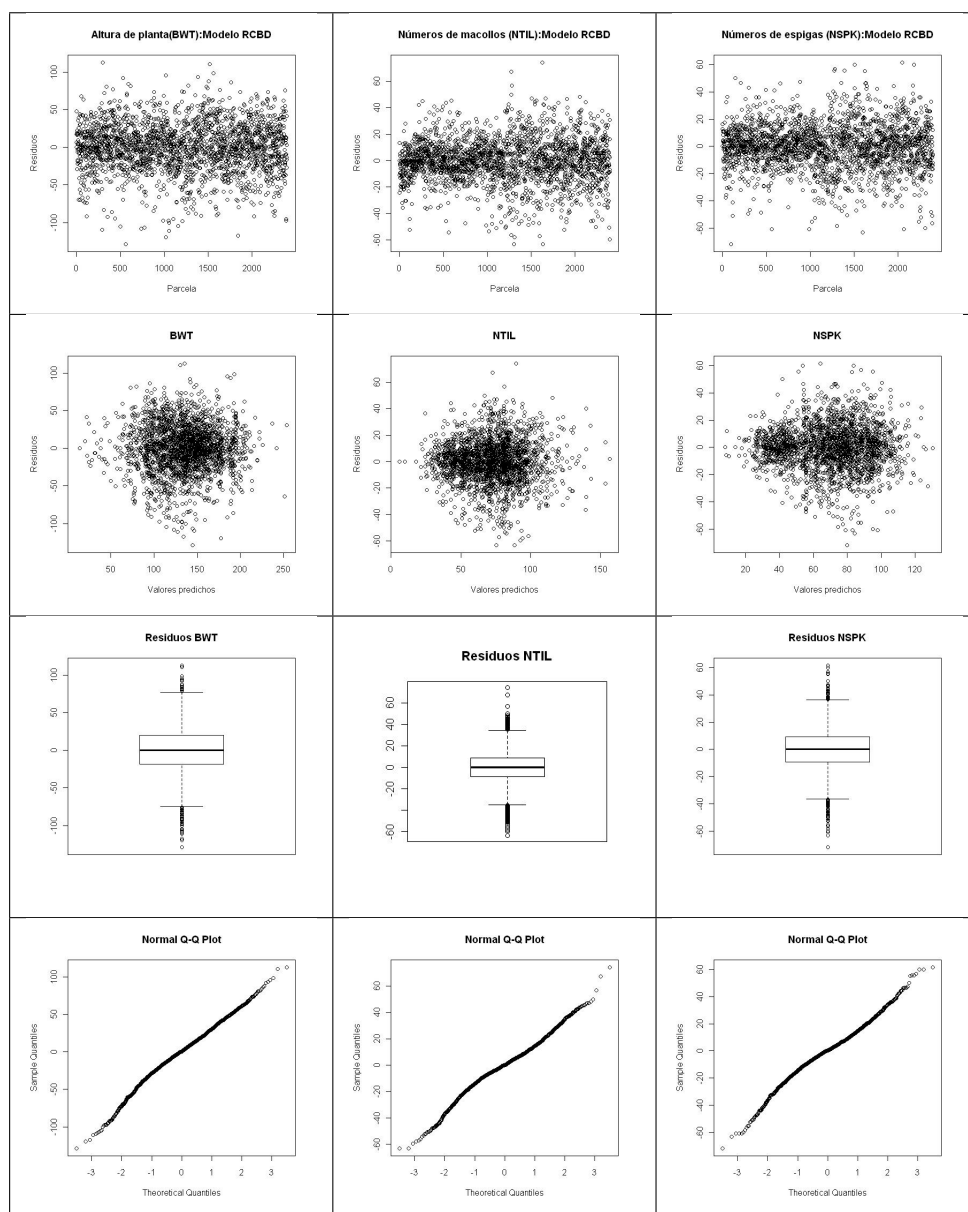


Figura 6.2: Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables BWT, NTIL y NSPK de los modelos asociados al diseño RCBD.

Levene con los residuos, donde solo para el modelo asociado a la variable HTOT no se rechaza la hipótesis de homogeneidad de varianza, para los restantes modelos no se cumple con el supuesto. Se presentan los valores obtenidos para los estadísticos y los p-valores asociados en la tabla 6.7.

Tabla 6.7: Test de diagnóstico para los modelos asociados a los diseños que resultaron ser más eficientes.

| | Shapiro-Wilks | | Lillifors | | Levene modificado | |
|------|---------------|---------|-----------|---------|-------------------|---------------|
| | W | p-valor | D | p-valor | T | p-valor |
| YLD | 0,991 | <0,0001 | 0,0416 | <0,0001 | 43,46 | <0,0001 |
| DTA | 0,859 | <0,0001 | 0,1389 | <0,0001 | -8,715 | <0,0001 |
| HTOT | 0,980 | <0,0001 | 0,0341 | <0,0001 | 0,52009 | 0,3016 |
| BWT | 0,990 | <0,0001 | 0,0372 | <0,0001 | 19,12 | <0,0001 |
| NTIL | 0,984 | <0,0001 | 0,0546 | <0,0001 | 4,81 | <0,0001 |
| NSPK | 0,985 | <0,0001 | 0,0464 | <0,0001 | 6,76 | <0,0001 |

El no cumplimiento de los supuestos de los modelos que resultaron ser los más eficientes está mostrando que hay algún problema con el ajuste de los mismos. No obstante los residuos se muestran simétricos y centrados entorno al 0. Si además se tiene en cuenta el número de observaciones que es lo suficientemente grande y que las técnicas de análisis utilizadas son robustas a desviaciones de la normalidad, el no cumplimiento del supuesto de normalidad no sería un problema para el objetivo planteado de comparar eficiencia.

