

Notas de clase del curso:

**DISEÑO Y ANÁLISIS ESTADÍSTICO
DE EXPERIMENTOS**

Buenos Aires, 14–23 febrero 2018

M. Dolores Jiménez Gamero

A continuación se adjuntan unas notas de clase, con el objetivo de apoyar la docencia del citado curso. NO son temas de clase, sólo resúmenes o esquemas que, de ningún modo, pueden sustituir la lectura de textos sobre la materia. Pueden contener erratas y/o inexactitudes.

Los principales manuales consultados para preparar el contenido del curso se listan debajo.

Bibliografía

Bretz, F., Hothorn, T., Westfall P. (2011) *Multiple Comparisons Using R*. CRC Press

Demidenko, E. (2004) *Mixed Models: Theory and Applications*. Wiley

Graybill, F. A. (1976) *Theory and Application of the Linear Model*. Duxbury

Hinkelmann K, Kempthorne O. (1994) *Design and analysis of experiments. Volume I: Introduction to experimental design*. Wiley

John, P.W.M. (1977) *Statistical Design and Analysis of Experiments*. Macmillan

Montgomery, D.C. (1991) *Diseño y análisis de experimentos*. Grupo Editorial Iberoamérica

Pinheiro, J.C., Bates, D.M. (2000) *Mixed-Effects Models in S and S-PLUS*. Springer

Searle, S.R, Casella, G., McCulloch, C.E. (2006) *Variance components*. Wiley

Seber, G.A.F. (1977) *Linear Regression Analysis*. Wiley

Tamhane, A.C. (2009) *Statistical analysis of designed experiments*. Wiley

Toutengburg, H. (1995) *Experimental Design and Model Choice*. Physica-Verlag

Capítulo 1

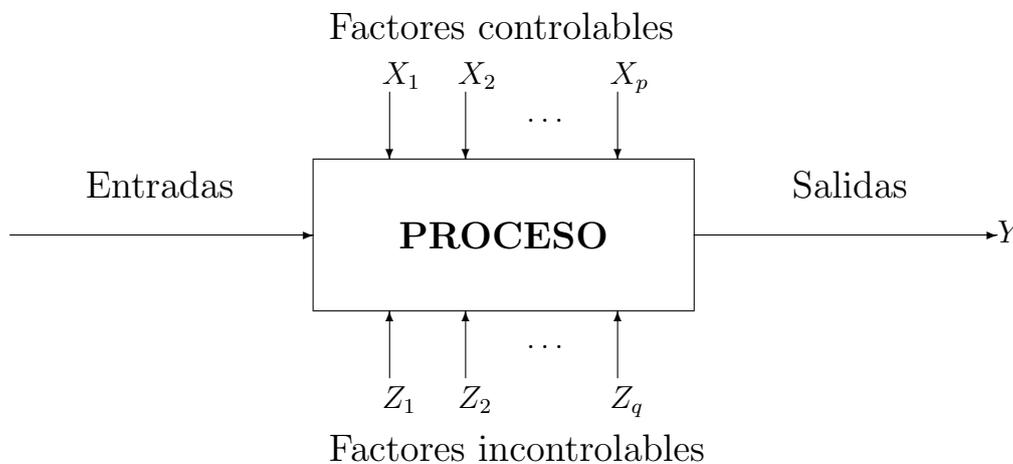
Introducción al diseño de experimentos

1.1. ¿Qué es el diseño experimental?

Experimento prueba o ensayo

Experimento diseñado Es una prueba o serie de pruebas en las que se introducen cambios deliberados en las variables de entrada de un proceso o sistema, de manera que sea posible observar o identificar las causas de los cambios en la respuesta de salida

El proceso o sistema bajo estudio puede representarse como sigue



Suele ser posible visualizar el proceso como una combinación de máquinas, métodos, personas y otros recursos que transforman una entrada (a menudo un material) en una salida, que tiene una o más respuestas observables. Algunas de las variables del proceso, X_1, X_2, \dots, X_p , son controlables, mientras que otras, Z_1, Z_2, \dots, Z_q , son incontrolables (aunque pudieran serlo para los fines de otras pruebas).

Entre los objetivos del experimento pueden incluirse:

- Determinar qué variables tienen mayor influencia en la respuesta Y .
- Determinar para qué valor de X se obtiene un valor de Y más cercano al deseado.
- Determinar para qué valor de X es menor la variabilidad de Y .

⋮

1.2. Diseño estadístico de experimentos

El **diseño estadístico de experimentos** es el proceso de planificación de un experimento para obtener datos que puedan ser analizados mediante métodos estadísticos, con el objeto de obtener conclusiones válidas y objetivas.

La metodología estadística es el único enfoque objetivo para analizar un problema que involucre datos sujetos a errores experimentales.

Por tanto, en cualquier problema experimental pueden distinguirse los siguientes aspectos:

- el diseño del experimento
- el análisis estadístico de los datos

Ambas cuestiones están estrechamente relacionadas, ya que el método de análisis depende directamente del diseño empleado.

1.3. Principios básicos del diseño estadístico de experimentos

Replicación que consiste en la repetición un número determinado de veces del experimento bajo las mismas condiciones de las fuente de variación controladas.

La replicación permite estimar la variabilidad muestral. Esto es de gran importancia ya que, supongamos que realizamos un experimento bajo dos condiciones, observando las respuestas $y_1 = 148$ e $y_2 = 150$. A partir de estos resultados no podemos afirmar gran cosa sobre las posibles diferencias entre ambas condiciones, ya que la diferencia puede ser debida al error experimental. Sin embargo, si al repetir el experimento n veces se observa una pequeñísima variabilidad, entonces, podríamos concluir que los resultados varían.

Aleatorización se entiende por aleatorización al hecho de tanto la asignación de material experimental como el orden en que se realizan las pruebas o ensayos individuales, se determina aleatoriamente.

El análisis por bloques es una técnica utilizada para incrementar la precisión del experimento, y que consiste en dividir las unidades experimentales en subconjuntos homogéneos (bloques).

1.4. Conceptos básicos

Factor Variable cuyo efecto experimental debe ser medido.

Nivel o tratamiento Estados o modalidades de dicho factor.

Unidad experimental Elemento del experimento sobre el que se aplica un tratamiento.

Bloque Grupo de unidades experimentales homogéneas frente a un determinado factor.

Error experimental Variación de la respuesta entre unidades experimentales tratadas de forma semejante.

1.5. Clasificación de los diseños

Diseños de clasificación cruzada Los distintos niveles de los factores considerados son combinados, cruzados, para ser aplicados simultáneamente a las unidades experimentales.

- **Diseños cruzados completos** se obtiene al menos una observación de cada posible combinación de niveles de todos los factores.
- **Diseños cruzados incompletos** se obtienen observaciones de ciertas combinaciones de niveles, quedando otras sin ser ensayadas.

Diseños anidados o jerarquizados En ocasiones carece de sentido cruzar los factores, ya que los niveles de un factor pueden variar dentro de los niveles de otro.

Diseños mixtos

1.6. Algunos resultados inferenciales sobre Modelos Lineales

A lo largo de esta asignatura estudiaremos modelos que son lineales, es decir, modelos en los que una observación y puede ser representada mediante

$$y = x_1\beta_1 + x_2\beta_2 + \cdots + x_p\beta_p + \varepsilon \quad (1.1)$$

donde

$$\begin{array}{ll} x_1, \dots, x_p & \text{son valores conocidos} \\ \beta_1, \dots, \beta_p & \text{son coeficientes desconocidos} \\ \varepsilon & \text{denota el error aleatorio} \end{array}$$

Si tenemos más de una observación, y_1, \dots, y_n entonces se tendrá:

$$y_i = x_{i1}\beta_1 + x_{i2}\beta_2 + \cdots + x_{ip}\beta_p + \varepsilon_i \quad i = 1, \dots, n$$

donde x_{ij} representa la j -ésima coordenada para la i -ésima observación.

Matricialmente

$$Y = X\beta + \varepsilon$$

donde $Y = (y_1, \dots, y_n)^t$ es un vector compuesto por n observaciones, X es una matriz $n \times p$ de constantes conocidas, β es un vector de parámetros de dimensión p y ε es un vector de errores aleatorios. La matriz $X = (x_{ij})$ es usualmente denominada la **matriz del diseño**. Es una matriz con n filas y p columnas. En los modelos asociados al diseño de experimentos, los elementos de esta matriz tomarán sólo los valores 0 y 1.

Los elementos del vector β , el vector paramétrico, serán usualmente constantes desconocidas. El objetivo se centrará en estimar las componentes de β , estimar funciones de las componentes de β , y realizar contrastes sobre ellas.

El **modelo** se dice que es **lineal** porque cada observación y_i es expresada como una **combinación lineal de los parámetros** β_j . No hay restricciones sobre si el modelo tiene que ser función lineal de las x_i , o si éstas tienen que ser independientes. De hecho el modelo

$$y = \beta_0 + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + \beta_3 x^3 + \varepsilon$$

puede expresarse como en (1.1) con $x_0 = 1$, $x_1 = x$, $x_2 = x^2$, $x_3 = x^3$. La importancia de los modelos lineales radica no sólo en su sencillez, sino que incluso modelos no lineales pueden ser transformados en lineales (como por ejemplo $y = Ae^{Bx}$) o aproximados por modelos lineales mediante el desarrollo en serie (por ejemplo $y = \beta_1 + 1/(\beta_2 + \beta_3 x)$ ó $y = Ae^{Bx} + Ce^{Dx}$).

1.6.1. Hipótesis distribucionales

En el modelo lineal la i -ésima observación consta de dos componentes:

- $\sum_{j=1}^p x_{ij} \beta_j$
- ε_i : error en la i -ésima observación.

Supondremos que los errores satisfacen las siguientes hipótesis:

- (i) Tienen media 0, $E(\varepsilon_i) = 0$, $\forall i$, y por tanto $E(Y) = X\beta$.
- (ii) Están incorrelados, $E(\varepsilon_i \varepsilon_j) = 0$, $\forall i \neq j$
- (iii) Tiene igual varianza (hipótesis de homocedasticidad), $V(\varepsilon_i) = \sigma^2$, $\forall i$

De las hipótesis (ii) y (iii) se tiene que $V(Y) = V(\varepsilon) = \sigma^2 I_n$.

Recuérdese que si Y es un vector alatorio, entonces

- $E(Y)$ es un vector cuya i -ésima componente es $E(y_i)$
- $E(AY + b) = AE(Y) + b$, A matriz, b vector
- $V(Y)$ es una matriz simétrica semidefinida positiva, $v_{ii} = \text{var}(y_i)$ y $v_{ij} = \text{cov}(y_i, y_j)$
- $V(AY) = AV(Y)A^t$
- $\text{Cov}(AY, BZ) = A\text{Cov}(Y, Z)B^t$
- $\text{Cov}(Y, Z) = E(YZ^t) - E(Y)E(Z)^t$

1.6.2. El método de mínimos cuadrados

Para estimar las constantes desconocidas β_j utilizaremos el método de mínimos cuadrados, que consiste en estimar β_1, \dots, β_p mediante $\hat{\beta}_1, \dots, \hat{\beta}_p$ de modo que minimicen la suma de cuadrados de los residuos, donde los residuos se definen como sigue:

- sea $\hat{\beta}$ un vector de estimadores (puede no ser único)

- sea \hat{y}_i el correspondiente estimador de $E(y_i)$, obtenido sustituyendo β por $\hat{\beta}$, i.e., $\hat{y}_i = \sum_j x_{ij} \hat{\beta}_j$

entonces, se define el i -ésimo residuo como $e_i = y_i - \hat{y}_i$. El método de mínimos cuadrados estima β mediante $\hat{\beta}$ tal que minimice $\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$, cuya solución constituye lo que se denomina el **Sistema de Ecuaciones Normales** (SEN)¹

$$X^t Y = X^t X \hat{\beta} \quad (1.2)$$

La matriz $X^t X$ es una matriz $p \times p$ simétrica semidefinida (o definida) positiva con el mismo rango que X . Supondremos que $n \geq p$, y por tanto el rango de X es el número de columnas de X que son linealmente independientes.

Caso de rango total

Este es el caso usual en los modelos de regresión múltiple y la excepción en los modelos de diseños de experimentos. No obstante lo examinaremos brevemente como introducción. Si las p columnas de X son linealmente independientes, entonces $rg(X) = rg(X^t X) = p$, por tanto existe $(X^t X)^{-1}$ y el SEN (1.2) tiene solución única dada por

$$\hat{\beta} = (X^t X)^{-1} X^t Y$$

El estimador obtenido es insesgado y tiene por varianza $V(\hat{\beta}) = \sigma^2 (X^t X)^{-1}$.

Caso singular

Si X no es de rango total (sea r ($r < p$) su rango), entonces $X^t X$ es singular y por tanto no existe su inversa. Para determinar las soluciones haremos uso del concepto de inversa generalizada de una matriz.

Inversa generaliza de una matriz

Definición 1 Sea A una matriz $n \times m$, se dice que la matriz A^- de dimensión $m \times n$ es una **inversa generalizada** de A si

$$A A^- A = A$$

Proposición 1 1. $rg(A^-) \geq rg(A)$.

2. $A A^-$ es una matriz idempotente con $rg(A) = rg(A A^-) = tr(A A^-)$.

3. $A^- A$ es una matriz idempotente con $rg(A) = rg(A^- A) = tr(A^- A)$.

4. $P = X(X^t X)^- X^t$ es una matriz idempotente con $rg(P) = rg(X)$, $PX = X$ y es única $\forall (X^t X)^-$.

Nota 1 (a) P es la matriz proyección sobre el espacio vectorial (e.v.) generado por las columnas de X .

(b) P no depende de la base elegida del e.v.

¹ $\frac{\partial}{\partial x} a^t x = a$, $\frac{\partial}{\partial x} x^t A x = 2Ax$, si A es simétrica

Aplicación a la resolución de ecuaciones lineales

Consideremos el sistema de ecuaciones $AX = B$, donde $A_{n \times m}$, $B_{n \times q}$ son matrices conocidas y $X_{m \times q}$ es una matriz de incógnitas

Proposición 2 *El sistema es compatible si y sólo si $B = AA^-B$, $\forall A^-$.*

Proposición 3 *Supongamos que el sistema es compatible, entonces*

1. *Si A^- es una inversa generalizada de A , entonces $X = A^-B$ es solución*
2. *Si A^- es una inversa generalizada de A , entonces la solución general viene dada por*

$$X = A^-B + (I - A^-A)Z, \quad Z \text{ arbitraria}$$

Teorema 1 *El sistema de ecuaciones normales (1.2) es compatible y la solución general del mismo viene dada por:*

$$\tilde{\beta} = (X^tX)^-X^tY + (I - H)Z$$

con

$$H = (X^tX)^-(X^tX)$$

$$Z \in \mathbb{R}^p, \text{ arbitraria}$$

Proposición 4 *$X\tilde{\beta}$ es única $\forall \tilde{\beta}$ solución del SEN.*

1.6.3. Funciones Linealmente Estimables

Puesto que, en general, $\tilde{\beta}$ no es insesgado, planteamos la siguiente cuestión,

¿ $\exists f(\beta)$ que sea estimable?

Un parámetro (o función de parámetros) es **estimable** si existe una función de las observaciones cuyo valor esperado es el parámetro (o función de parámetros). Nos restringiremos a funciones $f(\beta)$ que son lineales, es decir, $f(\beta) = \lambda^t\beta$, y a la búsqueda de estimadores que sean funciones lineales de las observaciones, i.e., de la forma c^tY . Para ello introduciremos el concepto de función linealmente estimable.

Definición 2 *Se dice que un parámetro, o una función de parámetros es **linealmente estimable** (l.e.) si existe una combinación lineal de las observaciones cuyo valor esperado es el parámetro, o función de parámetros.*

Proposición 5 $\lambda^t\beta$ es l.e. $\Leftrightarrow \exists c/\lambda = X^tc$.

Una consecuencia inmediata del resultado anterior es que el conjunto de funciones lineales del parámetro β que son l.e. forman un espacio vectorial cuya dimensión (es decir, el número de funciones l.e. que son linealmente independientes) es igual al rango de X .

Proposición 6 $\lambda^t \beta$ es l.e. $\Leftrightarrow \lambda^t = \lambda^t H$, con $H = (X^t X)^-(X^t X)$,

Teorema 2 Si $\lambda^t \beta$ es una función l.e. y $\tilde{\beta}$ es una solución del SEN, entonces $\lambda^t \tilde{\beta}$ es un estimador insesgado de $\lambda^t \beta$ y además es único, $\forall \tilde{\beta}$ solución del SEN.

Proposición 7 Sea $\lambda^t \beta$ una función l.e., se tiene que

$$\text{var}(\lambda^t \tilde{\beta}) = \sigma^2 \lambda^t (X^t X)^- \lambda$$

Sean $\lambda_1^t \beta$, $\lambda_2^t \beta$ dos funciones l.e., entonces

$$\text{cov}(\lambda_1^t \tilde{\beta}, \lambda_2^t \tilde{\beta}) = \sigma^2 \lambda_1^t (X^t X)^- \lambda_2$$

1.6.4. Descomposición de la variabilidad total. Estimación de la varianza

Dado que

$$Y^t Y = \hat{Y}^t \hat{Y} + (Y - \hat{Y})^t (Y - \hat{Y}) = Y^t P Y + Y^t (I - P) Y$$

si se denota:

$$\begin{aligned} Y^t Y &= SC_T \quad (\text{suma de cuadrados total}) \\ \hat{Y}^t \hat{Y} &= SC_{mod} \quad (\text{suma de cuadrados debida al modelo}) \\ (Y - \hat{Y})^t (Y - \hat{Y}) &= SC_\varepsilon \quad (\text{suma de cuadrados debida al error}) \end{aligned}$$

se tiene lo que se denomina **descomposición de la variabilidad total**,

$$SC_T = SC_{mod} + SC_\varepsilon$$

Lema 1 Sea X un vector aleatorio q -dimensional, con media μ y matriz de varianza-covarianza Σ , y sea A una matriz $q \times q$. Se tiene que:

$$E(X^t A X) = \mu^t A \mu + \text{tr}(A \Sigma)$$

Teorema 3 En el Modelo Lineal, si $r = \text{rg}(X)$, entonces

$$\begin{aligned} E\left(\frac{SC_{mod}}{r}\right) &= \frac{1}{r} \beta^t X^t X \beta + \sigma^2 \\ E\left(\frac{SC_\varepsilon}{n-r}\right) &= \sigma^2 \end{aligned}$$

Definición 3 1. Se define el **cuadrado medio debido al modelo** como: $CM_{mod} = \frac{SC_{mod}}{r}$

2. Se define el **cuadrado medio debido al error** como: $CM_\varepsilon = \frac{SC_\varepsilon}{n-r}$

1.6.5. Distribución e independencia de formas cuadráticas

Más adelante se verá que, bajo hipótesis de normalidad, los estimadores obtenidos mediante el método de mínimos cuadrados coinciden (casi) con los que se obtienen con el método de máxima verosimilitud. Para estudiar la distribución de los estimadores resultantes necesitamos tener una serie de resultados sobre la distribución e independencia de **formas cuadráticas**, es decir, variables aleatorias de la forma Y^tAY , donde A es una matriz $n \times n$ simétrica y semidefinida positiva e Y es un vector aleatorio n -dimensional. En el Lema 1 ya hemos obtenido la expresión de la media de una forma cuadrática:

$$E(Y^tAY) = \mu^tA\mu + \text{tr}(A\Sigma)$$

Teorema 4 Si $X \sim N_n(\mu, \Sigma)$ y A_1, \dots, A_k son matrices simétricas s.d.p., se tiene que:

$$X^tA_1X, \dots, X^tA_kX \text{ son independientes} \Leftrightarrow A_i\Sigma A_j = 0, \forall i \neq j$$

Definición 4 Sea $X \sim N_n(\mu, I_n)$ y sea $Y = X^tX$. A la distribución de la variable aleatoria Y se le denomina **distribución chi-cuadrado no centrada** con n grados de libertad y parámetro de descentralización $\lambda = \|\mu\|^2 = \sum \mu_i^2$, y se denota $Y \sim \chi_{n,\lambda}^2$

Se tiene que $E(Y) = n + \lambda$ y $\text{var}(Y) = 2n + 4\lambda$.

Si $\mu = 0$, entonces Y sigue una distribución chi-cuadrado (centrada) con n grados de libertad, $Y \sim \chi_n^2$

Teorema 5 Si $X \sim N_n(\mu, \Sigma)$ y A es una matriz simétrica,

$$X^tAX \sim \chi_{k,\lambda}^2, \quad \lambda = \mu^tA\mu \Leftrightarrow A\Sigma \text{ idempotente con } \text{rg}(A\Sigma) = k$$

Teorema 6 (Teorema de Cochran) Sea $X \sim N_n(\mu, I_n)$ y supongamos que

$$X^tX = X^tA_1X + \dots + X^tA_kX,$$

donde A_1, \dots, A_k son matrices simétricas s.d.p. con $\text{rg}(A_i) = n_i$, entonces se tiene que:

$$\left. \begin{array}{l} X^tA_iX \sim \chi_{n_i,\lambda_i}^2, \quad \lambda_i = \mu^tA_i\mu, \quad i = 1, \dots, k \\ X^tA_1X, \dots, X^tA_kX \text{ independientes} \end{array} \right\} \Leftrightarrow \sum_{i=1}^k n_i = n$$

1.6.6. Teoría Normal en el Modelo Lineal

A lo largo de este apartado supondremos, además de las hipótesis hechas en el apartado 1.6.1, que el vector de errores, ε sigue una distribución normal, $\varepsilon \sim N_n(0, \sigma^2 I_n)$, lo que implica que $Y \sim N_n(X\beta, \sigma^2 I_n)$.

Estimadores de máxima verosimilitud (EMV)

Bajo la hipótesis de normalidad, para el parámetro $\theta = (\mu, \sigma^2)$, $\mu = X\beta$, la función de verosimilitud viene dada por:

$$L(\theta) = \left(\frac{1}{2\pi\sigma^2} \right)^{n/2} \exp \left\{ -\frac{1}{2\sigma^2} \|Y - \mu\|^2 \right\}$$

$$\ln L(\theta) = -\frac{n}{2} \ln(2\pi\sigma^2) - \frac{1}{2\sigma^2} (Y - X\beta)^t (Y - X\beta)$$

obteniendo que los EMV serán el resultado del siguiente sistema de ecuaciones,

$$\begin{aligned} X^t X \beta &= X^t Y \\ n\sigma^2 &= (Y - X\beta)^t (Y - X\beta) \end{aligned}$$

resultando

$$\begin{aligned} \hat{\beta}_{MV} &= \tilde{\beta}, \\ \hat{\sigma}_{MV}^2 &= \frac{1}{n} (Y - X\tilde{\beta})^t (Y - X\tilde{\beta}) = \frac{SC_\varepsilon}{n}. \end{aligned}$$

Por tanto, el EMV de β coincide con el obtenido mediante el método de mínimos cuadrados, y el estimador de σ^2 también coincide, salvo constante multiplicativa.

Distribución de los EMV

- Sean $\lambda_1, \dots, \lambda_m \in \mathbb{R}^p$ de modo que $\lambda_i^t \beta$ es l.e., $1 \leq i \leq m$, $m \leq r$ y que la matriz $m \times p$

$$\Lambda = \begin{pmatrix} \lambda_1^t \\ \vdots \\ \lambda_m^t \end{pmatrix},$$

tiene rango m . Entonces

$$\Lambda \tilde{\beta} \sim N_m(\Lambda\beta, \sigma^2 \Sigma_\Lambda), \quad \Sigma_\Lambda = \Lambda(X^t X)^{-1} \Lambda^t, \quad \text{rango}(\Sigma_\Lambda) = m.$$

- $\frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{n-r}^2$.
- $\Lambda \tilde{\beta}$ y SC_ε son independientes.
- Como consecuencia de las propiedades anteriores

$$\frac{1}{m} \frac{(\Lambda \tilde{\beta} - \Lambda\beta)^t \Sigma_\Lambda^{-1} (\Lambda \tilde{\beta} - \Lambda\beta)}{CM_\varepsilon} \sim \mathcal{F}_{m, n-r}.$$

Contraste de hipótesis

Consideremos el siguiente contraste:

$$\left. \begin{aligned} H_0 : \Lambda\beta &= d \\ H_1 : \Lambda\beta &\neq d \end{aligned} \right\}$$

donde Λ es una matriz $m \times p$ como en el apartado anterior, es decir, con $rg(\Lambda) = m$, de modo que $\lambda_i^t \beta$ es l.e., $1 \leq i \leq m$, y $d \in \mathbb{R}^m$. Se dice entonces que H_0 es una **hipótesis estimable**. El estadístico del test de razón de verosimilitud del contraste anterior viene dado

$$F = \frac{1}{m} \frac{(\Lambda \tilde{\beta} - d)^t (\Lambda (X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda \tilde{\beta} - d)}{CM_\varepsilon} = \frac{1}{m} \frac{SC_{\varepsilon_0} - SC_\varepsilon}{CM_\varepsilon}$$

que bajo H_0 sigue una distribución F-Snedecor con m y $n - r$ grados de libertad, luego la región crítica del TRV es:

$$\text{Rechazar } H_0 \text{ si } F \geq \mathcal{F}_{m, n-r, 1-\alpha}$$

Otra forma: se tiene que

$$E \left[(\Lambda \tilde{\beta} - d)^t (\Lambda (X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda \tilde{\beta} - d) / m \right] = \sigma^2 + (\Lambda \beta - d)^t (\Lambda (X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda \beta - d) / m, \quad E[CM_\varepsilon] = \sigma^2,$$

de donde un estimador razonable de

$$\theta = \frac{\sigma^2 + (\Lambda \beta - d)^t (\Lambda (X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda \beta - d) / m}{\sigma^2} = 1 + \frac{1}{m\sigma^2} (\Lambda \beta - d)^t (\Lambda (X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda \beta - d),$$

es el estadístico F . Nótese que $\theta \geq 1$ con $\theta = 1$ sii H_0 es cierta, por lo que es razonable rechazar la hipótesis nula para valores “grandes” del estadístico F . Ahora imponiendo que el test tenga tamaño α se obtiene la misma región crítica.

Potencia del test del modelo lineal general. Determinación del tamaño muestral

Antes de estudiar la potencia del test en el Modelo Lineal General, comenzaremos viendo un ejemplo sencillo.

- Supongamos que, basándonos en las observaciones Y_1, Y_2, \dots, Y_n , deseamos contrastar las hipótesis

$$\begin{aligned} H_0 &: \theta \in \Theta_0, \\ H_1 &: \theta \in \Theta_1 = \Theta - \Theta_0. \end{aligned}$$

Un **test** es una regla que especifica, para cada Y_1, Y_2, \dots, Y_n , cuando rechazar la hipótesis nula, es decir, para decidir cuando los datos muestran evidencia contra H_0 . Al conjunto de puntos del espacio muestral que nos llevan a rechazar la hipótesis nula, se le denomina **región crítica**. A la hora de realizar un contraste de hipótesis nos podemos encontrar en alguna de las siguientes situaciones:

	Estado de la naturaleza	
Acción	$\theta \in \Theta_0$	$\theta \in \Theta_1$
No rechazar H_0	correcto	error tipo II
Rechazar H_0	error tipo I	correcto

Ambos errores se cuantifican mediante sus probabilidades respectivas de ocurrencia. A

$$\text{pot}(\theta) = P_\theta(\text{rechazar } H_0)$$

se le denomina **función potencia**.

El enfoque usual para determinar la región crítica es especificar una cota superior α para la probabilidad del error tipo I,

$$\text{pot}(\theta) \leq \alpha, \quad \forall \theta \in \Theta_0.$$

A α se le denomina **nivel de significación**. La probabilidad de error tipo II puede acotarse seleccionando un tamaño de muestra adecuado. Consideremos

$$Y_1, Y_2, \dots, Y_n \sim N(\mu, \sigma^2),$$

con σ conocida. Supongamos que deseamos contrastar las hipótesis

$$\begin{aligned} H_0 : \mu &= \mu_0, \\ H_1 : \mu &\neq \mu_0, \end{aligned}$$

y con este fin, consideramos la regla

$$\text{rechazar } H_0 \text{ si } |\bar{Y} - \mu_0| > d.$$

Imponiendo que el nivel de significación sea α se determina d :

$$\alpha = P_{\mu_0} (|\bar{Y} - \mu_0| > d) \Leftrightarrow 1 - \alpha = P_{\mu_0} (|\bar{Y} - \mu_0| \leq d).$$

Como $\sqrt{n}(\bar{Y} - \mu) \sim N(0, \sigma^2)$, se tiene que

$$1 - \alpha = P_{\mu_0} \left(\sqrt{n} \frac{|\bar{Y} - \mu_0|}{\sigma} \leq Z_{1-\alpha/2} \right) = P_{\mu_0} \left(|\bar{Y} - \mu_0| \leq \frac{\sigma}{\sqrt{n}} Z_{1-\alpha/2} \right), \quad \forall n,$$

de donde la región crítica

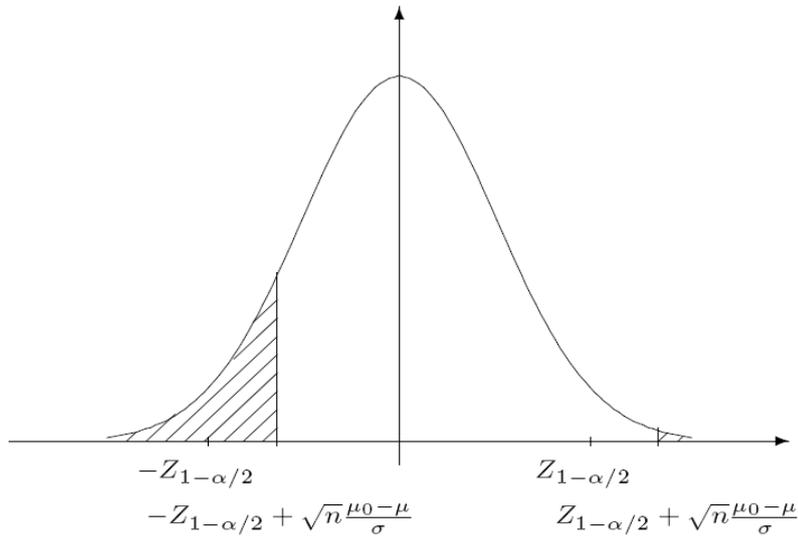
$$\text{rechazar } H_0 \text{ si } |\bar{Y} - \mu_0| > \frac{\sigma}{\sqrt{n}} Z_{1-\alpha/2},$$

tiene nivel de significación α , para cualquier tamaño de muestra n .

Para determinar n , consideremos $\mu \neq \mu_0$. Se tiene que

$$\begin{aligned} \text{pot}(\mu) &= P_{\mu} \left(|\bar{Y} - \mu_0| > \frac{\sigma}{\sqrt{n}} Z_{1-\alpha/2} \right) = \\ &= 1 - P_{\mu} \left(-Z_{1-\alpha/2} + \sqrt{n} \frac{\mu_0 - \mu}{\sigma} \leq \sqrt{n} \frac{\bar{Y} - \mu}{\sigma} \leq \sqrt{n} \frac{\mu_0 - \mu}{\sigma} + Z_{1-\alpha/2} \right) = \\ &= 1 - P \left(-Z_{1-\alpha/2} + \sqrt{n} \frac{\mu_0 - \mu}{\sigma} \leq Z \leq \sqrt{n} \frac{\mu_0 - \mu}{\sigma} + Z_{1-\alpha/2} \right), \end{aligned}$$

donde $Z \sim N(0, 1)$. Gráficamente



Así pues, $\text{pot}(\mu) = \text{pot}(\alpha, n, d)$, donde $d = \mu_0 - \mu$, y

- $\text{pot}(\alpha, n, d) = \text{pot}(\alpha, n, -d) = \text{pot}(\alpha, n, |d|)$.
- Fijados α y n , $\text{pot}(\alpha, n, d)$ es creciente en d .
- Fijados α y d , $\text{pot}(\alpha, n, d)$ es creciente en n .
- $\text{pot}(\alpha, n, d) \geq \alpha, \forall n, \forall d \geq 0$.

Fijados $\alpha, d_0 > 0$ y $\text{pot}_0 > \alpha$, es posible determinar n_0 tal que

$$\text{pot}(\alpha, n, d) \geq \text{pot}_0, \quad \forall n \geq n_0, \quad \forall d \geq d_0,$$

o equivalentemente, si $n \geq n_0$ entonces

$$P_\mu(\text{error tipo II}) \leq 1 - \text{pot}_0, \quad \forall \mu \text{ tal que } |\mu - \mu_0| \geq d_0.$$

Como

$$\lim_{d \rightarrow 0} \text{pot}(\alpha, n, d) = \alpha, \quad \forall n,$$

no existe un tamaño de muestra que permita acotar la probabilidad de error tipo II en todos los puntos de la hipótesis alternativa.

- Volvamos ahora al Modelo Lineal General, $Y = X\beta + \varepsilon$ y consideremos el contraste

$$\left. \begin{array}{l} H_0 : \Lambda\beta = d \\ H_1 : \Lambda\beta \neq d \end{array} \right\}$$

donde $\text{rg}(X) = r \leq p$, Λ es una matriz $m \times p$ con $\text{rg}(\Lambda) = m$. Para este contraste la región crítica del TRV viene dado por:

$$F = \frac{(\Lambda\hat{\beta} - d)^t (\Lambda(X^t X)^{-1} \Lambda^t)^{-1} (\Lambda\hat{\beta} - d) / m}{CM_\varepsilon} \geq \mathcal{F}_{m, n-r, 1-\alpha}$$

ya que, bajo H_0 $F \sim \mathcal{F}_{m, n-r}$

Si H_0 no es cierta, entonces el estadístico F sigue una distribución F-Snedecor no centrada.

Definición 5 Sean U, V dos variables aleatorias independientes tal que $U \sim \chi_{p,\lambda}^2$ y $V \sim \chi_q^2$. Sea $F = qU/pV$. A la distribución de la variable aleatoria F se le denomina **distribución F de Snedecor no centrada** con p, q grados de libertad y parámetro de descentralización λ , y se denota $F \sim \mathcal{F}_{p,q,\lambda}$

Así, si H_0 no es cierta, $F \sim \mathcal{F}_{m,n-r,\lambda}$ con

$$\lambda = \frac{1}{\sigma^2}(\Lambda\beta - d)^t(\Lambda(X^t X)^{-1}\Lambda^t)^{-1}(\Lambda\beta - d).$$

En este caso general, se tienen propiedades similares a las vistas en el caso anterior:

- La potencia crece con el tamaño muestral ($\text{pot} \uparrow n$)
- La potencia crece con el valor de λ ($\text{pot} \uparrow \lambda$)
- $\lim_{\lambda \rightarrow 0} \text{pot} = \alpha$

por lo que **no existe** un n_0 tal que

$$\text{pot} \geq \text{pot}_0 > \alpha, \quad \forall n \geq n_0, \quad \forall \lambda > \lambda_0.$$

Para determinar el tamaño de la muestra se procede del siguiente modo: fijados α , $\text{pot}_0 \geq \alpha$ y $\lambda_0 > 0$ se busca el valor de n_0 tal que $\forall n \geq n_0, \forall \lambda \geq \lambda_0$ se tiene que $\text{pot} \geq \text{pot}_0 > \alpha$ quedando sin controlar la función potencia en los puntos de la alternativa con $\lambda \in (0, \lambda_0)$.

1.7. Problemas

1. Sea Y un vector aleatorio con n componentes normales independientes verificando $E(Y_i) = \mu$ y $\text{var}(Y_i) = 1/w_i$, $i = 1, 2, \dots, n$. Sea

$$\bar{Y}_w = \frac{\sum_{i=1}^n w_i Y_i}{\sum_{i=1}^n w_i}.$$

Demostrar que $\sum_{i=1}^n w_i (Y_i - \bar{Y}_w)^2 \sim \chi_{n-1}^2$.

2. Sea un modelo lineal cuyas ecuaciones normales son

$$\begin{pmatrix} 10 & -2 & -8 \\ -2 & 5 & -3 \\ -8 & -3 & 11 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 12 \\ 16 \\ -28 \end{pmatrix}$$

- a) Obtener una solución del sistema de ecuaciones normales.
- b) ¿Cuándo es $\sum_{i=1}^3 \lambda_i \beta_i$ linealmente estimable?
- c) Calcular un estimador insesgado y su varianza de cualquier función linealmente estimable.
- d) Obtener una función paramétrica no linealmente estimable.
- e) Obtener cualesquiera dos soluciones de las ecuaciones normales y verificar que la estimación de $\beta_1 - \beta_2$ que cada uno proporciona es la misma, no ocurriendo así para la estimación de $\beta_1 + \beta_2 + \beta_3$.

3. Sean X_1, X_2, \dots, X_n una m.a.s. procedente de una variable aleatoria X que se distribuye según una ley $N(\mu_1, \sigma^2)$, Y_1, Y_2, \dots, Y_n una m.a.s. procedente de una variable aleatoria Y que se distribuye según una ley $N(\mu_2, \sigma^2)$, Z_1, Z_2, \dots, Z_n una m.a.s. procedente de una variable aleatoria Z que se distribuye según una ley $N(\mu_3, \sigma^2)$, donde

$$\mu = \beta_1 \mathbf{e}_1 + \beta_2 \mathbf{e}_2 + \beta_3 \mathbf{e}_3 \quad \text{siendo} \quad \begin{aligned} \mu^t &= (\mu_1, \mu_2, \mu_3) \\ \mathbf{e}_1^t &= (1, 1, 0) \\ \mathbf{e}_2^t &= (0, 1, 1) \\ \mathbf{e}_3^t &= (1, 0, -1) \end{aligned}$$

Sea $\beta = (\beta_1, \beta_2, \beta_3)^t$ y α el nivel de significación fijado. Suponiendo que X, Y y Z son independientes:

- Hallar $\tilde{\beta}$.
 - ¿Cuándo es $\sum_{i=1}^3 \lambda_i \beta_i$ linealmente estimable?
 - Hallar $\hat{\sigma}^2$ y calcula in intervalo de confianza para σ^2 .
 - Contrastar la hipótesis $H_0 : \beta_2 = \beta_3$.
 - Obtener un intervalo de confianza para $\beta_1 + \beta_2$.
4. Sea el modelo $y_i = \alpha + \beta x_i + \varepsilon_i$, $i = 1, \dots, n$. ¿Qué condición deben verificar x_1, x_2, \dots, x_n para que la varianza del estimador de mínimos cuadrados de α sea mínima en caso de rango total?
5. Considérese el modelo lineal $Y = X\beta + \varepsilon$ con $\varepsilon \sim N_n(0, \sigma^2 I)$, $n = 10$, $p = 3$, $\sum_{i=1}^n y_i^2 = 58$ y ecuaciones normales:

$$\begin{aligned} 4\beta_1 + 2\beta_2 - 2\beta_3 &= 4 \\ 2\beta_1 + 2\beta_2 + \beta_3 &= 7 \\ -2\beta_1 + \beta_2 + 6\beta_3 &= 9 \end{aligned}$$

Utilizando nivel de significación $\alpha = 0,05$:

- Estimar β y σ^2 .
- Calcular intervalos de confianza al 95 % para $\beta_1, \beta_2, \beta_3, \beta_1 - \beta_2, \beta_1 + \beta_3, \sigma^2$.
- Contrastar la hipótesis $H_0 : 2\beta_1 + \beta_2 = 0, \beta_2 + 3\beta_3 = 0$.
- Contrastar $H_0 : \beta = 0$.

Capítulo 2

Experimentos con un factor

2.1. Introducción

A lo largo del tema supondremos que un conjunto de diferentes tratamientos o niveles de un factor, pongamos k , son aplicados a N unidades experimentales (u.e.), aplicándose un tratamiento sobre cada u.e., y tras ello se realiza una observación (respuesta). Supondremos que las u.e. son asignadas a los tratamientos de manera totalmente aleatoria. Un experimento así se dice que es un **experimento completamente aleatorizado**.

Para ver la necesidad de la asignación aleatoria de u.e. a tratamientos, consideremos el siguiente ejemplo: se lleva a cabo un experimento industrial con el objeto de comparar la producción de una sustancia a cuatro temperaturas. Para ello se realizan 20 pruebas, 5 a cada temperatura. El procedimiento requiere el uso de un catalizador que se deteriora con el tiempo. Si el experimentador hiciera primero las pruebas a la temperatura más alta, luego las pruebas a la siguiente temperatura más alta, ... y finalmente las pruebas a la temperatura más baja, tendría dificultad a la hora de interpretar los resultados, pues si las producciones a temperaturas altas fueran superiores a las obtenidas con temperaturas más bajas ¿podría el experimentador estar seguro de que la diferencia en producción es debida exclusivamente a que altas temperaturas son más operativas, o bien es debida al deterioro del catalizador? Se deduce que la **asignación aleatoria es esencial para el análisis del experimento**.

A la hora de analizar los resultados distinguiremos dos casos:

Modelo I o modelo de efectos fijos, donde se desea contrastar la igualdad de efectos de k tratamientos que son fijos. Un ejemplo sería el experimento antes descrito, donde se desea estudiar la producción de una sustancia a 5 temperaturas fijas.

Modelo II o modelo de efectos aleatorios, aquí se considera que los tratamientos no son fijos, sino que son una muestra aleatoria de una población infinita de tratamientos. Un ejemplo sería el experimento anterior donde las 5 temperaturas, en vez de ser fijadas, hubieran sido seleccionadas al azar de un intervalo de posibles temperaturas.

Comenzaremos estudiando el modelo I.

2.2. Análisis de un experimento completamente aleatorizado

2.2.1. Modelo

Supongamos que se dispone de k muestras independientes procedentes de otras tantas poblaciones, o de la misma población pero cada una extraída de subpoblaciones afectadas por diferentes niveles de un factor. Supongamos además que cada una de estas k poblaciones se distribuye según una ley normal $N(\mu_i, \sigma^2)$, es decir, la varianza es la misma en las k poblaciones, y difieren, posiblemente, en la media. Bajo estas hipótesis, las observaciones (respuestas) pueden expresarse como

$$\begin{aligned} y_{ij} &= \mu_i + \varepsilon_{ij}, & i &= 1, 2, \dots, k, \\ & & j &= 1, 2, \dots, n_i, \\ & & \varepsilon_{ij} &\text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2), \end{aligned}$$

donde

y_{ij} representa la j -ésima observación en la i -ésima población ó i -ésimo tratamiento ó i -ésimo nivel del factor,

μ_i representa la respuesta media en la i -ésima población, es decir, $E(y_{ij}) = \mu_i$,

ε_{ij} es el error aleatorio de la i, j -ésima observación,

n_i número de observaciones o tamaño de la muestra en la población i .

Tanto las medias, μ_i , $i = 1, 2, \dots, k$, con la varianza, σ^2 , son constantes desconocidas. Los tamaños muestrales son arbitrarios, esto es, pueden ser iguales o distintos.

Definición 6 Si los n_i son todos iguales, se dice que el diseño es **balanceado** o **equirreplicado**. En caso contrario se dice que es **no balanceado**, **desbalanceado** o **no equirreplicado**.

Un modelo alternativo para las observaciones es el siguiente

$$\begin{aligned} y_{ij} &= \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, & i &= 1, 2, \dots, k, \\ & & j &= 1, 2, \dots, n_i, \\ & & \varepsilon_{ij} &\text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2), \end{aligned}$$

donde ahora

μ es la media global,

α_i es el efecto del i -ésimo tratamiento.

Matricialmente, $Y = X\beta + \varepsilon$, donde

$$\begin{aligned} Y^t &= (y_{11}, y_{12}, \dots, y_{1n_1}, y_{21}, y_{22}, \dots, y_{2n_2}, \dots, y_{k1}, y_{k2}, \dots, y_{kn_k}), \\ \varepsilon^t &= (\varepsilon_{11}, \varepsilon_{12}, \dots, \varepsilon_{1n_1}, \varepsilon_{21}, \varepsilon_{22}, \dots, \varepsilon_{2n_2}, \dots, \varepsilon_{k1}, \varepsilon_{k2}, \dots, \varepsilon_{kn_k}), \\ \beta^t &= (\mu, \alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_k), \\ X &= \begin{pmatrix} 1_{n_1} & 1_{n_1} & 0 & \dots & 0 \\ 1_{n_2} & 0 & 1_{n_2} & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1_{n_k} & 0 & 0 & \dots & 1_{n_k} \end{pmatrix} \end{aligned}$$

La matriz X , denominada **matriz de diseño**, es una matriz $N \times (k + 1)$, donde $N = \sum_{i=1}^k n_i$, con rango $\text{rg}(X) = k$, pues la suma de las columnas correspondientes a los efectos de los tratamientos es igual a la primera columna, que corresponde a la media global.

2.2.2. Estimación de los parámetros

- Imponiendo $\sum_i n_i \alpha_i = 0$, se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{..}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_i - \bar{y}_{..},$$

donde

$$\bar{y}_{..} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}, \quad \bar{y}_i = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} y_{ij}.$$

- Se tiene que $\lambda_0 \mu + \sum_i \lambda_i \alpha_i$ es l.e. sii $\lambda_0 = \sum_i \lambda_i$, y su BLUE es $\sum_i \lambda_i \bar{y}_i$.
- Como la matriz de diseño tiene rango k , un estimador insesgado de la varianza viene dado por

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{N - k}, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_i)^2.$$

2.2.3. Contraste fundamental

En el modelo considerado es de interés el contraste de igualdad de efectos,

$$\begin{aligned} H_0 : & \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k \\ H_1 : & \alpha_i \neq \alpha_j, \text{ para algunos } i \neq j \end{aligned}$$

El estadístico del test de razón de verosimilitudes para el contraste anterior es

$$F = \frac{SC_{\varepsilon_0} - SC_\varepsilon}{SC_\varepsilon} \frac{N - k}{k - 1} \stackrel{H_0}{\sim} \mathcal{F}_{k-1, N-k}.$$

Se tiene que

$$SC_{\varepsilon_0} = SC_{tot} = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2,$$

y

$$SC_{tot} = SC_\alpha + SC_\varepsilon,$$

con

$$SC_\alpha = \sum_{i=1}^k n_i \hat{\alpha}_i^2 = \sum_{i=1}^k n_i (\bar{y}_i - \bar{y}_{..})^2,$$

de donde

$$F = \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon},$$

con

$$CM_\alpha = \frac{SC_\alpha}{k - 1}.$$

A SC_α se le denomina **suma de cuadrados debida al factor** y a CM_α se le denomina **cuadrado medio debido al factor**.

La región crítica del contraste es

$$\text{Rechazar } H_0 \text{ si } F \geq \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha}.$$

Los resultados obtenidos se disponen en una tabla, denominada **tabla ANOVA**, como sigue

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	Cuadrados medios	F
Factor	SC_α	$k - 1$	CM_α	$F = CM_\alpha/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$N - k$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$N - 1$		

Nótese que cada suma de cuadrados es una forma cuadrática, es decir, un estadístico de la forma

$$SC_* = Y^t A_* Y,$$

donde A_* es una matriz simétrica semidefinida positiva. Los grados de libertad de cada forma cuadrática son el rango de la matriz A_* asociada. Alternativamente, cada forma cuadrática puede ser expresada como

$$SC_* = Z_*^t Z_*.$$

Los grados de libertad de cada forma cuadrática son la dimensión del subespacio de \mathbb{R}^N al que pertenece el vector Z_* asociado.

Otra forma de obtener el test F . La siguiente tabla muestra las sumas de cuadrados y los valores esperados de los cuadrados medios

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	$E(CM)$
Factor	$SC_\alpha = \sum_i n_i \hat{\alpha}_i^2$	$k - 1$	$\sigma^2 + \frac{1}{k-1} \sum_i n_i \alpha_i^2$
Error	$SC_\varepsilon = \sum_{ij} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2$	$N - k$	σ^2
Total	$SC_{tot} = \sum_{ij} (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2$	$N - 1$	

Nótese que

$$E(CM_\alpha) \geq E(CM_\varepsilon)$$

dándose la igualdad sii H_0 es cierta. Por tanto, una valor “grande” de

$$F = \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon},$$

sería indicativo de que H_0 no es cierta. En consecuencia, es razonable rechazar H_0 para valores “grandes” de F , es decir, la región crítica es de la forma

$$F \geq c$$

con c tal que el nivel del test sea α

$$P_{H_0}(F \geq c) = \alpha.$$

Para averiguar la distribución de F aplicamos el Teorema de Cochran: como

$$SC_T = N\bar{y}_{..}^2 + SC_\alpha + SC_\varepsilon$$

con grados de libertad: $N = 1 + k - 1 + N - k$

se sigue que SC_α y CM_ε son v.a. independientes, $SC_\alpha/\sigma^2 \sim \chi_{k-1, \lambda_\alpha}^2$ y $SC_\varepsilon/\sigma^2 \sim \chi_{N-k}^2$. Bajo H_0 , $SC_\alpha/\sigma^2 \sim \chi_{k-1}^2$, de donde

$$F \stackrel{H_0}{\sim} \mathcal{F}_{k-1, N-k}.$$

EJEMPLO 1: En una granja se desea averiguar si las condiciones ambientales inciden en la ganancia de peso de los pollos. Para ello, se observó la ganancia de peso en una semana de 15 pollos en 3 condiciones ambientales, 5 pollos en cada una. Los resultados fueron

Condición 1	100	115	95	99	105
Condición 2	115	98	97	93	95
Condición 3	98	105	105	110	94

Para resolver el problema supondremos que las muestras, para cada condición, proceden de poblaciones normales con igual varianza. El contraste que se desea realizar es

$$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \alpha_3$$

$$H_1 : \alpha_i \neq \alpha_j, \text{ para algunos } i \neq j$$

Para estos datos,

$$\bar{y}_{1.} = 102,8, \quad \bar{y}_{2.} = 99,6, \quad \bar{y}_{3.} = 102,4, \quad \bar{y}_{..} = 101,6,$$

y la tabla ANOVA es

Fuente	SC	g.l.	CM	F	p-valor
Factor	30.4	2	15.2	0.257	0.777
Error	709.2	12	59.1		
Total	739.6	14			

La RC es $F \geq \mathcal{F}_{2,12,0,95} = 3,88$, y por tanto no se puede decir que las condiciones ambientales consideradas incidan en la ganancia de peso. Alternativamente, como p-valor=0.777, no podemos rechazar H_0 .

2.3. Comparaciones múltiples

Cuando se rechaza la igualdad de efectos, el interés está centrado en averiguar qué efectos difieren significativamente entre sí, mediante múltiples comparaciones dos a dos, o mediante comparaciones en las que intervienen combinaciones de varios niveles.

Nótese que la aplicación de los contrastes antes vistos para realizar, por ejemplo, todas las comparaciones dos a dos, que son

$$\binom{k}{2} = \frac{k(k-1)}{2}$$

conllevaría un incremento del error de tipo I global.

Con el fin de controlar el error tipo I global (para todas las comparaciones), se han desarrollado una serie de técnicas denominadas procedimientos de “comparaciones múltiples”. A continuación presentamos algunos de ellos (los que ofrecen la mayoría de los paquetes estadísticos).

Método de la mínima diferencia significativa: Este método tiene la importancia de ser el primer criterio dado para realizar comparaciones múltiples (Fisher 1935).

Tras haber rechazado la hipótesis de igualdad de las k medias mediante la prueba F del análisis de la varianza, este método propone contrastar $H_0 : \mu_i = \mu_j$ para cada $i \neq j$, empleando el estadístico

$$t = \frac{\bar{y}_i - \bar{y}_j}{\sqrt{CM_\varepsilon \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}}.$$

La hipótesis H_0 es rechazada si

$$|\bar{y}_i - \bar{y}_j| \geq t_{N-k, 1-\alpha/2} \sqrt{CM_\varepsilon \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}.$$

Al lado derecho de la desigualdad se le denomina *mínima diferencia significativa (LSD)*, por ser la cantidad más pequeña a partir de la cual, diferencias entre medias son consideradas significativas. Si $n_1 = n_2 = \dots = n_k = n$, entonces

$$LSD = t_{N-k, 1-\alpha/2} \sqrt{\frac{2CM_\varepsilon}{n}}.$$

La gran virtud de este método es su simplicidad, aunque presenta el problema de que el nivel de significación α puede incrementarse de forma considerable a medida que aumenta el número de grupos.

Método de Scheffé: Este método fue propuesto por Scheffé en 1953, y permite comparar cualquier contraste, asegurando que el error tipo I es igual a α para todas las posibles combinaciones.

Este método se basa en el siguiente resultado general:

Si $\mathbf{Y} \sim N_n(X\beta, \sigma^2 I)$, siendo X una matriz $n \times p$ de rango $k \leq p$ y β un vector de parámetros desconocido de dimensión p , entonces

$$P \left[|l^t(\hat{\beta} - \beta)| \leq (dF_{d, n-k, 1-\alpha})^{1/2} \hat{\sigma} \{l^t(X^t X)^{-1} l\}^{1/2} \quad \forall l \in \mathcal{L} \right] = 1 - \alpha$$

siendo \mathcal{L} un subespacio d -dimensional del espacio vectorial generado por las columnas de X ($d \leq k$)

Para el modelo en estudio,

$$P \left[\sum_{i=1}^k c_i \mu_i \in \sum_{i=1}^k c_i \bar{y}_i \pm \{(k-1)F_{k-1, N-k, 1-\alpha}\}^{1/2} \sqrt{CM_\varepsilon} \left(\sum_{i=1}^k \frac{c_i^2}{n_i} \right)^{1/2} \quad \forall c / \sum_{i=1}^k c_i = 0 \right] = 1 - \alpha$$

y en particular para realizar todas las comparaciones de medias

$$P \left[\mu_i - \mu_j \in \bar{y}_i - \bar{y}_j \pm \{(k-1)F_{k-1, N-k, 1-\alpha}\}^{1/2} \sqrt{CM_\varepsilon} \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)^{1/2} \quad \forall i \neq j \right] \geq 1 - \alpha$$

El método de Scheffé permite contrastar cualquier combinación lineal medias, en particular las diferencias. A pesar de que el método de Scheffé puede aplicarse a este tipo de comparaciones, no es

el procedimiento más sensible para realizarlas. A continuación se estudian otros métodos específicamente diseñados para comparaciones de pares de medias poblacionales.

Método de Tukey: Este método fue propuesto por Tukey en 1953, y se basa en lo siguiente:

Supongamos que $n_1 = n_2 = \dots = n_k = n$. Una condición necesaria y suficiente para que las desigualdades

$$\frac{|(\bar{y}_i - \bar{y}_j) - (\mu_i - \mu_j)|}{\hat{\sigma}\sqrt{n}} \leq q, \quad \text{con } q = \text{cte}$$

se satisfagan para todo $i \neq j$, es que

$$\frac{\max_{i,j} |(\bar{y}_i - \bar{y}_j) - (\mu_i - \mu_j)|}{\hat{\sigma}\sqrt{n}} \leq q$$

A la variable aleatoria $\max_{i,j} |(\bar{y}_i - \bar{y}_j) - (\mu_i - \mu_j)| / \hat{\sigma}\sqrt{n}$ se le denomina *recorrido estudentizado*. Por lo que,

$$P \left[|(\bar{y}_i - \bar{y}_j) - (\mu_i - \mu_j)| \leq q_{k,k(n-1),\alpha} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}} \quad i, j = 1, 2, \dots, k \right] = 1 - \alpha$$

donde $q_{k,k(n-1),\alpha}$ es el percentil de orden $1 - \alpha$ de la distribución del recorrido estudentizado de parámetros k y $k(n - 1)$.

Así pues, el método rechaza $H_0 : \mu_i = \mu_j$ si

$$|\bar{y}_i - \bar{y}_j| \geq q_{k,k(n-1),\alpha} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}} = HSD$$

A este método también se le conoce con el nombre de método de la *diferencia honestamente significativa (HSD)*, porque garantiza un nivel de significación $1 - \alpha$ para todas las posibles diferencias.

El método también puede extenderse al caso de tamaños muestrales desiguales:

$$\text{Rechazar } H_0 : \mu_i = \mu_j \quad \text{si} \quad |(\bar{y}_i - \bar{y}_j)| \geq q_{k,N-k,\alpha} \sqrt{\frac{1}{2} \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) CM_\varepsilon}$$

Método de Newman-Keuls: Este método es similar al método de Tukey. Con respecto a este último, realiza la siguiente variación: mientras que en el método de Tukey la medida de comparación, *HSD*, es la misma para todas las comparaciones, en este método, se considera el recorrido estudentizado de cada grupo de p medias ($2 \leq p \leq k$). Es decir, se consideran diferencias de medias significativas si

$$|\bar{y}_i - \bar{y}_j| \geq W_p = q_{p,k(n-1),\alpha} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}}$$

siendo $p = |\text{rango}(\bar{y}_j) - \text{rango}(\bar{y}_i)| + 1$.

Para aplicar este método, se ordenan las estimaciones de las medias de cada grupo de menor a mayor. Se comienza con $p = k$, esto es, comparando el valor más alto con el valor más pequeño. Después, se compara el valor más alto con el segundo más pequeño ($p = k - 1$). Se continúa hasta que todas las medias han sido comparadas con la media más grande. A continuación se compara la segunda media más grande con la más pequeña. Este proceso se repite hasta que han sido consideradas

las diferencias entre todos los pares. Para evitar contradicciones, ninguna diferencia entre una pareja de medias se considera significativa, si las dos medias se encuentran entre otras dos que no difieran significativamente.

Para visualizar mejor los resultados, si la diferencia entre un par de medias no es significativa, se dibuja una línea que las una. De este modo, el resultado final es: sólo aquellas medias no conectadas con una línea son significativamente distintas.

Este método es menos conservativo que el de Tukey.

Método de Duncan: Es una modificación del anterior que lo hace menos conservativo. La modificación consiste en: para la comparación de p medias tomar un nivel de significación $\alpha_p = 1 - (1 - \alpha)^{p-1}$, en vez de α .

Método de Bonferroni: Este método está basado en la desigualdad de Bonferroni, y es a la vez simple y general, aunque no necesariamente óptimo en cada situación.

Sea m el número total de comparaciones que se desean realizar ($m = \frac{k(k-1)}{2}$ si se pretenden comparar todos los pares). Sea \bar{A}_i el suceso rechazar que dos medias, μ_i y μ_j , son iguales cuando realmente lo son. Supongamos que las comparaciones entre medias se hacen con

$$P(\bar{A}_i) = \alpha$$

Llamemos B al suceso rechazar uno o más contrastes de igualdad de medias, cuando todas las medias son iguales. Entonces, B será de la forma

$$B = \bar{A}_1 \cup \bar{A}_2 \cup \dots \cup \bar{A}_m$$

Los sucesos \bar{A}_i no son mutuamente excluyentes, y en consecuencia

$$P(B) = P(\bar{A}_1 \cup \bar{A}_2 \cup \dots \cup \bar{A}_m) \leq \sum_{i=1}^m P(\bar{A}_i) = m\alpha$$

Así, si pretendemos garantizar un error de tipo I total para el conjunto de los contrastes α_T , la probabilidad del suceso B debe, como máximo, ser α_T , lo que puede conseguirse tomando cada contraste individual a un nivel α tal que

$$\alpha = \frac{\alpha_T}{m}$$

Por tanto, este método considera un par de medias significativas si

$$|\bar{y}_i - \bar{y}_j| \geq t_{N-k, 1-\alpha/2m} \sqrt{CM_\varepsilon \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)}$$

Este método presenta el inconveniente de que cuando m es muy grande, pueden hacer falta niveles de significación α tan pequeños, que no detecten diferencias que de otra forma sí serían significativas. Por esto, si se desean realizar todas las posibles comparaciones, es mejor el método de Tukey, siendo preferible el de Bonferroni en caso contrario.

EJEMPLO 2: En la siguiente tabla se muestran las ganancias netas (en millones de u.m.) referentes al año pasado, de una muestra aleatoria simple de las sucursales de cuatro entidades bancarias:

	Entidades bancarias			
	1	2	3	4
Ganancias netas (en millones de u.m.)	10.3	10.9	10.4	12.8
	11.0	10.6	9.8	12.0
	10.1	11.6	11.0	12.2
	10.5	11.4	9.9	13.0
	10.6	11.0	10.0	12.7

Se pretende determinar si hay diferencias entre las ganancias medias de estas cuatro entidades bancarias.

Para resolver este ejemplo, supondremos que las muestras de cada entidad proceden de una población normal con media μ_i y varianza común σ^2 . El contraste de hipótesis que se plantea es

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$$

$$H_1 : \text{no todas las } \mu_i \text{ son iguales}$$

Al aplicar a los datos anteriores el análisis de la varianza, se obtuvieron los siguientes resultados

Fuente de variación	Suma de cuadrados	Grados de libertad	Cuadrados medios	F	p – valor
Factor	16,0380	3	5,3460	30,7680	0,000
Error	2,7800	16	0,1737		
Total	18,8180	19			

Puesto que la hipótesis de igualdad de medias ha sido rechazada, aplicaremos las técnicas de comparaciones múltiples vistas, con el fin de detectar las diferencias existentes (utilizaremos en todas ellas un nivel de significación del 5 %)

Las ganancias medias observadas son

Entidad bancaria	\bar{y}_i
1	10,50
2	11,10
3	10,20
4	12,54

y las diferencias observadas son

Contraste	Diferencia
1 – 2	–0,60
1 – 3	0,28
1 – 4	–2,04
2 – 3	0,88
2 – 4	–1,44
3 – 4	–2,32

Método de la mínima diferencia significativa: como todas las muestras tienen igual tamaño, la mínima diferencia significativa, LSD, será la misma para comparar cada par de medias

$$LSD = t_{N-k, 1-\alpha/2} \sqrt{\frac{2CM_\varepsilon}{n}} = 2,120 \sqrt{\frac{2 \times 0,1737}{5}} = 0,559$$

con lo que resultarían significativas todas las comparaciones, salvo 1-3.

Método de Scheffé: este método considera significativas todo par de medias cuya diferencia estimada sea, en valor absoluto, mayor que

$$\left((k-1)F_{k-1, N-k, 1-\alpha} CM_\varepsilon \sum_{i=1}^k \frac{c_i^2}{n_i} \right)^{1/2} = \left(3 \times 3,2389 \times 0,1737 \times \frac{2}{5} \right)^{1/2} = 0,822$$

con lo cual, salvo 1-2 y 1-3, el resto resultan significativas.

Método de Tukey:

$$HSD = q_{k, k(n-1), \alpha} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}} = 4,05 \sqrt{\frac{0,1737}{5}} = 0,755$$

obteniéndose el mismo resultado que con el método de Scheffé.

Método de Newman-Keuls: Recordemos que para aplicar este método se ordenan las medias de menor a mayor:

3	1	2	4
10.20	10.50	11.10	12.54

Para realizar las comparaciones hay que calcular el valor de W_p , para $p = 2, \dots, K$

p	$W_p = q_{p, k(n-1), \alpha} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}}$
2	0,559
3	0,680
4	0,755

3	1	2	4
10.20	10.50	11.10	12.54

Método de Duncan: este método es similar al anterior, pero utiliza un nivel de $\alpha_p = 1 - (1 - \alpha)^{p-1}$ para comparar grupos de p medias.

p	α_p	$W_p = q_{p, k(n-1), \alpha_p} \sqrt{\frac{CM_\varepsilon}{n}}$
2	0,0500	0,559
3	0,0975	0,587
4	0,1426	0,602

3	1	2	4
10.20	10.50	11.10	12.54

obteniéndose las mismas conclusiones que con el método de Newman-Keuls.

Método de Bonferroni: Si suponemos que deseamos realizar todos los contrastes entre pares de medias, un total de 6, este método considera significativas aquellos pares de medias tales que

$$|\bar{y}_i - \bar{y}_j| \geq t_{N-k, 1-\alpha/2m} \sqrt{CM_\varepsilon \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right)} = 2,962 \sqrt{\frac{2 \times 0,1737}{5}} = 0,781$$

Salvo los contrastes 1-2 y 1-3, el resto son significativos.

2.4. Diagnóstico del modelo

Hasta ahora hemos supuesto que las hipótesis básicas del modelo se cumplían. Éstas eran que las poblaciones de las que se han extraído las muestras fueran normales, independientes, y con varianzas iguales.

En esta sección se presentan métodos para comprobar estas suposiciones, así como algunas soluciones que a menudo resultan útiles cuando éstas no se cumplen. Las herramientas principales para el diagnóstico están basadas en los residuos

$$e_{ij} = y_{ij} - \hat{y}_{ij} = y_{ij} - \bar{y}_i.$$

La comprobación de la idoneidad o adecuación del modelo la realizaremos mediante varias gráficas de estos residuos. También estudiaremos algunos tests.

2.4.1. Hipótesis de normalidad

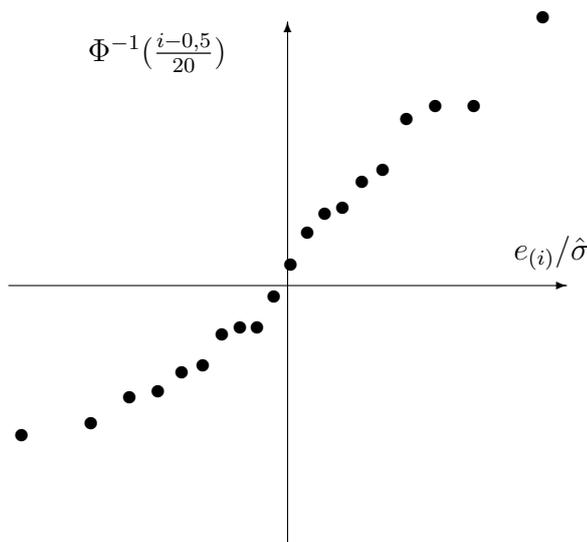
Un método gráfico para contrastar esta hipótesis es representar los pares

$$\left(e_{(r)}, \Phi^{-1} \left(\frac{r - 0,5}{N} \right) \right), \quad r = 1, \dots, N$$

donde mediante $e_{(r)}$ denotamos al r -ésimo residuo, supuesto que están ordenados de menor a mayor, y Φ es la función de distribución de la $N(0, 1)$.

Si la hipótesis de normalidad fuera cierta, los puntos se encontrarían en torno a una recta del tipo $y = \sigma x$. Teóricamente, estarían sobre la recta, pero debido a la variabilidad muestral, esto no ocurrirá así exactamente, sino que fluctuarán en torno a la misma, sobre todo para muestras pequeñas. Al visualizar esta gráfica, hay que poner más énfasis en los valores centrales que en los extremos, pues éstos presentan una mayor variabilidad.

EJEMPLO 2: (continuación) Gráfico de normalidad para los datos de los bancos:



También podríamos aplicar algún test para contrastar normalidad. La hipótesis de interés es

$$H_0 : \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2), \quad \sigma > 0.$$

Nótese que la hipótesis se refiere a los errores, pero que éstos no son observables, por lo que tendremos que emplear los residuos (como aproximación a los errores). Aunque los errores son independientes, los residuos no lo son. Por tanto, a la hora de aplicar un test diseñado para datos iid, tendremos que estar seguros de su validez, al menos aproximada (asintótica), cuando sea aplicado a los residuos. En este sentido, los tests basados en la función de distribución empírica son asintóticamente válidos. Por ejemplo, para contrastar H_0 podríamos aplicar el test de Cramér-von Mises a los residuos, cuyo estadístico es

$$CvM = n \int \{F_n(x) - F_{N(\hat{\mu}, \hat{\sigma}^2)}(x)\}^2 dF_{N(\hat{\mu}, \hat{\sigma}^2)}(x).$$

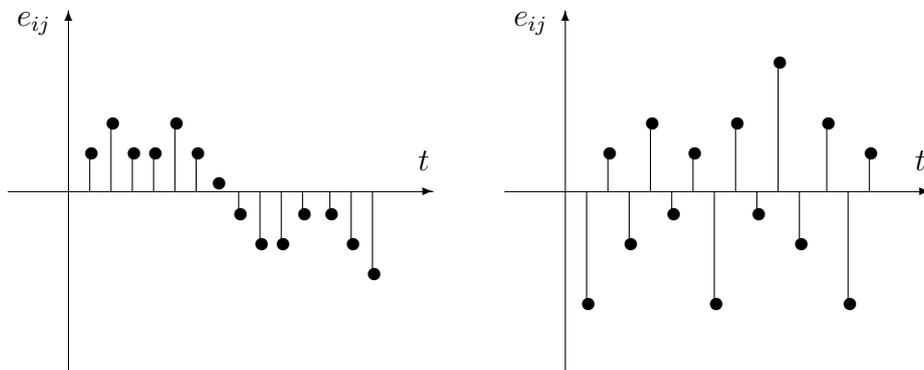
La falta de normalidad en los errores tiene poca influencia en el contraste F del análisis de la varianza, y en la comparación entre medias, ya que por el Teorema Central del Límite, su distribución será aproximadamente normal. Por tanto, los resultados de estos contrastes son sustancialmente válidos, aunque los datos sean no normales, y, en este sentido, podemos afirmar que el análisis de la varianza es una *técnica robusta* frente a desviaciones de la normalidad. Por ejemplo, si los errores vienen de una distribución uniforme, y hay cinco grupos con cinco observaciones por grupo, el efecto de la no normalidad se traduce en que el contraste F calculado con $\alpha = 0,05$, en la hipótesis de normalidad, tiene ahora un nivel de $\alpha = 0,053$.

Sin embargo, la falta de normalidad afecta mucho a la estimación de la varianza, y si los datos son marcadamente no normales, tendremos que desconfiar de intervalos de confianza para el error calculados a partir de la distribución χ^2 . Por ejemplo, con datos procedentes de una distribución uniforme, estos intervalos son conservadores, y el 95 % cubre aproximadamente el 99,5 %. Sin embargo, si el error tiene colas más largas que la normal, la confianza del intervalo al 95 % puede caer hasta un 60 %.

2.4.2. Hipótesis de independencia

Cuando el experimento se ha realizado secuencialmente, los residuos deben dibujarse en función del tiempo, para detectar posibles tendencias en los datos u otros hechos inesperados.

Si la hipótesis de independencia es cierta, los puntos representados no deben mostrar patrón alguno. En caso contrario, por ejemplo, alternancia de rachas de residuos positivos y negativos, indicarían que esta hipótesis no se está cumpliendo.



El efecto de dependencia entre las observaciones puede ser muy grave, ya que las fórmulas para las varianzas de las distribuciones muestrales de las medias \bar{y}_i no son válidas en este caso, por lo

que todos los cálculos sobre la precisión de los estimadores serán erróneas. Este problema es difícil de corregir. El modo más eficaz para prevenir la dependencia es realizar un procedimiento apropiado de aleatorización.

2.4.3. Hipótesis de igualdad de varianzas

Una manera sencilla de comprobar la hipótesis de que la variabilidad de las observaciones es la misma en todos los grupos es representar los residuos frente a las medias de cada grupo. Si las varianzas fueran iguales, los puntos deberían encontrarse en una banda. Un ejemplo típico de heterocedasticidad lo exhiben datos cuya varianza crece con la media y así el gráfico resultante tiene forma de embudo.

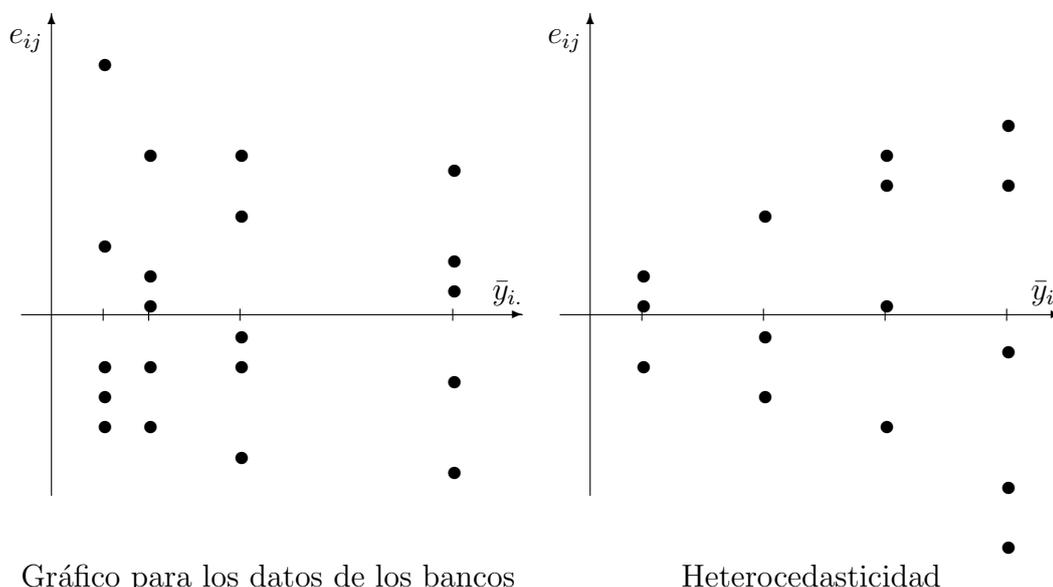


Gráfico para los datos de los bancos

Heterocedasticidad

Además de la gráfica de los residuos, hay varios test de hipótesis que tienen como objeto la comparación de las k varianzas:

$$H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_k^2$$

$$H_1 : \exists i, j / \sigma_i^2 \neq \sigma_j^2$$

A continuación presentamos algunos de ellos.

Test de Hartley: También conocido como la prueba de F máxima. Este test procede comparando la varianza máxima y la mínima

$$F_{max} = S_{max}^2 / S_{min}^2$$

La hipótesis de homocedasticidad se rechaza cuando el valor del estadístico supera el valor del correspondiente punto crítico de la distribución de F_{max} , que depende de los parámetros k y n , siendo este último el número de individuos en cada grupo, que se supone idéntico.

Test de Cochran: Este test se basa en el cálculo del estadístico C , que se obtiene al dividir la mayor de las varianzas observadas por la suma de las k varianzas

$$C = S_{max}^2 / \sum_{i=1}^k S_i^2$$

La distribución de C , bajo H_0 , depende de k y de n , siendo n , como en el test anterior, el tamaño de muestra en cada grupo, que se suponen idénticos. La hipótesis nula se rechaza cuando el estadístico C supera el correspondiente punto crítico de su distribución bajo H_0 .

Test de Bartlett: A diferencia de los dos test anteriores, para aplicar este test los tamaños de muestra en cada grupo pueden ser arbitrarios.

$$\chi^2 = 2,3026 \frac{(N - k) \log S_0^2 - \sum_i (n_i - 1) \log S_i^2}{1 + \frac{1}{3(k-1)} \sum_i \left(\frac{1}{n_i - 1} - \frac{1}{N - k} \right)}$$

siendo

$$\begin{aligned} S_0^2 &= \frac{1}{N - k} \sum_{i=1}^k (n_i - 1) S_i^2 \\ S_i^2 &= \frac{1}{n_i - 1} \sum_{j=1}^{n_i} (y_{ij} - \bar{y}_i.)^2 \end{aligned}$$

Bajo H_0 , este estadístico se distribuye, aproximadamente según una ley χ^2 con $k - 1$ grados de libertad, cuando las k muestras aleatorias provienen de poblaciones normales independientes.

El valor del estadístico es grande cuando hay una gran diferencia entre las varianzas muestrales S_i^2 , y es igual a cero si todas las S_i^2 son iguales. Por lo que la región crítica es

$$\chi^2 \geq \chi_{k-1, 1-\alpha}^2$$

El problema que presentan estos tres tests, es que son muy sensibles a desviaciones de normalidad. Para distribuciones con colas pesadas, el nivel de significación de los mismos excede considerablemente α , y para distribuciones con colas cortas, los contrastes se hacen conservativos.

Test de Levene: Es un procedimiento relativamente insensible a fallos de normalidad. Para contrastar la hipótesis de homocedasticidad, este test trabaja no con las observaciones, sino con las desviaciones en valor absoluto de éstas a la media del grupo al que pertenecen. El estadístico que utiliza es el siguiente:

$$W = \frac{N - k}{k - 1} \frac{\sum_{i=1}^k n_i (\bar{z}_i. - \bar{z}_{..})^2}{\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (z_{ij} - \bar{z}_i.)^2}$$

siendo $z_{ij} = |y_{ij} - \bar{y}_i.|$. Nótese que este estadístico no es más que el estadístico F del ANOVA aplicado a las desviaciones absolutas.

Asintóticamente,

$$W \stackrel{H_0}{\sim} F_{k-1, N-k},$$

y por tanto, la región crítica del contraste es

$$W \geq F_{k-1, N-k, 1-\alpha}.$$

EJEMPLO 2: (continuación) Aunque del gráfico de residuos frente a medias de cada grupo no se detecta falta de homocedasticidad, aplicaremos, a modo de ejemplo, estos contrastes al problema de las ganancias de los bancos ($\alpha = 0,05$).

Grupo	1	2	3	4
$\sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_i.)^2$	0,460	0,640	0,968	0,712

Test de Hartley: Se puede aplicar porque los tamaños muestrales son iguales.

$$F_{max} = \frac{S_{max}^2}{S_{min}^2} = \frac{0,968}{0,460} = 2,1043$$

Con $k = 4$, $n = 5$ y $\alpha = 0,05$, la región crítica es

$$F_{max} \geq 13,7$$

de donde no se puede rechazar la hipótesis de homocedasticidad.

Test de Cochran: Se puede aplicar porque los tamaños muestrales son iguales.

$$C = \frac{S_{max}^2}{\sum_{i=1}^k S_i^2} = \frac{0,968}{2,780} = 0,3482$$

Con $k = 4$, $n = 5$ y $\alpha = 0,05$, la región crítica es

$$C \geq 0,6287$$

de donde no se puede rechazar la hipótesis de homocedasticidad.

Test de Bartlett:

$$\chi^2 = 2,3026 \frac{(N - k) \log S_0^2 - \sum_i (n_i - 1) \log S_i^2}{1 + \frac{1}{3(k-1)} \sum_i \left(\frac{1}{n_i - 1} - \frac{1}{N - k} \right)} = 2,3026 \frac{0,5586}{1,0833} = 1,1872$$

La región crítica es

$$\chi^2 \geq \chi_{k-1, 1-\alpha}^2 = \chi_{3, 0,95}^2 = 7,815$$

de donde no se puede rechazar la hipótesis de homocedasticidad.

Test de Levene:

$$W = \frac{N - k}{k - 1} \frac{\sum_{i=1}^k n_i (\bar{z}_i - \bar{z}_{..})^2}{\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (z_{ij} - \bar{z}_i)^2} = \frac{0,027913}{0,031930} = 0,8742$$

La región crítica es

$$W \geq F_{k-1, N-k, 1-\alpha} = F_{3, 16, 0,95} = 3,24$$

de donde no se puede rechazar la hipótesis de homocedasticidad.

El efecto de la desigualdad de varianzas en los grupos sobre el contraste F y los contrastes de medias, depende de que el número de observaciones en cada grupo sea igual o muy distinto. Si todos los grupos tienen el mismo número de observaciones, el contraste F es robusto, aunque las varianzas sean enormemente distintas (estén en una relación de 1 a 30, por ejemplo). Sin embargo, si hay muchas diferencias entre el número de observaciones en los grupos ($\max_i n_i / \min_i n_i > 2$), el efecto de grandes diferencias entre las varianzas puede ser muy acusado.

El enfoque usual para tratar varianzas desiguales es aplicar una transformación a los datos para conseguir homocedasticidad, y volver a aplicar el análisis de la varianza a los datos transformados. Debe notarse que, bajo este enfoque, las conclusiones se aplican a las poblaciones transformadas.

2.5. El modelo de efectos aleatorios

En el modelo analizado hasta ahora hemos supuesto que los niveles del factor han sido seleccionados específicamente por el experimentador. En esta situación se desea contrastar la hipótesis de igualdad de efectos medios de los niveles seleccionados. Las conclusiones que se extraigan del análisis son sólo aplicables a estos niveles, no pueden hacerse extensivas a otros niveles que no hayan sido los específicamente considerados. Por ello, a este modelo se le denomina de *efectos fijos*.

El modelo de *efectos aleatorios* corresponde a la siguiente situación: supongamos que existe una gran cantidad de posibles tratamientos o niveles del factor (a efectos prácticos infinitos). En estas circunstancias, el experimentador puede optar por seleccionar una muestra de la población constituida por todos los posibles tratamientos, y para cada tratamiento seleccionado realizar n_i pruebas.

EJEMPLO 3: Efectos fijos: la producción diaria de 5 máquinas particulares; efectos aleatorios: la producción de 5 máquinas elegidas al azar.

Mientras que en el modelo de efectos fijos las conclusiones son sólo aplicables a los tratamientos considerados, en el modelo de efectos aleatorios las conclusiones que se obtengan son aplicables a toda la población de tratamientos, puesto que se ha seleccionado una muestra de la misma.

2.5.1. Modelo

El modelo de efectos aleatorios tiene la misma estructura que el modelo con efectos fijos:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, k, \\ j = 1, 2, \dots, n_i, \end{array} \quad \begin{array}{l} E(\varepsilon_{ij}) = 0, \\ var(\varepsilon_{ij}) = \sigma^2, \end{array} \quad \{\varepsilon_{ij}\} \text{ independientes,}$$

lo que varía es el significado del parámetro α_i , que ahora representa el efecto aleatorio del i -ésimo tratamiento, verificando

$$E(\alpha_i) = 0, \quad var(\alpha_i) = \sigma_\alpha^2, \quad cov(\alpha_i, \varepsilon_{rs}) = 0, \quad \forall i, r, s.$$

En este modelo se tiene que

$$\begin{array}{l} E(y_{ij}) = \mu, \\ var(y_{ij}) = \sigma_\alpha^2 + \sigma^2, \end{array}$$

por ello también se le conoce como *modelo de componentes de la varianza*.

Nótese que mientras en el modelo anterior las observaciones y_{ij} son independientes, en el modelo de componentes de la varianza se tiene que

$$\begin{array}{ll} cov(y_{ij}, y_{is}) = \sigma_\alpha^2, & \forall j \neq s, \\ cov(y_{ij}, y_{ls}) = 0, & \forall i \neq l, \end{array}$$

es decir, dentro de un mismo tratamiento las observaciones están correladas. No es un modelo lineal, sino un caso especial de un modelo lineal mixto, que estudiaremos en el próximo tema.

2.5.2. Estimación puntual

Estimación de la media

En un modelo de efectos fijos, $Y = X\beta + \varepsilon$, con $\text{var}(Y) = \text{var}(\varepsilon) = V$, el estimador de mínimos cuadrados ordinario (OLSE) de $X\beta$ es

$$X(X'X)^{-1}X'Y,$$

que es un estimador insesgado de $X\beta$, aunque no es necesariamente de varianza mínima. Si V fuera conocida, el estimador de mínimos cuadrados generalizados,

$$X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}Y,$$

sigue siendo insesgado y con menos varianza.

En nuestro caso $X = 1_N$ y V es una matriz diagonal por cajas,

$$V = \text{diag}(V_1, \dots, V_k), \quad V_i = \sigma^2 I_{n_i} + \sigma_\alpha^2 J_{n_i}, \quad J_{n_i} = 1_{n_i} 1'_{n_i}, \quad 1 \leq i \leq k,$$

$$V^{-1} = \text{diag}(V_1^{-1}, \dots, V_k^{-1}), \quad V_i^{-1} = \frac{1}{\sigma^2} \left(I_{n_i} - \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma^2 + n_i \sigma_\alpha^2} J_{n_i} \right), \quad 1 \leq i \leq k,$$

de donde, el estimador de mínimos cuadrados generalizados de μ es

$$\frac{\sum_{i=1}^k w_i \bar{y}_i}{\sum_{i=1}^k w_i}, \quad w_i = \frac{1}{\sigma_\alpha^2 + \sigma^2/n_i}, \quad 1 \leq i \leq k.$$

Como depende de parámetros desconocidos, μ suele ser estimada mediante el OLSE que es $\bar{y}_.$,

$$\hat{\mu} = \bar{y}_..$$

Si el diseño es balanceado, entonces ambos estimadores coinciden.

Predicción de los efectos aleatorios

Aunque $\alpha_1, \dots, \alpha_k$ son v.a. i.i.d., y por tanto no tiene sentido estimarlas, sí es cierto que toman un valor (realización) en los elementos de la muestra, y sería interesante aproximarlos de algún modo (en el modelo anterior nos resultó útil aproximar los valores de los errores mediante los residuos para realizar la diagnosis). Podríamos aproximar α_i mediante su valor medio, pero como $E(\alpha_i) = 0$, esta estimación no hace uso de los datos. Por ellos utilizamos como predictor la media condicional

$$\tilde{\alpha}_i = E(\alpha_i / \bar{y}_i).$$

Se tiene que

$$\begin{pmatrix} \alpha_i \\ \bar{y}_i \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \alpha_i \\ \mu + \alpha_i + \bar{\varepsilon}_i \end{pmatrix} \sim N_2 \left(\begin{pmatrix} 0 \\ \mu \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_\alpha^2 & \sigma_\alpha^2 \\ \sigma_\alpha^2 & \sigma_\alpha^2 + \sigma^2/n_i \end{pmatrix} \right)$$

de donde

$$\tilde{\alpha}_i = E(\alpha_i / \bar{y}_i) = E(\alpha_i) + \frac{\text{cov}(\alpha_i, \bar{y}_i)}{\text{var}(\bar{y}_i)} \{\bar{y}_i - E(\bar{y}_i)\} = \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma_\alpha^2 + \sigma^2/n_i} (\bar{y}_i - \mu).$$

El uso práctico de estos predictores requiere reemplazar los parámetros desconocidos por estimadores.

Estimación ANOVA de las componentes de la varianza

La descomposición de la varianza realizada en el caso de factor fijo sigue siendo cierta, aunque el factor sea aleatorio. Lo que va a variar va a ser la media (en general, la distribución) de las formas cuadráticas involucradas en la descomposición. El denominado método ANOVA para la estimación de las componentes de la varianza consiste en igualar los CM a sus valores esperados y resolver el sistema resultante.

Se tiene que

	Modelo I	Modelo II
$E(CM_\alpha)$	$\sigma^2 + \frac{1}{k-1} \sum_{i=1}^k n_i \alpha_i^2$	$\sigma^2 + s\sigma_\alpha^2$
$E(CM_\varepsilon)$	σ^2	σ^2

donde $s = \frac{1}{k-1} \left(N - \frac{1}{N} \sum_{i=1}^k n_i^2 \right)$.

Si el modelo es balanceado, es decir, si $n_1 = n_2 = \dots = n_k = n$, entonces $s = n$. De las expresiones de los valores esperados de los cuadrados medios se deducen los siguientes estimadores insesgados de las componentes de la varianza:

$$\hat{\sigma}^2 = CM_\varepsilon, \quad \hat{\sigma}_\alpha^2 = \frac{CM_\alpha - CM_\varepsilon}{s}.$$

En el tema siguiente estudiaremos dos métodos más de estimación en el contexto de un modelo más general, que particularizaremos para el modelo que estamos tratando ahora: máxima verosimilitud y máxima verosimilitud restringida o residual.