Finalmente se realizó el diagnóstico de los modelos asociados al diseño columna-hilera. A continuación se presentan en la tabla 6.8 los valores asociados a las test formales de los residuos de los modelos asociados al diseño columna hilera.

En las pruebas se rechaza la hipótesis de normalidad en los seis modelos, igual a lo que sucedía con los modelos que resultaron ser más eficientes. Respecto al supuesto de homogeneidad de varianzas se encontró que los residuos asociados a los modelos R-CD para las variables HTOT y DTA cumplen con dicho supuesto. Para la primera variable con el modelo que resultó más eficiente esto se cumplía, y para DTA no.

Tabla 6.8: Test de diagnóstico para los modelos asociados al diseño columna-hilera

| | Shapiro-Wilks | | Lillifors | | Levene modificado | |
|------|---------------|---------|-----------|---------|-------------------|--------------|
| | W | p-valor | D | p-valor | T | p-valor |
| YLD | 0,9904 | <0,0001 | 0,0422 | <0,0001 | 42,569 | <0,0001 |
| DTA | 0,857 | <0,0001 | 0,9968 | <0,0001 | -1,275 | 0,101 |
| HTOT | 0,9801 | <0,0001 | 0,0336 | 0,00019 | -0,317 | 0,375 |
| BWT | 0,9903 | <0,0001 | 0,0358 | <0,0001 | 16,069 | <0,0001 |
| NTIL | 0,9825 | <0,0001 | 0,0577 | <0,0001 | 5,614 | <0,0001 |
| NSPK | 0,9846 | <0,0001 | 0,0507 | <0,0001 | 7,43 | <0,0001 |

En términos generales al observar los gráficos de los residuos pertenecientes a ambos modelos (los más eficientes y los R-CD) parecería que no hay diferencias entre ellos. Se presentan datos extremos en todos los modelos y en igual cantidad, los diagramas de dispersión son muy parecidos y siguen siendo distribuciones simétricas y centradas en torno al cero.

Los residuos extremos están presentes en todos los modelos, en los que resultaron ser más eficiente así como también en el modelo del diseño columna hilera. Dichos residuos no presentan ningún patrón aparente y no son asociables a ningún tratamiento en particular. Están en ambas localidades y en todos los bloques. No obstante, los residuos extremos están más presentes en la localidad de Young, entre 15 y 25 % que en La Estanzuela. Se consultó a los realizadores del ensayo y comentaron que la precisión en la medición de las variables fue superior en La Estanzuela, ya que a este lugar se iba a medir con más frecuencia que a Young y además los operarios estaban mejor entrenados que los que trabajaban en young. Con esto cabe concluir que varias de las diferencias en las respuestas de las variables entre localidades son atribuibles al manejo del material experimental.