2.5.3. Contraste

Caso balanceado. Bajo la hipótesis de normalidad,

$$\begin{aligned} \alpha_i & \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\alpha^2), \\ \varepsilon_{ij} & \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2), \\ \alpha_i, \varepsilon_{ij} & \text{ independientes,} \end{aligned}$$

si el diseño es balanceado, las formas cuadráticas SC_α y SC_ε son independientes y se distribuyen según leyes:

$$\frac{SC_\alpha}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} \sim \chi_{k-1}^2, \quad \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{N-k}^2,$$

de donde

$$\frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon} \frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k}. \quad (2.1)$$

Mientras que en el modelo anterior el contraste de interés es la igualdad de efectos de los tratamientos, en este modelo el contraste de interés es

$$\begin{aligned} H_0 & : \sigma_\alpha^2 = 0 \\ H_1 & : \sigma_\alpha^2 > 0 \end{aligned}$$

Para contrastar H_0 razonamos como en el modelo anterior: nótese que

$$E(CM_\alpha) \geq E(CM_\varepsilon)$$

dándose la igualdad si H_0 es cierta. Por tanto, un valor “grande” de

$$F = \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon},$$

sería indicativo de que H_0 no es cierta. En consecuencia, es razonable rechazar H_0 para valores “grandes” de F , es decir, la región crítica es de la forma

$$F \geq c$$

con c tal que el nivel del test sea α

$$P_{H_0}(F \geq c) = \alpha.$$

De (2.1), se sigue que

$$F \stackrel{H_0}{\sim} \mathcal{F}_{k-1, N-k},$$

y por tanto, una región crítica para el contraste anterior es

$$F \geq \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha}.$$

Caso no balanceado. En este caso se sigue cumpliendo que las formas cuadráticas SC_α y SC_ε son independientes y que

$$\frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{N-k}^2,$$

aunque $SC_\alpha \approx \chi^2$, por lo que (2.1) no se cumple. No obstante, sí se tiene que

$$F \stackrel{H_0}{\sim} \mathcal{F}_{k-1, N-k},$$

así el test F también puede ser empleado en este caso.

EJEMPLO 4: Una compañía textil utiliza un gran número de telares. Se desea que los telares sean homogéneos con el objeto de producir tela de resistencia uniforme. Se sospecha que, aparte de la variación usual en la resistencia de la tela en muestras del mismo telar, puede existir variación significativa de la resistencia entre los distintos telares. Para investigar esto, se seleccionan 4 telares al azar y se realizan 4 determinaciones de la resistencia de la tela manufacturada por cada uno. La siguiente tabla muestra los resultados del análisis de la varianza:

Fuente	SC	g.l.	CM	F	p -valor
Telar	89,19	3	29,73	15,68	0.0285
Error	22,75	12	1,90		
Total	111,94	15			

Se concluye que existe diferencia significativa entre los telares de la compañía.

2.5.4. Intervalos de confianza para las componentes de la varianza

- A partir de la cantidad pivotal

$$\frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{N-k}^2,$$

puede obtenerse un intervalo de confianza para σ^2 ,

$$1 - \alpha = P \left(\chi_{N-k, \alpha/2}^2 < \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} < \chi_{N-k, 1-\alpha/2}^2 \right) = P \left(\frac{SC_\varepsilon}{\chi_{N-k, 1-\alpha/2}^2} < \sigma^2 < \frac{SC_\varepsilon}{\chi_{N-k, \alpha/2}^2} \right).$$

- Sea $\tau = \sigma_\alpha^2 / \sigma^2$ y supongamos $n_1 = \dots = n_k = n$. A partir de la cantidad pivotal

$$\frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon} = \frac{1}{1 + n\tau} F \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k},$$

$$\frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{N-k}^2,$$

puede obtenerse un intervalo de confianza para τ ,

$$\begin{aligned} 1 - \alpha &= P \left(\mathcal{F}_{k-1, N-k, \alpha/2} < \frac{1}{1 + n\tau} F < \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha/2} \right) \\ &= P \left\{ \frac{1}{n} \left(\frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha/2}} - 1 \right) < \tau < \frac{1}{n} \left(\frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, \alpha/2}} - 1 \right) \right\}. \end{aligned}$$

Para el caso no balanceado han sido propuestos intervalos de confianza para τ pero su expresión es bastante más complicada.

- Supongamos $n_1 = \dots = n_k = n$. Para σ_α^2 puede obtenerse un intervalo de confianza aproximado a partir de SC_α , haciendo $\sigma^2 \simeq \hat{\sigma}^2 = CM_\varepsilon$:

$$1 - \alpha = P \left(\chi_{k-1, \alpha/2}^2 < \frac{SC_\alpha}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} < \chi_{k-1, 1-\alpha/2}^2 \right) \simeq P \left(\frac{1}{n} \frac{SC_\alpha}{\chi_{k-1, 1-\alpha/2}^2} - \hat{\sigma}^2 < \sigma_\alpha^2 < \frac{1}{n} \frac{SC_\varepsilon}{\chi_{k-1, \alpha/2}^2} - \hat{\sigma}^2 \right).$$

también puede obtenerse un intervalo de confianza aproximado a partir del estadístico F :

$$\begin{aligned} 1 - \alpha &= P \left(\mathcal{F}_{k-1, N-k, \alpha/2} < \frac{F}{1 + n \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma^2}} < \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha/2} \right) = \\ &= P \left(\frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha/2}} - 1 < n \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma^2} < \frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, \alpha/2}} - 1 \right) \simeq \\ &\simeq P \left(\frac{\hat{\sigma}^2}{n} \left\{ \frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha/2}} - 1 \right\} < \sigma_\alpha^2 < \frac{\hat{\sigma}^2}{n} \left\{ \frac{F}{\mathcal{F}_{k-1, N-k, \alpha/2}} - 1 \right\} \right). \end{aligned}$$

2.6. El tamaño de la muestra

En cualquier problema de diseño de experimentos, una decisión crucial es la elección del tamaño de la muestra. Aunque el desarrollo que se presenta a continuación se refiere a diseños con un factor, los métodos que se presentan pueden ser aplicados para la determinación del tamaño de muestra en diseños más complejos.

2.6.1. El modelo de efectos fijos

Bajo $H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k$, se tiene que

$$F = \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon} \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k}.$$

En general, se tiene que

$$\frac{SC_\alpha}{\sigma^2} \sim \chi_{k-1, \lambda}^2, \quad \text{con } \lambda = \frac{1}{\sigma^2} \sum_i n_i \alpha_i^2$$

$$\frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{N-k}^2$$

de donde $F \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k, \lambda}$.

Como se vio en el Tema 1, la potencia es una función creciente de λ y de $\nu = N - k$. Para determinar el tamaño de la muestra: fijar α (usualmente 0.01 ó 0.05), fijar $\text{pot}_0 > \alpha$, fijar λ_0 y fijar k , que vendrá dado por el experimento. Una vez fijados estos parámetros puede determinarse ν_0 de modo que $\text{pot} \geq \text{pot}_0, \forall \nu \geq \nu_0, \forall \lambda \geq \lambda_0$.

Determinación de λ_0 : Una forma de hacerlo es escoger los valores de las medias de los tratamientos para los que desearíamos rechazar la hipótesis nula con probabilidad alta. También se necesita un estimador de σ^2 , que suele disponerse de experiencias anteriores, o puede estimarse tomando una muestra piloto.

EJEMPLO 5: Supongamos un experimento con $k = 5$ tratamientos, donde el experimentador desearía rechazar la hipótesis nula de igualdad de efectos con probabilidad 0.90 si las medias de los tratamientos fueran

$$\mu_1 = 11, \quad \mu_2 = 12, \quad \mu_3 = 15, \quad \mu_4 = 18, \quad \mu_5 = 19.$$

En este caso,

$$\begin{aligned} \mu &= \frac{1}{5} \sum_i \mu_i = 15, \\ \alpha_1 &= \mu_1 - \mu = 11 - 15 = -4, \\ \alpha_2 &= \mu_2 - \mu = 12 - 15 = -3, \\ \alpha_3 &= \mu_3 - \mu = 15 - 15 = 0, \\ \alpha_4 &= \mu_4 - \mu = 18 - 15 = 3, \\ \alpha_5 &= \mu_5 - \mu = 19 - 15 = 4, \end{aligned} \quad \Rightarrow \quad \sum_i \alpha_i^2 = 50.$$

Por experiencias anteriores se sabe que la desviación típica no es superior a 3. Por tanto, suponiendo que el experimento es balanceado con tamaño de muestra n para cada tratamiento, $\lambda_0 = \frac{n}{\sigma^2} \sum_{i=1}^k \alpha_i^2 = \frac{50}{9}n$.

El problema que presenta el método anterior es tener que determinar un conjunto de medias de tratamientos. Un método alternativo es seleccionar un tamaño de muestra de modo que si la diferencia entre un par cualquiera de medias excede un valor especificado $D > 0$, esto es, si $|\mu_i - \mu_j| > D$ para algunos $i \neq j$, entonces la hipótesis nula debería ser rechazada con determinada probabilidad. Si la diferencia entre algún par de medias es mayor o igual que D , entonces puede demostrarse que el mínimo valor de λ es $\lambda = \frac{D^2 n}{2\sigma^2}$, suponiendo que el experimento es balanceado con tamaño de muestra n para cada tratamiento.

EJEMPLO 6: Supongamos un experimento con $k = 5$ tratamientos, donde el experimentador desearía rechazar la hipótesis nula con probabilidad 0.90 si la diferencia entre algún par de medias fuera superior a 10. Suponiendo que $\sigma = 3$ y que el experimento es balanceado con tamaño de muestra n para cada tratamiento, el mínimo valor de λ es $\lambda = \frac{10^2}{2 \times 3^2} n$.

2.6.2. El modelo de efectos aleatorios

En el modelo de efectos aleatorios, si $\sigma_\alpha^2 = 0$ entonces

$$F = \frac{CM_\alpha}{CM_\varepsilon} \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k}.$$

Si $\sigma_\alpha^2 > 0$ y el experimento es balanceado con tamaño de muestra n para cada tratamiento, entonces $\frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} F \sim \mathcal{F}_{k-1, N-k}$, y por tanto,

$$\begin{aligned} P_{\sigma_\alpha^2}(F \geq \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha}) &= P\left(\frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} F \geq \frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha}\right) = \\ &= 1 - F_{\mathcal{F}_{k-1, N-k}}\left(\frac{\sigma^2}{\sigma^2 + n\sigma_\alpha^2} \mathcal{F}_{k-1, N-k, 1-\alpha}\right) = \text{pot}(\lambda, k, n, \alpha) > \alpha, \quad \forall \sigma_\alpha^2 > 0 \end{aligned}$$

que es una función creciente en $\lambda = \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma^2}$ y en n . Para determinar el tamaño de la muestra se procede como en el modelo anterior. λ_0 puede fijarse como sigue:

- Fijar a partir de qué valor de σ_α^2 desearíamos rechazar $H_0 : \sigma_\alpha^2 = 0$ y estimar σ^2 como antes.
- Decidir a partir de qué valor del cociente $\frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma^2}$ desearíamos rechazar $H_0 : \sigma_\alpha^2 = 0$.

2.7. Análisis con R

EJEMPLO 1.

```
y<-c(100,115,95,99,105,115,98,97,93,95,98,105,105,110,94)
a<-c(rep(1,5),rep(2,5),rep(3,5))
a<-factor(a)
ejemplo1<-aov(y~a)
summary(ejemplo1)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
a	2	30.4	15.2	0.257	0.777
Residuals	12	709.2	59.1		

```
ejemplo1$coefficients
```

```
(Intercept)      a2      a3
      102.8      -3.2      -0.4
```

Para resolver el SEN, R toma $\alpha_1 = 0$.

EJEMPLO 2.

```
y<-c(10.3,10.9,10.4,12.8,11.0,10.6,9.8,12.0, 10.1,11.6,11.0,12.2,10.5,11.4,
9.9,13.0,10.6,11.0,10.0,12.7)
a<-rep(c(1:4),5)
a<-factor(a)
ejemplo2<-aov(y~a)
summary(ejemplo2)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
a	3	16.04	5.346	30.77	7.06e-07 ***
Residuals	16	2.78	0.174		

Para realizar comparaciones múltiples cargamos la librería `agricolae`

```

#Test LSD
#LSD.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
#por defecto toma alpha=0.05. Si lo deseamos cambiar:
#LSD.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e, alpha=0.01)
lsd<-LSD.test(y,a,16,0.174)
lsd

$statistics
  Mean      CV MSerror      LSD
 11.09 3.761344  0.174 0.5592694

$parameters
  Df ntr  t.value
  16   4  2.119905

$means
  y  std.err r      LCL      UCL Min. Max.
1 10.50 0.1865476 5 10.104537 10.89546 10.1 11.0
2 11.10 0.1865476 5 10.704537 11.49546 10.6 11.6
3 10.22 0.1865476 5  9.824537 10.61546  9.8 11.0
4 12.54 0.1865476 5 12.144537 12.93546 12.0 13.0

$comparison
NULL

$groups
  trt means M
  1   4 12.54 a
  2   2 11.10 b
  3   1 10.50 c
  4   3 10.22 c

#Test Scheffe
#scheffe.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
sch<-scheffe.test(y,a,16,0.174)
sch$groups

  trt means M
  1   4 12.54 a
  2   2 11.10 b
  3   1 10.50 bc
  4   3 10.22 c

#Test Tukey
#HSD.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
hsd<-HSD.test(y,a,16,0.174)
hsd$groups

  trt means M
  1   4 12.54 a
  2   2 11.10 b
  3   1 10.50 bc
  4   3 10.22 c

#Test Newman-Keuls
#SNK.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
snk<-SNK.test(y,a,16,0.174)
snk$groups

  trt means M
  1   4 12.54 a
  2   2 11.10 b
  3   1 10.50 c
  4   3 10.22 c

```

```

#Test Duncan
#duncan.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
duncan<-duncan.test(y,a,16,0.174)
duncan$groups

  trt means M
1   4 12.54 a
2   2 11.10 b
3   1 10.50 c
4   3 10.22 c

#Bonferroni
#LSD.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e, p.adj="bon")
bon<-LSD.test(y,a,16,0.174,p.adj="bon")
bon$groups

  trt means M
1   4 12.54 a
2   2 11.10 b
3   1 10.50 bc
4   3 10.22 c

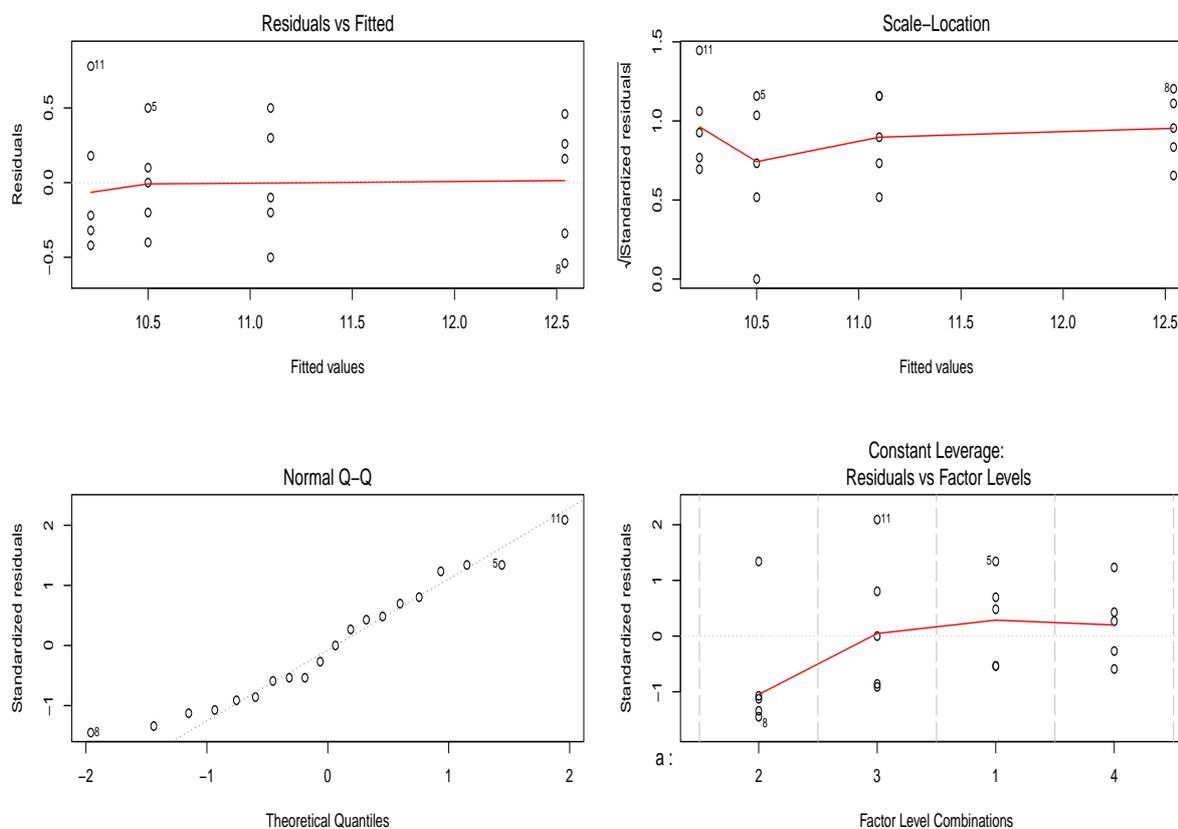
```

Diagnosis del modelo: a partir de aov también se pueden obtener los siguientes 4 gráficos

```

#para que saque los 4 gráficos en una pantalla
layout(matrix(c(1,2,3,4),ncol=2))
plot(ejemplo2)

```

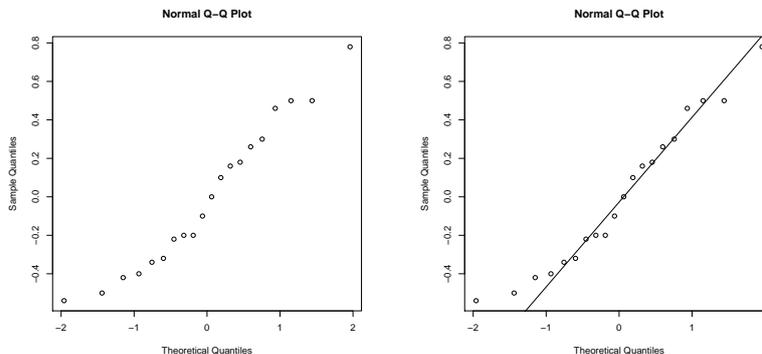


También podemos hacerlos nosotros mismos: (1) NORMALIDAD

```

qqnorm(ejemplo2$residuals) # grafico qq de normalidad
qqline(ejemplo2$residuals) # grafico qq de normalidad + linea pasando por Q1 y Q3

```



```
#Test de CvM para contrastar normalidad: hay que cargar el paquete nortest
cvm.test(ejemplo2$residuals)
```

Cramer-von Mises normality test

```
data: ejemplo2$residuals
W = 0.0527, p-value = 0.4532
```

(2) INDEPENDENCIA: gráficos de residuos vs orden (en el que fueron obtenidas las observaciones)

```
plot(c(1:20),ejemplo2$residuals, type="p") #dibuja puntos
plot(c(1:20),ejemplo2$residuals, type="l") #dibuja lineas uniendo los puntos
plot(c(1:20),ejemplo2$residuals, type="b") #ambos
abline(h=0) #añade a grafico al linea h=0
```

```
# si queremos cambiar las etiquetas
```

```
plot(c(1:20),ejemplo2$residuals, xlab="orden", ylab="residuos")
```

(3) HOMOCEDASTICIDAD: gráficos de residuos vs medias

```
plot(ejemplo2$fitted.values, ejemplo2$residuals, xlab="medias", ylab="residuos")
abline(h=0) #añade a grafico al linea h=0
```

```
# residuos vs grupos
# primero hay que convertir a en numerico, en cc representa el box-plot de cada grupo
a<-as.numeric(a)
plot(a, ejemplo2$residuals, xlab="grupos", ylab="residuos")
abline(h=0) #añade al grafico al linea h=0
```

```
#Test de Levene: hay que cargar el paquete lawstat
levene.test(y,a)
```

modified robust Brown-Forsythe Levene-type test based on the absolute deviations from the median

```
data: y
Test Statistic = 0.1088, p-value = 0.9537
```

Alternativamente: recordemos que el test de Levene es el test ANOVA de los valores absolutos de los residuos

```
a<-factor(a)
ares<-abs(ejemplo2$residuals)
summary(aov(ares~a))
```

```

          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
a          3 0.0573 0.01909    0.49  0.694
Residuals 16 0.6232 0.03895

```

```

#Test de Bartlett
bartlett.test(y,a)

```

```

Bartlett test of homogeneity of variances

```

```

data: y and a
Bartlett's K-squared = 0.5059, df = 3, p-value = 0.9176

```

EJEMPLO 5: (DETERMINACIÓN DEL TAMAÑO DE MUESTRA)

```

#power.anova.test(groups=k,n=n0, between.var=(suma alpha_i^2)/(k-1),within.var=CM_e o estim de
  la varianza, sig.level=0.05, power=pot_0)
#dar tres de n, between.var, within.var o power, devuelve el cuarto
power.anova.test(5, between.var=50/4,within.var=9, sig.level=0.05, power=0.9)

Balanced one-way analysis of variance power calculation

```

```

  groups = 5
    n = 3.863827
between.var = 12.5
within.var = 9
sig.level = 0.05
power = 0.9

```

NOTE: n is number in each group

EJEMPLO 1: (ESTIMACION DE LA POTENCIA) $between.var=CM_{\alpha}/n$

```

power.anova.test(3,n=5, between.var=15.2/5,within.var=59.1, sig.level=0.05)

Balanced one-way analysis of variance power calculation

```

```

  groups = 3
    n = 5
between.var = 3.04
within.var = 59.1
sig.level = 0.05
power = 0.08168887

```

NOTE: n is number in each group

ESTIMACION DE LA POTENCIA EN EL MODELO DE EFECTOS ALAETORIOS Problema: supongamos que tenemos 5 tratamientos seleccionados al azar de una población de tratamientos, con 6 observaciones por tratamiento, $\alpha = 0,05$ y queremos calcular la potencia del test F si $\sigma_{\alpha}^2 = \sigma^2$.

```

#df(x, df1, df2, ncp) fdd en x (x>0) de una F_{df1,df2,ncp}
#pf(x, df1, df2, ncp) FdD en x (x>0) de una F_{df1,df2,ncp}
#qf(p, df1, df2, ncp) Inversa de la FdD en q (0<q<1) de una F_{df1,df2,ncp}
#rf(n, df1, df2, ncp) Genera n números aleatorios de una F_{df1,df2,ncp}
#Si se suprime el último argumento, los cálculos se refieren a una F centrada, ie, ncp=0

```

```

potenciaModeloII<-function(k,n,alpha,lambda) #lambda=sigma^2_{alpha}/sigma^2
{pc<-qf(1-alpha, k-1, k*(n-1))
  theta<-1/(1+n*lambda)
  punto<-pc*theta
  pot<-1-pf(punto, k-1, k*(n-1))
  return(pot)}

```

```

pot<-potenciaModeloII(5,6,0.05,1); pot

```

```
[1] 0.8108826
```

Problema: supongamos que tenemos 5 tratamientos seleccionados al azar de una población de tratamientos, queremos calcular el número de observaciones por tratamiento de modo que H_0 sea rechazada con probabilidad 0.90 si $\sigma_\alpha^2 = \sigma^2$, para $\alpha = 0,05$

```
#Podemos iterar "a mano" la función antes definida hasta encontrar la solución:
```

```
k<-5
alpha<-0.05
lambda<-1
n<-6 #empezamos probando con este valor
pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda); pot
```

```
[1] 0.8108826 #<0.90, subimos el valor de n
```

```
n<-7
pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda); pot
```

```
[1] 0.8513702
```

```
n<-8
pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda); pot
```

```
[1] 0.8802068
```

```
n<-9
pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda); pot
```

```
[1] 0.9014386 #SOLUCION n=9
```

```
#Mejor definimos función que haga la iteración:
DTMenModeloII<-function(k,alpha,lambda,pot0)
{n<-2
 pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda)
 while (pot<pot0) {n<-n+1; pot<-potenciaModeloII(k,n,alpha,lambda)}
 return(n)}
DTMenModeloII(5,0.05,1,0.9)
```

```
[1] 9
```

```
DTMenModeloII(5,0.05,1,0.95)
```

```
[1] 14
```

2.8. Problemas

1. Se está realizando un estudio sobre el tiempo de respuesta (medido en milisegundos) de tres tipos diferentes de circuitos que serán utilizados en la construcción de una calculadora. Los resultados son:

Tipo de circuito	Tiempo de respuesta				
1	9	12	10	8	15
2	20	21	23	17	30
3	6	5	8	16	7

Analiza los datos.

2. En un laboratorio se estudian cuatro catalizadores que pueden afectar a la concentración de uno de los elementos de una mezcla. Los resultados del estudio se muestran en la siguiente tabla:

Catalizador	1	2	3	4
Concentración	58.2	56.3	50.1	52.9
	57.2	54.5	54.2	49.9
	58.4	57.0	55.4	50.0
	55.8	55.3		51.7
	54.9			

1. Estimar los parámetros del modelo.
 2. ¿Tienen los cuatro catalizadores el mismo efecto sobre la concentración?
 3. Obtener un intervalo de confianza al 99% para el efecto medio del primer catalizador.
 4. Si existiesen diferencias entre los efectos, estudie cuáles pueden ser los motivos de tales diferencias.
3. Se prueban 4 tipos de dietas diferentes para alimentar a un grupo de cerdos, obteniéndose los siguientes pesos al final del periodo de crecimiento:

I:	133.8	125.3	143.1	128.9	135.7
II:	152.2	149.0	162.7	145.8	153.5
III:	225.8	224.6	220.4	212.3	
IV:	193.4	185.3	182.8	188.5	198.6

Obtener conclusiones sobre la efectividad de las dietas.

4. Se está investigando la resistencia a la ruptura de una nueva fibra sintética. El fabricante sospecha que incrementando el contenido en algodón se aumenta la resistencia a la ruptura. Para investigar esta hipótesis, considera tejidos con los siguientes porcentajes de algodón: 15%, 20%, 25%, 30% y 35%. Para cada uno de ellos, realiza cinco pruebas, obteniendo los siguientes resultados

15%	7	7	15	11	9
20%	12	17	12	18	18
25%	14	18	18	19	19
30%	19	25	22	19	23
35%	7	10	11	15	11

¿Qué tejido es el más resistente?

5. Los siguientes datos han sido obtenidos bajo cuatro condiciones. Se desea averiguar si las condiciones consideradas inciden en la respuesta media.

Condición	respuesta									
1	39	40	42	37	40	40	38	39	41	38
2	34	34	34	34	35	35	34	35	34	34
3	41	39	41	41	41	40	40	41	41	41
4	37	37	36	36	38	37	39	36	36	38

Capítulo 3

Modelos lineales mixtos

3.1. Introducción

El Modelo II en el tema anterior es un caso particular de los denominados **modelos lineales mixtos**, que estudiamos en este tema.

3.2. Definición del modelo

A lo largo del tema supondremos que las observaciones pueden ser expresadas de acuerdo al siguiente modelo, **modelo lineal mixto**,

$$Y = X\beta + Zu + \varepsilon, \quad (3.1)$$

donde

$Y \in \mathbb{R}^N$ es el vector de respuestas (las observaciones),

X es una matriz $N \times p$ de constantes conocidas,

$\beta \in \mathbb{R}^p$ es un vector de constantes desconocidas,

Z es una matriz $N \times s$ de constantes conocidas,

$u \in \mathbb{R}^s$ es un vector aleatorio no observable,

$\varepsilon \in \mathbb{R}^N$ es el vector de errores aleatorios, no son observables.

Supondremos que

- $E(\varepsilon) = 0$, $E(u) = 0$, lo que implica que $E(Y) = X\beta$. (Modelo para la media)
- $var(\varepsilon) = \sigma^2 I_N$, $\sigma^2 > 0$, $u = (u_1, \dots, u_r)$, $u_i \in \mathbb{R}^{q_i}$, $1 \leq i \leq r$, $\sum_{i=1}^r q_i = r$,

$$\begin{aligned} var(u_i) &= \sigma_i^2 I_{q_i}, \quad 1 \leq i \leq r, \\ cov(u_i, u_j) &= 0, \quad 1 \leq i \neq j \leq r, \\ cov(u_i, \varepsilon) &= 0, \quad 1 \leq i \leq r, \end{aligned}$$

$\sigma_i^2 \geq 0, 1 \leq i \leq r$. Escribiendo

$$Zu = (Z_1, \dots, Z_r) \begin{pmatrix} u_1 \\ \vdots \\ u_r \end{pmatrix},$$

las hipótesis realizadas implican que

$$V = \text{var}(Y) = Z\text{var}(u)Z' + \text{var}(\varepsilon) = \sum_{i=1}^r \sigma_i^2 Z_i Z_i' + \sigma^2 I_N = \sum_{i=0}^r \sigma_i^2 Z_i Z_i', \quad (\text{Modelo para la varianza})$$

con $\sigma_0^2 = \sigma^2$ y $Z_0 = I_N$.

A lo largo del tema supondremos que $Y \sim N_N(X\beta, V)$.

Nótese que el modelo II estudiado en el tema anterior es un caso particular del modelo (3.1) con

$$X = 1_N, \quad \beta = \mu, \quad Z = \begin{pmatrix} 1_{n_1} & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1_{n_2} & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & 1_{n_k} \end{pmatrix}, \quad u = \begin{pmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \\ \vdots \\ \alpha_k \end{pmatrix}.$$

3.3. Estimadores de máxima verosimilitud

Los estimadores de máxima verosimilitud (ML) de $\beta, \sigma_0^2, \dots, \sigma_r^2$ son aquellas funciones de los datos que maximizan la verosimilitud,

$$L(\beta, \sigma_0^2, \dots, \sigma_r^2; Y) = \frac{1}{(2\pi)^{N/2} |V|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} (Y - X\beta)' V^{-1} (Y - X\beta) \right\},$$

o equivalentemente, que maximizan la log-verosimilitud,

$$l = l(\beta, \sigma_0^2, \dots, \sigma_r^2; Y) = -\frac{N}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2} \log(|V|) - \frac{1}{2} (Y - X\beta)' V^{-1} (Y - X\beta).$$

Para maximizar l derivamos respecto de los parámetros e igualamos a cero, obteniendo las denominadas ecuaciones de verosimilitud. Las derivadas son

$$\begin{aligned} l_\beta = \frac{\partial}{\partial \beta} l &= X' V^{-1} Y - X' V^{-1} X \beta, \\ l_{\sigma_i^2} = \frac{\partial}{\partial \sigma_i^2} l &= -\frac{1}{2} \text{tr}(V^{-1} Z_i Z_i') + \frac{1}{2} (Y - X\beta)' V^{-1} (Y - X\beta), \quad 0 \leq i \leq r. \end{aligned} \quad (3.2)$$

Las soluciones de igualar a cero estas derivadas no son, en general, los MLEs, sino candidatos. Hay que comprobar las derivadas segundas y ver si están en el espacio paramétrico (EP). En la mayoría de los casos, las ecuaciones de verosimilitud son funciones complicadas de las componentes de la varianza, y por tanto, no pueden obtenerse expresiones explícitas para las soluciones. En general, las ecuaciones de verosimilitud deben ser resueltas numéricamente.

Una de las propiedades atractivas de los MLEs es que son estimadores consistentes y asintóticamente normales (CAN) con media 0 y varianza dada por la inversa de la matriz de información (bajo

determinadas condiciones, que incluyen que el verdadero valor del parámetro sea un punto interior del EP),

$$I \begin{pmatrix} \beta \\ \sigma_0^2 \\ \vdots \\ \sigma_r^2 \end{pmatrix} = -E \begin{pmatrix} l_{\beta\beta} & l_{\beta\sigma_0^2} & \cdots & l_{\beta\sigma_r^2} \\ l_{\sigma_0^2\beta} & l_{\sigma_0^2\sigma_0^2} & \cdots & l_{\sigma_0^2\sigma_r^2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ l_{\sigma_r^2\beta} & l_{\sigma_r^2\sigma_0^2} & \cdots & l_{\sigma_r^2\sigma_r^2} \end{pmatrix}$$

donde $l_{\beta\beta} = \frac{\partial^2}{\partial\beta\partial\beta}l$ y $l_{\beta\sigma_i^2} = \frac{\partial^2}{\partial\beta\partial\sigma_i^2}l$, $0 \leq i \leq r$. Asintóticamente,

$$\text{var} \begin{pmatrix} \hat{\beta}_{ML} \\ \hat{\sigma}_{0,ML}^2 \\ \vdots \\ \hat{\sigma}_{r,ML}^2 \end{pmatrix} \simeq I \begin{pmatrix} \beta \\ \sigma_0^2 \\ \vdots \\ \sigma_r^2 \end{pmatrix}^{-1} = \begin{pmatrix} (X'V^{-1}X)^{-1} & 0 \\ 0 & 2(\text{tr}(V^{-1}Z_iZ_i'V^{-1}Z_jZ_j')_{0 \leq i,j \leq r})^{-1} \end{pmatrix}.$$

Esta propiedad nos permite construir tests e intervalos de confianza asintóticos para β y para las componentes de la varianza (siempre que sean puntos interiores del EP).

EJEMPLO: Como ilustración consideremos el modelo II estudiado en el tema anterior. En el caso balanceado, las soluciones de las ecuaciones de verosimilitud son

$$\begin{aligned} \dot{\mu} &= \bar{y}_{..}, \\ \dot{\sigma}^2 &= CM_\varepsilon, \\ \dot{\sigma}_\alpha^2 &= \frac{\frac{k-1}{k}CM_\alpha - CM_\varepsilon}{n}, \end{aligned}$$

aunque no son necesariamente los MLEs, ya que éstos deben pertenecer al EP

$$\mu \in \mathbb{R}, \quad \sigma^2 > 0, \quad \sigma_\alpha^2 \geq 0.$$

Nótese que $\dot{\sigma}_\alpha^2$ puede tomar valores negativos. Se tiene que

$$\begin{aligned} \hat{\mu}_{ML} &= \dot{\mu}, \\ \text{si } \dot{\sigma}_\alpha^2 \geq 0, \text{ entonces } \hat{\sigma}_{\alpha,ML}^2 &= \dot{\sigma}_\alpha^2, \quad \hat{\sigma}_{ML}^2 = \dot{\sigma}^2, \\ \text{si } \dot{\sigma}_\alpha^2 < 0, \text{ entonces } \hat{\sigma}_{\alpha,ML}^2 &= 0, \quad \hat{\sigma}_{ML}^2 = \frac{1}{N}SC_{tot}. \end{aligned}$$

Estos estimadores de las componentes de varianza no son insesgados, la expresión de sus esperanzas es bastante complicada. Si $\dot{\sigma}_\alpha^2 > 0$, entonces asintóticamente

$$\text{var} \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_{ML}^2 \\ \hat{\sigma}_{\alpha,ML}^2 \end{pmatrix} \simeq 2\sigma^4 \begin{pmatrix} \frac{1}{N-k} & -\frac{1}{N(n-1)} \\ -\frac{1}{N(n-1)} & \frac{1}{n^2} \left(\frac{(1+n\tau)^2}{k} + \frac{1}{N-k} \right) \end{pmatrix},$$

donde $\tau = \dot{\sigma}_\alpha^2/\sigma^2$.

Para datos no balanceados, la solución en μ de las ecuaciones de verosimilitud es

$$\dot{\mu} = \frac{\sum_{i=1}^k \frac{n_i \bar{y}_i}{\dot{\sigma}^2 + n_i \dot{\sigma}_\alpha^2}}{\sum_{i=1}^k \frac{n_i}{\dot{\sigma}^2 + n_i \dot{\sigma}_\alpha^2}}.$$

No existe una expresión explícita para las soluciones en $\dot{\sigma}^2$ y $\dot{\sigma}_\alpha^2$. Como en el caso balanceado, $\dot{\sigma}_\alpha^2$ puede tomar valores negativos. Si $\dot{\sigma}_\alpha^2 > 0$, entonces asintóticamente

$$\text{var} \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_{ML}^2 \\ \hat{\sigma}_{\alpha,ML}^2 \end{pmatrix} \simeq \frac{2}{D} \begin{pmatrix} \sum_i \frac{n_i^2}{\lambda_i^2} & -\sum_i \frac{n_i}{\lambda_i^2} \\ -\sum_i \frac{n_i}{\lambda_i^2} & \frac{N-k}{\sigma^4} + \sum_i \frac{1}{\lambda_i^2} \end{pmatrix},$$

donde $\lambda_i = \sigma^2 + n_i\sigma_\alpha^2$ y

$$D = \frac{N-k}{\sigma^4} \sum_i \frac{n_i^2}{\lambda_i^2} + \sum_i \frac{1}{\lambda_i^2} \sum_i \frac{n_i^2}{\lambda_i^2} - \left(\sum_i \frac{n_i}{\lambda_i^2} \right)^2.$$

3.4. Estimadores de máxima verosimilitud restringida o residual

Máxima verosimilitud restringida o residual (REML) es otro método de estimación que consiste en estimar las componentes de la varianza basándonos en la verosimilitud de los residuos tras ajustar los efectos fijos del modelo (3.1) mediante mínimos cuadrados ordinarios. La justificación es la siguiente: en vez de usar las observaciones Y directamente, REML considera combinaciones lineales de los elementos de Y , $c'Y$, de modo que no contengan efectos fijos:

$$c'Y = c'X\beta + c'Zu + c'\varepsilon$$

no depende de β sii

$$c'X\beta = 0, \quad \forall \beta,$$

lo que es equivalente a decir que c pertenece al subespacio vectorial de \mathbb{R}^N que es ortogonal al generado por las columnas de X , es decir,

$$c' = a'\{I_N - X(X'X)^{-1}X'\} = a'\{I_N - P\}.$$

Funciones lineales de este tipo que sean linealmente independiantes hay $N - \text{rg}(X)$. Este método trabaja con $C'Y$ de modo que $C' = A(I_N - P)$ es una matriz $\{N - \text{rg}(X)\} \times N$ con rango total, $N - \text{rg}(X)$. Nótese que si son consideradas más observaciones, necesariamente serían combinaciones lineales de estas $N - \text{rg}(X)$.

Como $Y \sim N_N(X\beta, V)$, se sigue que

$$C'Y \sim N_{N-\text{rg}(X)}(0, C'VC).$$

Una vez que nos "hemos librado" de los parámetros que modelan la media, el método calcula los estimadores de máxima verosimilitud de las componentes de la varianza basándonos en la verosimilitud de $C'Y$,

$$L_R(\sigma_0^2, \dots, \sigma_r^2; Y) = \frac{1}{(2\pi)^{\{N-\text{rg}(X)\}/2} |C'VC|^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{1}{2} Y' C (C'VC)^{-1} C' Y \right\},$$

o equivalentemente, en la la log-verosimilitud,

$$l_R = l_R(\sigma_0^2, \dots, \sigma_r^2; Y) = -\frac{N - \text{rg}(X)}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2} \log(|C'VC|) - \frac{1}{2} Y' C (C'VC)^{-1} C' Y.$$

Nos encontramos con idénticos problemas a los vistos para los estimadores de ML: (1) Las correspondientes ecuaciones de verosimilitud restringida (que resultan de igualar las derivadas respecto

de la componentes de la varianza a cero) son funciones complicadas de los parámetros, y por tanto, no pueden obtenerse expresiones explícitas para las soluciones. En general, las ecuaciones de verosimilitud restringida deben ser resueltas numéricamente. (2) Las soluciones de igualar a cero estas derivadas no son, en general, los REMLEs, sino candidatos. Hay que comprobar las derivadas segundas y ver si están dentro del EP.

Una buena propiedad de las ecuaciones de verosimilitud restringida es que no dependen de la matriz C .

Como son estimadores de máxima verosilitud (aunque basados en una transformación lineal de las observaciones), comparten las propiedades de éstos: son estimadores consistentes y asintóticamente normales (CAN) con media 0 y varianza dada por la inversa de la matriz de información (bajo determinadas condiciones, que incluyen que el verdadero valor del parámetro sea un punto interior del EP),

$$I \begin{pmatrix} \sigma_0^2 \\ \vdots \\ \sigma_r^2 \end{pmatrix} = -E \begin{pmatrix} l_{R,\sigma_0^2\sigma_0^2} & \cdots & l_{R,\sigma_0^2\sigma_r^2} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ l_{R,\sigma_r^2\sigma_0^2} & \cdots & l_{R,\sigma_r^2\sigma_r^2} \end{pmatrix},$$

donde $l_{R,\sigma_i^2\sigma_j^2} = \frac{\partial^2}{\partial\sigma_i^2\partial\sigma_j^2}l_R$. Asintóticamente,

$$\text{var} \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_{0,REML}^2 \\ \vdots \\ \hat{\sigma}_{r,REML}^2 \end{pmatrix} \simeq I \left(2(\text{tr}(W^{-1}Z_iZ_i'W^{-1}Z_jZ_j')_{0 \leq i,j \leq r})^{-1} \right),$$

con $W = V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1} = C(C'VC)^{-1}C'$. Esta propiedad nos permite construir tests e intervalos de confianza asintóticos para las componentes de la varianza (siempre que sean puntos interiores del EP).

Una propiedad de los REMLEs es que para diseños balanceados las soluciones de las ecuaciones de verosimilitud restringida coinciden con los estimadores ANOVA resultantes de igualar los CM a sus valores esperados.

Estimación de los efectos fijos. De (3.2) se sigue que

$$MLE(X\beta) = X(X'\hat{V}_{ML}^{-1}X)^{-1}X'\hat{V}_{ML}^{-1}Y, \quad (3.3)$$

con matrix de varianzas asintótica

$$\text{var}\{MLE(X\beta)\} \simeq X(X'V^{-1}X)^{-1}X'. \quad (3.4)$$

Aunque el método de máxima verosimilitud restringida no incluye estimación de los efectos fijos, parece razonable utilizar (3.3) y (3.4) con $\hat{\sigma}_{i,ML}^2$ reemplazado por $\hat{\sigma}_{i,REML}^2$, $0 \leq i \leq r$.

3.5. Contrastes

Decimos que dos modelos están anidados si uno de ellos es un caso especial del otro. Un modo general para comparar modelos anidados ajustados mediante ML es el test de razón de verosimilitudes. Este test también puede ser aplicado a modelos ajustados mediante REML siempre que la especificación de los efectos fijos sea la misma para ambos modelos.

Si L_2 es la verosimilitud para el modelo más general y L_1 es la verosimilitud asociada al modelo especial, entonces se cumple que

$$L_2 > L_1.$$

El estadístico del test de razón de verosimilitudes es

$$T = 2 \log(L_2/L_1) = 2\{\log(L_2) - \log(L_1)\},$$

que es positivo. Sea ν_i el número de parámetros estimados en el modelo i , entonces, si los parámetros están en el interior del EP, se tiene que asintóticamente

$$T \stackrel{H_0}{\sim} \chi_{\nu_2 - \nu_1}, \quad (3.5)$$

por lo que el modelo 1 será rechazado si $T \geq \chi_{\nu_2 - \nu_1, 1 - \alpha}$.