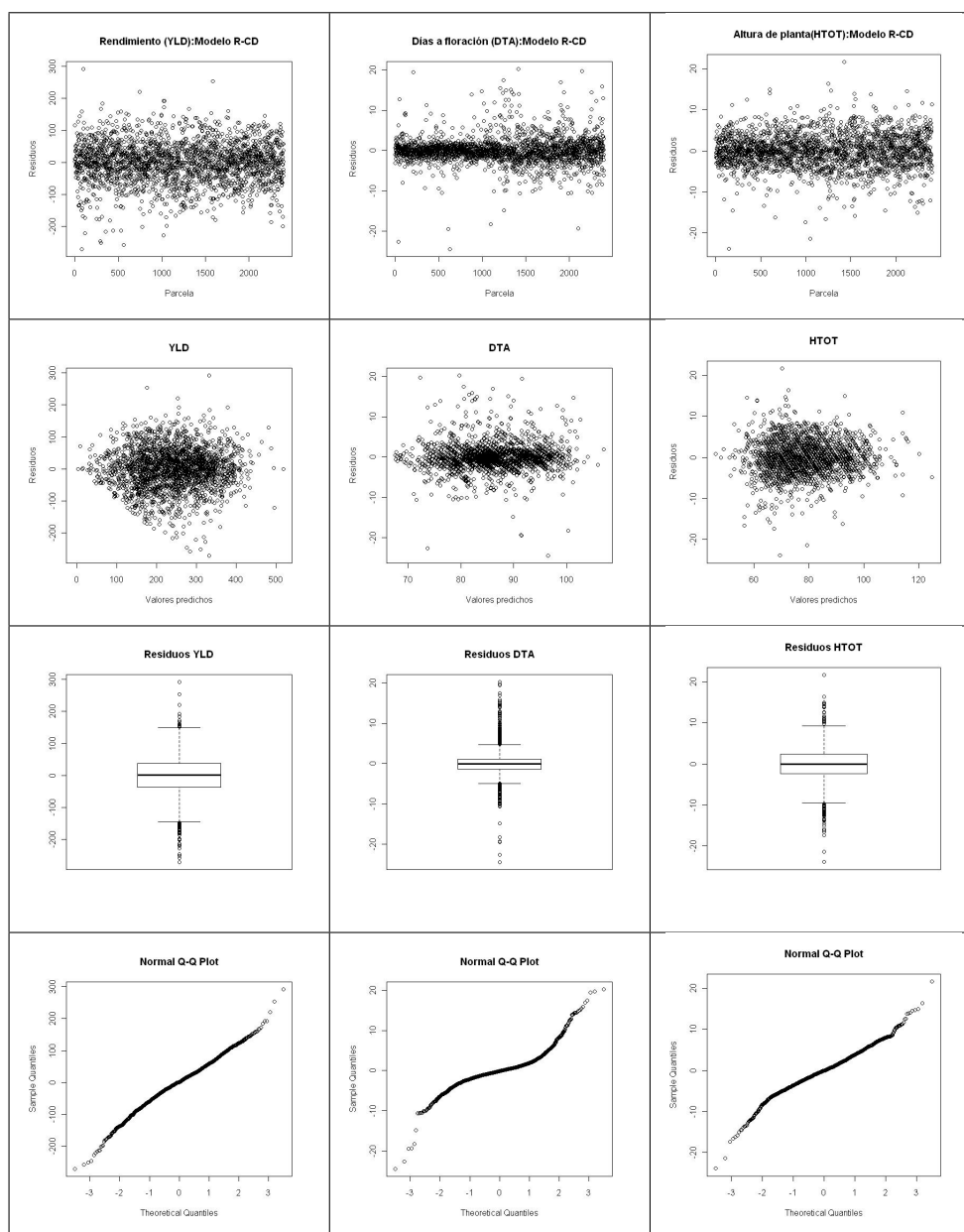


Figura 6.3: Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables YLD, DTA y HTOT para el modelo asociado al diseño RC-D.

Aparentemente los residuos de los modelos asociados al diseño columna hilera no se diferencian de los residuos de los modelos que resultaron ser los más eficientes, salvo para la variable DTA en la que se cumple el supuesto de homogeneidad de varianza para el modelo asociado al diseño con el que fue construido el ensayo pero no se cumple con el diseño que resultó ser más

eficiente.