Si los parámetros están en la frontera del EP (por ejemplo una o más componentes de la varianza son zero), entonces (3.5) no es cierto. En este caso la distribución asintótica de T es bastante más complicada. Pinheiro y Bates (2000, p.84) dicen que si utilizamos la aproximación en (3.5) entonces el test resultante es conservativo, lo que significa que el verdadero p -valor será menor que el calculado (va a rechazar menos veces de las que debiera). Crainiceanu y Rupper (2005, JRSS series B) han calculado la distribución exacta, cuya expresión es bastante complicada (no tratable). Existe un paquete de R que aproxima (mediante simulación) la distribución exacta, `RLRsim`.

Contrastes sobre los efectos fijos. Pinheiro y Bates (2000, p.89–92) dicen que la aproximación chi-cuadrado a la distribución nula del estadístico T para contrastes sobre los efectos fijos procede tests anticonservativos (o liberales), es decir, el p -valor real es mayor que la aproximación, por lo que no recomiendan su uso. En su lugar proponen otra aproximación, que consiste en condicionar a los valores de $\theta = (\sigma_1^2/\sigma^2, \dots, \sigma_r^2/\sigma^2)$. En la distribución condicionada

$$Y \sim N_N(X\beta, \sigma^2 D),$$

donde ahora D es una matriz conocida y se puede aplicar la teoría del modelo lineal. Al reemplazar θ por $\hat{\theta}$ los p -valores serán aproximados.

Kenward y Roger (1997, Biometrics) han propuesto un método para aproximar la distribución de estadísticos para contrastes sobre efectos fijos que da buenos resultados (en el sentido de que cuando existe un resultado exacto, el método devuelve el procedimiento exacto, y en simulaciones se ha comprobado que proporciona muy buenas aproximaciones en el caso general). Se basa en lo siguiente:

Supongamos que $Y \sim N_n(X\beta, V)$, y que $V = V(\sigma)$, con $\sigma = (\sigma_1, \dots, \sigma_r)$, que son estimadas mediante su estimador REML. El estimador REML de β (mínimos cuadrados generalizados con los parámetros en V reemplazados por sus estimadores REML) es

$$\hat{\beta} = \Phi(\hat{\sigma})^{-1} X'V(\hat{\sigma})^{-1} Y,$$

con

$$\Phi(\sigma) = X'V(\sigma)^{-1} X,$$

que es la matriz de varianzas covarianzas asintótica de $\hat{\beta}$. $\hat{\beta}$ es un estimador insesgado de β y $\Phi(\hat{\sigma})$ es usualmente empleado como estimador de la varianza de $\hat{\beta}$. Dos problemas que presenta este estimador de la varianza de $\hat{\beta}$ son:

- no tiene en cuenta la variabilidad de $\hat{\sigma}$,
- es un estimador sesgado de $\Phi(\sigma)$.

Kenward y Roger estiman la variación de $\hat{\beta}$ mediante

$$\Phi_A = \Phi(\hat{\sigma}) + \Lambda$$

con Λ de modo que corrija el sesgo de primer orden (primer término en un desarrollo de Taylor). Una vez que tienen un mejor estimador de la varianza de $\hat{\beta}$, para contrastar

$$H_0 : L\beta = L\beta_0,$$

donde L es una matriz $l \times p$ con rango l , consideran un estadístico tipo Wald,

$$F = \frac{1}{l}(\hat{\beta} - \beta_0)'L'\{L'\Phi_AL\}^{-1}L(\hat{\beta} - \beta_0),$$

e intentan aproximar la distribución nula de F como sigue: determinan m y λ de modo que

$$\lambda F \approx \mathcal{F}_{l,m}.$$

(imponen que los dos primeros momentos coincidan, si $l = 1$ este es el método de Satterthwaite). Al aplicar este método a la T^2 de Hotelling da la bien conocida solución exacta

$$\frac{m}{m+l-1}F \sim \mathcal{F}_{l,m}.$$

El paquete `pbkrtest` de R tiene implementado el método de Kenward y Roger. Este paquete también da una estimación bootstrap (usa un bootstrap paramétrico) del p -valor.

3.6. Análisis con R

Para el análisis de modelos mixtos podemos utilizar la función `lme` del paquete `nlme` (si sólo hay un factor aleatorio) o bien la función `lmer` del paquete `lme4`. Ahora sólo veremos un ejemplo muy simple, el del modelo II. En temas posteriores veremos cómo analizar modelos menos simples.

```
#generamos datos
set.seed(1234567)
eps=rnorm(15)
alpha=rnorm(3)*2
y=eps+rep(alpha,5)
a=rep(1:3,5)
a=as.factor(a)
#llamamos a la libreria nlme
library(nlme)
ex1=lme(y~1, random=~1|a) #la primera parte dice que el modelo tiene un termino cte
                        #la segunda parte dice que tenemos un factor aleatorio con niveles dados por "a"
summary(ex1)

Linear mixed-effects model fit by REML
Data: NULL
   AIC      BIC    logLik #AIC=2*num. param-2*logLik, BIC=log(n)*num. param-2*logLik
 50.24753 52.1647 -22.12377
Random effects:
```

```

Formula: ~1 | a
      (Intercept) Residual
StdDev:    1.545889 0.8724219

Fixed effects: y ~ 1
              Value Std.Error DF   t-value p-value
(Intercept) -0.4989099 0.9205063 12 -0.5419951  0.5977

Standardized Within-Group Residuals:
      Min      Q1      Med      Q3      Max
-1.3576330 -0.8050749  0.2563495  0.6638389  1.5732431

Number of Observations: 15
Number of Groups: 3

```

```
intervals(ex1)
```

Approximate 95% confidence intervals #basados en la distribucion asint del MLE

```

Fixed effects:
      lower      est.      upper
(Intercept) -2.504521 -0.4989099 1.506701
attr(,"label")
[1] "Fixed effects:"

Random Effects:
Level: a
      lower      est.      upper
sd((Intercept)) 0.5448503 1.545889 4.386107

Within-group standard error:
      lower      est.      upper
0.5846806 0.8724219 1.3017705

```

```

library(lme4)
ex2=lmer(y~1+(1|a))
summary(ex2)

```

```

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: y ~ 1 + (1 | a)

```

REML criterion at convergence: 44.2

```

Scaled residuals:
      Min      1Q  Median      3Q      Max
-1.3576 -0.8051  0.2564  0.6638  1.5732

```

```

Random effects:
Groups   Name      Variance Std.Dev.
a        (Intercept) 2.3898   1.5459
Residual                0.7611   0.8724
Number of obs: 15, groups: a, 3

```

```

Fixed effects:
      Estimate Std. Error t value
(Intercept) -0.4989    0.9205  -0.542

```

```
confint(ex2)
```

Computing profile confidence intervals ...

	2.5 %	97.5 %
.sig01	0.5525281	3.824619
.sigma	0.6128676	1.383821
(Intercept)	-2.5972447	1.599423

Disponemos de un test exacto para contrastar $H_0 : \sigma_a^2 = 0$

```
summary(aov(y~a))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
a	2	25.420	12.710	16.7	0.000341 ***
Residuals	12	9.133	0.761		

Ahora aplicamos el LRT para contrastar $H_0 : \sigma_a^2 = 0$

```
ex3=lm(y~1)
anova(ex2,ex3)
```

refitting model(s) with ML (instead of REML)

Data: NULL

Models:

ex3: y ~ 1

ex2: y ~ 1 + (1 | a)

	Df	AIC	BIC	logLik	deviance	Chisq	Chi	Df	Pr(>Chisq)
ex3	2	59.085	60.501	-27.543	55.085				
ex2	3	51.703	53.828	-22.852	45.703	9.3816		1	0.002192 ** #test conservativo

```
library(RLRsim)
```

```
#exactLRT(m=modelo completo,m0=modelo bajo la nula)
```

```
exactLRT(m=ex2,m0=ex3) #test exacto
```

No restrictions on fixed effects. REML-based inference preferable.

Using likelihood evaluated at REML estimators.

Please refit model with method="ML" for exact results.

simulated finite sample distribution of LRT. (p-value based on 10000 simulated values)

data:

LRT = 9.2001, p-value = 4e-04

```
ex2=lmer(y~1+(1|a), REML=FALSE)
```

```
exactLRT(m=ex2,m0=ex3)
```

No restrictions on fixed effects. REML-based inference preferable.

simulated finite sample distribution of LRT. (p-value based on 10000 simulated values)

data:

LRT = 9.3816, p-value = 7e-04

Capítulo 4

Experimentos con dos factores

4.1. Introducción a los diseños factoriales: definiciones básicas

Muchos experimentos se llevan a cabo para estudiar el efecto que sobre una variable respuesta Y tienen dos o más factores. Por **diseño factorial** se entiende aquel en el que se investigan todas las posibles combinaciones de los niveles de los factores en cada ensayo o réplica del experimento. Por ejemplo, en un diseño con dos factores, llamémosles A y B , con a y b niveles respectivamente, cada réplica del experimento consiste en observar una respuesta en cada una de las ab combinaciones de los tratamientos o niveles de ambos factores. También se dice que los factores están **cruzados**.

El **efecto de un factor** se define como el cambio esperado en la respuesta producido por un cambio en el nivel del factor, donde el cambio en la respuesta se obtiene promediando sobre todas las combinaciones de niveles del resto de los factores. También se le denomina **efecto principal**.

En algunos experimentos puede ocurrir que la diferencia de respuesta entre dos niveles de un factor no sea la misma para todos los niveles del otro (u otros) factor (o factores). Cuando esto ocurre, se dice que existe **interacción** entre los factores. Ejemplo: algunos fármacos y bebidas alcohólicas.

A continuación se estudiará el diseño factorial más simple, el diseño con dos factores.

4.2. Diseño factorial con dos factores

4.2.1. Modelo

Supongamos un experimento con dos factores cruzados A y B , con a y b niveles respectivamente. Supongamos que se realizan n ($n \geq 2$) réplicas del experimento, es decir, hay n observaciones por celdilla, como se muestra en la siguiente tabla.

		Factor B			
		1	2	...	b
Factor A	1	$y_{111}, y_{112}, \dots, y_{11n}$	$y_{121}, y_{122}, \dots, y_{12n}$...	$y_{1b1}, y_{1b2}, \dots, y_{1bn}$
	2	$y_{211}, y_{212}, \dots, y_{21n}$	$y_{221}, y_{222}, \dots, y_{22n}$...	$y_{2b1}, y_{2b2}, \dots, y_{2bn}$
	\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots
	a	$y_{a11}, y_{a12}, \dots, y_{a1n}$	$y_{a21}, y_{a22}, \dots, y_{a2n}$...	$y_{ab1}, y_{ab2}, \dots, y_{abn}$

Hay un total de $N = nab$ observaciones. Supondremos que el experimento es completamente aleatorizado, es decir, que la asignación de combinaciones de tratamientos a las unidades experimentales se realiza de manera aleatoria.

Las observaciones pueden describirse mediante el siguiente modelo lineal,

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

$$\begin{aligned} i &= 1, 2, \dots, a \\ j &= 1, 2, \dots, b \\ k &= 1, 2, \dots, n \\ \varepsilon_{ijk} & \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{aligned}$$

donde

y_{ijk} representa la k -ésima observación en el i -ésimo nivel de A y en el j -ésimo nivel de B ,

μ es la media global, que mide el nivel promedio de respuesta de todas las unidades.

α_i es el efecto principal del i -ésimo nivel del factor A.

β_j es el efecto principal del j -ésimo nivel del factor B.

$\alpha\beta_{ij}$ es el efecto de interacción del i -ésimo nivel del factor A y del j -ésimo nivel del factor B.

ε_{ijk} es el efecto aleatorio que recoge todas las restantes posibles causas de variabilidad del experimento. Supondremos que son independientes y que están idénticamente distribuidos según una ley $N(0, \sigma^2)$.

Matricialmente, el modelo puede expresarse

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\theta} + \boldsymbol{\mathcal{E}}$$

donde la matriz \mathbf{X} tiene dimensiones $N \times (1+a+b+ab)$, con rango $rg(\mathbf{X}) = ab$, pues las ab columnas de \mathbf{X} correspondientes a las ab interacciones son linealmente independientes, la columna correspondiente a α_i es la suma en j de las columnas correspondientes a $\alpha\beta_{ij}$, la columna correspondiente a β_j es la suma en i de las columnas correspondientes a $\alpha\beta_{ij}$, y la columna correspondiente a μ es la suma de todas las columnas correspondientes a las interacciones.

4.2.2. Estimación puntual

• Imponiendo $\sum_i \alpha_i = 0$, $\sum_j \beta_j = 0$, $\sum_i \alpha\beta_{ij} = 0$ y $\sum_j \alpha\beta_{ij} = 0$, se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{...}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}, \quad \widehat{\alpha\beta}_{ij} = \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}$$

- Se tiene que $\lambda_0\mu + \sum_i \lambda_{i0}\alpha_i + \sum_j \lambda_{0j}\beta_j + \sum_{i,j} \lambda_{ij}\alpha\beta_{ij}$ es l.e. sii $\lambda_0 = \sum_{i,j} \lambda_{ij}$, $\lambda_{i0} = \sum_j \lambda_{ij}$, $1 \leq i \leq a$, y $\lambda_{0j} = \sum_i \lambda_{ij}$, $1 \leq j \leq b$.
- Como la matriz de diseño tiene rango ab , un estimador insesgado de la varianza viene dado por

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{ab(n-1)}, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2.$$

4.2.3. Descomposición de la variabilidad total

A partir de la identidad

$$y_{ijk} - \bar{y}_{...} = (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}) + (\bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}) + (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}) + (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.}),$$

se tiene la siguiente descomposición

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2 &= bn \sum_{i=1}^a \hat{\alpha}_i^2 + an \sum_{j=1}^b \hat{\beta}_j^2 + n \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \widehat{\alpha\beta}_{ij}^2 + \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2 \\ SC_{tot} &= SC_\alpha + SC_\beta + SC_{\alpha\beta} + SC_\varepsilon \end{aligned}$$

Los grados de libertad de estas formas cuadráticas son

$$abn - 1 = (a - 1) + (b - 1) + (a - 1)(b - 1) + ab(n - 1),$$

de donde, bajo la hipótesis de normalidad, se tiene que

$$\begin{aligned} \frac{SC_\alpha}{\sigma^2} &\sim \chi_{a-1, \lambda_\alpha}^2 & \lambda_\alpha &= \frac{bn}{\sigma^2} \sum_i \alpha_i^2, & \frac{SC_\beta}{\sigma^2} &\sim \chi_{b-1, \lambda_\beta}^2 & \lambda_\beta &= \frac{an}{\sigma^2} \sum_j \beta_j^2, \\ \frac{SC_{\alpha\beta}}{\sigma^2} &\sim \chi_{(a-1)(b-1), \lambda_{\alpha\beta}}^2 & \lambda_{\alpha\beta} &= \frac{n}{\sigma^2} \sum_{i,j} \alpha\beta_{ij}^2, & \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} &\sim \chi_{ab(n-1)}^2, \end{aligned}$$

y además son independientes. Los valores esperados de los cuadrados medios son

$$\begin{aligned} E(CM_\alpha) &= \sigma^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_i \alpha_i^2, & E(CM_\beta) &= \sigma^2 + \frac{an}{b-1} \sum_j \beta_j^2, \\ E(CM_{\alpha\beta}) &= \sigma^2 + \frac{n}{(a-1)(b-1)} \sum_{i,j} \alpha\beta_{ij}^2, & E(CM_\varepsilon) &= \sigma^2. \end{aligned}$$

4.2.4. Contrastes

Fuente	SC	g.l.	CM	F
Factor A	SC_α	$a - 1$	CM_α	CM_α/CM_ε
Factor B	SC_β	$b - 1$	CM_β	CM_β/CM_ε
Interacción	$SC_{\alpha\beta}$	$(a - 1)(b - 1)$	$CM_{\alpha\beta}$	$CM_{\alpha\beta}/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$ab(n - 1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$nab - 1$		

EJEMPLO 1 Se piensa que la vida de una herramienta de corte está afectada por la velocidad y el ángulo de corte. Se seleccionan tres velocidades y tres ángulos, realizándose un experimento factorial con dos réplicas. Los datos son (y_{ijk} =valor observado-constante)

Ángulos	Velocidad de corte (in/min)					
	125		150		175	
15°	-2	-1	-3	0	2	3
20°	0	2	1	3	4	6
25°	-1	0	5	6	0	-1

```

y=c(-2,-1,-3,0,2,3,0,2,1,3,4,6,-1,0,5,6,0,-1)
ang=c(rep(15,6), rep(20,6), rep(25,6))
vel=rep(c(125,125,150,150,175,175),3)
ang=as.factor(ang)
vel=as.factor(vel)
ejemplo1=aov(y~ang*vel)
summary(ejemplo1)

```

```

          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
ang         2  24.33  12.167   8.423 0.00868 **
vel         2  25.33  12.667   8.769 0.00770 **
ang:vel     4  61.33  15.333  10.615 0.00184 **
Residuals   9   13.00   1.444
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

4.2.5. Comparaciones múltiples

Si la interacción resulta ser significativa, entonces no tiene sentido aplicar los métodos de comparaciones múltiples a los niveles de cada uno de los factores, ya que las medias entre las diferencias de un factor pueden ser ocultadas por la interacción.

Una opción es considerar las medias de las ab celdillas para determinar entre cuáles hay diferencias significativas, es decir, considerar el modelo

$$y_{ijk} = \mu_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

En este análisis, las diferencias entre las celdas incluyen tanto los efectos principales como las interacciones.

EJEMPLO 1 (continuación)

```

snk=SNK.test(y,ang:vel,9,1.444)
snk$groups

```

```

      trt means M
1 25:150   5.5 a
2 20:175   5.0 a
3 15:175   2.5 ab
4 20:150   2.0 ab
5 20:125   1.0 b
6 25:125  -0.5 b
7 25:175  -0.5 b
8 15:125  -1.5 b
9 15:150  -1.5 b

```

4.3. Modelo con una observación por celdilla

Si sólo se dispone de una única observación por celdilla ($n = 1$), entonces

$$y_{ijk} - \hat{y}_{ijk} = y_{ij1} - \hat{y}_{ij1} = y_{ij1} - \bar{y}_{ij.} = 0 \implies SC_\varepsilon = 0,$$

y por tanto, no pueden realizarse contrastes. Esto es debido a que en este caso el modelo está sobreparametrizado (más parámetros que observaciones).

- Una solución es no incluir en el modelo la interacción (modelo de independencia), lo que puede llevar a conclusiones erróneas si existiera interacción.

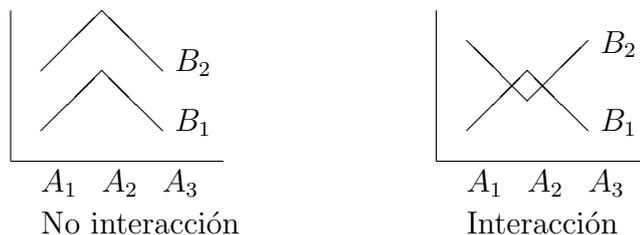
- La existencia de interacción puede detectarse gráficamente representando en el eje de ordenadas la respuesta observada en cada celdilla frente a los niveles de un factor. Al unir los puntos que corresponden al mismo nivel del segundo factor, las líneas resultantes deben ser paralelas en ausencia de interacción, pues en este caso

$$\mu_{ij} - \mu_{1j} = E(y_{ijk}) - E(y_{1jk}) = \mu + \alpha_i + \beta_j - \mu - \alpha_1 - \beta_j = \alpha_i - \alpha_1 \quad \forall j,$$

y también

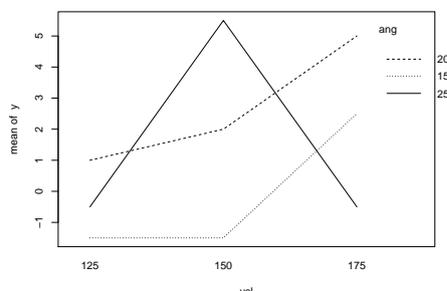
$$\mu_{ij} - \mu_{i1} = E(y_{ijk}) - E(y_{i1k}) = \mu + \alpha_i + \beta_j - \mu - \alpha_i - \beta_1 = \beta_j - \beta_1 \quad \forall i.$$

Gráficamente:



EJEMPLO 1 (continuación, interacción)

```
#interaction.plot(x.factor, trace.factor, response, fun = mean,...)
interaction.plot(ang, vel, y)
```

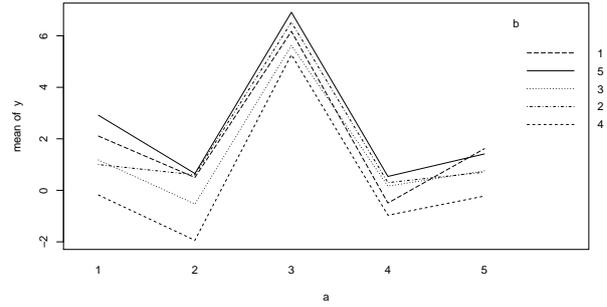


EJEMPLO 2 (no interacción)

```

set.seed(12345)
eps=rnorm(125)
mu=3
alpha=rnorm(5)*2
alpha=rep(alpha,25)
a=as.factor(rep(1:5,25))
beta=rnorm(5)/2
beta=rep(rep(beta, each=5),5)
b=as.factor(rep(rep(1:5, each=5),5))
y=mu+alpha+beta+eps
interaction.plot(a, b, y)

```



• Un método formal para detectar si existe interacción es el test de Tukey. Este procedimiento supone que la interacción es de la forma

$$\alpha\beta_{ij} = \delta\alpha_i\beta_j$$

donde δ es una constante desconocida (nótese que el modelo no es lineal). Para el contraste

$$H_0 : \delta = 0$$

$$H_1 : \delta \neq 0$$

la región crítica es

$$\{(a-1)(b-1)-1\} \frac{R}{\sum_{ij} e_{ij}^2 - R} \geq F_{1,(a-1)(b-1)-1,1-\alpha}$$

donde

$$R = \frac{P^2}{Q}, \quad P = \sum_{ij} \hat{\alpha}_i \hat{\beta}_j e_{ij}, \quad Q = \sum_i \hat{\alpha}_i^2 \sum_j \hat{\beta}_j^2,$$

con

$$\hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}, \quad e_{ij} = y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}$$

4.4. Modelo de dos factores sin interacción

Supongamos un experimento con dos factores cruzados A y B , con a y b niveles respectivamente. Supongamos que se realizan n ($n \geq 1$) réplicas del experimento, y que los factores no interaccionan, esto es, que el efecto de los factores es aditivo. El modelo es

$$\begin{aligned}
 y_{ijk} &= \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ijk} \\
 i &= 1, 2, \dots, a \\
 j &= 1, 2, \dots, b \\
 k &= 1, 2, \dots, n \\
 \varepsilon_{ijk} & \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2)
 \end{aligned}$$

donde y_{ijk} , μ , α_i , β_j y ε_{ijk} son como en el *modelo completo* (que incluye el término de interacción). A este modelo se le denomina *modelo aditivo* o *modelo de independencia*.

Matricialmente, el modelo puede expresarse

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\theta} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

donde la matriz \mathbf{X} tiene dimensiones $N \times (1 + a + b)$, con rango $rg(\mathbf{X}) = a + b - 1$, pues la suma de las a columnas de \mathbf{X} correspondientes a los efectos del factor A es igual a la columna asociada a μ , y lo mismo ocurre con las b columnas asociadas a los niveles de B .

4.4.1. Estimación puntual

- Imponiendo $\sum_i \alpha_i = 0$ y $\sum_j \beta_j = 0$ se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{...}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}.$$

- Se tiene que $\lambda_0 \mu + \sum_i \lambda_{i0} \alpha_i + \sum_j \lambda_{0j} \beta_j$ es l.e. sii $\lambda_0 = \sum_i \lambda_{i0}$ y $\lambda_0 = \sum_j \lambda_{0j}$.
- Como la matriz de diseño tiene rango $a + b - 1$, un estimador insesgado de la varianza viene dado por

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{abn - a - b + 1}, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2.$$

4.4.2. Descomposición de la variabilidad total

A partir de la identidad

$$y_{ijk} - \bar{y}_{...} = (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}) + (\bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}) + (y_{ijk} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}),$$

se tiene la siguiente descomposición

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2 &= bn \sum_{i=1}^a \hat{\alpha}_i^2 + an \sum_{j=1}^b \hat{\beta}_j^2 + \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2 \\ SC_{tot} &= SC_\alpha + SC_\beta + SC_\varepsilon \end{aligned}$$

Los grados de libertad de estas formas cuadráticas son

$$abn - 1 = (a - 1) + (b - 1) + (abn - a - b + 1),$$

de donde, bajo la hipótesis de normalidad, se tiene que

$$\frac{SC_\alpha}{\sigma^2} \sim \chi_{a-1, \lambda_\alpha}^2, \quad \lambda_\alpha = \frac{bn}{\sigma^2} \sum_i \alpha_i^2, \quad \frac{SC_\beta}{\sigma^2} \sim \chi_{b-1, \lambda_\beta}^2, \quad \lambda_\beta = \frac{an}{\sigma^2} \sum_j \beta_j^2, \quad \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{abn-a-b+1}^2$$

y además son independientes. Los valores esperados de los cuadrados medios son

$$E(CM_\alpha) = \sigma^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_i \alpha_i^2, \quad E(CM_\beta) = \sigma^2 + \frac{an}{b-1} \sum_j \beta_j^2, \quad E(CM_\varepsilon) = \sigma^2.$$

4.4.3. Contrastes

Fuente	SC	g.l.	CM	F
Factor A	SC_α	$a - 1$	CM_α	$CM_\alpha / CM_\varepsilon$
Factor B	SC_β	$b - 1$	CM_β	$CM_\beta / CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$abn - a - b + 1$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$nab - 1$		

Si del análisis se concluye que existe diferencia entre los efectos de los tratamientos, entonces pueden aplicarse los métodos de comparaciones múltiples de medias ya estudiados.

EJEMPLO 2 (continuación)

```
ejemplo2=aov(y~a+b)
summary(ejemplo2)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
a	4	668.4	167.11	144.66	< 2e-16 ***
b	4	61.7	15.42	13.35	5.61e-09 ***
Residuals	116	134.0	1.16		

4.5. Modelo de efectos aleatorios

Hasta ahora hemos supuesto que tanto el factor A como el factor B son fijos, es decir, el experimentador ha fijado los a niveles del factor A y los b niveles del factor B usados en el diseño. En consecuencia, las conclusiones del análisis sólo podrán aplicarse a los niveles utilizados.

Consideremos ahora la situación en que los niveles de los factores son seleccionados al azar de poblaciones de niveles de ambos factores. El modelo es el mismo que antes,

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

pero ahora supondremos que

$$\left. \begin{array}{l} \alpha_i \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma_\alpha^2) \\ \beta_j \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma_\beta^2) \\ \alpha\beta_{ij} \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma_{\alpha\beta}^2) \\ \varepsilon_{ijk} \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{son v.a. incorreladas.}$$

Nótese que

$$\begin{aligned} E(y_{ijk}) &= \mu \\ \text{Var}(y_{ijk}) &= \sigma_\alpha^2 + \sigma_\beta^2 + \sigma_{\alpha\beta}^2 + \sigma^2 \end{aligned}$$

(modelo de componentes de la varianza). A σ_α^2 , σ_β^2 , $\sigma_{\alpha\beta}^2$, σ^2 se les denomina componentes de la varianza.

4.5.1. Estimación puntual

Estimadores ANOVA de las componentes de la varianza

Bajo las hipótesis realizadas se tiene que

- SC_α , SC_β , $SC_{\alpha\beta}$ y SC_ε son v.a. independientes
- $\frac{SC_\alpha}{E(CM_\alpha)} \sim \chi_{a-1}^2$, $\frac{SC_\beta}{E(CM_\beta)} \sim \chi_{b-1}^2$, $\frac{SC_{\alpha\beta}}{E(CM_{\alpha\beta})} \sim \chi_{(a-1)(b-1)}^2$, $\frac{SC_\varepsilon}{E(CM_\varepsilon)} \sim \chi_{ab(n-1)}^2$

donde

$$\begin{aligned} E(CM_\alpha) &= \sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2 + nb\sigma_\alpha^2, \\ E(CM_\beta) &= \sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2 + na\sigma_\beta^2, \\ E(CM_{\alpha\beta}) &= \sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2, \\ E(CM_\varepsilon) &= \sigma^2, \end{aligned}$$

de donde se tienen los siguientes estimadores insesgados de las componentes de la varianza:

$$\begin{aligned}\hat{\sigma}^2 &= CM_\varepsilon, & \hat{\sigma}_\alpha^2 &= \frac{CM_\alpha - CM_{\alpha\beta}}{nb}, \\ \hat{\sigma}_{\alpha\beta}^2 &= \frac{CM_{\alpha\beta} - CM_\varepsilon}{n}, & \hat{\sigma}_\beta^2 &= \frac{CM_\beta - CM_{\alpha\beta}}{na}.\end{aligned}$$

A partir de la distribución de las SC pueden deducirse intervalos de confianza para σ^2 y para cocientes de CM.

Estimadores REML de las componentes de la varianza

En todos los modelos balanceados se tiene que las soluciones de las ecuaciones de verosimilitud restringida coincide con los estimadores ANOVA. Como se vio en el modelo de una vía, hay que comprobar si las soluciones están dentro del EP.

Estimadores ML de las componentes de la varianza

A diferencia del modelo de una vía, las soluciones de las ecuaciones de verosimilitud no tienen una expresión explícida, han de ser calculadas numéricamente. Como en el modelo de una vía, una vez obtenidas tales soluciones hay que comprobar si están dentro del EP.

Estimación de la media

Para modelos lineales mixtos balanceados se tiene el siguiente resultado

$$OLSE(X\beta) = GLSE(X\beta) = MLE(X\beta) \quad (4.1)$$

donde si $Y \sim N_N(X\beta, V)$, entonces

$$\begin{aligned}OLSE(X\beta) &= X(X'X)^{-1}X'Y, \\ GLSE(X\beta) &= X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}Y, \\ MLE(X\beta) &= X(X'\hat{V}^{-1}X)^{-1}X'\hat{V}^{-1}Y,\end{aligned}$$

\hat{V} denota el MLE de V . Por tanto,

$$\hat{\mu}_{ML} = \bar{y}..$$

Para cualquier modelo de efectos aleatorios balanceado se tiene que el estimador de máxima verosimilitud de μ es la media muestral de todas las observaciones.

4.5.2. Contrastes

Fuente	SC	g.l.	CM	F
Factor A	SC_α	$a - 1$	CM_α	$CM_\alpha/CM_{\alpha\beta}$
Factor B	SC_β	$b - 1$	CM_β	$CM_\beta/CM_{\alpha\beta}$
Interacción	$SC_{\alpha\beta}$	$(a - 1)(b - 1)$	$CM_{\alpha\beta}$	$CM_{\alpha\beta}/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$ab(n - 1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$nab - 1$		

4.5.3. Modelo aditivo

En este caso

$$\begin{aligned} E(CM_\alpha) &= \sigma^2 + bn\sigma_\alpha^2 \\ E(CM_\beta) &= \sigma^2 + an\sigma_\beta^2 \\ E(CM_\varepsilon) &= \sigma^2 \end{aligned}$$

EJEMPLO 2 (continuación)

```

ejemplo2.aleato=aov(y~Error(a*b))          #tb ex1=aov(y~1+Error(a*b))
summary(ejemplo2.aleato)                  #no hace contrastes sobre los efectos aleatorios

Error: a
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  4  668.4   167.1

Error: b
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  4   61.67   15.42

Error: a:b
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals 16   17.75    1.109

Error: Within
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals 100  116.3    1.163
#####
# Podemos calcular los p-valores "a mano"
#####
# interaccion

p.valor.ab=1-pf(1.109/1.163,16,100);
p.valor.ab

0.5123875

# b
p.valor.b=1-pf(15.42/1.109,4,16);
p.valor.b

4.476081e-05

# a
p.valor.a=1-pf(167.1/1.109,4,16);
p.valor.a

1.758815e-12

# no es necesario...esto lo hace la libreria EMSaov
library(EMSaov) #para balanceados
datos.ejemplo2=data.frame(resp=y,factor.a=a,factor.b=b)
sal.aleato=EMSanova(resp~factor.a+factor.b, data=datos.ejemplo2,type=c("R","R"))
sal.aleato

```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
factor.a	4	668.44194	167.110485	150.6483	<0.0001	***	Error+5factor.a:factor.b+25factor.a
factor.b	4	61.66907	15.417267	13.8985	<0.0001	***	Error+5factor.a:factor.b+25factor.b
factor.a:factor.b	16	17.74841	1.109275	0.9542	0.5117		Error+5factor.a:factor.b
Residuals	100	116.25648	1.162565				Error

```
#####
# lme no permite mas de un factor aleatorio
# necesariamente hay que utilizar lme4, que NO calcula p-valores
#####
mod1=lmer(y~1+(1|a)+(1|b)+(1|a:b))
summary(mod1)

Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: y ~ 1 + (1 | a) + (1 | b) + (1 | a:b)

REML criterion at convergence: 404.9

Scaled residuals:
   Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.22502 -0.72117  0.07329  0.68679  1.79971

Random effects:
 Groups   Name      Variance Std.Dev.
 a:b      (Intercept) 0.0000   0.0000
 b        (Intercept) 0.5705   0.7553
 a        (Intercept) 6.6382   2.5765
 Residual                    1.1552   1.0748
Number of obs: 125, groups:  a:b, 25; b, 5; a, 5

Fixed effects:
              Estimate Std. Error t value
(Intercept)    1.624      1.205    1.348

confint(mod1) #pero si calcula intervalos de confianza

Computing profile confidence intervals ...
              2.5 %   97.5 %
.sig01      0.0000000 0.5087717
.sig02      0.3875486 1.8095134
.sig03      1.3778142 5.0836572
.sigma      0.9442164 1.2295260
(Intercept) -0.9474081 4.1959659

# para hacer contrastes (asintoticos)
mod2=lmer(y~1+(1|a)+(1|b))
mod3=lmer(y~1+(1|a))
anova(mod1, mod2, mod3) #test conservativo

refitting model(s) with ML (instead of REML)
Data: NULL
Models:
mod3: y ~ 1 + (1 | a)
mod2: y ~ 1 + (1 | a) + (1 | b)
mod1: y ~ 1 + (1 | a) + (1 | b) + (1 | a:b)
      Df    AIC    BIC logLik deviance  Chisq Chi Df Pr(>Chisq)
mod3  3 443.89 452.37 -218.94  437.89
mod2  4 414.99 426.30 -203.50  406.99 30.897    1 2.721e-08 ***
mod1  5 416.99 431.13 -203.50  406.99  0.000    1      1
```

4.6. Modelo mixto

Consideremos ahora el caso en que un factor es fijo (por ejemplo, el factor A) y el otro es aleatorio (el factor B). La cuestión de la elección de un modelo adecuado para esta situación ha sido

ampliamente discutida, y no hay consenso para la elección de cuál es el mejor o más adecuado. A continuación exponemos los dos modelos. Ambos suponen que

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a, \\ j = 1, 2, \dots, b, \\ k = 1, 2, \dots, n, \end{array}$$

con $\mu, \alpha_1, \dots, \alpha_a$ son constantes desconocidas (efectos fijos), lo que varían son las hipótesis realizadas sobre las interacciones.

Modelo con Σ -restricciones

- β_j son i.i.d. según una ley $N(0, \sigma_\beta^2)$.
- $\alpha\beta_{ij}$ están igualmente distribuidas según una ley $N(0, \frac{a-1}{a}\sigma_{\alpha\beta}^2)$, satisfaciendo
 - ◊ $\sum_{i=1}^a \alpha\beta_{ij} = 0, j = 1, 2, \dots, b$, lo que implica que las interacciones están correladas para un j fijo,

$$Cov(\alpha\beta_{ij}, \alpha\beta_{sj}) = -\frac{1}{a}\sigma_{\alpha\beta}^2, \quad \forall 1 \leq i, s \leq a,$$
 - ◊ $Cov(\alpha\beta_{ij}, \alpha\beta_{rs}) = 0, \quad \forall i, r, \quad \forall j \neq s.$
- ε_{ijk} son i.i.d. según una ley $N(0, \sigma^2)$.
- $\beta_j, \alpha\beta_{ij}, \varepsilon_{ijk}$ independientes.

Así pues, para este modelo se tiene que

$$\begin{aligned} E(y_{ijk}) &= \mu + \alpha_i \\ Var(y_{ijk}) &= \sigma_\beta^2 + \frac{a-1}{a}\sigma_{\alpha\beta}^2 + \sigma^2. \end{aligned}$$

Modelo sin Σ restricciones

$$\left. \begin{array}{l} \beta_j \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma_\beta^2) \\ \alpha\beta_{ij} \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma_{\alpha\beta}^2) \\ \varepsilon_{ijk} \quad \text{i.i.d.} \quad N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{independientes.}$$

Así pues, para este modelo se tiene que

$$\begin{aligned} E(y_{ijk}) &= \mu + \alpha_i \\ Var(y_{ijk}) &= \sigma_\beta^2 + \sigma_{\alpha\beta}^2 + \sigma^2. \end{aligned}$$

4.6.1. Estimación puntual

Estimadores ANOVA de las componentes de la varianza

Bajo las hipótesis realizadas se tiene que para ambos modelos $SC_\alpha, SC_\beta, SC_{\alpha\beta}$ y SC_ε son v.a. independientes con

	modelo con Σ restricciones	modelo sin Σ restricciones
$E(CM_\alpha)$	$\sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_{i=1}^a \alpha_i^2$	$\sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_{i=1}^a \alpha_i^2$
$E(CM_\beta)$	$\sigma^2 + an\sigma_\beta^2$	$\sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2 + an\sigma_\beta^2$
$E(CM_{\alpha\beta})$	$\sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2$	$\sigma^2 + n\sigma_{\alpha\beta}^2$
$E(CM_\varepsilon)$	σ^2	σ^2

De los valores esperados anteriores, pueden obtenerse los siguientes estimadores insesgados de las componentes de la varianza:

$$\hat{\sigma}^2 = CM_\varepsilon, \quad \hat{\sigma}_{\alpha\beta}^2 = \frac{CM_{\alpha\beta} - CM_\varepsilon}{n},$$

para ambos modelos, y

	modelo con Σ restricciones	modelo sin Σ restricciones
$\hat{\sigma}_\beta^2 =$	$\frac{CM_\beta - CM_\varepsilon}{an}$	$\frac{CM_\beta - CM_{\alpha\beta}}{an}$

Estimadores de los efectos fijos

Del resultado (4.1), se sigue los estimadores de máxima verosimilitud de $\mu, \alpha_1, \dots, \alpha_a$ coinciden con los del modelo de efectos fijos. Aunque los estimadores coincidan, sus varianzas no. Este aspecto es fundamental a la hora de hacer comparaciones múltiples. Calculemos la varianza de la diferencia: como

$$\bar{y}_{i..} = \mu + \alpha_i + \bar{\beta} + \overline{\alpha\beta}_i + \bar{\varepsilon}_{i..}$$

se sigue que para todo $i \neq s$

$$\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{s..} = \alpha_i - \alpha_s + \overline{\alpha\beta}_i - \overline{\alpha\beta}_s + \bar{\varepsilon}_{i..} - \bar{\varepsilon}_{s..}$$

de donde

$$var(\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{s..}) = var(\overline{\alpha\beta}_i - \overline{\alpha\beta}_s) + var(\bar{\varepsilon}_{i..} - \bar{\varepsilon}_{s..}) = \frac{2}{b}var(\alpha\beta_{11}) + \frac{2}{bn}var(\varepsilon_{111}).$$

En particular,

$$\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{s..} \sim N\left(\alpha_i - \alpha_s, \frac{2}{nb}E(CM_{\alpha\beta})\right).$$

4.6.2. Contrastes

Fuente	SC	g.l.	CM	con	sin
				F	
Factor A	SC_α	$a - 1$	CM_α		$CM_\alpha / CM_{\alpha\beta}$
Factor B	SC_β	$b - 1$	CM_β	$CM_\beta / CM_\varepsilon$	$CM_\beta / CM_{\alpha\beta}$
Interacción	$SC_{\alpha\beta}$	$(a - 1)(b - 1)$	$CM_{\alpha\beta}$		$CM_{\alpha\beta} / CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$ab(n - 1)$	CM_ε		
Total	SC_{tot}	$nab - 1$			

4.6.3. Modelo aditivo

Si A es fijo y B aleatorio

$$\begin{aligned} E(CM_\alpha) &= \sigma^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_{i=1}^a \alpha_i^2 \\ E(CM_\beta) &= \sigma^2 + an\sigma_\beta^2 \\ E(CM_\varepsilon) &= \sigma^2 \end{aligned}$$

EJEMPLO 2 (continuación)

```

ejemplo2.mixto=aoV(y~a+Error(b+a:b))
summary(ejemplo2.mixto) #no hace contrastes sobre los efectos aleatorios
Error: b
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals  4  61.67   15.42

Error: b:a
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
a         4  668.4  167.11  150.6 1.76e-12 ***
Residuals 16   17.7    1.11

Error: Within
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals 100 116.3   1.163
library(EMSaov)
sal.mixto=EMSanova(resp~factor.a+factor.b, data=datos.ejemplo2,type=c("F","R"))
sal.mixto

      Df      SS      MS  Fvalue  Pvalue  Sig          EMS
factor.a     4 668.44194 167.110485 150.6483 <0.0001 *** Error+5factor.a:factor.b+25factor.a
factor.b     4  61.66907  15.417267  13.2614 <0.0001 ***          Error+25factor.b
factor.a:factor.b 16  17.74841  1.109275   0.9542  0.5117          Error+5factor.a:factor.b
Residuals    100 116.25648  1.162565

#comparaciones multiples
library(agricolae)
mc=SNK.test(y, a, 16, 1.109275) ## ATENCION con el error
mc$groups
      y groups
3  6.09924788 a
1  1.40376861 b
5  0.85364463 b
4 -0.09201497 c
2 -0.14325146 c
# para no tener que acordarse de introducir la SC correcta
library(lme4)
ejemplo2.mixto=lmer(y~a+(1|b)+(1|a:b))
library(multcomp)
mm=glht(ejemplo2.mixto,linfct=mcp(a="Tukey"))
summary(mm)
      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: lmer(formula = y ~ a + (1 | b) + (1 | a:b))

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
2 - 1 == 0 -1.54702  0.30400 -5.089 < 0.001 ***
3 - 1 == 0  4.69548  0.30400 15.446 < 0.001 ***
4 - 1 == 0 -1.49578  0.30400 -4.920 < 0.001 ***
5 - 1 == 0 -0.55012  0.30400 -1.810 0.36787
3 - 2 == 0  6.24250  0.30400 20.534 < 0.001 ***
4 - 2 == 0  0.05124  0.30400  0.169 0.99982
5 - 2 == 0  0.99690  0.30400  3.279 0.00913 **
4 - 3 == 0 -6.19126  0.30400 -20.366 < 0.001 ***
5 - 3 == 0 -5.24560  0.30400 -17.255 < 0.001 ***
5 - 4 == 0  0.94566  0.30400  3.111 0.01602 *

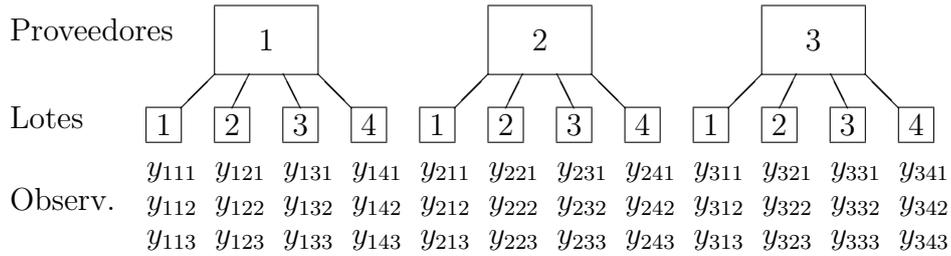
(Adjusted p values reported -- single-step method)

```

4.7. Diseños jerárquicos o anidados

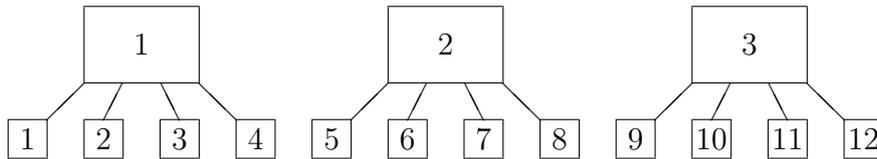
En ciertos experimentos con dos factores, los niveles de un factor (B) son similares pero no idénticos para diferentes niveles del otro factor (A). A un diseño así se le denomina **jerárquico** o **anidado**.

Por ejemplo, considérese una compañía que compra su materia prima a tres proveedores diferentes. La compañía desea determinar si la pureza de la materia prima es la misma. Para ello selecciona 4 lotes de materia prima de cada proveedor, y se realizan tres determinaciones de la pureza en cada lote.



Éste es un diseño jerárquico en dos etapas, con los lotes jerarquizados según los proveedores, o bien, con los lotes anidados en los proveedores.

Nótese que si el diseño fuera cruzado, entonces el lote 1 correspondería siempre a un mismo lote, y análogamente ocurriría para los lotes 2, 3 y 4. Claramente éste no es el caso, ya que los lotes de cada proveedor son únicos para ese proveedor. En otras palabras, el lote 1 del proveedor 1 no tiene relación con el lote 1 de cualquier otro proveedor, y lo mismo para el resto de los lotes. Para enfatizar este hecho, obsérvese que los lotes del proveedor 1 pueden numerarse del 1 al 4, los del proveedor 2 del 5 a 8, y los del proveedor 3 del 9 al 12.



En ocasiones puede existir incertidumbre en cuanto a si un factor está anidado o cruzado. Si los niveles del factor se pueden enumerar arbitrariamente como en la figura anterior, entonces el factor está anidado.

4.7.1. Modelo

En este diseño, las observaciones pueden expresarse según el siguiente modelo

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \varepsilon_{k(ij)} \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a \\ j = 1, 2, \dots, b \\ k = 1, 2, \dots, n \end{array}$$

donde

y_{ijk} representa la k -ésima respuesta en el i -ésimo nivel de A y en el j -ésimo nivel de B dentro del i -ésimo nivel de A .

μ es la media global, que mide el nivel promedio de respuesta de todas las unidades.

α_i es el efecto del i -ésimo nivel del factor A .

$\beta_{j(i)}$ es el efecto del j -ésimo nivel del factor B dentro del i -ésimo nivel de A .

$\varepsilon_{k(ij)}$ es el error aleatorio, que supondremos i.i.d. $N(0, \sigma^2)$.

El subíndice $j(i)$ indica que el j -ésimo nivel del factor B está anidado en el i -ésimo nivel del factor A . Es conveniente considerar que las réplicas están anidadas dentro de las combinaciones de los niveles de A y B .

Como cada nivel de B no aparece con cada nivel de A , no hay interacción entre A y B .

Matricialmente, el modelo puede expresarse $\mathbf{Y} = \mathbf{X}\theta + \mathcal{E}$, donde la matriz \mathbf{X} tiene dimensiones $N \times (1 + a + ab)$, con rango $rg(\mathbf{X}) = ab$, pues las ab columnas de \mathbf{X} correspondientes a los $\beta_{j(i)}$ son linealmente independientes, la columna correspondiente a α_i es la suma en j de las columnas correspondientes a $\beta_{j(i)}$, y la columna correspondiente a μ es la suma de todas las columnas correspondientes a los $\beta_{j(i)}$.

4.7.2. Estimación puntual

- Imponiendo $\sum_i \alpha_i = 0$, $\sum_j \beta_{j(i)} = 0$, $i = 1, 2, \dots, a$, se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{...}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}, \quad \hat{\beta}_{j(i)} = \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..}$$

- Como la matriz de diseño tiene rango ab , un estimador insesgado de la varianza viene dado por

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{ab(n-1)}, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2.$$

4.7.3. Descomposición de la variabilidad total

A partir de la identidad

$$y_{ijk} - \bar{y}_{...} = (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}) + (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..}) + (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.}),$$

se tiene la siguiente descomposición

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2 &= bn \sum_{i=1}^a \hat{\alpha}_i^2 + n \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \hat{\beta}_{j(i)}^2 + \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.})^2 \\ SC_{tot} &= SC_A + SC_{B(A)} + SC_\varepsilon \end{aligned}$$

Los grados de libertad de estas formas cuadráticas son

$$abn - 1 = (a - 1) + a(b - 1) + ab(n - 1),$$

de donde, bajo la hipótesis de normalidad, se tiene que

$$\begin{aligned} \frac{SC_A}{\sigma^2} &\sim \chi_{a-1, \lambda_A}^2 \quad \lambda_A = \frac{bn}{\sigma^2} \sum_i \alpha_i^2, \\ \frac{SC_{B(A)}}{\sigma^2} &\sim \chi_{a(b-1), \lambda_{B(A)}}^2 \quad \lambda_{B(A)} = \frac{n}{\sigma^2} \sum_{i,j} \beta_{j(i)}^2, \\ \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} &\sim \chi_{ab(n-1)}^2, \end{aligned}$$

y además son independientes.

Los valores esperados de los cuadrados medios son

$$E(CM_A) = \sigma^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_i \alpha_i^2,$$

$$E(CM_{B(A)}) = \sigma^2 + \frac{n}{a(b-1)} \sum_{i,j} \beta_{j(i)}^2,$$

$$E(CM_\varepsilon) = \sigma^2.$$

4.7.4. Contrastes

Fuente	SC	g.l.	CM	F
A	SC_A	$a-1$	CM_A	CM_A/CM_ε
B dentro de A	$SC_{B(A)}$	$a(b-1)$	$CM_{B(A)}$	$CM_{B(A)}/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$ab(n-1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$nab-1$		

EJEMPLO 3 Supongamos que los datos para el ejemplo de la introducción son (y_{ijk} =pureza-93)

	Proveedor 1				Proveedor 2				Proveedor 3			
Lotes	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
	1	-2	-2	1	1	0	-1	0	2	-2	1	3
	-1	-3	0	4	-2	4	0	3	4	0	-1	2
	0	-2	1	0	-3	2	-2	2	0	-2	2	1

```
y=c(1,-2,-2,1,1,0,-1,0,2,-2,1,3,-1,-3,0,4,-2 ,4 ,0,3,4,0,-1,2,0,-2,1,0,-3,2,-2,2,0,-2,2,1)
prov=as.factor(rep(rep(1:3,each=4),3))
lote=as.factor(rep(1:4,9))
ejemplo3=aov(y~prov+lote%in%prov) #ejemplo3=aov(y~prov+prov/lote)
summary(ejemplo3)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
prov       2   7.06   3.528   1.494 0.24459
prov:lote   9  73.92   8.213   3.478 0.00701 **
Residuals  24  56.67   2.361
#####
# obtenemos el mismo resultado si enumeramos los lotes del 1 al 12
#####
lote=as.factor(rep(1:12,3))
ejemplo3=aov(y~prov+lote%in%prov) #ejemplo3=aov(y~prov+prov/lote)
#ejemplo3=aov(y~prov*lote)
```

Por tanto, no existen evidencias significativas para afirmar que la pureza varía de proveedor a proveedor, aunque sí existen diferencias de pureza entre los lotes que proporciona cada proveedor. Podemos comparar los 12 lotes o bien hacer comparaciones de lotes dentro de cada proveedor.

```
library(agricolae)
comp1=SNK.test(y[prov==1], lote[prov==1], 24, 2.361)
comp1$groups
```

```

4  1.6666667  a
1  0.0000000  ab
3  -0.3333333  ab
2  -2.3333333  b

```

```

comp2=SNK.test(y[prov==2], lote[prov==2], 24, 2.361)
comp2$groups

```

```

y[prov == 2] groups
2  2.000000  a
4  1.666667  a
3  -1.000000  ab
1  -1.333333  ab

```

```

comp3=SNK.test(y[prov==3], lote[prov==3], 24, 2.361)
comp3$groups

```

```

1  2.000000  a
4  2.000000  a
3  0.666667  ab
2  -1.333333  ab

```

4.7.5. Factores aleatorios

Hasta ahora hemos supuesto que los factores A y B son fijos. Si alguno de ellos o ambos son aleatorios entonces

A fijo B aleatorio	A aleatorio B aleatorio
$\left. \begin{array}{l} \beta_{j(i)} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2) \\ \varepsilon_{k(ij)} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{ incorreladas}$	$\left. \begin{array}{l} \alpha_i \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\alpha^2) \\ \beta_{j(i)} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2) \\ \varepsilon_{k(ij)} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{ incorreladas}$
$E(y_{ijk}) = \mu + \alpha_i$ $var(y_{ijk}) = \sigma_\beta^2 + \sigma^2$	$E(y_{ijk}) = \mu$ $var(y_{ijk}) = \sigma_\alpha^2 + \sigma_\beta^2 + \sigma^2$
$E(CM_A) = \sigma^2 + n\sigma_\beta^2 + \frac{bn}{a-1} \sum_i \alpha_i^2$ $E(CM_{B(A)}) = \sigma^2 + n\sigma_\beta^2$ $E(CM_\varepsilon) = \sigma^2$	$E(CM_A) = \sigma^2 + n\sigma_\beta^2 + bn\sigma_\alpha^2$ $E(CM_{B(A)}) = \sigma^2 + n\sigma_\beta^2$ $E(CM_\varepsilon) = \sigma^2$
$\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{s..} \sim N\left(\alpha_i - \alpha_s, \frac{2}{nb} E(CM_{B(A)})\right)$ $\forall i \neq s$	

En ambos casos la tabla ANOVA es

Fuente	SC	g.l.	CM	F
A	SC_A	$a - 1$	CM_A	$CM_A/CM_{B(A)}$
B dentro de A	$SC_{B(A)}$	$a(b - 1)$	$CM_{B(A)}$	$CM_{B(A)}/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$ab(n - 1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$nab - 1$		

EJEMPLO 3 (continuación) Supongamos ahora que los lotes son seleccionados al azar de una población de lotes.

```
ejemplo3.mixto=aov(y~prov+Error(lote%in%prov))
summary(ejemplo3.mixto)
```

```
Error: lote:prov
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
prov    2   7.06   3.528    0.43  0.663
Residuals 9  73.92   8.213
```

```
Error: Within
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
Residuals 24  56.67   2.361
```

```
library(EMSaov)
ejemplo3.data=data.frame(resp=y,factor.a=prov,factor.b=lote)
sal=EMSanova(resp~factor.a+factor.b, data=ejemplo3.data,type=c("F","R"), nested=c(NA,"factor.a"))
sal
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
factor.a	2	7.055556	3.527778	0.4295	0.6635		Error+3factor.b(factor.a)+12factor.a
factor.b(factor.a)	9	73.916667	8.212963	3.4784	0.007	**	Error+3factor.b(factor.a)
Residuals	24	56.666667	2.361111				

```
library(lme4)
ejemplo3.mix=lmer(y~prov+(1|lote%in%prov))
summary(ejemplo3.mix)
```

```
Linear mixed model fit by REML ['lmerMod']
Formula: y ~ prov + (1 | lote %in% prov)
```

REML criterion at convergence: 142.3

```
Scaled residuals:
      Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.60656 -0.73070 -0.04365  0.64537  2.26567
```

```
Random effects:
 Groups          Name          Variance Std.Dev.
 lote %in% prov (Intercept)  1.685    1.298
 Residual                3.268    1.808
Number of obs: 36, groups: lote %in% prov, 2
```

```
Fixed effects:
              Estimate Std. Error t value
(Intercept)   0.1791    1.0682   0.168
prov2         0.5833    0.7380   0.790
prov3         1.0833    0.7380   1.468
```

```
confint(ejemplo3.mix)
```

```
Computing profile confidence intervals ...
              2.5 %   97.5 %
.sig01      0.000000  4.065268
.sigma      1.4073996  2.272494
(Intercept) -2.1986054  2.644225
prov2       -0.8612782  2.027945
prov3       -0.3612782  2.527945
```

4.8. Caso no balanceado

Para diseños no balanceados (distinto número de observaciones en cada celdilla) no se tiene la descomposición de la varianza realizada. Si los todos los factores son fijos, se pueden calcular los F estadísticos asociados a los contrastes de interés aplicando la teoría vista para el modelo lineal. Para modelos de componentes de la varianza y modelos mixtos, aplicar la teoría general vista en el tema anterior. A continuación veremos un ejemplo de análisis de un modelo no balanceado.

EJEMPLO 6 Consideramos el conjunto de datos "Mississippi" del paquete `SASmixed` que contine la concentración de nitrógeno en varios sitios de 6 afluentes del río Mississippi seleccionadas al azar (afluente es un factor aleatorio). Los afluentes se clasifican en tres tipos como sigue: Tipo = 1, sin tierras de cultivo en la cuenca (afluentes 3 y 5); Tipo = 2, menos del 50% de tierras de cultivo en cuenca (afluentes 1, 2 y 4); Tipo = 3, más del 50% de tierras de cultivo en la cuenca (afluente 6). Se espera que las mediciones del mismo afluente sean similares y no hay un particular interés en los influentes individuales. Es más interesante investigar el efecto del tipo de cuenca sobre la concentración de nitrógeno. Un modelo para estos datos es

$$y_{ijk} = \alpha_i + \beta_{j(i)} + \varepsilon_{k(i,j)}$$

donde

y_{ijk} es la concentración de nitrógeno observada en el afluente j ;

α_i es el efecto (fijo) del tipo de afluente i , $1 \leq i \leq 3$, son constantes desconocidas;

$\beta_{j(i)}$ son iid de una $N(0, \sigma_B^2)$ y representan el efecto aleatorio de la j -ésima afluente seleccionada de tipo i ;

$\varepsilon_{k(i,j)}$ es el error aleatorio, que supondremos iid de una $N(0, \sigma^2)$, independientes de las afluentes, $1 \leq k \leq n_{ij}$,

n_{ij} es el número de observaciones del tipo i en el afluente j .

Con esta notación, el contraste de interés es

$$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \alpha_3.$$

```
library(SASmixed)
str(Mississippi)
```

```
'data.frame':  37 obs. of  3 variables:
 $ influent: Factor w/ 6 levels "1","2","3","4",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 ...
 $ y       : num  21 27 29 17 19 12 29 20 20 21 ...
 $ Type    : Factor w/ 3 levels "1","2","3": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 .
```

```
head(Mississippi)
```

```
  influent  y Type
1         1 21   2
2         1 27   2
3         1 29   2
4         1 17   2
5         1 19   2
6         1 12   2
```

```
table(Mississippi$influent, Mississippi$Type) #veamos los n_ij, caso no balanceado
```

```
  1 2 3
1 0 9 0
2 0 7 0
3 5 0 0
4 0 6 0
5 5 0 0
6 0 0 5
```

Los datos no son balanceados. Para su análisis utilizamos el paquete `lme4`. Para comparar dos modelos con distinta estructura de efectos fijos debemos estimar los parámetros con ML:

```
library(lme4)
mod1= lmer(y ~ Type + (1 | influent), data = Mississippi, REML = FALSE)
mod2= lmer(y ~ 1 + (1 | influent), data = Mississippi, REML = FALSE)
anova(mod1,mod2) #utiliza la aproximacion chi-cuadrado, tenemos pocos datos!!!
```

```
Data: Mississippi
Models:
mod2: y ~ 1 + (1 | influent)
mod1: y ~ Type + (1 | influent)
      Df    AIC    BIC logLik deviance Chisq Chi Df Pr(>Chisq)
mod2  3 262.56 267.39 -128.28  256.56
mod1  5 256.57 264.63 -123.29  246.57 9.9834    2 0.006794 **
```

Se deduce que el tipo de cuenca incide significativamente en la concentración de nitrógeno. Pero esta conclusión la hemos obtenido utilizando una aproximación asintótica, cuando hemos visto que tenemos pocos datos (37 en total). Utilizaremos otras dos aproximaciones: la que da el método de Kenward y Roger (una aproximación para t.m. finito) y una aproximación basada en un bootstrap paramétrico, usando el paquete `pbrktest`

```
library(pbrktest)

# metodo de Kenward y Roger
KRmodcomp(mod1, mod2)

F-test with Kenward-Roger approximation; computing time: 0.13 sec.
large : y ~ Type + (1 | influent)
small : y ~ 1 + (1 | influent)
      stat   ndf   ddf F.scaling p.value
Ftest 6.3691 2.0000 3.3195 0.99967 0.07307 .
```

Con esta aproximación (que incluye corrección para t.m. finitos), no rechazaríamos al 5%.

```
# bootstrap param\etrico: calcula p-valor bootstrap para LRT,
# la salida tb muestra aproximaci\on asint\otica
PBmodcomp(mod1, mod2)

Parametric bootstrap test; time: 12.70 sec; samples: 1000 extremes: 62;
large : y ~ Type + (1 | influent)
small : y ~ 1 + (1 | influent)
      stat df  p.value
LRT    9.9834 2 0.006794 **
PBtest 9.9834 0.062937 .
```

Supongamos ahora que deseamos contrastar

$$H_0 : \sigma_B^2 = 0$$

Ya vimos que la aproximación chi-cuadrado a la distribución nula del LRT es conservativa. La distribución exacta ha sido calculada por Crainiceanu y Rupper (2005, JRSS series B). Su expresión es bastante complicada. El paquete `RLRsim` la aproxima. Para modelos con una única componente de la varianza (además del error) utilizar la función `exactLRT(m=modelo completo,m0=modelo bajo la nula)`

```
library(RLRsim)
mod1= lmer(y ~ Type + (1 | influent), data = Mississippi, REML=FALSE)
mod2= lm(y ~ Type, data = Mississippi) #si intentamos lmer da error pq no tiene eff aleatorios
exactLRT(m=mod1,m0=mod2)
```

No restrictions on fixed effects. REML-based inference preferable.

simulated finite sample distribution of LRT. (p-value based on 10000 simulated values)

data:

LRT = 0.93471, p-value = 0.03

4.9. Problemas

- Para analizar el efecto de diferentes concentraciones de fosfato en un fertilizante (factor B) sobre la producción de dos tipos de habichuelas (factor A), se ha realizado un experimento obteniéndose los siguientes resultados:

factor A : A_1 tipo I

A_2 tipo II

factor B : B_1 no fosfatos

B_2 10% por unidad

B_3 30% por unidad

	A_1				A_2			
B_1	15	17	14	16	13	9	8	12
B_2	18	19	20	21	17	19	18	18
B_3	22	29	31	35	18	22	24	23

Extrae conclusiones.

- Considérese un experimento con dos factores A y B , y con dos niveles cada factor, A_1, A_2 y B_1, B_2 . Analiza en cada caso el modelo adecuado (aditivo o completo)

(a)

		Factor B	
		B_1	B_2
Factor A	A_1	10	30
	A_2	20	40

(b)

		Factor B	
		B_1	B_2
Factor A	A_1	10	30
	A_2	20	70

- Para comparar cuatro dietas distintas, se alimentaron 20 cerdos distribuidos por igual en 5 condiciones ambientales diferentes. A cada una de estas condiciones se asignó al azar un tipo de dieta diferente, obteniéndose las siguientes ganancias en peso

	Dieta 1	Dieta 2	Dieta 3	Dieta 4
Condición 1	1,08	1,58	2,05	3,66
Condición 2	2,68	1,98	1,85	5,44
Condición 3	4,04	3,88	3,59	4,30
Condición 4	3,98	3,59	5,31	7,21
Condición 5	5,66	5,93	6,80	4,94

Plantea el modelo y analízalo.

4. Se está estudiando el rendimiento de un proceso químico. Se cree que las dos variables más importantes son la presión y la temperatura. Se seleccionan tres niveles de cada factor y se realiza un experimento factorial con dos réplicas, obteniéndose los siguientes resultados

Temperatura	Presión					
	200		215		230	
Baja	90.4	90.2	90.7	90.6	90.2	90.4
Intermedia	90.1	90.3	90.5	90.6	89.9	90.1
Alta	90.5	90.7	90.8	90.9	90.4	90.1

Analiza los resultados suponiendo que

- Ambos factores son fijos.
 - Uno de ellos es fijo y el otro es aleatorio.
 - Ambos factores son aleatorios.
5. Un ingeniero estudia la fuerza de empuje producida por un taladro. Sospecha que los factores más importantes son las revoluciones de la broca y la alimentación. Se seleccionan cuatro niveles de alimentación y dos velocidades de broca, obteniéndose los siguientes resultados,

Velocidad	Rapidez de alimentación							
	0.015		0.030		0.045		0.060	
125	2.70	2.78	2.45	2.49	2.60	2.72	2.75	2.86
200	2.83	2.86	2.85	2.80	2.86	2.87	2.94	2.88

Analiza los resultados suponiendo que

- Ambos factores son fijos.
 - Uno de ellos es fijo y el otro es aleatorio.
 - Ambos factores son aleatorios.
6. Un ingeniero está estudiando la variabilidad de la longitud de ciertas piezas que pueden ser producidas por tres máquinas. Cada máquina tiene dos mecanismos de corte. Se observa la longitud de cuatro piezas seleccionadas al azar de cada máquina con cada mecanismo de corte, obteniéndose los siguientes resultados,

Mecanismo	Máquina 1		Máquina 2		Máquina 3	
	1	2	1	2	1	2
	12	8	14	12	14	16
	9	9	15	10	10	15
	11	10	13	11	12	15
	12	8	14	13	11	14

Analiza los resultados.

7. Se encuentra bajo estudio el acabado de ciertas piezas producidas por cuatro máquinas. Se realiza un experimento en el que cada máquina es manejada por tres operarios diferentes, y se seleccionan dos piezas de cada operador. Debido a que las máquinas están en diferentes localidades no es posible usar los mismos operarios en cada máquina; además los operarios se eligen al azar. Los datos obtenidos se muestran en la siguiente tabla. Analiza los resultados.

	Máquina 1			Máquina 2			Máquina 3			Máquina 4		
Operario	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
	79	94	46	92	85	76	88	53	46	36	40	62
	62	74	57	99	79	68	75	56	57	53	56	47

Supongamos ahora que los operarios son los mismos para todas las máquinas. Estudia si varían las conclusiones.

Capítulo 5

Experimentos multifactoriales

5.1. Introducción

Los resultados en el tema anterior pueden ser extendidos a experimentos con más de dos factores. La situación más simple es el experimento factorial completo con todos los factores fijos y cruzados. Como ya se vio en el tema anterior, el término *cruzado* significa que son ensayadas todas las posibles combinaciones de los niveles de todos los factores.

Una observación por celdilla En el modelo de dos vías se vio que cuando sólo se dispone de una única observación por celdilla, entonces $SC_\varepsilon = 0$, salvo que se suponga que no existe interacción entre los factores. Esta situación persiste cuando hay más de dos factores.

Réplicas Recordemos que por réplica de un experimento factorial se entiende que se realiza una observación de cada posible celdilla (correspondientes a todas las posibles combinaciones de niveles de los factores).

5.2. Experimento con tres factores completo

Consideremos ahora un experimento completo con tres factores: A, con a niveles, B, con b niveles, y C, con c niveles. Supongamos que se realizan n ($n \geq 2$) réplicas del mismo, teniéndose por tanto un total de $N = abc$ observaciones. Las observaciones pueden ser descritas según el siguiente modelo:

$$y_{ijkm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + \alpha\beta_{ij} + \alpha\gamma_{ik} + \beta\gamma_{jk} + \alpha\beta\gamma_{ijk} + \varepsilon_{ijkm},$$

$i = 1, 2, \dots, a$
 $j = 1, 2, \dots, b$
 $k = 1, 2, \dots, c$
 $m = 1, 2, \dots, n$

El análisis del **modelo de efectos fijos** es similar al del modelo con dos factores. Imponiendo las condiciones:

$$\begin{aligned} \sum_i \alpha_i &= 0, & \sum_j \beta_j &= 0, & \sum_k \gamma_k &= 0, \\ \sum_i \alpha\beta_{ij} &= \sum_j \alpha\beta_{ij} = 0, & \sum_i \alpha\gamma_{ik} &= \sum_k \alpha\gamma_{ik} = 0, & \sum_j \beta\gamma_{jk} &= \sum_k \beta\gamma_{jk} = 0, \\ \sum_i \alpha\beta\gamma_{ijk} &= \sum_j \alpha\beta\gamma_{ijk} = \sum_k \alpha\beta\gamma_{ijk} = 0, \end{aligned}$$

se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\begin{aligned}\hat{\mu} &= \bar{y}_{...}, & \hat{\alpha}_i &= \bar{y}_{i...} - \bar{y}_{...}, & \hat{\beta}_j &= \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}, & \hat{\gamma}_k &= \bar{y}_{..k} - \bar{y}_{...}, \\ \widehat{\alpha\beta}_{ij} &= \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i...} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}, & \widehat{\alpha\gamma}_{ik} &= \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i...} - \bar{y}_{..k} + \bar{y}_{...}, & \widehat{\beta\gamma}_{jk} &= \bar{y}_{.jk} - \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{..k} + \bar{y}_{...}, \\ \widehat{\alpha\beta\gamma}_{ijk} &= \bar{y}_{ijk.} - \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{.jk} + \bar{y}_{i...} + \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{..k} - \bar{y}_{...},\end{aligned}$$

Las sumas de cuadrados y los valores esperados de los cuadrados medios se muestran en la siguiente tabla.

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	$E(CM)$
A	$SC_A = bcn \sum_i \hat{\alpha}_i^2$	$a - 1$	$\sigma^2 + \frac{bcn}{a-1} \sum_i \alpha_i^2$
B	$SC_B = acn \sum_j \hat{\beta}_j^2$	$b - 1$	$\sigma^2 + \frac{acn}{b-1} \sum_j \beta_j^2$
C	$SC_C = abn \sum_k \hat{\gamma}_k^2$	$c - 1$	$\sigma^2 + \frac{abn}{c-1} \sum_k \gamma_k^2$
AB	$SC_{AB} = cn \sum_{ij} \widehat{\alpha\beta}_{ij}^2$	$(a - 1)(b - 1)$	$\sigma^2 + \frac{cn}{(a-1)(b-1)} \sum_{ij} \alpha\beta_{ij}^2$
AC	$SC_{AC} = bn \sum_{ik} \widehat{\alpha\gamma}_{ik}^2$	$(a - 1)(c - 1)$	$\sigma^2 + \frac{bn}{(a-1)(c-1)} \sum_{ik} \alpha\gamma_{ik}^2$
BC	$SC_{BC} = an \sum_{jk} \widehat{\beta\gamma}_{jk}^2$	$(b - 1)(c - 1)$	$\sigma^2 + \frac{an}{(b-1)(c-1)} \sum_{jk} \beta\gamma_{jk}^2$
ABC	$SC_{ABC} = n \sum_{ijk} \widehat{\alpha\beta\gamma}_{ijk}^2$	$(a - 1)(b - 1)(c - 1)$	$\sigma^2 + \frac{n}{(a-1)(b-1)(c-1)} \sum_{ijk} \alpha\beta\gamma_{ijk}^2$
Error	$SC_\varepsilon = \sum_{ijkm} (y_{ijkm} - \bar{y}_{ijk.})^2$	$abc(n - 1)$	σ^2
Total	$SC_{tot} = \sum_{ijkm} (y_{ijkm} - \bar{y}_{...})^2$	$abcn - 1$	

La tabla ANOVA asociada al modelo de tres vías con los tres factores fijos es

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	Cuadrados medios	F
A	SC_A	$a - 1$	CM_A	$F = CM_A/CM_\varepsilon$
B	SC_B	$b - 1$	CM_B	$F = CM_B/CM_\varepsilon$
C	SC_C	$c - 1$	CM_C	$F = CM_C/CM_\varepsilon$
AB	SC_{AB}	$(a - 1)(b - 1)$	CM_{AB}	$F = CM_{AB}/CM_\varepsilon$
AC	SC_{AC}	$(a - 1)(c - 1)$	CM_{AC}	$F = CM_{AC}/CM_\varepsilon$
BC	SC_{BC}	$(b - 1)(c - 1)$	CM_{BC}	$F = CM_{BC}/CM_\varepsilon$
ABC	SC_{ABC}	$(a - 1)(b - 1)(c - 1)$	CM_{ABC}	$F = CM_{ABC}/CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$abc(n - 1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$abcn - 1$		

Análogamente a como ocurría en el modelo de dos vías, nótese que si la hipótesis $H_0 : \alpha\beta\gamma_{ijk} = 0, \forall i, j, k$ es rechazada, entonces las interacciones de segundo orden (de dos factores) y los efectos principales no pueden ser interpretados por separado.

Cuando **uno o más factores son aleatorios**, las cosas se complican algo. En cada caso, la descomposición de la variabilidad total es la misma que la obtenida en el modelo de efectos fijos, lo que varía es el valor esperado de los cuadrados medios.

Presentamos a continuación una serie de **reglas para el cálculo de los valores esperados de los cuadrados medios en un experimento factorial completo**, que son aplicables a cualquier número de factores, fijos o aleatorios.

1. Cada cuadrado medio esperado contiene el término σ^2 .
2. Cada componente de la varianza tiene algunas letras como subíndices. El coeficiente de una componente en cualquier esperanza es el producto de todas las letras que no están en el subíndice. Así, en el modelo con 3 factores hay cuatro letras: a , b , c y n . El coeficiente de σ_{AB}^2 es el producto cn ; similarmente se tienen $bcn\sigma_A^2$ y $n\sigma_{ABC}^2$.
3. Si **todos los factores** en el experimento son **aleatorios**, el valor esperado de un cuadrado medio consta de σ^2 junto con todos los términos de efectos e interacciones que contienen todas las letras en el nombre del cuadrado medio en cuestión. Así, $E(CM_{AB}) = \sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + nc\sigma_{AB}^2$.
4. Si **todos los factores** son **fijos**, el valor esperado de un cuadrado medio consta de σ^2 más el término del efecto correspondiente al cuadrado medio que se calcula. En este caso cada término de la varianza representa el término cuadrático dividido por los grados de libertad correspondientes. Por ejemplo, σ_A^2 es $\frac{1}{(a-1)} \sum_i \alpha_i^2$, σ_{AB}^2 es $\frac{1}{(a-1)(b-1)} \sum_{ij} \alpha\beta_{ij}^2$, etc.
5. Si el **diseño es mixto**, es decir, algunos factores son aleatorios y otros fijos, depende del modelo con el que se esté trabajando. En cada caso, se calcula como en el caso de que todos los factores sean aleatorios, pero ahora hay que eliminar algunos términos de la siguiente manera:

Modelo sin Σ restricciones

- Eliminar aquellos términos, distintos del efecto cuyo CM se está calculando, que no sean componentes de la varianza.

Modelo con Σ restricciones

- Para cada factor fijo, si no está en el subíndice del cuadrado medio, se eliminan los términos que lo contienen. Así, si C es fijo, entonces $E(CM_{AB}) = \sigma^2 + nc\sigma_{AB}^2$, donde ahora σ_{AB}^2 es la varianza de $\alpha\beta$ si A y B son aleatorios, y es $\frac{\alpha}{a-1}$ veces la varianza de $\alpha\beta$ si A es fijo y B aleatorio.

A continuación se muestran los cuadrados medios en un experimento completo con tres factores para el modelo con Σ restricciones en los siguientes casos:

- i.* A,B,C aleatorios,
- ii.* A,B aleatorios, C fijo,
- iii.* A aleatorio, B,C fijos.

La columna en el lado derecho muestra el CM en el denominador del F-test para contrastar la hipótesis que los correspondientes efectos o interacciones o componentes de la varianza son nulos. Un asterisco, *, denota que hay que construir un denominador adecuado, cuestión que se abordará en la siguiente sección.

Cuadrados medios esperados

Todos los factores son aleatorios		
A	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + cn\sigma_{AB}^2 + bn\sigma_{AC}^2 + bcn\sigma_A^2$	*
B	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + cn\sigma_{AB}^2 + an\sigma_{BC}^2 + acn\sigma_B^2$	*
C	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + bn\sigma_{AC}^2 + an\sigma_{BC}^2 + abn\sigma_C^2$	*
AB	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + cn\sigma_{AB}^2$	CM_{ABC}
AC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + bn\sigma_{AC}^2$	CM_{ABC}
BC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + an\sigma_{BC}^2$	CM_{ABC}
ABC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2$	CM_ϵ
Error	σ^2	
A,B aleatorios, C fijo		
A	$\sigma^2 + cn\sigma_{AB}^2 + bcn\sigma_A^2$	CM_{AB}
B	$\sigma^2 + cn\sigma_{AB}^2 + acn\sigma_B^2$	CM_{AB}
C	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + bn\sigma_{AC}^2 + an\sigma_{BC}^2 + abn\sigma_C^2$	*
AB	$\sigma^2 + cn\sigma_{AB}^2$	CM_ϵ
AC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + bn\sigma_{AC}^2$	CM_{ABC}
BC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + an\sigma_{BC}^2$	CM_{ABC}
ABC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2$	CM_ϵ
Error	σ^2	
A aleatorio, B,C fijos		
A	$\sigma^2 + bcn\sigma_A^2$	CM_ϵ
B	$\sigma^2 + cn\sigma_{AB}^2 + acn\sigma_B^2$	CM_{AB}
C	$\sigma^2 + bn\sigma_{AC}^2 + abn\sigma_C^2$	CM_{AC}
AB	$\sigma^2 + cn\sigma_{AB}^2$	CM_ϵ
AC	$\sigma^2 + bn\sigma_{AC}^2$	CM_ϵ
BC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + an\sigma_{BC}^2$	CM_{ABC}
ABC	$\sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2$	CM_ϵ
Error	σ^2	

5.3. Tests F aproximados: método de Satterthwaite

Consideremos el problema de contrastar $H_0 : \sigma_A^2 = 0$ cuando los tres factores son aleatorios. En este caso,

$$E(CM_A) = \sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + cn\sigma_{AB}^2 + bn\sigma_{AC}^2 + bcn\sigma_A^2$$

El problema es que no existe CM cuyo valor esperado sea

$$E(CM_A) - bcn\sigma_A^2 = \sigma^2 + n\sigma_{ABC}^2 + cn\sigma_{AB}^2 + bn\sigma_{AC}^2 = E_{H_0}(CM_A)$$

Si σ_{AB}^2 ó σ_{AC}^2 pueden ser considerados nulos, entonces el problema tiene solución: si $\sigma_{AB}^2 = 0$, entonces un denominador para el F -test es CM_{AC} ; si $\sigma_{AC}^2 = 0$, entonces un denominador para el F -test es CM_{AB} . En caso contrario, esto es si σ_{AB}^2 y σ_{AC}^2 son ambos no nulos los F -tests anteriores no serían adecuados, ya que si por ejemplo consideramos CM_A/CM_{AB} , un valor grande de este cociente indicaría que la suma $bn\sigma_{AC}^2 + bcn\sigma_A^2$ es no nula, lo que arroja poca luz sobre la hipótesis que se desea contrastar.

Tomaremos como denominador la siguiente combinación de cuadrados medios:

$$u = CM_{AB} + CM_{AC} - CM_{ABC}$$

Esta variable aleatoria verifica: u y CM_A son independientes y $E_{H_0}(CM_A) = E(u)$. Para determinar la región crítica del test necesitamos conocer la distribución nula de $F = CM_A/u$, para lo que resulta imprescindible determinar la distribución de u . La distribución de u no es χ^2 , pero intentaremos aproximarla por una ley χ^2 . Recuérdese que

$$\text{Si } \frac{X}{p} \sim \chi_{\phi}^2, \text{ entonces } \left. \begin{array}{l} E(X) = p\phi \\ V(X) = 2p^2\phi \end{array} \right\} \Rightarrow \left\{ \begin{array}{l} p = V(X)/2E(X) \\ \phi = 2E^2(X)/V(X) \end{array} \right.$$

Así, para realizar la aproximación, buscaremos p y ϕ tales que

$$\begin{aligned} E(u) &= p\phi \\ V(u) &= 2p^2\phi \end{aligned}$$

Ahora bien,

$$\begin{aligned} E(u) &= E(CM_{AB}) + E(CM_{AC}) - E(CM_{ABC}) = E_{H_0}(CM_A) \\ V(u) &= V(CM_{AB}) + V(CM_{AC}) + V(CM_{ABC}) \\ &= 2\frac{E^2(CM_{AB})}{(a-1)(b-1)} + 2\frac{E^2(CM_{AC})}{(a-1)(c-1)} + 2\frac{E^2(CM_{ABC})}{(a-1)(b-1)(c-1)} \end{aligned}$$

Como los valores esperados de los CM en las expresiones de $E(u)$ y $V(u)$ son desconocidos, los estimamos por sus valores observados, teniéndose así que

$$\hat{\phi} = 2\frac{\widehat{E(u)}^2}{\widehat{V(u)}} = \frac{(CM_{AB} + CM_{AC} - CM_{ABC})^2}{\frac{CM_{AB}^2}{(a-1)(b-1)} + \frac{CM_{AC}^2}{(a-1)(c-1)} + \frac{CM_{ABC}^2}{(a-1)(b-1)(c-1)}} \quad (5.1)$$

Con esta aproximación,

$$\left. \begin{array}{l} SC_A/E(CM_A) \sim \chi_{a-1}^2 \\ u/p \approx \chi_{\phi}^2 \\ SC_A \text{ y } u \text{ son independientes} \end{array} \right\} \Rightarrow \frac{\frac{CM_A}{E(CM_A)}}{\frac{u}{p\phi}} = \frac{CM_A}{u} \frac{E(u)}{E(CM_A)} \approx \mathcal{F}_{a-1, \phi}$$

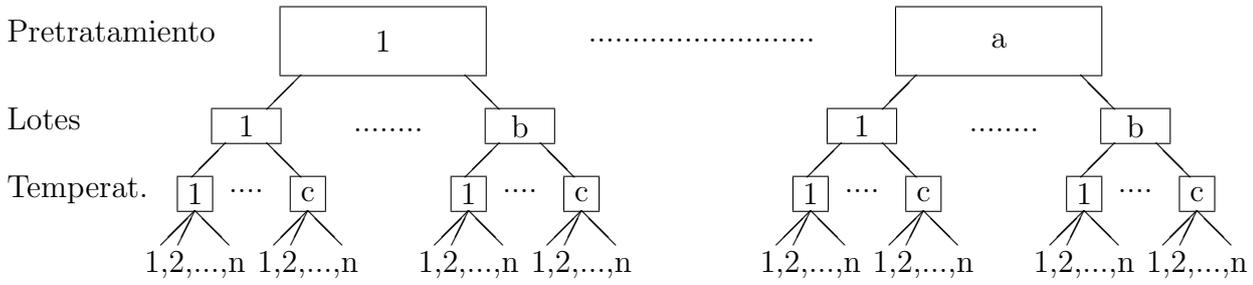
Como $E_{H_0}(CM_A) = E(u)$, una región crítica aproximada para contrastar H_0 es

$$\frac{CM_A}{u} \geq \mathcal{F}_{a-1, \hat{\phi}, 1-\alpha}$$

con $\hat{\phi}$ como en (5.1).

5.4. Experimentos con factores cruzados y anidados

Consideremos el siguiente experimento: supongamos un proceso químico en el que los materiales son preparados mediante una de varias maneras para formar un producto intermedio que es procesado en una segunda etapa a una de varias temperaturas. Supongamos que hay a métodos de pretratamiento. Preparamos b lotes o montones mediante cada método. De cada lote tomamos cn muestras; n de ellas son tratadas a cada una de c temperaturas.



Si y_{ijkm} denota la m -ésima respuesta observada en la k -ésima temperatura y tomada del j -ésimo lote que fue preparado con el i -ésimo método, entonces el modelo es

$$y_{ijkm} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \gamma_k + \alpha\gamma_{ik} + \beta\gamma_{jk(i)} + \varepsilon_{m(ijk)},$$

pues los lotes están anidados dentro de los métodos (pretratamientos), las temperaturas están cruzadas con los lotes, y por tanto con los métodos.

En la formulación del modelo, supuesto que todos los efectos son fijos,

- μ representa la media global.
- α_i es el efecto principal del i -ésimo nivel del primer factor.
- $\beta_{j(i)}$ es el efecto principal del j -ésimo lote en el i -ésimo método de pretratamiento.
- γ_k es el efecto principal de la k -ésima temperatura.

Hay dos términos de interacción,

- La interacción método \times temperatura, $\alpha\gamma_{ik}$.
- La interacción temperatura \times lote dentro de los métodos, $\beta\gamma_{jk(i)}$.

No hay interacción AB ni ABC, ya que los lotes varían de método a método.

Imponiendo las condiciones:

$$\begin{aligned} \sum_i \alpha_i &= 0, & \sum_j \beta_{j(i)} &= 0, \forall i & \sum_k \gamma_k &= 0, \\ \sum_i \alpha\gamma_{ik} &= \sum_k \alpha\gamma_{ik} = 0, & \sum_j \beta\gamma_{jk(i)} &= \sum_k \beta\gamma_{jk(i)} = 0, \forall i \end{aligned}$$

se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\begin{aligned} \hat{\mu} &= \bar{y}_{\dots}, & \hat{\alpha}_i &= \bar{y}_{i\dots} - \bar{y}_{\dots}, & \hat{\beta}_{j(i)} &= \bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i\dots}, & \hat{\gamma}_k &= \bar{y}_{\dots k} - \bar{y}_{\dots}, \\ \hat{\alpha}\hat{\gamma}_{ik} &= \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i\dots} - \bar{y}_{\dots k} + \bar{y}_{\dots}, & \hat{\beta}\hat{\gamma}_{jk(i)} &= \bar{y}_{ijk.} - \bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i.k} + \bar{y}_{i\dots} \end{aligned}$$

La siguiente tabla muestra la descomposición ANOVA:

Fuente	SC	g.l.
A	$SC_A = cbn \sum_i (\bar{y}_{i\dots} - \bar{y}_{\dots})^2$	$a - 1$
B(A)	$SC_{B(A)} = cn \sum_{i,j} (\bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i\dots})^2$	$a(b - 1)$
C	$SC_C = abn \sum_k (\bar{y}_{\dots k} - \bar{y}_{\dots})^2$	$c - 1$
A \times C	$SC_{AC} = bn \sum_{i,k} (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i\dots} - \bar{y}_{\dots k} + \bar{y}_{\dots})^2$	$(a - 1)(c - 1)$
B \times C(A)	$SC_{BC(A)} = n \sum_{i,j,k} (\bar{y}_{ijk.} - \bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i.k} + \bar{y}_{i\dots})^2$	$a(b - 1)(c - 1)$
Error	$SC_\varepsilon = \sum_{i,j,k,m} (y_{ijkm} - \bar{y}_{ijk.})^2$	$abc(n - 1)$
Total	$SC_{TOT} = \sum_{i,j,k,m} (y_{ijkm} - \bar{y}_{\dots})^2$	$abcn - 1$

Aunque hasta ahora se ha supuesto que los tres factores son fijos, en la práctica, es más razonable considerar $\beta_{j(i)}$ como variables aleatorias i.i.d. $N(0, \sigma_{B(A)}^2)$. En este caso, las interacciones $\beta\gamma_{jk(i)}$ serán también variables aleatorias. Supongamos que los factores A y C los seguimos considerando fijos. La siguiente tabla muestra los valores esperados de los cuadrados medios en este caso (suponiendo un modelo con Σ restricciones). La columna de la derecha muestra el CM en el denominador del F -test para contrastar la hipótesis que los correspondientes efectos o interacciones o componentes de la varianza son nulos.