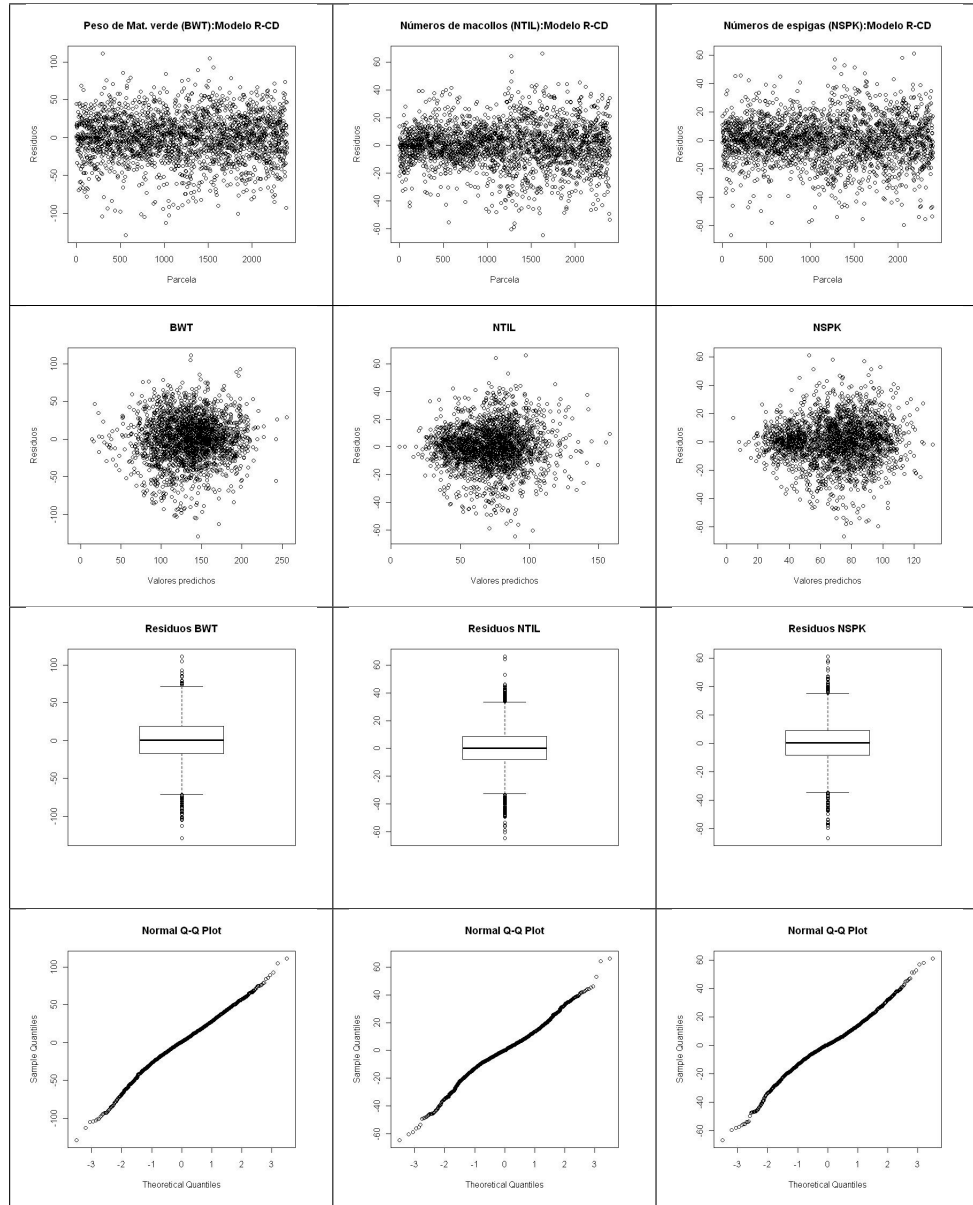


Figura 6.4: Gráficos de diagnóstico de los residuos para las variables BWT, NTIL y NSPK para el modelo asociado al diseño RC-D.

6.3. Síntesis del trabajo

El objetivo del presente trabajo fue comparar la eficiencia de cuatro diseños, un diseño columna-hilera, dos diseños de bloques incompletos, utilizando las columnas o hileras como los bloques y un diseño de bloques completos al azar donde se quitó el efecto columna y el efecto hilera del modelo. Para ello se trabajó con los datos de un ensayo realizado en 2005, donde se utilizaron micro-parcelas en el campo, se evaluaron 358 genotipos, líneas puras de cebada y se midieron ocho variables relacionadas con calidad y rendimiento del cultivo.

Se ajustaron modelos lineales mixtos, definiendo como factores aleatorios a las columnas, las hileras y los bloques, asumiendo homogeneidad de varianzas en tales componentes y como factores fijos a los genotipos, las localidades y su interacción.

La comparación de eficiencia se realizó mediante el test de razón de verosimilitud y cuatro indicadores de información (BIC, CMEE, FE, DMS).

Se analizaron seis de las ocho variables por la cantidad de datos faltantes que se encontraron en dos de ellas. Para uno de las seis variables el test presenta diferencias significativas entre el diseño de bloques incompletos (en el sentido de las columnas) y del diseño en bloques completos. Sin embargo todos los criterios de información o de selección de modelos presentaron para el modelo asociado al diseño columna-hilera menores valores en todas las comparaciones, sugiriendo a este como el mejor diseño. Cabe señalar que las diferencias entre estos valores son pequeñas. Por lo que solo para una de las seis variables analizadas resultó el diseño en bloques incompleto más eficiente que el diseño columna-hilera y que el diseño en bloques y para las restantes cinco es el diseño en bloques completos el más eficiente.

Al realizar el diagnóstico de los modelos, se encontraron residuos simétricos y centrados entorno al 0 en todos los modelos. Los residuos de los modelos más eficientes no cumplen con los supuestos, ni el de normalidad ni el de homogeneidad de varianzas, salvo para la variable altura de planta, donde se cumple la homogeneidad de varianza de los residuos. No obstante, teniendo en cuenta el número de observaciones que es lo suficientemente grande y que las técnicas de análisis utilizadas son robustas a desviaciones de la normalidad no se espera que el LRT se vea afectado por el no cumplimiento del supuesto de normalidad.

También se realizó el diagnóstico de los modelos correspondientes a los diseños columna-hilera, encontrando que para dos de los seis modelos el

supuesto de homogeneidad de varianza se cumple. Pero en otros casos los residuos son similares a los de los modelos que resultaron más eficientes.

En el capítulo siguiente se presentan las conclusiones del trabajo y se propone el análisis de nuevos modelos con el objetivo de mejorar el ajuste de los mismos.

Capítulo 7

Conclusiones y propuestas

7.1. Conclusiones

El diseño Columna-Hilera no es el diseño más eficiente en ningún caso. En ensayos donde se cuente con micro-parcelas los diseños columna-hilera no son mejores en términos de precisión. El diseño en bloques incompletos es más eficiente que el diseño en bloques completos al azar para una de las variables y el diseño en bloques completos al azar para el resto de las variables medidas. Los cuatro criterios de selección presentan diferencias marginales entre los modelos, salvo para la variable donde el test de razón de verosimilitud encontró diferencias significativas entre los modelos. Para esta variable el cuadrado medio del error del IBDC resultó ser 23 % menor que el RCBD, y para el resto de las variables donde el LRT no encontró diferencias significativas, el CMEE entre los modelos difiere entre 3,8 % y el 7,6 %. Por lo que los modelos que resultaron ser los más eficientes, se diferencian de los otros por poco, salvo para la variable en el que el test encontró diferencias significativas.