A,C fijos, B aleatorio			
SC	g.l.	$E(CM)$	denominador
SC_A	$a - 1$	$\sigma^2 + cn\sigma_{B(A)}^2 + bcn\sigma_A^2$	$CM_{B(A)}$
$SC_{B(A)}$	$a(b - 1)$	$\sigma^2 + cn\sigma_{B(A)}^2$	CM_ε
SC_C	$c - 1$	$\sigma^2 + n\sigma_{BC(A)}^2 + abn\sigma_C^2$	$CM_{BC(A)}$
SC_{AC}	$(a - 1)(c - 1)$	$\sigma^2 + n\sigma_{BC(A)}^2 + bn\sigma_{AC}^2$	$CM_{BC(A)}$
$SC_{BC(A)}$	$a(b - 1)(c - 1)$	$\sigma^2 + n\sigma_{BC(A)}^2$	CM_ε
SC_ε	$abc(n - 1)$	σ^2	

Reglas generales para las SC y los valores esperados de los CM Se darán una serie de reglas generales para escribir el modelo (formulación), expresión de las SC, sus grados de libertad y los valores esperados de los CM.

1. El modelo contiene, además de la media global y el término del error, todos los efectos principales e interacciones correspondientes a conjuntos de 2, 3, ... factores, excepto que no hay términos de interacción que contienen dos factores, uno de los cuales está anidado en el otro.

Los subíndices asociados a un término son los correspondientes a los factores que aparecen en ese término. Si uno de los factores es un factor anidado, el índice correspondiente al factor en el que está anidado es añadido entre paréntesis.

En el ejemplo anterior,

- El término asociado al efecto principal del factor A es α_i , el subíndice asociado es i .
- El término asociado a la interacción de los factores A y C es $\alpha\gamma_{ik}$, el subíndice asociado es ik .
- El término asociado a la interacción de los factores B y C es $\beta\gamma_{jk(i)}$, el subíndice asociado es $jk(i)$. Nótese que como B está anidado en A, el subíndice i aparece entre paréntesis.
- El término del error se representa como $\varepsilon_{m(ijk)}$, puesto que es un efecto aleatorio anidado en las combinaciones de los factores

2. Para cada término en el modelo, los subíndices pueden ser de tres tipos:

- *vivo* subíndice presente en el término y que no va entre paréntesis.
- *muerto* subíndice presente entre paréntesis.
- *ausente* subíndice no presente.

Ejemplo: $\beta\gamma_{jk(i)}$ tiene j y k vivos, i muerto, y el resto ausentes.

Se forma el producto simbólico para cada término, en el que cada índice muerto está representado por su letra y cada índice vivo por su letra menos 1.

Ejemplo: para $\beta\gamma_{jk(i)}$, su producto simbólico es

$$i(j-1)(k-1).$$

3. Los grados de libertad asociados a la SC de cada efecto se obtienen sustituyendo en el producto simbólico, los índices por el número de niveles del factor.

Ejemplo: la $SC_{BC(A)}$ tiene $a(b-1)(c-1)$ g.l..

4. Expandiendo los productos simbólicos, se obtienen las correspondientes SC:

Ejemplo: para $\beta\gamma_{jk(i)}$, su producto simbólico es

$$i(j-1)(k-1) = ijk - ij - ik + i \Rightarrow SC_{BC(A)} = \sum_{ijkm} (\bar{y}_{ijk.} - \bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i.k.} + \bar{y}_{i...})^2 = n \sum_{ijk} (\bar{y}_{ijk.} - \bar{y}_{ij..} - \bar{y}_{i.k.} + \bar{y}_{i...})^2.$$

Ejemplo: para α_i , su producto simbólico es

$$i-1 \Rightarrow SC_A = \sum_{ijkm} (\bar{y}_{i...} - \bar{y}_{...})^2 = bcn \sum_i (\bar{y}_{i...} - \bar{y}_{...})^2.$$

5. Para obtener el valor esperado de los cuadrados medios se prepara la siguiente tabla auxiliar: hay una fila para cada SC en el análisis, etiquetada por los subíndices asociados, y una columna para cada subíndice, etiquetada por dicho subíndice, indicando si corresponde a un factor fijo o aleatorio y el número de niveles.

Para cumplimentar la tabla, en cada fila se procede como sigue:

- En la celdillas correspondientes a columnas etiquetadas con subíndices ausentes se pone el número de niveles.
- Poner un 1 si la columna corresponde a un índice muerto.
- En el resto:
 - Poner 1 si es un índice asociado a un efecto aleatorio.
 - Poner 0 si es un índice asociado a un efecto fijo.

Ejemplo: en el modelo antes estudiado con A y C fijos y B aleatorio, la tabla auxiliar es

	i a niv., fijo	j b niv., aleat.	k c niv., fijo	m n niv., aleat.
i	0	b	c	n
$j(i)$	1	1	c	n
k	a	b	0	n
ik	0	b	0	n
$jk(i)$	1	1	0	n
$m(ijk)$	1	1	1	1

Para obtener el valor esperado de un CM, tapar las columnas asociadas a los subíndices del correspondiente término. El producto de los números visibles en la tabla se multiplican por

la correspondiente componente de la varianza en las filas en las que los subíndices del efecto considerado estén vivos o muertos, pero no ausentes.

Ejemplo: para determinar $E(CM_A)$ en el ejemplo anterior, tapamos la columna correspondiente al subíndice i , quedando

	j	k	m	producto	i
i	b	c	n	bcn	vivo
$j(i)$	1	c	n	cn	muerto
k	b	0	n		ausente
ik	b	0	n	0	vivo
$jk(i)$	1	0	n	0	muerto
$m(ijk)$	1	1	1	1	muerto

$$\Rightarrow E(CM_A) = bcn\sigma_A^2 + cn\sigma_{B(A)}^2 + \sigma^2$$

Ejemplo: para determinar $E(CM_{AC})$ en el ejemplo anterior,

	j	m	producto	ik
i	b	n		k ausente
$j(i)$	1	n		k ausente
k	b	n		i ausente
ik	b	n	bn	vivos
$jk(i)$	1	n	n	i muerto, k vivo
$m(ijk)$	1	1	1	muertos

$$\Rightarrow E(CM_{AC}) = bn\sigma_{AC}^2 + n\sigma_{BC(A)}^2 + \sigma^2$$

Ejemplo: para determinar $E(CM_{BC(A)})$ en el ejemplo anterior,

	m	producto	ijk
i	n		j, k ausentes
$j(i)$	n		k ausente
k	n		i, j ausentes
ik	n		j ausente
$jk(i)$	n	n	i muerto, j, k vivos
$m(ijk)$	1	1	muertos

$$\Rightarrow E(CM_{BC(A)}) = n\sigma_{BC(A)}^2 + \sigma^2$$

5.5. Caso no balanceado

Igual que vimos en el tema de dos factores, para diseños no balanceados (distinto número de observaciones en cada celdilla) no se tiemnen las descomposiciones de la varianza realizadas. Si los todos los factores son fijos, se pueden calcular los F estadísticos asociados a los contrastes de interés aplicando la teoría vista para el modelo lineal. Para modelos de componentes de la varianza y modelos mixtos, aplicar la teoría general vista en el tema del modelo lineal mixto.

5.6. Análisis con R

El paquete `EMSanova` nos permite analizar diseños balanceados con factores cruzados, fijos o aleatorios. Calcula los valores esperados de los CM, y selecciona el denominador adecuado (supone Σ

restricciones para interacciones de factores fijos y aleatorios). Permite aplicar el método de Satterthwaite. También permite combinar SC con la residual. Necesita que los datos estén en un `data.frame`.

EJEMPLO 1: (diseño con factores cruzados) Consideramos el `data.frame` `film`, que está incluido en este paquete. Consta de 36 observaciones sobre las cuatro variables: `thickness` (grosor, es la variable respuesta), `Gate` (un vector numérico con valores 2, 4, 6), `Operator` (un factor con tres niveles) y `Day` (un vector numérico con valores 1, 2). Durante dos días seleccionados al azar se realizó el siguiente experimento: se seleccionan al azar tres operarios, que hacen dos mediciones del grosor de cierta pieza, que es producida por tres máquinas, cada operario hace las mediciones en las tres máquinas. Los tres factores, día, operario y máquina están cruzados. Analizamos los datos

```
library(EMSaov)
data(film)
ejemplo1=EMSanova(thickness ~ Gate + Operator + Day, data = film, type = c("F", "R", "R"));
ejemplo1
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
Gate	2	1.573172222	0.786586111				Error+2Gate:Operator:Day+6Gate:Day+4Gate:Operator+12Gate
Operator	2	0.112072222	0.056036111	18.7656	0.0506	.	Error+6Operator:Day+12Operator
Gate:Operator	4	0.042844444	0.010711111	4.3229	0.0926	.	Error+2Gate:Operator:Day+4Gate:Operator
Day	1	0.001002778	0.001002778	0.3358	0.6208		Error+6Operator:Day+18Day
Gate:Day	2	0.011338889	0.005669444	2.2881	0.2175		Error+2Gate:Operator:Day+6Gate:Day
Operator:Day	2	0.005972222	0.002986111	9.188	0.0018	**	Error+6Operator:Day
Gate:Operator:Day	4	0.009911111	0.002477778	7.6239	9e-04	***	Error+2Gate:Operator:Day
Residuals	18	0.005850000	0.000325000				Error

Para el contraste de igualdad de efectos de las máquinas tenemos dos opciones:

- aplicar el método de Satterthwaite para construir un F estadístico aproximado, ó
- teniendo en cuenta que la interacción `Gate:Day` es no significativa, entonces podríamos utilizar el CM de `Gate:Operator` como denominador.

Ambas opciones pueden aplicarse como sigue.

```
##(a) Satterthwaite
ApproxF(SS.table = ejemplo1, approx.name = "Gate")
```

```
$Appr.F
[1] 48.17076
$df1
[1] 2.01261
$df2
[1] 5.995597
$Appr.Pvalue
[1] 0.0002010433
```

El valor del test F aproximado es 48.17076 con p-valor 0.0002. Por tanto, hay diferencias significativas entre las máquinas.

```
##(b) teniendo en cuenta que Gate:Day es no significativo, utilizar Gate:Operator como denominador
une= c("Gate:Day", "Residuals")
PooledANOVA(ejemplo1, une)
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
Gate	2	1.5732	0.7866	73.4365	7e-04	***	Error+2Gate:Operator:Day+4Gate:Operator+12Gate
Operator	2	0.1121	0.0560	18.7656	0.0506	.	Error+6Operator:Day+12Operator
Gate:Operator	4	0.0428	0.0107	4.3229	0.0926	.	Error+2Gate:Operator:Day+4Gate:Operator
Day	1	0.0010	0.0010	0.3358	0.6208	.	Error+6Operator:Day+18Day
Operator:Day	2	0.0060	0.0030	3.4745	0.0507	.	Error+6Operator:Day
Gate:Operator:Day	4	0.0099	0.0025	2.883	0.0491	*	Error+2Gate:Operator:Day
Residuals	20	0.0172	0.0009				Error

De nuevo se concluye que hay diferencias significativas entre las máquinas.

EJEMPLO 2: (diseño con factores cruzados y anidados) Un ingeniero desea estudiar el rendimiento de tres máquinas situadas en distintas ciudades, cada una de las cuales puede funcionar a dos niveles de potencia. Se lleva a cabo un experimento en el que cada máquina se prueba en los dos niveles de potencia, el funcionamiento de cada máquina es controlado por tres operarios, y cada uno de ellos anota tres observaciones para cada nivel. Analice los resultados suponiendo que:

- todos los factores son fijos;
- los operarios son seleccionados al azar;
- los operarios y las máquinas son seleccionadas al azar

Potencia	Máquina 1			Máquina 2			Máquina 3		
	Operario			Operario			Operario		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
1	34.1	34.7	35.2	32.1	33.1	32.8	32.9	34.8	33.6
	32.3	35.9	35.8	33.5	34.7	35.1	33.0	34.4	32.8
	32.6	36.0	34.1	34.0	33.9	34.3	33.1	33.8	31.7
2	24.3	25.1	25.7	24.1	24.1	26.0	24.2	25.2	24.7
	26.3	26.3	26.1	25.0	25.1	27.1	26.1	27.4	22.0
	27.1	25.6	24.9	26.3	27.9	25.9	25.3	26.0	24.8

```
library(EMSAov)
y=c(34.1, 34.7, 35.2, 32.1, 33.1, 32.8, 32.9, 34.8, 33.6,
    32.3, 35.9, 35.8, 33.5, 34.7, 35.1, 33.0, 34.4, 32.8,
    32.6, 36.0, 34.1, 34.0, 33.9, 34.3, 33.1, 33.8, 31.7,
    24.3, 25.1, 25.7, 24.1, 24.1, 26.0, 24.2, 25.2, 24.7,
    26.3, 26.3, 26.1, 25.0, 25.1, 27.1, 26.1, 27.4, 22.0,
    27.1, 25.6, 24.9, 26.3, 27.9, 25.9, 25.3, 26.0, 24.8)
operario=as.factor(rep(1:3, 18))
maquina=as.factor(rep(rep(1:3, each=3),6))
potencia=as.factor(rep(1:2, each=27))
ejemplo2=data.frame(resp=y,maq=maquina,pot=potencia, oper=operario)
#(a) todos los factores son fijos
sal=EMSAov(resp~maq+oper+pot, data=ejemplo2,type=c("F","F","F"), nested=c(NA,"maq",NA))
sal
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
maq	2	7.421111	3.710556	3.4463	0.0427	*	Error+18maq
oper(maq)	6	19.638889	3.273148	3.0401	0.0165	*	Error+6oper(maq)
pot	1	943.342407	943.342407	876.1694	<0.0001	***	Error+27pot
maq:pot	2	1.538148	0.769074	0.7143	0.4963	.	Error+9maq:pot
oper:pot(maq)	6	7.774444	1.2957407	1.2035	0.3269	.	Error+3oper:pot(maq)
Residuals	36	38.760000	1.076667				Error

#(b) los operarios son seleccionados al azar

```
sal=EMSanova(resp~maq+oper+pot, data=ejemplo2,type=c("F","R","F"), nested=c(NA,"maq",NA))
sal
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
maq	2	7.421111	3.7105556	1.1336	0.3823		Error+6oper(maq)+18maq
oper(maq)	6	19.638889	3.2731481	3.0401	0.0165	*	Error+6oper(maq)
pot	1	943.342407	943.3424074	728.0333	<0.0001	***	Error+3oper:pot(maq)+27pot
maq:pot	2	1.538148	0.7690741	0.5935	0.5818		Error+3oper:pot(maq)+9maq:pot
oper:pot(maq)	6	7.774444	1.2957407	1.2035	0.3269		Error+3oper:pot(maq)
Residuals	36	38.760000	1.0766667				Error

#(c) los operarios y las máquinas son seleccionadas al azar

```
sal=EMSanova(resp~maq+oper+pot, data=ejemplo2,type=c("R","R","F"), nested=c(NA,"maq",NA))
sal
```

	Df	SS	MS	Fvalue	Pvalue	Sig	EMS
maq	2	7.421111	3.7105556	1.1336	0.3823		Error+6oper(maq)+18maq
oper(maq)	6	19.638889	3.2731481	3.0401	0.0165	*	Error+6oper(maq)
pot	1	943.342407	943.3424074	1226.595	8e-04	***	Error+3oper:pot(maq)+9maq:pot+27pot
maq:pot	2	1.538148	0.7690741	0.5935	0.5818		Error+3oper:pot(maq)+9maq:pot
oper:pot(maq)	6	7.774444	1.2957407	1.2035	0.3269		Error+3oper:pot(maq)
Residuals	36	38.760000	1.0766667				Error

5.7. Problemas

1. El departamento de control de calidad de una fábrica textil está estudiando el efecto que varios factores tienen en el teñido de los paños. Se han considerado tres máquinas, 3 tiempos y 2 temperaturas, obteniéndose tres observaciones para cada combinación de condiciones.

Temperatura=300°			Temperatura=350°		
Máquina	Tiempo	Observaciones	Máquina	Tiempo	Observaciones
1	40 min.	23 24 25	1	40 min.	24 23 28
	50 min.	36 35 36		50 min.	37 39 35
	60 min.	28 24 27		60 min.	26 29 25
2	40 min.	27 28 26	2	40 min.	38 36 35
	50 min.	34 38 39		50 min.	34 38 36
	60 min.	35 35 34		60 min.	36 37 34
3	40 min.	31 32 29	3	40 min.	34 36 39
	50 min.	33 34 35		50 min.	34 36 31
	60 min.	26 27 25		60 min.	28 26 24

Analizar los resultados supuesto que

- Los tres factores son fijos.
- Sólo las máquinas son seleccionadas al azar.
- Los tres factores son aleatorios.

2. Un ingeniero está estudiando la fuerza del aluminio que le es suministrado por tres vendedores. Cada vendedor fabrica barras de 10, 15 y 20 cm., utilizando cada uno de ellos diferentes métodos para fabricar las barras. Para cada vendedor se seleccionan al azar tres métodos de elaboración de las barras, observándose dos barras de cada longitud. Analiza los resultados.

		Vendedor 1			Vendedor 2			Vendedor 3		
Método		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Tamaño	10 cm.	1.23	1.35	1.24	1.30	1.35	1.32	1.25	1.28	1.32
		1.26	1.40	1.21	1.26	1.39	1.32	1.30	1.27	1.32
	15 cm.	1.32	1.33	1.25	1.27	1.38	1.35	1.27	1.26	1.39
		1.30	1.36	1.24	1.27	1.38	1.36	1.26	1.27	1.36
	20 cm.	1.29	1.34	1.27	1.25	1.36	1.34	1.30	1.28	1.32
		1.29	1.38	1.22	1.22	1.33	1.34	1.26	1.27	1.32

Capítulo 6

Diseños en bloques

6.1. Diseño en bloques aleatorizados completos

En el modelo de análisis de la varianza de una vía, el objetivo es comparar las medias de una variable aleatoria Y en k grupos. Para contrastar la igualdad de medias, el estadístico empleado es el cociente entre CM_α , que mide la variación entre las medias, y CM_ε , que mide la variabilidad experimental, es decir, la variabilidad de las unidades experimentales dentro de cada grupo, que por hipótesis es la misma en todos los grupos. Si el cociente es "grande", entonces las medias son declaradas significativamente diferentes. Por tanto, la habilidad de este procedimiento para detectar posibles diferencias entre medias depende, en parte, de la habilidad del experimentador para controlar otros factores o causas que puedan incrementar la variabilidad experimental, es decir, que puedan aumentar la variabilidad dentro de cada grupo o tratamiento.

Veamos un ejemplo. Supongamos que deseamos comparar varios tipos de gasolina, A, B, C, D y E; para ello, se prueban estos tipos de gasolina en 20 coches, asignando aleatoriamente 4 coches a cada tipo de gasolina (experimento completamente aleatorizado). El modelo es

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}. \quad (6.1)$$

En este experimento, la variabilidad de las observaciones procede de varias fuentes, en otras palabras, puede ser atribuible a varias causas. Entre otras, pueden citarse las siguientes,

- Incluso si sobre un mismo coche se realizase varias veces el experimento con el mismo tipo de gasolina, los resultados no serían idénticos ("no cooperatividad de la naturaleza.º ruido").
- Diferentes modelos de coche pueden consumir gasolina de forma distinta.

El error experimental en el modelo (6.1) refleja tanto el error aleatorio (ruido) como el debido a la variabilidad entre modelos. La variabilidad debida a esta última causa podría ser eliminada si se restringiese el estudio a un único modelo. No obstante, los resultados del experimento sólo serían válidos para el modelo utilizado. Otra posibilidad es medir o separar la contribución a la variabilidad del experimento debida a que se está considerando varios modelos.

Para hacer esto último, habría que probar cada gasolina en cada modelo. Un diseño así se denomina **diseño aleatorizado en bloques completos**. La palabra completo hace referencia a que todos los tratamientos (tipo de gasolina) son probados o ensayados en cada bloque (modelo de coche). Los bloques son unidades experimentales homogéneas con respecto a cierto factor o fuente de variación.

El diseño se dice aleatorizado porque el orden en el que cada tratamiento es aplicado a las unidades experimentales en un bloque, se determina de manera aleatoria.

Este diseño es muy utilizado en la práctica, pues son bastante frecuentes las situaciones en las que las unidades experimentales presentan características diferentes y por tanto, esto constituye una fuente de variabilidad que es necesario controlar mediante el análisis por bloques.

En la exposición anterior hemos supuesto un diseño con un factor. La discusión realizada es también válida para diseños con varios factores.

6.1.1. Modelo

Supongamos que se tienen t tratamientos y b bloques. Se realiza una observación por tratamiento en cada bloque, y el orden en el que los tratamientos son asignados o ensayados en las unidades experimentales que componen cada bloque se determina aleatoriamente. A menudo se dice que los bloques representan una restricción en la aleatorización”, ya que la única aleatorización se refiere a la asignación de tratamientos dentro de cada bloque.

Esquemáticamente,

	Bloque 1	Bloque 2	...	Bloque b
Tratamiento 1	y_{11}	y_{12}		y_{1b}
Tratamiento 2	y_{21}	y_{22}		y_{2b}
\vdots	\vdots	\vdots		\vdots
Tratamiento t	y_{t1}	y_{t2}		y_{tb}

El modelo estadístico para este diseño es

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij} \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, t \\ j = 1, 2, \dots, b \end{array}$$

donde

y_{ij} es la observación del i -ésimo tratamiento en el j -ésimo bloque.

μ es la media global de todas las unidades

α_i es el efecto del i -ésimo tratamiento.

β_j es el efecto del j -ésimo bloque.

ε_{ij} es el error aleatorio. Supondremos que son i.i.d. $N(0, \sigma^2)$

Matricialmente, el modelo puede expresarse como $Y = X\theta + \varepsilon$, donde la matriz X tiene dimensiones $N \times (1 + t + b)$, donde $N = tb$ y $\text{rg}(X) = t + b - 1$, pues la suma de las columnas correspondientes a los efectos de los tratamientos es igual a la primera columna, y lo mismo le ocurre a las columnas correspondientes a los efectos de los bloques.

6.1.2. Estimación

- Imponiendo $\sum_i \alpha_i = 0$ y $\sum_j \beta_j = 0$, se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{..}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}.$$

- Se tiene que $\lambda_0 \mu + \sum_i \lambda_{i0} \alpha_i + \sum_j \lambda_{0j} \beta_j$ es l.e. sii $\lambda_0 = \sum_i \lambda_{i0}$ y $\lambda_0 = \sum_j \lambda_{0j}$.
- Como la matriz de diseño tiene rango $t + b - 1$, un estimador insesgado de la varianza viene dado por

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{tb - b - t + 1}, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^b (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})^2.$$

6.1.3. Análisis de la varianza: descomposición de la variabilidad total

A partir de la identidad

$$y_{ij} - \bar{y}_{..} = (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) + (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}) + (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}),$$

se tiene la siguiente descomposición

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^b (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2 &= b \sum_{i=1}^t (\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..})^2 + t \sum_{j=1}^b (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..})^2 + \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^b (y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})^2 \\ SC_{tot} &= SC_\alpha + SC_\beta + SC_\varepsilon \end{aligned}$$

Los grados de libertad de estas formas cuadráticas son

$$tb - 1 = (t - 1) + (b - 1) + (tb - b - t + 1),$$

de donde, bajo la hipótesis de normalidad, se tiene que

$$\frac{SC_\alpha}{\sigma^2} \sim \chi_{t-1, \lambda_\alpha}^2, \quad \lambda_\alpha = \frac{b}{\sigma^2} \sum_i \alpha_i^2, \quad \frac{SC_\beta}{\sigma^2} \sim \chi_{b-1, \lambda_\beta}^2, \quad \lambda_\beta = \frac{t}{\sigma^2} \sum_j \beta_j^2, \quad \frac{SC_\varepsilon}{\sigma^2} \sim \chi_{tb-t-b+1}^2,$$

y además son independientes.

Los valores esperados de los cuadrados medios son

$$E(CM_\alpha) = \sigma^2 + \frac{b}{t-1} \sum_i \alpha_i^2, \quad E(CM_\beta) = \sigma^2 + \frac{t}{b-1} \sum_j \beta_j^2, \quad E(CM_\varepsilon) = \sigma^2.$$

6.1.4. Contrastes

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	Cuadrados medios	F
Factor	SC_α	$t - 1$	CM_α	$F_\alpha = CM_\alpha / CM_\varepsilon$
Bloques	SC_β	$b - 1$	CM_β	$F_\beta = CM_\beta / CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$tb - t - b + 1$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$tb - 1$		

Nótese que

$$SC_\varepsilon^{\text{aleatorizado}} = SC_\varepsilon^{\text{bloques}} + SC_\beta^{\text{bloques}}$$

es decir, se ha sustraído de la SC_ε la variabilidad debida a los bloques.

6.1.5. Comparaciones entre medias

Si del análisis se concluye que existe diferencia significativa entre los efectos de los tratamientos, el experimentador estará interesado en realizar comparaciones entre medias de tratamientos. Para ello, pueden aplicarse los métodos ya estudiados.

6.1.6. Bloques y tratamiento aleatorios

Hasta ahora hemos supuesto que tanto los tratamientos como los bloques son fijos. Si los bloques o los tratamientos o ambos son aleatorios, entonces la correspondiente tabla ANOVA es la misma que la estudiada en la subsección 6.1.4. Lo que varía es la interpretación de los resultados y los valores esperados de los cuadrados medios.

Factor fijo Bloque aleatorio	Factor aleatorio Bloque aleatorio
$\beta_j \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2)$ $\varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2)$	$\alpha_i \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\alpha^2)$ $\beta_j \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2)$ $\varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2)$
$\left. \begin{array}{l} \beta_j \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2) \\ \varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{ incorreladas}$	$\left. \begin{array}{l} \alpha_i \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\alpha^2) \\ \beta_j \text{ i.i.d. } N(0, \sigma_\beta^2) \\ \varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array} \right\} \text{ incorreladas}$
$E(CM_\alpha) = \sigma^2 + \frac{b}{t-1} \sum_i \alpha_i^2$ $E(CM_\beta) = \sigma^2 + t\sigma_\beta^2$ $E(CM_\varepsilon) = \sigma^2$	$E(CM_\alpha) = \sigma^2 + b\sigma_\alpha^2$ $E(CM_\beta) = \sigma^2 + t\sigma_\beta^2$ $E(CM_\varepsilon) = \sigma^2$

6.2. Diseño en cuadrado latino

En el diseño por bloques completos aleatorizados se supone que las unidades experimentales presentaban una fuente de variación (ajena al factor principal). Supongamos ahora que las unidades experimentales presentan dos fuentes de variación (ambas ajenas al factor principal). Si el factor principal tiene p niveles, y cada factor secundario tiene también p niveles, entonces un experimento donde cada tratamiento sea ensayado en todas las combinaciones de niveles de los factores secundarios, requeriría p^3 pruebas, que puede resultar un número muy elevado incluso para un p moderado.

Un modo de reducir el número de ensayos es considerar un esquema experimental donde cada tratamiento sea ensayado una sola vez en cada nivel de los factores secundarios, para lo que puede utilizarse un **diseño en cuadrado latino**.

Un **cuadrado latino** de lado p , o un cuadrado latino $p \times p$, es una matriz $p \times p$ cuyos elementos son letras (latinas), cada una repetida p veces, de modo que cada letra aparece exactamente una vez en cada fila y en cada columna.

Tres cuadrados latinos de lado 5 son

A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E
B	C	D	E	A	C	D	E	A	B	E	A	B	C	D
C	D	E	A	B	E	A	B	C	D	D	E	A	B	C
D	E	A	B	C	B	C	D	E	A	C	D	E	A	B
E	A	B	C	D	D	E	A	B	C	B	C	D	E	A

Para realizar un **diseño en cuadrado latino** se selecciona un cuadrado latino, y se asigna de manera aleatoria cada fila con los niveles de uno de los factores secundarios, cada columna con los niveles del otro factor secundario, y cada letra con los tratamientos del factor principal.

6.2.1. Modelo

Supondremos un modelo completamente aditivo,

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + \varepsilon_{ijk} \quad 1 \leq i, j \leq p$$

donde

y_{ijk} es la observación correspondiente a la i -ésima fila, la j -ésima columna y la k -ésima letra.

μ es la media global de todas las observaciones.

α_i es el efecto de la i -ésima fila.

β_j es el efecto de la j -ésima columna.

γ_k es el efecto de la k -ésima letra latina.

ε_{ijk} es el error aleatorio. Supondremos que son i.i.d. $N(0, \sigma^2)$

Nótese que se han utilizado tres índices para describir el modelo, aunque realmente sólo son necesarios dos, ya que una vez fijadas la fila y la columna, el tratamiento está determinado.

6.2.2. Análisis

Imponiendo las condiciones adicionales

$$\sum_i \alpha_i = 0, \quad \sum_j \beta_j = 0, \quad \sum_k \gamma_k = 0,$$

se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \bar{y}_{...}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{...}, \quad \hat{\gamma}_k = \bar{y}_{..k} - \bar{y}_{...}$$

Un estimador insesgado de la varianza del error es

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{(p-1)(p-2)} SC_\varepsilon, \quad SC_\varepsilon = \sum_{i,j} (y_{ijk} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} - \bar{y}_{..k} + 2\bar{y}_{...})^2.$$

La descomposición de la variabilidad total, junto con los valores esperados de los cuadrados medios, se muestra en la siguiente tabla:

Fuente	SC	g.l.	$E(CM)$
Filas	$p \sum_i \hat{\alpha}_i^2$	$p - 1$	$\sigma^2 + \frac{p}{p-1} \sum_i \alpha_i^2$
Columnas	$p \sum_j \hat{\beta}_j^2$	$p - 1$	$\sigma^2 + \frac{p}{p-1} \sum_j \beta_j^2$
Letras	$p \sum_k \hat{\gamma}_k^2$	$p - 1$	$\sigma^2 + \frac{p}{p-1} \sum_k \gamma_k^2$
Error	SC_ε	$(p-1)(p-2)$	σ^2
Total	$\sum_{i,j} (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2$	$p^2 - 1$	

Bajo la hipótesis de normalidad, las SC se distribuyen según leyes χ^2 independientes. Los estadísticos para los contrastes de no efecto fila, no efecto columna y no efecto letra, son los cocientes de los correspondientes CM y CM_ε . Bajo la correspondiente hipótesis nula, estos cocientes se distribuyen según una ley $F_{p-1,(p-1)(p-2)}$.

En el desarrollo anterior se ha supuesto que todos los efectos son fijos. Puede ocurrir que alguno o algunos de ellos sean aleatorios. La descomposición de la variabilidad total es la misma, sólo varían algunos $E(CM)$. Por ejemplo, si los efectos fila son v.a. i.i.d. $N(0, \sigma_\alpha^2)$, entonces $E(CM_\alpha) = \sigma^2 + p\sigma_\alpha^2$ y el resto queda igual. EJEMPLO: Se desea comparar el rendimiento de 4 tipos de semillas de trigo, eliminando en la comparación el efecto del tipo de insecticida y abono, para ello se realizó un diseño en cuadrado latino. Los datos obtenidos se muestran en la siguiente tabla.

Insecticidas	Abonos							
	a1	a2	a3	a4	a1	a2	a3	a4
i1	C	7	D	8	B	4	A	3
i2	B	15	A	16	C	18	D	23
i3	D	18	C	12	A	12	B	10
i4	A	14	B	13	D	16	C	14

```
y=c(7,8,4,3,15,16,18,23,18,12,12,10,14,13,16,14)
insect=as.factor(rep(1:4, each=4))
abono=as.factor(rep(1:4,4))
trigo=as.factor(c(3,4,2,1,2,1,3,4,4,3,1,2,1,2,4,3))
summary(aov(y~insect + abono + trigo))
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
insect     3  329.7   109.90  47.523 0.000142 ***
abono      3    3.7    1.23    0.532 0.677183
trigo      3   78.2   26.06   11.270 0.007052 **
Residuals  6   13.9    2.31
```

```
#comparaciones multiples
#SNK.test(respuesta,factor, gl del error, CM_e)
library(agricolae)
sal=SNK.test(y,trigo, 6, 2.31)
```

```
sal$groups
  y groups
4 16.25   a
3 12.75   b
1 11.25   b
2 10.50   b
```

6.2.3. Diseño en cuadrado greco-latino

Una extensión del diseño en cuadrado latino es el **diseño en cuadrado greco-latino**.

Supongamos que tenemos un cuadrado latino y superponemos sobre él un segundo cuadrado latino con los tratamientos denotados mediante letras griegas. Si los dos cuadrados latinos tienen la propiedad que cada letra latina coincide exactamente una vez con cada letra griega, se dice entonces que son **ortogonales**. La superposición de dos cuadrados latinos ortogonales, uno de ellos con los tratamientos denotados mediante letras griegas, se denomina **cuadrado greco-latino**.

Los cuadrados greco-latinos pueden ser utilizados para el análisis de un factor cuando se desean eliminar tres fuentes de variación en las unidades experimentales.

El análisis de este diseño es similar al del diseño en cuadrado latino, quedando ahora $(p-1)(p-3)$ g.l. para el error.

Podríamos ir más allá e incorporar un tercer cuadrado latino ortogonal a los anteriores con letras minúsculas, un cuarto cuadrado latino ortogonal a los anteriores con números,.... (**cuadrados hiper-greco-latinos**), teniéndose que los grados de libertad para el error son

$$(p-1)(p-1-\text{núm. de cuadrados latinos}).$$

6.3. Diseño por bloques incompletos balanceado

En el diseño en bloques aleatorizados completos cada tratamiento es ensayado en todos los bloques. Un problema relacionado con este diseño es que puede ocurrir que no todos los tratamientos puedan ser ensayados en todos los bloques debido, por ejemplo, a escasez de recursos. En este caso pueden utilizarse diseños en los que cada tratamiento no esté presente en todos los bloques. A tales diseños se les denomina **diseños en bloques incompletos**. En este apartado se estudiará un tipo particular de diseño en bloques incompletos, el diseño por bloques incompletos balanceado

6.3.1. Definición

Un diseño balanceado (o equilibrado) por bloques incompletos es un diseño en bloques incompletos en el que cualquier par de tratamientos aparecen juntos en un mismo bloque igual número de veces, y ningún tratamiento aparece más de una vez en cualquier bloque. Abreviadamente los denotaremos DBIB o diseño BIB.

Supongamos que

- se tienen t tratamientos
- se tienen b bloques
- se pueden realizar $k (< t)$ ensayos en cada bloque
- cada tratamiento es ensayado r veces
- cada par de tratamientos aparecen juntos λ veces.

Estos 5 parámetros, t , b , r , k y λ , no son independientes. Son enteros no negativos satisfaciendo

$$(i) N = tr = bk.$$

(ii) $\lambda = r(k-1)/(t-1)$.

(iii) $b \geq t$. (Si es $b = t$, se dice que el diseño es *simétrico*).

Veamos estas relaciones.

(i) Obvio.

(ii) Consideremos un tratamiento o nivel del factor, y llamémosle A. Este tratamiento es ensayado en r bloques. En cada bloque hay otros $k-1$ tratamientos. Por tanto, hay un total de $r(k-1)$ pares de tratamientos en los que aparece el tratamiento A.

Por otro lado, el número total de pares en los que aparece el tratamiento A es, por definición de diseño BIB, $\lambda(t-1)$.

(iii) La matriz de incidencia de un diseño por bloques es la matriz $\mathbf{N} = (n_{ij})_{t \times b}$, siendo n_{ij} el número de veces que el i -ésimo tratamiento es ensayado en el j -ésimo bloque.

En un DBIB es $n_{ij} = 0$ ó 1 .

La matriz $\mathbf{NN}^t = (q_{ij})_{t \times t}$ es una matriz simétrica semidefinida positiva con $rg(\mathbf{NN}^t) = rg(\mathbf{N}) \leq \min\{t, b\}$. En un DBIB se tiene que

$$q_{ii} = \sum_{j=1}^b n_{ij}^2 = \sum_{j=1}^b n_{ij} = \text{número de veces que es ensayado el tratamiento } i = r.$$

si $i \neq j$, $q_{ij} = \sum_{s=1}^b n_{is}n_{js} = \text{número de veces que aparecen en un mismo bloque los tratamientos } i \text{ y } j = \lambda$.

Por tanto, en un DBIB

$$\mathbf{NN}^t = (r - \lambda)\mathbf{I}_t + \lambda\mathbf{J}_t, \quad \mathbf{J}_t = \mathbf{1}_t\mathbf{1}_t^t$$

Como \mathbf{NN}^t es s.d.p., se ha de verificar que $|\mathbf{NN}^t| \geq 0$. Para calcular $|\mathbf{NN}^t|$ restaremos la primera columna al resto y después sumaremos todas las filas a la primera.

$$\begin{aligned} |\mathbf{NN}^t| &= \begin{vmatrix} r & \lambda & \dots & \lambda \\ \lambda & r & \dots & \lambda \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \lambda & \lambda & \dots & r \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} r & \lambda - r & \lambda - r & \dots & \lambda - r & \lambda - r \\ \lambda & r - \lambda & 0 & \dots & 0 & 0 \\ \lambda & 0 & r - \lambda & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ \lambda & 0 & 0 & \dots & r - \lambda & 0 \\ \lambda & 0 & 0 & \dots & 0 & r - \lambda \end{vmatrix} = \\ &= \begin{vmatrix} r + (t-1)\lambda & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 \\ \lambda & r - \lambda & 0 & \dots & 0 & 0 \\ \lambda & 0 & r - \lambda & \dots & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ \lambda & 0 & 0 & \dots & r - \lambda & 0 \\ \lambda & 0 & 0 & \dots & 0 & r - \lambda \end{vmatrix} = \\ &= (r - \lambda)^{t-1} \{r + (t-1)\lambda\} = r^t k \left(\frac{t-k}{t-1} \right)^{t-1} > 0 \end{aligned}$$

ya que es $t > k$, y por tanto, $b \geq \min\{t, b\} \geq rg(\mathbf{N}) = rg(\mathbf{NN}^t) = t$, de donde es $b \geq t$.

6.3.2. Modelo

El modelo es el mismo que el diseño por bloques completos con la siguiente modificación,

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij} \quad \text{si } n_{ij} = 1 \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, t \\ j = 1, 2, \dots, b \\ \varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array}$$

6.3.3. Estimación

Imponiendo $\sum_i \hat{\alpha}_i = 0$, $\sum_j \hat{\beta}_j = 0$, se obtiene la siguiente solución del correspondiente SEN:

$$\hat{\mu} = \frac{G}{N}, \quad \hat{\alpha}_i = \frac{kQ_i}{\lambda t}, \quad \hat{\beta}_j = \frac{1}{k}B_j - \hat{\mu} - \frac{1}{\lambda t} \sum_{i=1}^t n_{ij}T_i, \quad \hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{N - t - b + 1}$$

donde

$$G = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^b y_{ij}n_{ij}, \quad T_i = \sum_{j=1}^b y_{ij}n_{ij}, \quad B_j = \sum_{i=1}^t y_{ij}n_{ij}, \quad Q_i = T_i - \frac{1}{k} \sum_{j=1}^b n_{ij}B_j,$$

$$SC_\varepsilon = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^b (y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\beta}_j)^2 n_{ij}$$

6.3.4. Descomposición de la variabilidad total

Fuente	SC	g.l.	F
Tratamientos (corregidos)	$SC_{tr(adj)}$	t-1	$F = CM_{tr(adj)}/CM_\varepsilon$
Bloques	SC_{bl}	b-1	
Error	SC_ε	N-t-b+1	
Total	SC_{tot}	N-1	

donde

$$SC_{tr(adj)} = \sum_{i=1}^t \frac{kQ_i^2}{\lambda t}, \quad SC_{bl} = \frac{1}{k} \sum_{j=1}^b B_j^2 - \frac{G^2}{N}.$$

Observación Si se desea contrastar la igualdad de efectos de los bloques, ha de considerarse la siguiente descomposición

$$SC_{tot} = SC_{tr} + SC_{bl(adj)} + SC_\varepsilon,$$

donde

$$SC_{bl(adj)} = \frac{k}{\lambda t} \sum_{i=1}^t Q_i^2 - \frac{1}{r} \sum_{i=1}^t T_i^2 + \frac{1}{k} B_j^2, \quad SC_{tr} = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^t T_i^2 - \frac{G^2}{N}.$$

Nótese que

$$SC_{tot} \neq SC_{tr(adj)} + SC_{bl(adj)} + SC_\varepsilon$$

6.3.5. Comparaciones múltiples

Si la hipótesis de igualdad de efectos de los tratamientos fuera rechazada, se podrían aplicar técnicas de comparaciones múltiples para realizar los contrastes $\alpha_i - \alpha_j = 0$, $1 \leq i < j \leq t$.

Se tiene que

$$\text{var}(\hat{\alpha}_i - \hat{\alpha}_j) = \frac{2k}{\lambda t} \sigma^2, \quad \forall i \neq j.$$

EJEMPLO: Un ingeniero químico cree que el tiempo de reacción en un proceso químico depende del catalizador empleado. Se investigan 4 catalizadores. Debido a que las variaciones en los lotes de materia prima pueden afectar al comportamiento del catalizador, el ingeniero decide controlar este factor por medio de bloques. Sin embargo, cada lote sólo permite el ensayo de tres catalizadores, por lo que se realizó un DBIB, obteniéndose los siguientes resultados:

Tratamiento (catalizador)	Bloques (lotes de materia prima)			
	1	2	3	4
1	73	74	-	71
2	-	75	67	72
3	73	75	68	-
4	75	-	72	75

Para este diseño BIB es $t = b = 4$, $\lambda = 2$ y $r = k = 3$.

```
library(agricolae)
y=c(73,74,71,75,67,72,73,75,68,75,72,75)
tra=as.factor(rep(1:4, each=3))
blo=as.factor(c(1,2,4,2,3,4,1,2,3,1,3,4))
#para el analisis de DBIB, incluyendo comparaciones multiples de tratamientos
#BIB.test(bloque,tratamiento,respuesta,test="tukey")
ejemplo3=BIB.test(blo,tra,y,test="tukey", console=TRUE)
```

```
Analysis of Variance Table
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
block.unadj  3  55.00  18.3333  28.205 0.001468 **
trt.adj      3  22.75   7.5833  11.667 0.010739 *
Residuals   5   3.25   0.6500
```

```
      y mean.adj      SE r      std Min Max
1 72.66667  71.375 0.4868051 3 1.527525  71  74
2 71.33333  71.625 0.4868051 3 4.041452  67  75
3 72.00000  72.000 0.4868051 3 3.605551  68  75
4 74.00000  75.000 0.4868051 3 1.732051  72  75
```

```
Tukey
Alpha      : 0.05
Std.err    : 0.4937104
HSD        : 2.576341
Parameters BIB
Lambda     : 2
treatmeans : 4
Block size : 3
Blocks     : 4
Replication: 3
```

```
Efficiency factor 0.8888889
```

Comparison between treatments means

	Difference	pvalue	sig.
1 - 2	-0.250	0.9825	
1 - 3	-0.625	0.8085	
1 - 4	-3.625	0.0130	*
2 - 3	-0.375	0.9462	
2 - 4	-3.375	0.0175	*
3 - 4	-3.000	0.0281	*

Treatments with the same letter are not significantly different.

	y groups
4 75.000	a
3 72.000	b
2 71.625	b
1 71.375	b

Alternativamente,

```
bib=lm(y~bloq+trat)
summary(bib)
```

```
lm(formula = y ~ bloq + trat)
```

Residuals:

1	2	3	4	5	6
7.500e-01	-3.750e-01	-3.750e-01	3.750e-01	-7.500e-01	3.750e-01
7	8	9	10	11	12
1.250e-01	1.168e-14	-1.250e-01	-8.750e-01	8.750e-01	1.116e-14

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	72.2500	0.6158	117.334	8.53e-10 ***
bloq2	2.1250	0.6982	3.043	0.02864 *
bloq3	-4.7500	0.6982	-6.803	0.00105 **
bloq4	-0.8750	0.6982	-1.253	0.26554
trat2	0.2500	0.6982	0.358	0.73492
trat3	0.6250	0.6982	0.895	0.41173
trat4	3.6250	0.6982	5.192	0.00349 **

Residual standard error: 0.8062 on 5 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.9599, Adjusted R-squared: 0.9117

F-statistic: 19.94 on 6 and 5 DF, p-value: 0.002396

```
anova(bib) #ajusta bien el segundo, el primero NO
```

Response: y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
bloq	3	55.00	18.3333	28.205	0.001468 **
trat	3	22.75	7.5833	11.667	0.010739 *
Residuals	5	3.25	0.6500		

```
#Comparaciones multiples
```

```
library(multcomp)
```

```
mis.cm=glht(aov(y~bloq+trat), linfct=mcp(trat="Tukey"))
```

```
# o mis.cm=glht(aov(bib), linfct=mcp(trat="Tukey"))
```

```
summary(mis.cm)
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

```
Fit: aov(formula = y ~ bloq + trat)
```

```

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    0.2500     0.6982   0.358  0.9826
3 - 1 == 0    0.6250     0.6982   0.895  0.8084
4 - 1 == 0    3.6250     0.6982   5.192  0.0130 *
3 - 2 == 0    0.3750     0.6982   0.537  0.9462
4 - 2 == 0    3.3750     0.6982   4.834  0.0174 *
4 - 3 == 0    3.0000     0.6982   4.297  0.0279 *
---
(Adjusted p values reported -- single-step method)
summary(mis.cm, test=adjusted(type="Westfall"))
      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

```

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

```
Fit: aov(formula = y ~ bloq + trat)
```

```

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    0.2500     0.6982   0.358  0.7349
3 - 1 == 0    0.6250     0.6982   0.895  0.6663
4 - 1 == 0    3.6250     0.6982   5.192  0.0129 *
3 - 2 == 0    0.3750     0.6982   0.537  0.6663
4 - 2 == 0    3.3750     0.6982   4.834  0.0129 *
4 - 3 == 0    3.0000     0.6982   4.297  0.0145 *
(Adjusted p values reported -- Westfall method)

```

6.4. Diseño en cuadrado de Youden

Hemos visto que en el diseño en cuadrado latino, el factor y los bloques han de tener el mismo número de niveles, es decir, ha de haber el mismo número de filas, de columnas y de letras latinas. Sin embargo, puede suceder que el número de niveles disponibles de uno de los bloques sea menor que el número de tratamientos. En este caso estaríamos ante un diseño en cuadrado latino incompleto. Estos diseños se conocen con el nombre de cuadrados de Youden.

Un diseño en cuadrado de Youden es un diseño en bloques incompletos balanceado simétrico en el que la posición de los niveles del tratamiento en cada bloque se identifica con los niveles del bloque con menor número de niveles.

Un diseño en cuadrado de Youden es un diseño en cuadrado latino con una o más columnas (o filas) eliminadas. Hay que tener cuidado porque si las filas (columnas) son eliminadas arbitrariamente, el resultado puede no ser un diseño en cuadrado de Youden. Por ejemplo, consideremos el primer cuadrado latino visto antes, y los diseños que quedan si eliminamos la última fila y las dos últimas filas, ¿obtendríamos en ambos casos un diseño en cuadrado de Youden? (sí el primero, no el segundo)

A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E
B	C	D	E	A	C	D	E	A	B	E	A	B	C	D
C	D	E	A	B	E	A	B	C	D	D	E	A	B	C
D	E	A	B	C	B	C	D	E	A					
E	A	B	C	D										

Por tanto, asociados este diseño tenemos los siguientes parámetros:

- se tienen t tratamientos
- hay un bloque con t niveles y el otro tiene $r (< t)$ niveles (el pequeño)
- todos los tratamientos son ensayados en cada nivel del bloque con t niveles
- en cada nivel del bloque pequeño los tratamientos son ensayados una o ninguna vez, de modo que cada par de tratamientos aparecen juntos λ veces, $\lambda = r(r-1)/(t-1)$.

6.4.1. Modelo

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + \varepsilon_{ijk} \quad \text{si } n_{ijk} = 1 \quad \begin{array}{l} i, j = 1, 2, \dots, t \\ k = 1, 2, \dots, r \\ \varepsilon_{ijk} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2) \end{array}$$

donde μ, α_i, β_j son como en el DBIB y γ_k es el efecto de la posición k .

Como en el diseño en cuadrado latino, aunque se han utilizado tres índices para describir el modelo, realmente sólo son necesarios dos.

6.4.2. Estimación

Imponiendo las condiciones adicionales

$$\sum_i \alpha_i = 0, \quad \sum_j \beta_j = 0, \quad \sum_k \gamma_k = 0,$$

los estimadores de μ, α_i, β_j son los mismos que los obtenidos en el DBIB. Los estimadores del efecto posición son

$$\hat{\gamma}_k = \bar{y}_{.k} - \bar{y}_{...}, \quad k = 1, 2, \dots, r.$$

Para la varianza,

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SC_\varepsilon}{N - 2t - r + 2}$$

donde $N = tr$ y

$$SC_\varepsilon = \sum_{i,j=1}^t \sum_{k=1}^r (y_{ijk} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\beta}_j - \hat{\gamma}_k)^2 n_{ijk}.$$

6.4.3. Descomposición de la variabilidad total

Fuente	SC	g.l.	F
Tratamientos (corregidos)	$SC_{tr(adj)}$	$t - 1$	$F = CM_{tr(adj)} / CM_\varepsilon$
Bloques	SC_{bl}	$t - 1$	
Posición	SC_{pos}	$r - 1$	$F = CM_{pos} / CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$N - 2t - r + 2$	
Total	SC_{tot}	$N - 1$	

donde $SC_{tr(adj)}$ y SC_{bl} son como en el BIBD, y

$$SC_{pos} = t \sum_{k=1}^r \hat{\gamma}_k^2.$$

Como en el BIBD, si se desea contrastar la igualdad de efectos de los bloques ha de considerarse la siguiente descomposición

$$SC_{tot} = SC_{tr} + SC_{bl(adj)} + SC_{pos} + SC_{\varepsilon},$$

y el F estadístico adecuado es $F = SC_{bl(adj)}/SC_{\varepsilon}$,

De nuevo,

$$SC_{tot} \neq SC_{tr(adj)} + SC_{bl(adj)} + SC_{pos} + SC_{\varepsilon}$$

6.4.4. Comparaciones múltiples

Si la hipótesis de igualdad de efectos de los tratamientos fuera rechazada, se podrían aplicar técnicas de comparaciones múltiples para realizar los contrastes $\alpha_i - \alpha_j = 0$, $1 \leq i < j \leq t$.

Como en el BIBD, para este diseño

$$var(\hat{\alpha}_i - \hat{\alpha}_j) = \frac{2r}{\lambda t} \sigma^2, \quad \forall i \neq j.$$

EJEMPLO: Se desea comparar el rendimiento de 4 tipos de semillas de trigo, eliminando en la comparación el efecto del tipo de insecticida y abono. Como sólo se dispone de 3 tipos de abono, se utilizó un cuadrado de Youden con 4 filas, los tipos de insecticidas (i1, i2, i3, i4), 3 columnas, los tipos de abono (a1, a2, a3) y 4 letras latinas, los tipos de semillas (A, B, C, D). Los datos obtenidos se muestran en la siguiente tabla.

Insecticidas	Abonos					
	a1		a2		a3	
i1	A	23	B	25	C	16
i2	B	18	C	15	D	17
i3	C	19	D	25	A	18
i4	D	21	A	12	B	20

```
y=c(23,25,16,18,15,17, 19,25,18, 21,12,20)
abono=as.factor(rep(1:3,4))
insect=as.factor(rep(1:4,each=3))
trigo=as.factor(c(1,2,3,2,3,4,3,4,1,4,1,2))
youden=lm(y~abono+insect+trigo)
summary(youden)
```

```
lm(formula = y ~ abono + insect + trigo)
```

Coefficients:

```
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 21.000      2.500   8.400 0.00354 **
abono2      -1.000      2.041  -0.490 0.65780
abono3      -2.500      2.041  -1.225 0.30807
insect2     -6.500      2.500  -2.600 0.08038 .
```

```
insect3      -0.750      2.500  -0.300  0.78376
insect4     -5.750      2.500  -2.300  0.10499
trigo2       5.250      2.500   2.100  0.12657
trigo3      -0.750      2.500  -0.300  0.78376
trigo4       5.500      2.500   2.200  0.11517
```

Residual standard error: 2.887 on 3 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.8554, Adjusted R-squared: 0.4699

F-statistic: 2.219 on 8 and 3 DF, p-value: 0.2762

```
anova(youden)
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
abono  2 12.667  6.3333  0.76 0.5407 # no adj
insect  3 46.250 15.4167  1.85 0.3130 #
trigo   3 89.000 29.6667  3.56 0.1624 # adj pq entro el último
Residuals 3 25.000  8.3333
```

```
anova(lm(formula = y ~ trigo + abono+ insect ))
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
trigo   3 45.583 15.1944  1.8233 0.3170 #no adj
abono   2 12.667  6.3333  0.7600 0.5407
insect  3 89.667 29.8889  3.5867 0.1610 #adj
Residuals 3 25.000  8.3333
```

No hay diferencias significativas. Si deseáramos realizar comparaciones múltiples, por ejemplo, para los tipos de trigo, escribiríamos:

```
#Comparaciones multiples
library(multcomp)
mis.cm=glht(aov(youden), linfct=mcp(trigo="Tukey"))
```

6.5. Problemas

1. Un químico desea probar el efecto de cuatro aditivos sobre la resistencia de un tipo particular de tela. Como puede haber diferencia entre los rollos de tela, decide realizar un diseño aleatorizado por bloques, considerando los rollos de tela como bloques. Selecciona 5 rollos y les aplica las 4 aditivos en orden aleatorio. Los resultados de resistencia se muestran en la tabla de abajo. Analiza los datos

Aditivo	Rollo de tela				
	1	2	3	4	5
1	73	68	74	71	57
2	73	67	75	72	70
3	75	68	78	73	68
4	73	71	75	75	69

2. Para estudiar el efecto de la ilustración (A=natural, B=muy fuerte, C=escasa) en la velocidad de la lectura, se realiza un experimento en el que se mide el número de palabras leídas por minuto para distintos tipos de papel (b=blanco, c=color, r=rayas) y tipografía (g=letra grande, p=letra pequeña, n=letra normal), con los siguientes resultados:

	r	b	c
g	258(A)	239(C)	240(B)
n	235(B)	270(A)	240(C)
p	220(C)	225(B)	260(A)

Analizar este experimento para averiguar si la ilustración influye.

3. El rendimiento de un proceso químico se puede ver afectado con el uso de 5 tipos de materias primas, 5 concentraciones de ácido, 5 tiempos de permanencia (A, B, C, D, E), y cinco tipos de concentraciones de catalizadores (α , β , δ , γ , ε). Para ello se realiza un diseño greco-latino, obteniéndose los datos de la siguiente tabla:

		Concentración de ácido				
		1	2	3	4	5
Materias primas	1	A α 26	B β 16	C γ 19	D δ 16	E ε 13
	2	B γ 18	C δ 21	D ε 18	E α 11	A β 21
	3	C ε 20	D α 12	E β 16	A γ 25	B δ 13
	4	D β 15	E γ 15	A δ 22	B ε 14	C α 17
	5	E δ 10	A ε 24	B α 17	C β 17	D γ 14

Extraer conclusiones.

4. Un ingeniero industrial está investigando el efecto de cuatro métodos de ensamblaje (A, B, C, D) sobre el tiempo de ensamblaje de una componente de televisores. Cuatro operadores son seleccionados para el estudio. Además, el ingeniero sospecha que cada ensamblaje produce tal cansancio que el tiempo requerido para el último puede ser más grande que para el primero. Por tanto, el ingeniero cree conveniente considerar como fuente de variación el orden en que se ha realizado el método por cada operador. Realizando un diseño en cuadrado latino, obtiene los siguientes datos:

		Operador			
Orden de ensamblaje		1	2	3	4
1	C=	10	B= 14	D= 7	A= 8
2	B=	7	C= 18	A= 11	D= 8
3	A=	5	D= 10	B= 11	C= 9
4	D=	10	A= 10	C= 12	B= 14

Analiza el modelo.

Bajo la sospecha de que la posición del operador para realizar el ensamblaje puede representar una fuente de variación adicional, el ingeniero repite el experimento considerando este nuevo factor (con niveles α , β , δ y γ), realizando para ello un diseño en cuadrado greco-latino:

Orden de ensamblaje	Operador							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	C β = 10	B γ = 14	D δ = 7	A α = 8				
2	B α = 7	C δ = 18	A γ = 11	D β = 8				
3	A δ = 5	D α = 10	B β = 11	C γ = 9				
4	D γ = 10	A β = 10	C α = 12	B δ = 14				

Analiza los resultados de este nuevo experimento, comparándolos con los obtenidos en el experimento anterior.

5. Un ingeniero está estudiando el efecto de cinco tipos de aditivo para la gasolina. Para controlar el tipo de vehículo, decide realizar un diseño por bloques. Debido a restricciones de tiempo, debe usar un diseño por bloques incompletos. Los resultados obtenidos se muestran en la tabla de abajo. Extrae conclusiones.

Aditivo	vehículo				
	1	2	3	4	5
1		17	14	13	12
2	14	14		13	10
3	12		13	12	9
4	13	11	11	12	
5	11	12	10		8

Capítulo 7

Análisis de la covarianza

7.1. Introducción

En temas anteriores se han estudiado diseños por bloques con el objeto de mejorar la precisión de comparaciones entre tratamientos. El análisis de la covarianza, o abreviadamente ANCOVA, es otra técnica que resulta ocasionalmente útil para mejorar la precisión de tales comparaciones.

Consideremos un experimento donde se investiga el efecto que sobre una variable respuesta Y tienen una serie de factores. Supongamos que en el experimento, además de la variable respuesta Y , hay otras variables cuantitativas, Z_1, Z_2, \dots, Z_p , que están linealmente relacionadas con Y . Supongamos también que las variables Z_1, Z_2, \dots, Z_p no son controladas por el experimentador, pero sí pueden ser observadas junto con la respuesta Y . En este caso el modelo que describe el experimento es

$$E(Y) = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\gamma \quad (7.1)$$

donde \mathbf{X} es una matriz de diseño (compuesta por ceros y unos, correspondiente a los efectos de los factores), y \mathbf{Z} es una matriz $n \times p$ de coeficientes (correspondiente a los valores observados de las variables Z_1, Z_2, \dots, Z_p) que supondremos de rango total, β es un vector de parámetros desconocidos que contiene los efectos de los factores, y γ es un vector $p \times 1$ de parámetros desconocidos que contiene los coeficientes de regresión de cada variable Z_i , ya que por hipótesis la respuesta está linealmente relacionada con las variables Z_1, Z_2, \dots, Z_p . Nótese que en el modelo (7.1) algunos factores son cualitativos (los factores) y otros son cuantitativos (Z_1, Z_2, \dots, Z_p). Al modelo (7.1) se le denomina *modelo de análisis de la covarianza*. Se trata de un modelo mixto del análisis de la varianza y del modelo de regresión. A las variables cuantitativas Z_1, Z_2, \dots, Z_p se les denomina *variables concomitantes* o *covariantes*, y como se ha dicho antes, son variables no controladas por el experimentador, pero que son observadas junto con la respuesta.

Uno de los objetivos del análisis de la covarianza es realizar comparaciones entre tratamientos, teniendo en cuenta el efecto que sobre la variable respuesta tienen las covariantes.

Como ejemplo, supongamos que se desea comparar el efecto de tres drogas sobre personas. Sea y_{ij} la respuesta del j -ésimo paciente que toma la i -ésima droga. Para analizar el efecto de las drogas consideramos el modelo de análisis de la varianza de una vía,

$$E(y_{ij}) = \mu + \alpha_i, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, 3, \\ j = 1, 2, \dots, n_i. \end{array}$$

No obstante, el efecto de una determinada droga puede depender de la edad del paciente, así como de su peso. Por tanto, el modelo adecuado es

$$E(y_{ij}) = \mu + \alpha_i + \gamma_1 z_{ij} + \gamma_2 w_{ij},$$

donde z_{ij} y w_{ij} son el peso y la edad del individuo ij . Se trata de un modelo mixto donde aparece un factor cualitativo (el tipo de droga suministrada), y dos variables cuantitativas (el peso y la edad). Es un modelo de análisis de la covarianza con un factor y dos covariantes.

El modelo ANCOVA, además de las hipótesis usuales del análisis de la varianza (independencia, homocedasticidad y normalidad), contempla las siguientes:

- Dentro de cada grupo, la variable dependiente tiene una relación lineal con las covariantes.
- Los coeficientes de las covariantes son los mismos para todos los grupos.

7.2. Estimación

Para obtener los estimadores de mínimos cuadrados de los parámetros en el modelo (7.1) podemos proceder de dos maneras equivalentes:

Puesto que el modelo ANCOVA es un caso particular del modelo lineal general estudiado en el tema 2, para estimar los parámetros podemos aplicar directamente el método de mínimos cuadrados,

$$E(Y) = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\gamma = (\mathbf{X} \ \mathbf{Z}) \begin{pmatrix} \beta \\ \gamma \end{pmatrix} = \mathbf{W}\delta$$

$$\hat{\delta} = (\mathbf{W}^t \mathbf{W})^{-1} \mathbf{W}^t \mathbf{Y}, \quad \text{Var}(\hat{\delta}) = \sigma^2 (\mathbf{W}^t \mathbf{W})^{-1}$$

Otra forma es aplicando el *método de mínimos cuadrados en dos pasos*. Este método permite reducir la cantidad de cálculo, pues utiliza las estimaciones obtenidas al ajustar el modelo ANOVA.

Método de mínimos cuadrados en dos pasos

1. Calcular los estimadores de mínimos cuadrados de los parámetros y la suma de cuadrados debida al error en el modelo ANOVA,

$$\text{modelo ANOVA} \quad E(Y) = \mathbf{X}\beta \longrightarrow \begin{aligned} \hat{\beta}_{(1)} &= (\mathbf{X}^t \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^t \mathbf{Y} \\ SC_{\varepsilon(1)} &= \mathbf{Y}^t \mathbf{R} \mathbf{Y}, \end{aligned}$$

donde $\mathbf{R} = \mathbf{I}_n - \mathbf{X}(\mathbf{X}^t \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^t$.

2. Para obtener $\hat{\gamma}$, reemplazar Y por $Y - \mathbf{Z}\gamma$ en la expresión de $SC_{\varepsilon(1)}$, y minimizar con respecto a γ ,

$$r = (Y - \mathbf{Z}\gamma)^t \mathbf{R} (Y - \mathbf{Z}\gamma) = Y^t \mathbf{R} \mathbf{Y} - Y^t \mathbf{R} \mathbf{Z} \gamma - \gamma^t \mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Y} + \gamma^t \mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Z} \gamma$$

haciendo $\frac{\partial}{\partial \gamma} r = 0$ se tiene que

$$-2\mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Y} + 2\mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Z} \gamma = 0 \quad \Rightarrow \quad \hat{\gamma} = (\mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Z})^{-1} \mathbf{Z}^t \mathbf{R} \mathbf{Y}$$

(Recuérdese que $\frac{\partial}{\partial \mathbf{x}} \mathbf{x}^t \mathbf{a} = \mathbf{a}$, y que $\frac{\partial}{\partial \mathbf{x}} \mathbf{x}^t \mathbf{A} \mathbf{x} = 2\mathbf{A} \mathbf{x}$, si \mathbf{A} es una matriz simétrica.)

3. La suma de cuadrados debida al error en el modelo completo, $E(Y) = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\gamma$, es el valor mínimo de r ,

$$SC_\varepsilon = \text{mín } r = (Y - \mathbf{Z}\hat{\gamma})^t \mathbf{R}(Y - \mathbf{Z}\hat{\gamma}),$$

con grados de libertad $gl(SC_\varepsilon) = gl(SC_{\varepsilon(1)}) - \dim(\gamma)$.

4. Para obtener el estimador de mínimos cuadrados de β en el modelo completo, reemplazar Y por $Y - \mathbf{Z}\hat{\gamma}$ en la expresión de $\hat{\beta}_{(1)}$,

$$\hat{\beta} = (\mathbf{X}^t \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^t (Y - \mathbf{Z}\hat{\gamma}).$$

Ejemplo: Consideremos un modelo con un factor y una covariante,

$$E(y_{ij}) = \mu + \alpha_i + \gamma z_{ij} \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, I \\ j = 1, 2, \dots, n_i \end{array}$$

1. $\hat{\mu}_{(1)} = \bar{y}_{..}$

$$\hat{\alpha}_{i(1)} = \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}$$

$$SC_{\varepsilon(1)} = \sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2 = R_{YY}, \text{ con grados de libertad } N - I, N = \sum_{i=1}^I n_i.$$

2. $r = \sum_{i,j} \{(y_{ij} - \gamma z_{ij}) - (\bar{y}_{i.} - \gamma \bar{z}_{i.})\}^2 = \sum_{i,j} \{y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \gamma (z_{ij} - \bar{z}_{i.})\}^2.$

$$\frac{\partial}{\partial \gamma} r = -2 \sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{i.}) \{y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \gamma (z_{ij} - \bar{z}_{i.})\} = 0 \Rightarrow \hat{\gamma} = \frac{\sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})(z_{ij} - \bar{z}_{i.})}{\sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{i.})^2} = \frac{R_{YZ}}{R_{ZZ}},$$

donde

$$R_{YZ} = \sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})(z_{ij} - \bar{z}_{i.}), \quad R_{ZZ} = \sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{i.})^2.$$

3. $SC_\varepsilon = \text{mín } r = \sum_{i,j} \{y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \hat{\gamma} (z_{ij} - \bar{z}_{i.})\}^2 = R_{YY} - 2\hat{\gamma}R_{YZ} + \hat{\gamma}^2 R_{ZZ} =$

$$= R_{YY} - 2 \frac{R_{YZ}}{R_{ZZ}} R_{YZ} + \frac{R_{YZ}^2}{R_{ZZ}^2} R_{ZZ} = R_{YY} - \frac{R_{YZ}^2}{R_{ZZ}},$$

con grados de libertad $N - I - 1$.

4. $\hat{\mu} = \bar{y}_{..} - \hat{\gamma} \bar{z}_{..}$

$$\hat{\alpha}_i = \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..} - \hat{\gamma} (\bar{z}_{i.} - \bar{z}_{..})$$

7.3. Contrastes de hipótesis

En un modelo ANCOVA son de interés los siguientes contrastes

- Igualdad de efectos de los tratamientos. En el ejemplo anterior correspondería al contraste

$$H_{01} : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_I .$$

- Nulidad de los coeficientes de regresión. En el ejemplo anterior correspondería al contraste

$$H_{02} : \gamma = 0.$$

En cada caso, aplicando la teoría del modelo lineal general vista, se tiene que para el contraste

$$H_0 : \mathbf{A}\delta = 0$$

$$H_1 : \mathbf{A}\delta \neq 0$$

la región crítica del TRV es

$$\text{rechazar } H_0 \text{ si } F \geq \mathcal{F}_{m,gl}$$

donde

$$F = \frac{SC_{\varepsilon_0} - SC_{\varepsilon}}{CM_{\varepsilon}} \frac{1}{m}$$

$m = rg(\mathbf{A})$, SC_{ε} es la suma de cuadrados debida al error del modelo, gl son los grados de libertad de la SC_{ε} y SC_{ε_0} es la suma de cuadrados debida al error del modelo bajo la hipótesis nula.

Ejemplo: (continuación) Obtendremos a continuación el estadístico F del TRV para cada uno de los contrastes antes planteados en el modelo ANCOVA con un factor y una covariante. Ya se vió antes que para este modelo la suma de cuadrados debida a error es

$$SC_{\varepsilon} = R_{YY} - \frac{R_{YZ}^2}{R_{ZZ}}$$

con $N - I - 1$ grados de libertad.

- $H_{01} : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_I$

Bajo H_{01} el modelo es

$$E(y_{ij}) = \mu + \gamma z_{ij}$$

Aplicando el método de mínimos cuadrados en dos pasos para el modelo bajo H_{01} , se obtiene que

1. $\hat{\mu}_{(1)} = \bar{y}_{..}$,

$$SC_{\varepsilon(1)} = \sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{..})^2 = R_{YY_{01}}.$$

2. $r = \sum_{i,j} \{(y_{ij} - \gamma z_{ij}) - (\bar{y}_{..} - \gamma \bar{z}_{..})\}^2 = \sum_{i,j} \{y_{ij} - \bar{y}_{..} - \gamma (z_{ij} - \bar{z}_{..})\}^2.$

$$\frac{\partial}{\partial \gamma} r = -2 \sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{..}) \{y_{ij} - \bar{y}_{..} - \gamma (z_{ij} - \bar{z}_{..})\} = 0 \Rightarrow$$

$$\hat{\gamma}_{01} = \frac{\sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{..}) (z_{ij} - \bar{z}_{..})}{\sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{..})^2} = \frac{R_{YZ_{01}}}{R_{ZZ_{01}}},$$

donde

$$R_{YZ_{01}} = \sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{..}) (z_{ij} - \bar{z}_{..}), \quad R_{ZZ_{01}} = \sum_{i,j} (z_{ij} - \bar{z}_{..})^2.$$

3. $SC_{\varepsilon_{01}} = \text{mín } r = \sum_{i,j} \{y_{ij} - \bar{y}_{..} - \hat{\gamma}_{01} (z_{ij} - \bar{z}_{..})\}^2 = R_{YY_{01}} - \frac{R_{YZ_{01}}^2}{R_{ZZ_{01}}}.$

Por tanto, el estadístico F para el contraste H_{01} es

$$F = \frac{SC_{\varepsilon_{01}} - SC_{\varepsilon}}{SC_{\varepsilon}} \frac{N - I - 1}{I - 1}.$$

- $H_{02} : \gamma = 0$

Bajo H_{02} el modelo es

$$E(y_{ij}) = \mu + \alpha_i$$

y para este modelo

$$SC_{\varepsilon_{02}} = SC_{\varepsilon_{(1)}} = \sum_{i,j} (y_{ij} - \bar{y}_{i.})^2.$$

Por tanto, el estadístico F para contrastar H_{02} es

$$F = \frac{SC_{\varepsilon_{(1)}} - SC_{\varepsilon}}{SC_{\varepsilon}} \frac{N - I - 1}{1}.$$

7.4. Comparaciones múltiples

Sigamos con el ejemplo y supongamos que la hipótesis H_{01} es rechazada. En tal caso estaríamos interesados en realizar los contrastes $H_{iv} : \alpha_i = \alpha_v, \forall i \neq v$. Sean c_1, \dots, c_I de modo que $\sum_{i=1}^I c_i = 0$, entonces se tiene que

$$\text{var} \left(\sum_{i=1}^I c_i \hat{\alpha}_i \right) = \sigma^2 \left\{ \sum_{i=1}^I \frac{c_i^2}{n_i} + \frac{\left(\sum_{i=1}^I c_i \bar{z}_i \right)^2}{R_{ZZ}} \right\}.$$

En particular,

$$\text{var} (\hat{\alpha}_i - \hat{\alpha}_j) = \sigma^2 \left\{ \frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} + \frac{(\bar{z}_i - \bar{z}_j)^2}{R_{ZZ}} \right\},$$

lo que implica que la varianza de $\hat{\alpha}_i - \hat{\alpha}_v$ no es la misma para todo $i \neq v$, ya que depende del valor de las covariantes.

7.5. Análisis con R

Analizaremos los siguientes datos asociados a un modelo de un factor con tres niveles y una covariante:

nivel del factor	1					
covariante	-0.02	0.99	-0.37	-0.08	0.87	-0.41
respuesta	1.29	6.23	0.15	1.28	4.58	0.68
nivel del factor	2					
covariante	1.28	0.40	-0.48	0.85	1.17	0.64
respuesta	9.08	5.99	3.48	5.65	6.75	5.46
nivel del factor	3					
covariante	0.12	-1.41	-1.20	-0.98	0.84	0.06
respuesta	7.23	0.15	3.06	4.15	8.40	5.75

```
z=c(-0.02,0.99,-0.37,-0.08,0.87,-0.41,1.28,0.40,-0.48,0.85,1.17,0.64,0.12,-1.41,-1.20,-0.98,0.84,0.06)
y=c(1.29,6.23,0.15,1.28,4.58,0.68,9.08,5.99,3.48,5.65,6.75,5.46,7.23,0.15,3.06,4.15,8.40,5.75)
a=as.factor(rep(1:3, each=6))
ejaz=lm(y~a+z)
ejza=lm(y~z+a)
summary(ejaz) #mismas estimaciones si llamamos a ejza
```

Call:

```
lm(formula = y ~ a + z)
```

Residuals:

```
      Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.5373 -0.5707 -0.1705  0.7084  1.2489
```

Coefficients:

```
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   1.8521     0.3844   4.818 0.000273 *** #hat.mu+hat.alpha1 y su error standar
a2            2.1829     0.5611   3.890 0.001633 **  #hat.alpha2-hat.alpha1 y su error standar
a3            4.2917     0.5727   7.494 2.90e-06 *** #hat.alpha3-hat.alpha1 y su error standar
z             3.1606     0.3307   9.557 1.63e-07 *** #hat.gamma y su error standar
```

```
anova(ejaz)
```

Analysis of Variance Table

Response: y

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
a         2  42.377   21.189   24.382 2.747e-05 ***
z         1  79.381   79.381   91.345 1.632e-07 *** #este es el que vale, mismo contraste que arriba
Residuals 14  12.166    0.869
```

```
anova(ejza)
```

Analysis of Variance Table

Response: y

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
z         1  71.433   71.433   82.199 3.101e-07 ***
a         2  50.325   25.163   28.955 1.060e-05 *** #este es que vale
Residuals 14  12.166    0.869
```

```
#alternativamente
```

```
eje.sin.a=lm(y~z)
```

```
anova(eje.sin.a, ejaz) #no importa el orden, da lo mismo si ponemos ejza
```

Analysis of Variance Table

Model 1: y ~ z

Model 2: y ~ a + z

```
  Res.Df  RSS Df Sum of Sq    F    Pr(>F)
1      16 62.492
2      14 12.166  2    50.325 28.955 1.06e-05 ***
```

```
#Comparaciones multiples de los efectos de los niveles del factor
```

```
library(multcomp)
```

```
mis.cm=glht(aov(ejza), linfct=mcp(a="Tukey"))
```

```
summary(mis.cm)
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: aov(formula = ejza)

Linear Hypotheses:

```
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    2.1829     0.5611   3.890 0.00441 **
3 - 1 == 0    4.2917     0.5727   7.494 < 0.001 ***
3 - 2 == 0    2.1088     0.6444   3.272 0.01411 *
```

```
#calculo de intervalos de confianza
mis.ic= confint(mis.cm, level = 0.95)
mis.ic
```

Simultaneous Confidence Intervals

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: aov(formula = ejaz)

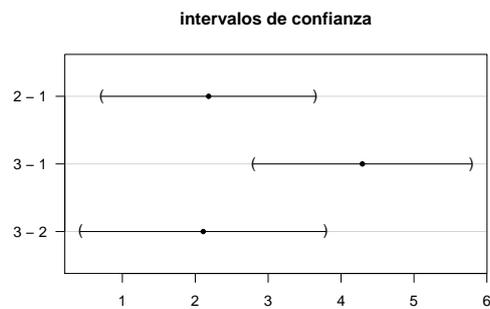
Quantile = 2.612

95% family-wise confidence level

Linear Hypotheses:

	Estimate	lwr	upr
2 - 1 == 0	2.1829	0.7172	3.6486
3 - 1 == 0	4.2917	2.7958	5.7875
3 - 2 == 0	2.1088	0.4255	3.7920

```
#representamos graficamente los intervalos de confianza
plot(mis.ic, main="intervalos de confianza", xlab=" ")
```



```
#Procedimeinto step-down, para hacerlo menos conservativo
summary(mis.cm, test = adjusted(type = "Westfall"))
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: aov(formula = ejaz)

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
2 - 1 == 0	2.1829	0.5611	3.890	0.00163	**
3 - 1 == 0	4.2917	0.5727	7.494	< 0.001	***
3 - 2 == 0	2.1088	0.6444	3.272	0.00556	**

```
#grafico
```

```
plot(z,y,col=c("red","blue","green")[a])
```

```
#ambos pintan circunferencias de distinto color para cada grupo del factor.
```

```
#Si queremos que represente figuras coloreadas: circulos, triangulos, cuadrados,...)
```

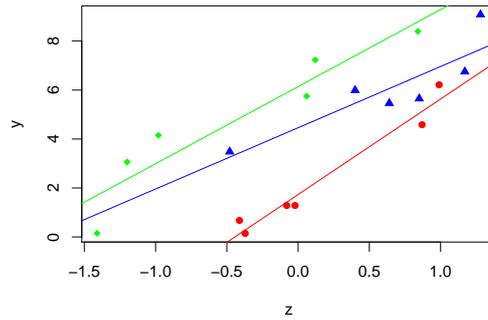
```
plot(z,y,pch=15+as.numeric(a),col=c("red","blue","green")[a])
```

```
#si queremos incluir las rectas de regresion para cada grupo
```

```
abline(lm(y[a==1]~z[a==1]), col="red")
```

```
abline(lm(y[a==2]~z[a==2]), col="blue")
```

```
abline(lm(y[a==3]~z[a==3]), col="green")
```



```
#contraste de igualdad de pendientes en los grupos
anova(lm(y~a*z)) #o simplemente summary(aov(y~a*z))
```

Analysis of Variance Table

Response: y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
a	2	42.377	21.189	24.8329	5.430e-05 ***
z	1	79.381	79.381	93.0341	5.282e-07 ***
a:z	2	1.927	0.964	1.1294	0.3553
Residuals	12	10.239	0.853		

7.6. Problemas

1. Analiza los datos:

y:

```
0.6 7.0 0.8 0.5 2.5 -3.1 -1.7 0.0 5.6 -1.9 -1.0 0.8 -4.6 0.4 2.2 5.7 -1.8 0.2
-1.0 -5.1 1.5 3.5 3.4 -1.8 -0.6 4.3 6.3 1.8 2.2 5.8 1.4 5.6 4.6 -2.5 7.6 4.8
```

z:

```
0.3 2.0 -0.2 0.0 0.7 -1.4 -1.0 -0.2 1.8 -0.6 -0.6 0.3 -1.9 -0.2 0.2 1.7 -1.1 -0.7
-0.7 -2.1 -0.3 0.8 0.8 -1.3 -0.3 0.7 0.7 0.3 -0.2 0.7 -0.1 1.2 0.6 -1.2 1.8 0.6
```