Por otro lado, los valores del CMEE además de cuantificar y diferenciar la eficiencia entre los modelos, se puede afirmar que la pérdida de grados de libertad que sucede al agregar componentes al modelo, se compensan con el control de la variabilidad. Son los valores asociados al diseño columna-hilera los que tienen menores valores de CMEE, siendo ésta la medida de variabilidad del ensayo.

Por último, no existe un único diseño más eficiente cuando se están midiendo muchas variables en ensayos de variedades de cultivos en el campo. El diseño más eficiente en términos de detectar diferencias significativas entre tratamientos varía según sea el carácter medido.

7.2. Propuestas

Si bien la conclusión acerca del diseño más eficiente no se vería afectada por el no cumplimiento de los supuestos de los residuos, ya que se espera que influya de igual manera a los cuatro modelos que han sido comparados, hay algo en los modelos que no es correcto. A continuación se presentan nuevas líneas para seguir trabajando con el objetivo de mejorar los modelos.

El no cumplimiento de los supuestos de normalidad y homocedasticidad en los modelos, tienen consecuencias diferentes. Por un lado lo que refiere a la normalidad, teniendo en cuenta el número de observaciones que es aproximadamente 2300 (que varía según la variable medida) y que el análisis la varianza es robusto frente a desviaciones de la normalidad, éste supuesto no estaría generando problemas con las conclusiones. Por otro lado, el no cumplimiento de la homogeneidad de varianza de los residuos abre el análisis hacia otros lugares. En primer lugar, la prueba de homogeneidad de varianza se realizó en referencia a las localidades. Se probó la hipótesis de que las varianzas dentro de las localidades eran iguales entre ellas, dio como resultado el no cumplimiento del supuesto, además en algunos gráficos de residuos se notan diferencias en la dispersión de las localidades. Teniendo en cuenta la flexibilidad que presentan los modelos mixtos a la hora de modelar la matriz de varianzas y covarianzas de los componentes aleatorios del modelo. Se propone levantar el supuesto de homogeneidad de varianzas con el que se trabajó en el presente documento y permitir heterogeneidad de varianza entre las localidades.

Por otro lado, teniendo en cuenta que los componentes columna e hilera ubican espacialmente a las unidades experimentales y dado su pequeño tamaño y cercanía pueden tener algún grado de correlación, se podría estimar dicha correlación e incluirla en el modelo.

Por último, se podría asumir el efecto de los tratamientos como aleatorios. Los programas de mejoramiento de donde provienen los tratamientos son 23, por lo que varios tratamientos tienen en común el programa, se podría utilizar esta información ya que el pertenecer al mismo programa puede indicar algún grado de correlación. Se proponen dos modelos: (1) definir los efectos de los tratamientos aleatorios e incluir información de parentesco en la matriz de varianzas y covarianzas y (2) agregar al modelo un componente de efectos de programa de mejoramiento, donde el efecto de genotipo sea aleatorio y este anidado en el programa de mejoramiento con su estructura de parentesco.

Queda propuesto seguir trabajando con tres variantes de los modelos

lineales mixtos, con el objetivo de encontrar modelos que sean mejores que los analizados en el presente trabajo, en relación al ajuste de los mismos.

Capítulo 8

Apéndice 1: Análisis de varianza y estimación de componentes de varianza por variable

Tabla 8.1: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Rendimiento (YLD)

| | Análisis de varianza | | | | | Componentes de varianza | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|---------|-------------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Fuente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamiento | 352 | 1492 | 2.75 | <.0001 | Bloque(LOC) | 670.48 | 485.87 | 1.38 | 0.0838 |
| | LOC | 1 | 4 | 26.36 | 0.0068 | Residuo | 6207.78 | 227.28 | 27.31 | <.0001 |
| | LOC*Trat. | 331 | 1492 | 1.12 | 0.0928 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 352 | 1378 | 2.75 | <.0001 | Bloque(LOC) | 670.70 | 486.18 | 1.38 | 0.0839 |
| | LOC | 1 | 4 | 26.35 | 0.0068 | Fila(LOC*Bloque) | 0 | . | . | . |
| | LOC*Trat | 331 | 1378 | 1.12 | 0.0947 | Residuo | 6207.78 | 227.28 | 27.31 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 352 | 1378 | 2.77 | <.0001 | Bloque(LOC) | 651.45 | 481.81 | 1.35 | 0.0882 |
| | LOC | 1 | 4 | 26.67 | 0.0067 | Col(LOC*Bloque) | 262.80 | 99.5615 | 2.64 | 0.0042 |
| | LOC*Trat | 331 | 1378 | 1.13 | 0.0774 | Residuo | 5957.35 | 226.84 | 26.26 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 352 | 1264 | 2.77 | <.0001 | Bloque(LOC) | 651.46 | 481.81 | 1.35 | 0.0882 |
| | LOC | 1 | 4 | 26.67 | 0.0067 | Fila(LOC*Bloque) | 0 | . | . | . |
| | LOC*Trat | 331 | 1264 | 1.13 | 0.0794 | Col(LOC*Bloque) | 262.81 | 99.5623 | 2.64 | 0.0042 |
| | | | | | Residuo | 5957.34 | 226.84 | 26.26 | <.0001 | |

Tabla 8.2: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Días a floración (DTA)

| | Análisis de varianza | | | | Componentes de varianza | | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|-------------------------|------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Fuente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamientos | 352 | 1509 | 10.54 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.2949 | 0.2427 | 1.22 | 0.1121 |
| | LOC | 1 | 4 | 210.56 | 0.0001 | Residuo | 17.2343 | 0.6274 | 27.47 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 330 | 1509 | 1.25 | 0.0040 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 352 | 1395 | 10.56 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.2820 | 0.2476 | 1.14 | 0.1274 |
| | LOC | 1 | 4 | 206.23 | 0.0001 | Fila(LOC*Bloque) | 0.4227 | 0.2375 | 1.78 | 0.0375 |
| | LOC*Trat | 330 | 1395 | 1.27 | 0.0026 | Residuo | 16.8305 | 0.6370 | 26.42 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 352 | 1395 | 10.61 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.2777 | 0.2478 | 1.12 | 0.1313 |
| | LOC | 1 | 4 | 205.97 | 0.0001 | Col(LOC*Bloque) | 0.5109 | 0.2526 | 2.02 | 0.0216 |
| | LOC*Trat | 330 | 1395 | 1.25 | 0.0043 | Residuo | 16.7494 | 0.6349 | 26.386 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 352 | 1281 | 10.63 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.2639 | 0.2517 | 1.05 | 0.1472 |
| | LOC | 1 | 4 | 202.19 | 0.0001 | Fila(LOC*Bloque) | 0.4265 | 0.2347 | 1.82 | 0.0346 |
| | LOC*Trat | 330 | 1281 | 1.26 | 0.0029 | Col(LOC*Bloque) | 0.5111 | 0.2493 | 2.05 | 0.0202 |
| | | | | | | Residuo | 16.3371 | 0.6434 | 25.39 | <.0001 |

Tabla 8.3: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Altura de planta (HTOT)

| | Análisis de varianza | | | | | Componentes de varianza | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|---------|-------------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Puente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamiento | 352 | 1485 | 8.88 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.7182 | 0.5802 | 1.24 | 0.1079 |
| | LOC | 1 | 4 | 435.55 | <.0001 | Residuo | 36.0567 | 1.3232 | 27.25 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 331 | 1485 | 1.83 | <.0001 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 352 | 1371 | 8.88 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.7060 | 0.5880 | 1.20 | 0.1149 |
| | LOC | 1 | 4 | 431.16 | <.0001 | Fila(LOC*Bloque) | 0.4173 | 0.4322 | 0.97 | 0.1671 |
| | LOC*Trat | 331 | 1371 | 1.84 | <.0001 | Residuo | 35.6566 | 1.3577 | 26.26 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 352 | 1371 | 10.79 | <.0001 | Bloque(LOC) | 0.2217 | 0.5412 | 0.41 | 0.3410 |
| | LOC | 1 | 4 | 475.42 | <.0001 | Col(LOC*Bloque) | 9.1291 | 1.5098 | 6.05 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 331 | 1371 | 2.08 | <.0001 | Residuo | 27.4255 | 1.0475 | 26.18 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 352 | 1257 | 10.83 | <.0001 | Bloques(LOC) | 0.1978 | 0.5472 | 0.36 | 0.3589 |
| | LOC | 1 | 4 | 470.70 | <.0001 | Filas(LOC*Bloques) | 0.6540 | 0.3750 | 1.74 | 0.0406 |
| | LOC*Trat | 331 | 1257 | 2.09 | <.0001 | Col(LOC*Bloques) | 9.1189 | 1.5040 | 6.06 | <.0001 |
| | | | | | Residuo | 26.7733 | 1.0627 | 25.19 | <.0001 | |

Tabla 8.4: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Peso de materia verde (BWT)

| | Análisis de varianza | | | | | Componentes de varianza | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|----------|-------------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Fuente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamiento | 353 | 1514 | 2.47 | <.0001 | Bloques(LOC) | 47.3948 | 36.3696 | 1.30 | 0.0963 |
| | LOC | 1 | 4 | 36.38 | 0.0038 | Residuo | 1474.37 | 53.5868 | 27.51 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 332 | 1514 | 1.09 | 0.1523 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 353 | 1400 | 2.48 | <.0001 | Bloques(LOC) | 46.3119 | 36.5211 | 1.27 | 0.1024 |
| | LOC | 1 | 4 | 36.14 | 0.0039 | Fila(LOC*Bloques) | 26.7781 | 18.5163 | 1.45 | 0.0741 |
| | LOC*BBP | 332 | 1400 | 1.09 | 0.1435 | Residuo | 1448.67 | 54.5929 | 26.54 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 353 | 1400 | 2.51 | <.0001 | Bloques(LOC) | 42.4833 | 35.2940 | 1.20 | 0.1144 |
| | LOC | 1 | 4 | 37.45 | 0.0036 | Col(LOC*Bloques) | 73.7761 | 25.0673 | 2.94 | 0.0016 |
| | LOC*Trat | 332 | 140 | 1.12 | 0.0867 | Residuo | 1404.54 | 53.1060 | 26.45 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 353 | 1286 | 2.53 | <.0001 | Bloque(LOC) | 40.9276 | 35.4413 | 1.15 | 0.1241 |
| | LOC | 1 | 4 | 37.18 | 0.0037 | Fila(LOC*Bloque) | 32.8989 | 18.8514 | 1.75 | 0.0405 |
| | LOC*Trat | 332 | 1286 | 1.13 | 0.0748 | Col(LOC*Bloque) | 76.8783 | 25.2356 | 3.05 | 0.0012 |
| | | | | | Residual | 1370.58 | 53.9811 | 25.39 | <.0001 | |

Tabla 8.5: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Número de macollos(NTII)

| | Análisis de varianza | | | | | Componentes de varianza | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|---------|-------------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Puente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamiento | 354 | 1513 | 5.65 | <.0001 | Bloques(LOC) | 22.8721 | 16.8861 | 1.35 | 0.0878 |
| | LOC | 1 | 4 | 1.24 | 0.3284 | Residuo | 391.03 | 14.2170 | 27.50 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 333 | 1513 | 1.18 | 0.0228 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 354 | 1399 | 5.76 | <.0001 | Bloques(LOC) | 22.1038 | 16.9071 | 1.31 | 0.0955 |
| | LOC | 1 | 4 | 1.26 | 0.3246 | Fila(LOC*Bloque) | 16.6637 | 6.2005 | 2.69 | 0.0036 |
| | LOC*Trat | 333 | 1399 | 1.19 | 0.0215 | Residuo | 375.10 | 14.1687 | 26.47 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 354 | 1399 | 5.72 | <.0001 | Bloques(LOC) | 22.3587 | 16.9518 | 1.32 | 0.0936 |
| | LOC | 1 | 4 | 1.22 | 0.3313 | Col(LOC*Bloque) | 2.4533 | 5.7311 | 2.17 | 0.0149 |
| | LOC*BBP | 333 | 1399 | 1.19 | 0.0175 | Residual | 379.17 | 14.3329 | 26.45 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 354 | 1285 | 5.83 | <.0001 | Bloques(LOC) | 21.5770 | 16.9833 | 1.27 | 0.1020 |
| | LOC | 1 | 4 | 1.2 | 0.3274 | Fila(LOC*Bloque) | 16.9167 | 6.1383 | 2.76 | 0.0029 |
| | LOC*Trat | 333 | 1285 | 1.20 | 0.0168 | Col(LOC*Bloque) | 12.8273 | 5.6354 | 2.28 | 0.0114 |
| | | | | | Residuo | 362.51 | 14.2441 | 25.45 | <.0001 | |

Tabla 8.6: Análisis de varianza y estimaciones de componentes de varianza para la variable Número de espigas (NSPK)

| | Análisis de varianza | | | | | Componentes de varianza | | | | |
|------|----------------------|---------|---------|---------|---------|-------------------------|------------|---------------|---------|---------|
| | Fuente | g.l.Num | g.l.Den | F-value | P-value | Cov parm | Estimación | Err. estándar | Z-value | P-value |
| RCBD | Tratamiento | 352 | 1513 | 6.17 | <.0001 | Bloques(LOC) | 7.0964 | 5.7802 | 1.23 | 0.1098 |
| | LOC | 1 | 4 | 20.87 | 0.0103 | Residual | 393.44 | 14.3047 | 27.50 | <.0001 |
| | LOC*Trat | 332 | 1513 | 1.05 | 0.2609 | | | | | |
| IBDR | Tratamiento | 352 | 1399 | 6.19 | <.0001 | Bloques(LOC) | 6.8103 | 5.8208 | 1.17 | 0.1210 |
| | LOC | 1 | 4 | 20.58 | 0.0105 | Fila(LOC*Bloque) | 7.0321 | 4.9928 | 1.41 | 0.0795 |
| | LOC*BBP | 332 | 1399 | 1.06 | 0.2420 | Residuo | 386.71 | 14.5916 | 26.50 | <.0001 |
| IBDC | Tratamiento | 352 | 1399 | 6.34 | <.0001 | Bloques(LOC) | 6.1596 | 5.8566 | 1.05 | 0.1465 |
| | LOC | 1 | 4 | 20.80 | 0.0103 | Col(LOC*Bloque) | 21.6149 | 6.8504 | 3.16 | 0.0008 |
| | LOC*BBP | 332 | 1399 | 1.09 | 0.1506 | Residuo | 372.81 | 14.0912 | 26.46 | <.0001 |
| R-CD | Tratamiento | 352 | 1285 | 6.36 | <.0001 | Bloques(LOC) | 5.8329 | 5.8973 | 0.99 | 0.1613 |
| | LOC | 1 | 4 | 20.49 | 0.0106 | Fila(LOC*Bloque) | 7.7288 | 4.9193 | 1.57 | 0.0581 |
| | LOC*BBP | 332 | 1285 | 1.10 | 0.1395 | Col(LOC*Bloque) | 21.8201 | 6.8193 | 3.20 | 0.0007 |
| | | | | | Residuo | 365.15 | 14.3412 | 25.46 | <.0001 | |

Capítulo 9

Apéndice 2: Test de Levene modificado.

Esta prueba esta basada en la variabilidad de los residuos y no depende de la normalidad de los mismos, o sea que no se ve afectada por el no cumplimiento del supuesto de normalidad de los residuos.

Se dividen los residuos en dos grupos de acuerdo alguna variable de interés. En nuestro caso se testeó para las localidades, los grupos fueron: Estanzuela y Young. Se calcula la mediana de cada grupo y se realizan las diferencias (en valor absoluto) de cada residuo respecto a la mediana de su grupo y se promedian estas diferencias. Se prueba si la media de las desviaciones respecto de la mediana de un grupo difiere significativamente de la media de las desviaciones del otro grupo.

El estadístico de prueba y su distribución:

$$t^* = \frac{\bar{d}_1 - \bar{d}_2}{s\sqrt{(1/n_1) + (1/n_2)}} \sim t_{n-2}$$

siendo:

$$s^2 = \frac{\sum(d_{i1} - \bar{d}_1)^2 + \sum(d_{i2} - \bar{d}_2)^2}{n-2}$$

$$d_{ij} = |e_{ij} - \tilde{e}_j|, \forall i = 1, \dots, n_j, \forall j = 1, 2.$$

$$\bar{d}_j = \frac{\sum |e_{ij} - \tilde{e}_j|}{n_j}, \forall i = 1, \dots, n_j, \forall j = 1, 2.$$

\tilde{e}_j es la mediana de los residuos del j-ésimo grupo, $\forall j = 1, 2$.

e_{ij} es el i-ésimo residuo del j-ésimo grupo, $\forall i = 1, \dots, n_j, \forall j = 1, 2$.

$$n = n_1 + n_2$$

Bibliografía

- [1] Abeledo, C., 2006. *Programas de Investigación Orientados a la Resolución de Problemas: el Caso de la Mesa de la Cebada de Uruguay*. <http://www.fagro.edu.uy>

- [2] Ainsley, A.E., Paterson, L.J., Patterson, H.D. 1987. *A Method for Predicting the Efficiency of Incomplete-Block Trials*. *Biometrics* 43, 55-59.

- [3] Albin Isnardi, J. 2008. *Caracterización genética y sanitaria de una colección de germoplasma de cebada por resistencia a mancha borrosa causada por Cochliobous sativus*. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Facultad de Agronomía, UdelaR.

- [4] Brown, A.H.D, Frankel, O.H., Marshall, D.R, 1989. *The use of genetic resources*. Cambridge: Cambridge University Press.

- [5] Casella, G., Berger, R., 2002. *Statiscal Inference*. Pacific Grove: Duxbury.

- [6] Castro, A. 1997. *Cebada*. Notas docentes. Montevideo. Facultad de Agronomía, UdelaR.

- [7] Cochran, W. y Cox, G. 1983. *Diseños Experimentales*. México, D.F.: Trillas.

- [8] Cugliari, Jairo. 2007. *Efectos de tratamientos silvícola sobre variedades dendrométricas en Eucalyptus en suelos Riveras*. Informe final de pasantía, Lic. de Estadística. Montevideo, Uruguay. Facultad de Ciencias Económicas y Administración, UdelaR.

- [9] Ferrari, J.M. 2003. *La agricultura de secano en Uruguay*. DIEA MGAP Montevideo 97p.
- [10] Gutierrez, L., Nason J.D., and Jannink, J-L. 2009. *Diversity and Mega-Targets of Selection from Charecterization of Barly Collection*. Crop Science, Vol. 49, No. 2, pp. 483-497.
- [11] Lin, C.S., Binns, M.R., Voldeng H.D., Guillemette, R. 1993. *Performance of Randomized Block Designs in Field Experiments*. Agron. J. No. 65, pp. 168-171.
- [12] Littell, R., Milliken, W., Stroup, G., Wolfinger, R., Schabenberger, O. 2006. *SAS for Mixed Models*. Second Edition, Cary, NC: SAS Press.
- [13] Montgomery, D. 2005. *Diseño y Análisis de experimentos*. México, D.F.: Limusa Wiley.
- [14] Neter Kutner, 2005. *Applied Linear Statistical Models*. Mc. Graw-Hill.
- [15] Patterson, H.D., Robinson, D.L. 1989. *Row-and-column designs with two replicates*. J. Agric. Sci., 112, 73-77.
- [16] Qiao, C.G., Basford, K.E., DeLacy I.H., Cooper, M. 2000. *Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials*. Theor Appl Genet, 100:916.
- [17] Seeger, P., Kjeller, M. 1988. *Efficiency of Generalized Lattices in Swedish Variety Trials*. J. Agric. Res., 18: 155-159.
- [18] Vidal, R., 2005. *Anexo 2: Cebada, importancia mundial y nacional*. Públicos y privados en la investigación agraria: el caso de la mesa nacional de entidades de cebada cervecera. M. Bianco. Montevideo. Facultad de Ciencias Sociales.
- [19] Zamudio, T., 2005. *Diversidad genética*
<http://www.biotech.bioetica.org>