```
a: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
```

```
b: 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3
```

2. Se ha llevado a cabo un experimento para comparar el nivel de absorción de toallas de papel. Se han considerado dos factores, uno la marca, con tres niveles, y otro el color, con dos niveles (blanca y pintada). Para ello se vertieron gotas de agua sobre las toallas hasta que el agua empezaba a filtrarse. La velocidad a la que se vertieron las gotas de agua fue medida como una covariante. La siguiente tabla muestra los datos recogidos. Analízalos y extrae conclusiones.

tratamientos	velocidad	absorción	
1	2	1.780	0.7355
2	2	1.867	0.2828
1	2	2.136	0.3884
1	1	1.952	0.6777
3	1	1.800	0.4364
1	1	2.000	0.6116
2	2	2.071	0.2929
3	2	1.951	0.6465
2	1	2.272	0.2525
2	1	2.250	0.2527
3	2	2.075	0.6707
3	1	2.158	0.3313

Capítulo 8

Diseños split-plot (parcela dividida)

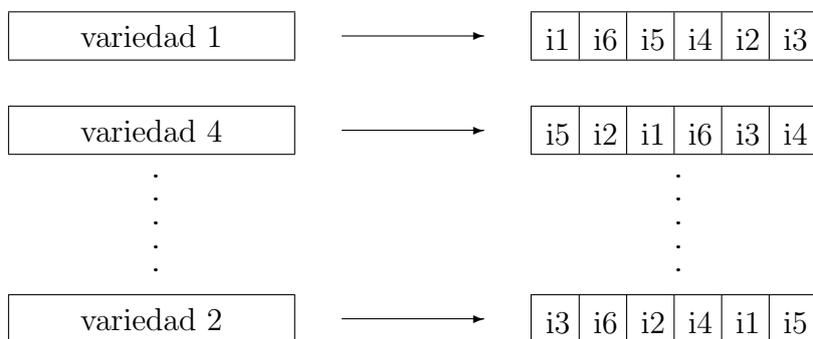
8.1. Introducción

En los diseños vistos hasta ahora, se tiene un único tipo de u.e. (unidad experimental) para todos los tratamientos y un único proceso de aleatorización para la asignación de individuos a tratamientos.

No obstante, existen situaciones donde son utilizados diferentes tipos de u.e. y donde los niveles de los factores son aplicados secuencialmente, siendo necesarios procedimientos de aleatorización separados.

El diseño split-plot es un diseño para experimentos con dos factores, donde la administración de uno de ellos requiere u.e. grandes, mientras que el segundo requiere u.e. pequeñas. Tras la administración de los niveles del primer factor a las u.e. grandes, éstas son divididas (en u.e. pequeñas) para la administración del segundo factor.

Ejemplo 1. Se desea estudiar la producción de 4 variedades de maíz en diversos instantes de tiempo (semanas desde la siembra hasta la recolección), considerándose 6 instantes. Para ello, se dispone de 8 parcelas de tierra y se siembran en ellas las 4 variedades de maíz (dos parcelas para cada variedad), siendo la asignación de parcelas a variedades aleatoria. Una vez sembrado el grano, se divide cada parcela en 6 subparcelas, de modo que en cada subparcela se recoge la cosecha en diferentes instantes de tiempo, que son asignados aleatoriamente.



En un principio, los diseños split-plot fueron desarrollados y utilizados en experimentos agrícolas, y de ahí han heredado la terminología utilizada. No obstante, hoy día su aplicabilidad alcanza todos los campos de la investigación experimental. Para poner esto de manifiesto, consideraremos otro ejemplo.

Ejemplo 2. En el proceso de fabricación de papel, un fabricante está interesado en estudiar el

efecto de 3 métodos diferentes de preparación de la pasta inicial y el efecto de 4 temperaturas de cocción. Debido al alto coste del proceso de preparación de la pasta, la experiencia se lleva a cabo de la siguiente manera: se preparan 6 lotes de materia prima, asignándose aleatoriamente métodos de preparación de pasta, de modo que cada método es ensayado en dos lotes. Cada lote de pasta ya preparada es dividida en 4 partes iguales, asignándole aleatoriamente una temperatura de cocción a cada parte.

En ambos ejemplos, si denotamos por y_{ijk} a la observación en la subparcela en la que se ha aplicado el j -ésimo nivel del segundo factor, B, en la k -ésima replicación del i -ésimo nivel del primer factor, A, entonces

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ik}^w + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}^s,$$

donde

- μ es la media global.
- α_i es el efecto principal del i -ésimo nivel del factor que se aplica a las unidades experimentales grandes, A.
- ε_{ik}^w es el error aleatorio o variabilidad de la respuesta asociado a las parcelas completas (u.e. grandes), que supondremos i.i.d. $N(0, \sigma_w^2)$.
- β_j es el efecto principal del j -ésimo nivel del factor que se aplica a las parcelas divididas (u.e. pequeñas), B.
- $\alpha\beta_{ij}$ es la interacción del i -ésimo nivel de A y el j -ésimo nivel de B.
- ε_{ijk}^s es el error aleatorio o variabilidad asociado a las parcelas divididas (u.e. pequeñas), que supondremos i.i.d. $N(0, \sigma_s^2)$. También supondremos que ε_{ik}^w y ε_{ijk}^s están incorrelados.

Para el análisis del modelo, es útil pensar que un diseño split-plot puede verse como una superposición de diseños:

- Un diseño para las parcelas completas.
- Un diseño para las parcelas divididas.

Así en los ejemplos anteriores se tiene

- Un diseño completamente aleatorizado para el factor que se aplica a las parcelas completas.
- Un diseño por bloques completos aleatorizado para el factor que se aplica a las parcelas divididas.

Un diseño así se denota mediante DSP(DCA, DBCA). Hay más posibilidades como DSP(DBCA, DBCA).

Esta visión de un diseño split-plot como superposición de diseños resalta el hecho de que se estén utilizando dos procedimientos de aleatorización, así como dos tipos de u.e.

8.2. DSP(DCA, DBCA)

Como ya se ha visto antes, en este caso el modelo es

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ik}^w + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}^s, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a \\ j = 1, 2, \dots, b \\ k = 1, 2, \dots, n \end{array}$$

Consideremos la superposición de diseños antes descrita. El segundo diseño (el que aplica a las parcelas divididas) es un diseño en bloques completos aleatorizados con an bloques y b niveles del factor, por lo que

$$\frac{SC_{tot}}{abn - 1} = \frac{SC_{bl}^*}{an - 1} + \frac{SC_B}{b - 1} + \frac{SC_{\varepsilon}^*}{(an - 1)(b - 1)}$$

con

$$SC_{tot} = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{bl}^* = b \sum_{i,k} (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{...})^2,$$

$$SC_B = an \sum_j (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{\varepsilon}^* = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{...})^2.$$

Ahora bien, la variabilidad entre bloques es debida a

- posibles diferencias entre los efectos de los niveles del factor A, y
- variabilidad entre las réplicas en las parcelas completas,

de donde,

$$\frac{SC_{bl}^*}{an - 1} = \frac{SC_A}{a - 1} + \frac{SC_{\varepsilon(A)}}{a(n - 1)}$$

con

$$SC_A = bn \sum_i (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{\varepsilon(A)} = b \sum_{i,k} (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i..})^2.$$

Por otro lado, la SC_{ε}^* contiene

- la variabilidad explicada por la interacción, y
- la variabilidad debida al error aleatorio en las subparcelas,

de donde,

$$\frac{SC_{\varepsilon}^*}{(an - 1)(b - 1)} = \frac{SC_{AB}}{(a - 1)(b - 1)} + \frac{SC_{\varepsilon(B)}}{a(b - 1)(n - 1)}$$

con

$$SC_{AB} = n \sum_{i,j} (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{\varepsilon(B)} = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i.k} + \bar{y}_{i..})^2.$$

Finalmente, la descomposición de la variabilidad total para este diseño es

$$\frac{SC_{tot}}{abn - 1} = \frac{SC_A}{a - 1} + \frac{SC_{\varepsilon(A)}}{a(n - 1)} + \frac{SC_B}{b - 1} + \frac{SC_{AB}}{(a - 1)(b - 1)} + \frac{SC_{\varepsilon(B)}}{a(b - 1)(n - 1)}$$

Los valores esperados de los cuadrados medios son

$$E(CM_A) = \sigma_s^2 + b\sigma_w^2 + bn \sum_i \frac{\alpha_i^2}{a-1} \quad E(CM_{\varepsilon(A)}) = \sigma_s^2 + b\sigma_w^2$$

$$E(CM_B) = \sigma_s^2 + an \sum_j \frac{\beta_j^2}{b-1} \quad E(CM_{AB}) = \sigma_s^2 + n \sum_{i,j} \frac{\alpha\beta_{ij}^2}{(a-1)(b-1)}$$

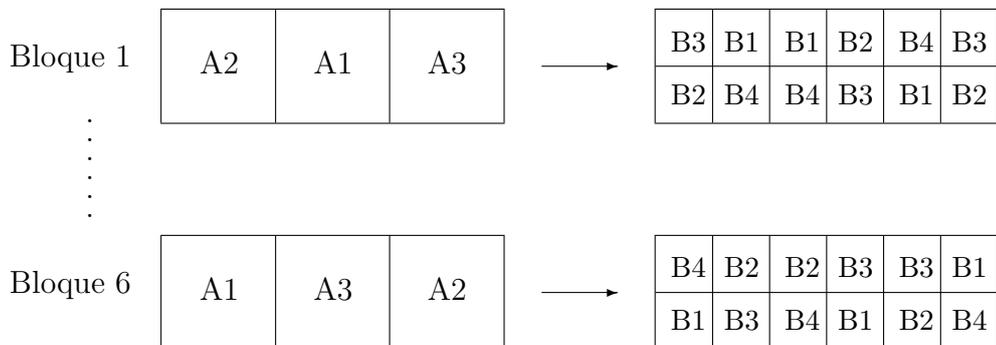
$$E(CM_{\varepsilon(B)}) = \sigma_s^2$$

La tabla ANOVA es

Fuente	SC	g.l.	CM	F
A	SC_A	$a - 1$	CM_A	$CM_A/CM_{\varepsilon(A)}$
Error(A)	$SC_{\varepsilon(A)}$	$a(n - 1)$	$CM_{\varepsilon(A)}$	
B	SC_B	$b - 1$	CM_B	$CM_B/CM_{\varepsilon(B)}$
AB	SC_{AB}	$(a - 1)(b - 1)$	CM_{AB}	$CM_{AB}/CM_{\varepsilon(B)}$
Error(B)	$SC_{\varepsilon(B)}$	$a(b - 1)(n - 1)$	$CM_{\varepsilon(B)}$	
	SC_{tot}	$abn - 1$		

8.3. DSP(DBCA, DBCA)

Ejemplo 3. Se desea estudiar el efecto que sobre la producción tienen $a = 3$ variedades de avena y $b = 4$ tipos de abono. Como se sospecha que el terreno elegido para realizar el experimento puede incidir en el resultado (orientación, humedad, ...) se realiza un diseño por bloques, considerando para ello $n = 6$ zonas. Cada una de ellas es dividida en 3 parcelas, asignándose aleatoriamente a cada una de ellas un tipo de avena. Cada parcela es dividida en 4 subparcelas, asignando aleatoriamente un tipo de abono a cada una de ellas.



El diseño descrito en el ejemplo anterior se trata de un diseño split-plot, donde

- Se ha aplicado un diseño por bloques completos aleatorizados para las parcelas completas, con $a = 3$ niveles del factor A y $n = 6$ bloques.
- Se ha aplicado un diseño por bloques completos aleatorizado para el factor que se aplica a las parcelas divididas, con $b = 4$ niveles del factor B y $an = 18$ bloques.

Un diseño así se denota mediante DSP(DBCA, DBCA). El modelo asociado es

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \gamma_k + \varepsilon_{ik}^w + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}^s, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a, \\ j = 1, 2, \dots, b, \\ k = 1, 2, \dots, n, \end{array}$$

donde μ , α_i , ε_{ik}^w , β_j , $\alpha\beta_{ij}$ y ε_{ijk}^s son como en el modelo anterior, y γ_k representa el efecto bloque.

Consideremos la superposición de diseños antes descrita. Como antes, el segundo diseño (el que aplica a las parcelas divididas) es un diseño en bloques completos aleatorizados con an bloques y b niveles del factor, por lo que

$$SC_{tot} = SC_{bl}^* + SC_B + SC_\varepsilon^* \\ abn - 1 \quad an - 1 \quad b - 1 \quad (an - 1)(b - 1)$$

con

$$SC_{tot} = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{bl}^* = b \sum_{i,k} (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{...})^2, \\ SC_B = an \sum_j (\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_\varepsilon^* = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{...})^2.$$

Ahora bien, la variabilidad entre bloques es debida a

- diferencias entre los efectos de los niveles del factor A,
- diferencias entre los n bloques, y
- variabilidad entre las réplicas en las parcelas completas,

de donde,

$$\begin{array}{ccccccc} SC_{bl}^* & = & SC_A & + & SC_{bl} & + & SC_{\varepsilon(A)} \\ an - 1 & & a - 1 & & n - 1 & & (a - 1)(n - 1) \end{array}$$

con

$$SC_A = bn \sum_i (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{bl} = ab \sum_k (\bar{y}_{..k} - \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{\varepsilon(A)} = b \sum_{i,k} (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{..k} + \bar{y}_{...})^2.$$

Por otro lado, la SC_{ε}^* contiene

- la variabilidad explicada por la interacción, y
- la variabilidad debida al error aleatorio en las subparcelas,

de donde,

$$\begin{array}{ccccccc} SC_{\varepsilon}^* & = & SC_{AB} & + & SC_{\varepsilon(B)} \\ (an - 1)(b - 1) & & (a - 1)(b - 1) & & a(b - 1)(n - 1) \end{array}$$

con

$$SC_{AB} = n \sum_{i,j} (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2, \quad SC_{\varepsilon(B)} = \sum_{i,j,k} (y_{ijk} - \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i.k} + \bar{y}_{i..})^2.$$

Finalmente, la descomposición de la variabilidad total para este diseño es

$$\begin{array}{ccccccccccc} SC_{tot} & = & SC_A & + & SC_{bl} & + & SC_{\varepsilon(A)} & + & SC_B & + & SC_{AB} & + & SC_{\varepsilon(B)} \\ abn - 1 & & a - 1 & & n - 1 & & (a - 1)(n - 1) & & b - 1 & & (a - 1)(b - 1) & & a(b - 1)(n - 1) \end{array}$$

Los valores esperados de los cuadrados medios son como el el modelo anterior

$$\begin{array}{ll} E(CM_A) = \sigma_s^2 + b\sigma_w^2 + bn \sum_i \frac{\alpha_i^2}{a-1} & E(CM_{bl}) = \sigma_s^2 + b\sigma_w^2 + ab \sum_k \frac{\gamma_k^2}{n-1} \\ E(CM_{\varepsilon(A)}) = \sigma_s^2 + b\sigma_w^2 & \\ E(CM_B) = \sigma_s^2 + an \sum_j \frac{\beta_j^2}{b-1} & E(CM_{AB}) = \sigma_s^2 + n \sum_{i,j} \frac{\alpha\beta_{ij}^2}{(a-1)(b-1)} \\ E(CM_{\varepsilon(B)}) = \sigma_s^2 & \end{array}$$

La tabla ANOVA es

Fuente	SC	g.l.	CM	F
Bloques	SC_{bl}	$n - 1$	CM_{bl}	$CM_{bl}/CM_{\varepsilon(A)}$
A	SC_A	$a - 1$	CM_A	$CM_A/CM_{\varepsilon(A)}$
Error(A)	$SC_{\varepsilon(A)}$	$(a - 1)(n - 1)$	$CM_{\varepsilon(A)}$	
B	SC_B	$b - 1$	CM_B	$CM_B/CM_{\varepsilon(B)}$
AB	SC_{AB}	$(a - 1)(b - 1)$	CM_{AB}	$CM_{AB}/CM_{\varepsilon(B)}$
Error(B)	$SC_{\varepsilon(B)}$	$a(b - 1)(n - 1)$	$CM_{\varepsilon(B)}$	
	SC_{tot}	$abn - 1$		

8.4. Comparaciones de medias

Comparación entre efectos de los tratamientos en las parcelas completas ($\alpha_i - \alpha_r$)

Se tiene que

$$\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{r..} \sim N \left(\alpha_i - \alpha_r, \frac{2}{bn} \{ \sigma_s^2 + b\sigma_w^2 \} \right), \quad \forall i \neq r.$$

Además

$$\frac{SC_{\varepsilon(A)}}{\sigma_s^2 + b\sigma_w^2} \sim \chi_{df}^2$$

con

$$df = \begin{cases} a(n-1) & \text{en un DSP(DCA,DBCA)} \\ (a-1)(n-1) & \text{en un DSP(DBCA,DBCA)} \end{cases} \quad (8.1)$$

Comparación entre efectos de los tratamientos en las parcelas completas ($\beta_j - \beta_v$)

Se tiene que

$$\bar{y}_{.j} - \bar{y}_{.v} \sim N\left(\beta_j - \beta_v, \frac{2}{an}\sigma_s^2\right), \quad \forall j \neq v$$

Además

$$\frac{SC_{\varepsilon(B)}}{\sigma_s^2} \sim \chi_{a(b-1)(n-1)}^2$$

Comparación entre medias de combinaciones de tratamientos

Sea

$$\mu_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij}, \quad 1 \leq i \leq a, \quad 1 \leq j \leq b$$

Se tiene que

$$\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{rv} \sim \begin{cases} N\left(\mu_{ij} - \mu_{rv}, \frac{2}{n}\sigma_s^2\right), & \text{si } i = r, j \neq v \\ N\left(\mu_{ij} - \mu_{rv}, \frac{2}{n}\{\sigma_w^2 + \sigma_s^2\}\right), & \text{si } i \neq r \end{cases}$$

Un estimador insesgado de $\sigma^2 = \sigma_w^2 + \sigma_s^2$ es

$$u = \frac{1}{b} \{CM_{\varepsilon(A)} + (b-1)CM_{\varepsilon(B)}\}$$

Aplicando el método de Satterthwaite, se sigue que

$$\frac{\phi u}{\sigma^2} \approx \chi_{\phi}^2,$$

con

$$\phi \approx \hat{\phi} = df \frac{(CM_{\varepsilon(A)} + (b-1)CM_{\varepsilon(B)})^2}{CM_{\varepsilon(A)}^2 + (b-1)CM_{\varepsilon(B)}^2},$$

df como en (8.1).

8.5. Análisis con R

EJEMPLO (DSP(DCA,DBCA)): Se desea estudiar la resistencia al agua de la madera cuando es tratada con dos métodos de pretratamiento y barnizada con 4 tipos de tinte. Para ello se tomaron 6 tableros de madera, asignando aleatoriamente tres a cada tipo de pretratamiento; después los tableros se cortan en 4, asignándole a cada uno de ellos al azar un tipo de barniz. Los datos obtenidos se muestran en la siguiente tabla:

pretratamiento	tinte			
	1	2	3	4
1	43.0	51.8	40.8	45.5
1	57.4	60.9	51.1	55.3
1	52.8	59.2	51.7	55.3
2	46.6	53.5	35.4	32.5
2	52.2	48.3	45.9	44.6
2	32.1	34.4	32.2	30.1

```

dat=read.table("splitplotdata1.txt", head=TRUE)
head(dat)

  Pretratamiento tinte replica respuesta
1             1     1      1         43.0
2             1     2      1         51.8
3             1     3      1         40.8
4             1     4      1         45.5
5             1     1      2         57.4
6             1     2      2         60.9

a=as.factor(dat$Pretratamiento)
b=as.factor(dat$tinte)
c=as.factor(dat$replica)
y=dat$respuesta
summary(aov(y~a*b)) #estudio ignorando que es un DSP

              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
a              1  782.0   782.0  13.485 0.00206 **
b              3  266.0    88.7   1.529 0.24538
a:b            3   62.8    20.9   0.361 0.78204
Residuals    16  927.9    58.0

summary(aov(y~a*b+Error(c%in%a))) #ahora el bueno: DSP(DCA,DBCA)

Error: c:a
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
a              1  782.0   782.0   4.034 0.115
Residuals     4  775.4   193.8

Error: Within
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
b              3  266.01   88.67   6.976 0.00569 **
a:b            3   62.79   20.93   1.647 0.23091
Residuals    12  152.52   12.71

SNK.test(y, b, 12, 12.71)$groups

      y groups
2 51.35000    a
1 47.35000   ab
4 43.88333    b
3 42.85000    b

```

EJEMPLO (DSP(DBCA,DBCA)): Se realizó un experimento para determinar el efecto de la fecha del último corte de alfalfa sobre la producción del año siguiente. Se utilizaron 6 bloques, cada uno de ellos fue dividido en 3 parcelas grandes en las que fueron plantadas 3 variedades (var) de alfalfa (A, B y C). Cada parcela fue dividida en 4 subparcelas a las que fueron asignadas aleatoriamente 4 fechas de corte (D_1 , D_2 , D_3 y D_4). Los datos obtenidos se muestran en la siguiente tabla:

var	Bloque 1				var	Bloque 2			
A	D ₄ , 2.23	D ₁ , 2.17	D ₃ , 2.29	D ₂ , 1.58	C	D ₃ , 1.61	D ₄ , 1.72	D ₂ , 1.47	D ₁ , 1.95
C	D ₂ , 1.52	D ₄ , 1.56	D ₃ , 1.55	D ₁ , 1.75	B	D ₂ , 1.30	D ₁ , 2.01	D ₄ , 1.81	D ₃ , 2.01
B	D ₁ , 2.33	D ₃ , 1.86	D ₄ , 2.27	D ₂ , 1.38	A	D ₁ , 1.88	D ₃ , 1.60	D ₂ , 1.26	D ₄ , 2.01
var	Bloque 3				var	Bloque 4			
B	D ₄ , 2.01	D ₃ , 1.81	D ₁ , 1.70	D ₂ , 1.85	C	D ₂ , 1.37	D ₁ , 1.78	D ₃ , 1.56	D ₄ , 1.55
C	D ₁ , 2.13	D ₃ , 1.82	D ₄ , 1.99	D ₂ , 1.80	A	D ₁ , 2.34	D ₃ , 1.91	D ₄ , 2.10	D ₂ , 1.59
A	D ₁ , 1.62	D ₃ , 1.67	D ₄ , 1.82	D ₂ , 1.22	B	D ₂ , 1.09	D ₃ , 1.54	D ₁ , 1.78	D ₄ , 1.40
var	Bloque 5				var	Bloque 6			
A	D ₁ , 1.58	D ₄ , 1.66	D ₃ , 1.39	D ₂ , 1.25	B	D ₃ , 0.88	D ₄ , 1.06	D ₁ , 1.35	D ₂ , 1.06
B	D ₂ , 1.13	D ₃ , 1.67	D ₄ , 1.31	D ₁ , 1.42	C	D ₄ , 1.33	D ₁ , 1.30	D ₃ , 1.13	D ₂ , 1.31
C	D ₄ , 1.51	D ₁ , 1.31	D ₂ , 1.01	D ₃ , 1.23	A	D ₁ , 1.66	D ₂ , 0.94	D ₄ , 1.10	D ₃ , 1.12

```
dat=read.table("splitplotdata2.txt", head=TRUE)
head(dat)
```

```
variedad bloque tiempo respuesta
1      a      1      4      2.23
2      a      1      1      2.17
3      a      1      3      2.29
4      a      1      2      1.58
5      c      1      2      1.52
6      c      1      4      1.56
```

```
a=as.factor(dat$variedad)
b=as.factor(dat$tiempo)
c=as.factor(dat$bloque)
y=dat$respuesta
summary(aov(y~a*b+c+Error(c:a)))
```

Error: c:a

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
a      2  0.165  0.0826   0.59 0.57238
c      5  4.216  0.8433   6.03 0.00794 **
Residuals 10  1.399  0.1399
```

Error: Within

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
b      3  1.9526  0.6509  22.317 5.3e-09 ***
a:b    6  0.2355  0.0393   1.346  0.257
Residuals 45  1.3124  0.0292
```

```
SNK.test(y, b, 45, 0.0292)$groups
```

```
      y groups
1 1.781111      a
4 1.691111     ab
3 1.591667      b
2 1.340556      c
```

8.6. Problemas

1. Se desea estudiar el efecto que sobre el acabado final de una pintura tienen cuatro tipos de pigmentos. El proceso consiste en preparar la pintura utilizando un tipo particular de pigmento, y luego aplicarla a una pared mediante tres métodos (brocha, spray y rollo). El experimento se repite tres días. Analizar los resultados.

Pigmento	1			2			3			4		
Método de aplicación	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Día 1	64.5	68.3	70.3	66.3	69.5	73.1	74.1	73.8	78.0	66.5	70.0	72.3
Día 2	65.2	69.2	71.2	65.0	70.3	72.8	73.8	74.5	79.1	64.8	68.3	71.5
Día 3	66.2	69.0	70.8	66.5	69.0	74.2	72.3	75.4	80.1	67.7	68.6	72.4

2. Se realiza un experimento para determinar el efecto que sobre la dureza del acero tienen la temperatura a la que es tratado, así como el tiempo que es sometido a la misma. Se consideran dos temperaturas (1500°F y 1600°F) y tres tiempos (10, 20 y 30 min.). El experimento es realizado calentando el horno a la temperatura seleccionada e insertando tres planchas de acero. Pasados 10 min. se saca del horno una de las placas, otra a los 20 min., y la última a los 30 min.. Para cada temperatura se realizan cuatro pruebas. A continuación se muestran los resultados, y se pide analizarlos.

Temperatura	Tiempo											
	10	20	30	10	20	30	10	20	30	10	20	30
1500	63	54	61	50	52	59	48	74	71	54	48	59
1600	89	91	62	80	72	69	73	81	69	88	92	64

Capítulo 9

Análisis de la varianza multivariante

9.1. Introducción

Hasta ahora hemos supuesto que se observa una única respuesta sobre cada individuo en el estudio. En este tema se estudia el modelo de análisis de la varianza multivariante, MANOVA, que es una generalización del modelo de análisis de la varianza ya estudiado, en el sentido que ahora la respuesta es q -dimensional. Así pues, el objetivo de este tema es analizar el efecto que sobre un vector aleatorio q -dimensional ejercen uno o más factores.

9.2. Modelo MANOVA con un factor

9.2.1. Modelo

Sea $Y = (Y_1, Y_2, \dots, Y_q)^t$ el vector aleatorio q -dimensional objeto de estudio, para el que se han obtenido n_i observaciones bajo el i -ésimo nivel del factor, $Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{in_i}$, $1 \leq i \leq k$. Supondremos el siguiente modelo para las $N = \sum_{i=1}^k n_i$ observaciones

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, k, \\ j = 1, 2, \dots, n_i, \end{array}$$

donde $\mu, \alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_k \in \mathbb{R}^q$, μ representa la media global y α_i es el efecto debido al i -ésimo nivel del factor; ε_{ij} son los errores aleatorios que se suponen i.i.d. según una ley $N_q(0, \Sigma)$, con $\Sigma > 0$. Matricialmente, las n observaciones pueden expresarse como $Y = XB + \mathcal{E}$, donde

$$Y = \begin{pmatrix} Y_{11}^t \\ \vdots \\ Y_{1n_1}^t \\ \vdots \\ Y_{k1}^t \\ \vdots \\ Y_{kn_k}^t \end{pmatrix} \quad X = \begin{pmatrix} 1_{n_1} & 1_{n_1} & 0 & \dots & 0 \\ 1_{n_2} & 0 & 1_{n_2} & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1_{n_k} & 0 & 0 & \dots & 1_{n_k} \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} \mu^t \\ \alpha_1^t \\ \vdots \\ \alpha_k^t \end{pmatrix} \quad \mathcal{E} = \begin{pmatrix} \varepsilon_{11}^t \\ \vdots \\ \varepsilon_{1n_1}^t \\ \vdots \\ \varepsilon_{k1}^t \\ \vdots \\ \varepsilon_{kn_k}^t \end{pmatrix}$$

Nótese que X es una matriz $N \times (k + 1)$ con rango k y coincide con la matriz de diseño del modelo univariante.

9.2.2. Estimación de parámetros

Como $\tilde{B} = (\tilde{B}_1 \tilde{B}_2 \dots \tilde{B}_q)$, se tiene que, si añadimos la condición adicional $\sum_i \alpha_i n_i = 0$ al sistema de ecuaciones normales, entonces

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}, \quad 1 \leq i \leq k.$$

La matriz suma de cuadrados debida al error es

$$E = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})(Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^t,$$

de donde un estimador insesgado de Σ es

$$\hat{\Sigma} = \frac{1}{N - k} E.$$

Las funciones linealmente estimables son de la forma $\lambda_0 \mu + \sum_i \lambda_i \alpha_i$ con $\lambda_0 = \sum_i \lambda_i$.

9.2.3. Contraste de igualdad de efectos

En el modelo considerado es de interés el contraste de igualdad de efectos,

$$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k \Leftrightarrow H_0 : \Lambda B = 0, \quad \Lambda = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & \dots & 0 & -1 \\ 0 & 0 & 1 & \dots & 0 & -1 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & 1 & -1 \end{pmatrix}.$$

Λ es una matriz $(k - 1) \times (k + 1)$ con rango $k - 1$. El estadístico del test de razón de verosimilitudes para el contraste anterior es

$$\gamma = \frac{|E|}{|E + F|}$$

donde $E + F$ es la matriz suma de cuadrados debida al error bajo H_0 ,

$$E + F = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})(Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^t,$$

y F es la matriz suma de cuadrados debida al factor

$$F = \sum_{i=1}^k n_i (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^t.$$

Se tiene la siguiente descomposición de la variabilidad total

$$T = F + E,$$

donde $T = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})(Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^t$ es la matriz suma de cuadrados total (corregida por la media). Bajo H_0 se tiene que

$$\gamma \stackrel{H_0}{\sim} \Lambda_{q, k-1, N-k}$$

y por tanto, el test de razón de verosimilitudes rechaza H_0 cuando

$$\gamma = \frac{|E|}{|E + F|} \leq \Lambda_{q,k-1,N-k}^\alpha,$$

donde $\Lambda_{q,k-1,N-k}^\alpha$ es tal que $P(\Lambda_{q,k-1,N-k} \leq \Lambda_{q,k-1,N-k}^\alpha) = \alpha$.

Además del test de razón de verosimilitudes, pueden considerarse otros contrastes:

- el contraste basado en el estadístico traza de Lawley-Hotelling o T^2 de Hotelling generalizado, $T_g^2 = (N - r)\text{tr}(FE^{-1})$,
- el contraste basado en el estadístico traza de Pillai, $V = \text{tr}\{F(E + F)^{-1}\}$
- raíz máxima de Roy: el test de unión intersección, que rechaza H_0 si θ_{max} es “grande”, donde θ_{max} es el mayor autovalor de FE^{-1} , o equivalentemente, rechaza H_0 si ϕ_{max} es “grande”, donde $\phi_{max} = \frac{\theta_{max}}{1 + \theta_{max}}$ es el mayor autovalor de $F(E + F)^{-1}$.

Consideraciones:

- De los 4 contrastes considerados, el basado en la raíz máxima de Roy es el más sensible a desviaciones de las hipótesis iniciales.
- Con respecto a los otros tres (que son asintóticamente equivalentes, en el sentido de que bajo H_0 todos ellos convergen en distribución a la misma ley), para tamaños de muestra grandes se ven poco afectados si no se satisface la hipótesis de normalidad, aunque el efecto puede ser considerable si N es moderado (por ejemplo si $N - k = 30$).
- El efecto de la no igualdad de varianzas es importante (aunque es despreciable si los n_i son todos iguales y grandes).

9.2.4. Comparación de matrices de dispersión

Sean k poblaciones normales q -variantes independientes de las que se extraen muestras aleatorias,

$$Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{in_i} \sim N_q(\mu_i, \Sigma_i), \quad 1 \leq i \leq k.$$

El estadístico del test de razón de verosimilitudes para contrastar la hipótesis de igualdad de varianzas,

$$H_0 : \Sigma_1 = \dots = \Sigma_k,$$

es

$$\lambda = \left(\frac{n^n}{\prod_i n_i^{n_i}} \right)^{q/2} \frac{\prod_i |Q_i|^{n_i/2}}{|\sum_i Q_i|^{n/2}} \quad (9.1)$$

donde

$$Q_i = n_i \tilde{\Sigma}_i = \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i) (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^t.$$

Bajo H_0 , $-2 \ln \lambda$ se distribuye asintóticamente según una ley χ^2 con $q(q+1)(k-1)/2$ grados de libertad, de donde una región crítica asintótica para constrastrar H_0 es

$$-2 \ln \lambda \geq \chi_{q(q+1)(k-1)/2, 1-\alpha}^2.$$

La aproximación asintótica puede mejorarse utilizando una pequeña modificación del estadístico, que consiste en sustituir n_i por $n_i - 1$ y N por $N - k$. No obstante, el problema que presenta el test (tanto el original como la modificación) es que es muy sensible a desviaciones de normalidad en los datos (más concretamente a la kurtosis), teniéndose que un valor significativo podría igualmente deberse a que H_0 es falsa, a la no normalidad o a ambas.

9.3. Diseño por bloques completos aleatorizados

Recordemos que el objetivo de este diseño es incrementar la precisión en la comparación de medias, eliminando de la suma de cuadrados debida al error la variabilidad debida a una fuente de variación ajena o distinta del factor bajo estudio. Para ello se divide la población en grupos homogéneos con respecto a tal fuente de variación, los bloques. Cada tratamiento o nivel del factor en ensayado en todos los bloques.

9.3.1. Modelo

Sea Y_{ij} el vector de respuestas observadas sobre el individuo del j -ésimo bloque que se le aplicó el tratamiento i . El modelo lineal asociado a este diseño es

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}, \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a, \\ j = 1, 2, \dots, b, \end{array}$$

donde $\mu, \alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_a, \beta_1, \beta_2, \dots, \beta_b \in \mathbb{R}^q$, μ representa la media global, α_i es el efecto debido al i -ésimo nivel del factor, β_j es el efecto debido al j -ésimo bloque; ε_{ij} son los errores aleatorios que se suponen i.i.d. según una ley $N_q(0, \Sigma)$, con $\Sigma > 0$.

Matricialmente, las $N = ab$ observaciones pueden expresarse como $Y = XB + \mathcal{E}$, donde la matriz X tiene dimensiones $N \times (1+a+b)$, $\text{rg}(X) = a+b-1$, pues la suma de las columnas correspondientes a los efectos de los tratamientos es igual a la columna asociada a μ , y lo mismo le ocurre a las columnas correspondientes a los efectos de los bloques.

9.3.2. Estimación de parámetros

Como $\tilde{B} = (\tilde{B}_1 \tilde{B}_2 \dots \tilde{B}_q)$, se tiene que, si añadimos las condiciones adicionales $\sum_i \alpha_i = 0$ y $\sum_j \beta_j = 0$ al sistema de ecuaciones normales, entonces

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}, \quad 1 \leq i \leq a, \quad \hat{\beta}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}, \quad 1 \leq j \leq b.$$

La matriz suma de cuadrados debida al error es

$$E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})(Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^t,$$

de donde un estimador insesgado de Σ es

$$\widehat{\Sigma} = \frac{1}{(a-1)(b-1)} E.$$

Las funciones linealmente estimables son de la forma $\lambda_0\mu + \sum_i \lambda_{i0}\alpha_i + \sum_j \lambda_{0j}\beta_j$ con $\lambda_0 = \sum_i \lambda_{i0} = \sum_j \lambda_{0j}$.

9.3.3. Contrastes de hipótesis

En el modelo considerado es de interés el contraste de igualdad de efectos,

$$H_{0A} : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_a \Leftrightarrow H_{0A} : \Lambda_A B = 0, \quad \Lambda_A = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & \dots & 0 & -1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & 1 & \dots & 0 & -1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & 1 & -1 & 0 & 0 & \dots & 0 \end{pmatrix}.$$

Λ_A es una matriz $(a-1) \times (a+b+1)$ con rango $a-1$. El estadístico del test de razón de verosimilitudes para el contraste anterior es

$$\gamma_A = \frac{|E|}{|E + F_A|}$$

donde $E + F_A$ es la matriz suma de cuadrados debida al error bajo H_{0A} ,

$$E + F_A = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})^t,$$

y F_A es la matriz suma de cuadrados debida al factor

$$F_A = b \sum_{i=1}^a (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^t.$$

Bajo H_{0A} se tiene que

$$\gamma_A \stackrel{H_0}{\sim} \Lambda_{q,a-1,a+b-1}$$

y por tanto, el test de razón de verosimilitudes rechaza H_{0A} cuando

$$\gamma_A = \frac{|E|}{|E + F_A|} \leq \Lambda_{q,a-1,a+b-1}^\alpha.$$

También podría contrastarse la igualdad de efectos de los bloques,

$$H_{0B} : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_b \Leftrightarrow H_{0B} : \Lambda_B B = 0, \quad \Lambda_B = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 1 & 0 & \dots & 0 & -1 \\ 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 1 & \dots & 0 & -1 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \dots & 0 & 0 & 0 & \dots & 1 & -1 \end{pmatrix}.$$

Λ_B es una matriz $(b-1) \times (a+b+1)$ con rango $b-1$. El estadístico del test de razón de verosimilitudes para el contraste anterior es

$$\gamma_B = \frac{|E|}{|E + F_B|}$$

donde $E + F_B$ es la matriz suma de cuadrados debida al error bajo H_{0B} ,

$$E + F_B = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})(Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^t,$$

y F_B es la matriz suma de cuadrados debida al bloque

$$F_B = a \sum_{j=1}^b (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})^t.$$

Bajo H_{0B} se tiene que

$$\gamma_B \stackrel{H_0}{\sim} \Lambda_{q,b-1,a+b-1}$$

y por tanto, el test de razón de verosimilitudes rechaza H_{0B} cuando

$$\gamma_B = \frac{|E|}{|E + F_B|} \leq \Lambda_{q,b-1,a+b-1}^\alpha.$$

Se tiene la siguiente descomposición de la variabilidad total

$$T = F_A + F_B + E,$$

donde $T = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (Y_{ij} - \bar{Y}_{..})(Y_{ij} - \bar{Y}_{..})^t$ es la matriz suma de cuadrados total (corregida por la media).

9.4. Modelo de dos vías con igual número de observaciones por celdilla

9.4.1. Modelo

Supongamos que se desea investigar el efecto que sobre q variables, $Y = (Y_1, Y_2, \dots, Y_q)^t$ tienen dos factores: A y B , con a y b niveles respectivamente, y que para cada combinación de niveles de ambos factores (celdilla) se realizan n ($n \geq 2$) observaciones. El modelo lineal asociado a este experimento es

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad \begin{array}{l} i = 1, 2, \dots, a \\ j = 1, 2, \dots, b \\ k = 1, 2, \dots, n \end{array}$$

donde

Y_{ijk} representa el k -ésimo vector de observaciones en el i -ésimo nivel de A y en el j -ésimo nivel de B ,

$\mu \in \mathbb{R}^q$ es la media global, que mide el nivel promedio de respuesta de todas las unidades.

$\alpha_i \in \mathbb{R}^q$ es el efecto principal del i -ésimo nivel del factor A .

$\beta_j \in \mathbb{R}^q$ es el efecto principal del j -ésimo nivel del factor B .

$\alpha\beta_{ij} \in \mathbb{R}^q$ es el efecto de interacción del i -ésimo nivel del factor A y del j -ésimo nivel del factor B .

ε_{ijk} es el efecto aleatorio que recoge todas las restantes posibles causas de variabilidad del experimento. Supondremos que son independientes y que están idénticamente distribuidos según una ley $N_q(0, \Sigma)$, $\Sigma > 0$.

Matricialmente, el modelo puede expresarse

$$Y = XB + \varepsilon$$

donde la matriz X tiene dimensiones $N \times (1 + a + b + ab)$, $N = abn$, con rango $rg(X) = ab$, pues las ab columnas de X correspondientes a las ab interacciones son linealmente independientes, la columna correspondiente a α_i es la suma en j de las columnas correspondientes a $\alpha\beta_{ij}$, la columna correspondiente a β_j es la suma en i de las columnas correspondientes a $\alpha\beta_{ij}$, y la columna correspondiente a μ es la suma de todas las columnas correspondientes a las interacciones.

9.4.2. Estimación puntual

Como $\tilde{B} = (\tilde{B}_1 \tilde{B}_2 \dots \tilde{B}_q)$, se tiene que, si añadimos las condiciones adicionales $\sum_i \alpha_i = 0$, $\sum_j \beta_j = 0$, $\sum_i \alpha\beta_{ij} = 0$ y $\sum_j \alpha\beta_{ij} = 0$ al sistema de ecuaciones normales, entonces

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{\dots}, \quad \hat{\alpha}_i = \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{\dots}, \quad \hat{\beta}_j = \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{\dots}, \quad \hat{\alpha}\hat{\beta}_{ij} = \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{\dots}.$$

La matriz suma de cuadrados debida al error es

$$E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.})^t,$$

de donde un estimador insesgado de Σ es

$$\hat{\Sigma} = \frac{1}{ab(n-1)} E.$$

Las funciones linealmente estimables son de la forma $\lambda_0\mu + \sum_i \lambda_{i0}\alpha_i + \sum_j \lambda_{0j}\beta_j + \sum_{i,j} \lambda_{ij}\alpha\beta_{ij}$ con $\lambda_0 = \sum_{i,j} \lambda_{ij}$, $\lambda_{i0} = \sum_j \lambda_{ij}$, $1 \leq i \leq a$, y $\lambda_{0j} = \sum_i \lambda_{ij}$, $1 \leq j \leq b$.

9.4.3. Contrastes de hipótesis

El el modelo considerado son de interés los siguientes contrastes:

$$\begin{aligned} H_{01} &: \text{no interacción,} \\ H_{02} &: \text{igualdad de efectos del factor } A, \\ H_{03} &: \text{igualdad de efectos del factor } B. \end{aligned}$$

La matriz F y la región crítica del test de razón de verosimilitudes asociadas a cada uno de ellos son

$$\begin{aligned} F_1 &= n \sum_i \sum_j \hat{\alpha}\hat{\beta}_{ij} \hat{\alpha}\hat{\beta}_{ij}^t && \text{rechazar } H_{01} \text{ cuando } \gamma_1 = |E|/|E + F_1| \leq \Lambda_{q,(a-1)(b-1),ab(n-1)}^\alpha, \\ F_2 &= nb \sum_i \hat{\alpha}_i \hat{\alpha}_i^t && \text{rechazar } H_{02} \text{ cuando } \gamma_2 = |E|/|E + F_2| \leq \Lambda_{q,a-1,ab(n-1)}^\alpha, \\ F_3 &= na \sum_j \hat{\beta}_j \hat{\beta}_j^t && \text{rechazar } H_{03} \text{ cuando } \gamma_3 = |E|/|E + F_3| \leq \Lambda_{q,b-1,ab(n-1)}^\alpha. \end{aligned}$$

Se tiene la siguiente descomposición de la variabilidad total

$$T = F_1 + F_2 + F_3 + E,$$

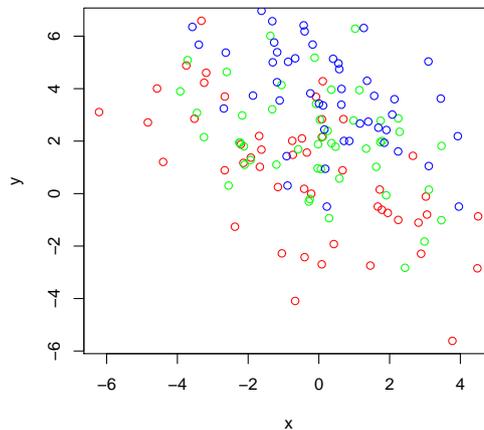
donde $T = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n (Y_{ijk} - \bar{Y}_{\dots})(Y_{ijk} - \bar{Y}_{\dots})^t$ es la matriz suma de cuadrados total (corregida por la media).

9.5. Análisis con R

```

set.seed(12345)
#grupo1
x <- rnorm(50,0,1)      # 50 copies of N(0,sd=1)
y <- rnorm(50,0,2)      # 50 copies of N(0,sd=2)
xy <- cbind(x,y)        # 50 coordinate pairs (x,y)
rot <- matrix(c(1,-1,1,1),nrow=2,ncol=2)
xy1 <- xy %*% rot
plot(xy1, col="red", xlab="x", ylab="y")
#grupo2
x <- rnorm(50,1,1)      # 50 copies of N(1,sd=1)
y <- rnorm(50,1,2)      # 50 copies of N(1,sd=2)
xy <- cbind(x,y)
xy2 <- xy %*% rot
points(xy2, col="green")
#grupo3
x <- rnorm(50,2,1)      # 50 copies of N(2,sd=1)
y <- rnorm(50,2,2)      # 50 copies of N(1,sd=2)
xy <- cbind(x,y)
xy3 <- xy %*% rot
points(xy3, col="blue")

```



```
M=matrix(c(0,1,2,0,1,2), ncol=2); M
```

```

      [,1] [,2]
[1,]    0    0
[2,]    1    1
[3,]    2    2

```

```
#medias de los grupos: difieren en la segunda coordenada
```

```
M %*% rot
```

```

      [,1] [,2]
[1,]    0    0
[2,]    0    2
[3,]    0    4

```

```
#matriz de varianzas.covarianzas
```

```

t(rot)%*%diag(c(1,4))%*(rot)
      [,1] [,2]
[1,]    5   -3
[2,]   -3    5

```

```

xy=rbind(xy1,xy2,xy3)
factor=as.factor(rep(1:3, each=50))
sal=manova(xy~factor)
# ANOVA de las marginales
summary.aov(sal)

```

```

Response 1 :
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
factor    2  16.84   8.4195  1.6588 0.1939
Residuals 147 746.11   5.0756

Response 2 :
      Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
factor    2 218.96 109.482  22.825 2.33e-09 ***
Residuals 147 705.10   4.797

# MANOVA
summary.manova(sal)

      Df Pillai approx F num Df den Df  Pr(>F)
factor    2 0.37042  16.707     4    294 2.368e-12 ***
Residuals 147

# Le podemos solicitar otro estadístico: "Pillai", "Wilks", "Hotelling-Lawley", "Roy"
summary(sal,test="Wilks")
summary(sal,test="Hotelling-Lawley")
summary(sal,test="Roy")

#Test de igualdad de las matrices de varianzas
library(biotools)
boxM(xy, factor)

      Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices

data: xy
Chi-Sq (approx.) = 5.6348, df = 6, p-value = 0.4653

# Comparaciones múltiples
ss1=lm(xy[,1]~factor)
cm1=glht(ss1, linfct=mcp(factor="Tukey"))
summary(cm1)

      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: lm(formula = xy[, 1] ~ factor)

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    0.2221     0.4506  0.493  0.875
3 - 1 == 0    0.7953     0.4506  1.765  0.185
3 - 2 == 0    0.5731     0.4506  1.272  0.413
(Adjusted p values reported -- single-step method)

summary(cm1, test=adjusted(type="Westfall"))

      Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

Fit: lm(formula = xy[, 1] ~ factor)

Linear Hypotheses:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
2 - 1 == 0    0.2221     0.4506  0.493  0.623
3 - 1 == 0    0.7953     0.4506  1.765  0.185
3 - 2 == 0    0.5731     0.4506  1.272  0.205
(Adjusted p values reported -- Westfall method)

```

```
ss2=lm(xy[,2]~factor)
cm2=glht(ss2, linfct=mcp(factor="Tukey"))
summary(cm2)
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

```
Fit: lm(formula = xy[, 2] ~ factor)
```

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
2 - 1 == 0	1.393	0.438	3.180	0.00508	**
3 - 1 == 0	2.958	0.438	6.753	< 1e-04	***
3 - 2 == 0	1.565	0.438	3.573	0.00135	**

(Adjusted p values reported -- single-step method)

```
summary(cm2, test=adjusted(type="Westfall"))
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Tukey Contrasts

```
Fit: lm(formula = xy[, 2] ~ factor)
```

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
2 - 1 == 0	1.393	0.438	3.180	0.0018	**
3 - 1 == 0	2.958	0.438	6.753	<0.001	***
3 - 2 == 0	1.565	0.438	3.573	<0.001	***

(Adjusted p values reported -- Westfall method)

9.6. Problemas

1. La siguiente tabla muestran los resultados de un experimento por bloques aleatorizados, donde se pretende estudiar el efecto que tienen 6 tratamientos diferentes sobre campos sembrados de habichuelas que están infectados por cierto insecto. En cada campo se han medido tres variables, $Y = (Y_1, Y_2, Y_3)^t$.

Tratamientos	Bloques											
	1			2			3			4		
	y_1	y_2	y_3	y_1	y_2	y_3	y_1	y_2	y_3	y_1	y_2	y_3
1	1.7	0.4	0.20	1.2	1.4	0.20	1.3	0.6	0.36	1.7	1.1	0.39
2	1.7	1.0	0.40	1.2	0.6	0.20	1.7	0.1	0.32	1.1	0.0	0.29
3	1.4	0.8	0.28	1.5	0.8	0.83	1.1	0.7	0.58	1.1	0.9	0.50
4	0.1	0.8	0.10	0.2	1.2	0.08	0.3	1.2	0.00	0.0	0.4	0.00
5	1.3	1.0	0.12	1.4	1.2	0.20	1.3	0.8	0.30	1.2	0.6	0.36
6	1.7	0.5	0.74	2.1	1.0	0.59	2.3	0.4	0.50	1.3	0.9	0.28

2. Se ha realizado un experimento para estudiar el efecto que sobre el crecimiento de una determinada especie vegetal tiene cierto abono. El experimento se ha realizado a cuatro temperaturas, y como respuesta se han observado tres variables, $Y = (Y_1, Y_2, Y_3)^t$, longitud de la raíz, altura de la planta y longitud de las hojas. Los resultados obtenidos se muestran en la siguiente tabla.

T	Sin abono			Con abono			T	Sin abono			Con abono		
	y_1	y_2	y_3	y_1	y_2	y_3		y_1	y_2	y_3	y_1	y_2	y_3
1	2.2	23.5	1.7	2.3	23.5	2.0	3	13.6	29.5	30.8	10.0	21.0	23.6
	3.0	27.0	2.3	3.0	21.0	2.7		6.2	23.5	14.6	12.3	49.0	28.1
	3.3	24.5	3.2	2.3	22.0	1.8		16.7	58.5	36.0	4.9	28.5	13.3
	2.2	20.5	1.5	2.5	22.5	2.4		12.2	40.5	23.9	9.6	27.0	24.6
	2.0	19.0	2.0	2.4	21.5	1.1		8.7	37.0	20.3	6.5	29.0	19.3
	3.5	23.5	2.9	2.7	25.0	2.6		12.3	41.5	27.7	13.6	30.5	31.5
2	21.8	41.5	23.0	10.1	43.5	14.2	4	3.0	24.0	10.2	4.2	25.5	13.3
	11.0	32.5	15.4	7.6	27.0	14.7		5.3	26.5	15.6	2.2	23.5	8.5
	16.4	46.5	22.8	19.7	32.5	21.4		3.1	24.5	14.7	2.8	19.5	11.8
	13.1	31.0	21.5	4.3	28.5	9.7		4.8	34.0	20.5	1.3	21.5	7.8
	15.4	41.5	20.8	5.2	33.5	12.2		3.4	22.5	14.3	4.2	28.5	15.1
	14.5	46.0	20.3	3.9	24.5	8.2		7.4	32.0	23.2	3.0	25.0	11.8

Capítulo 10

Medidas repetidas

10.1. Introducción

En los diseños estudiados hasta ahora, se hacía una observación sobre cada u.e. A lo largo de este tema supondremos que disponemos de medidas repetidas de cada individuo en el estudio.

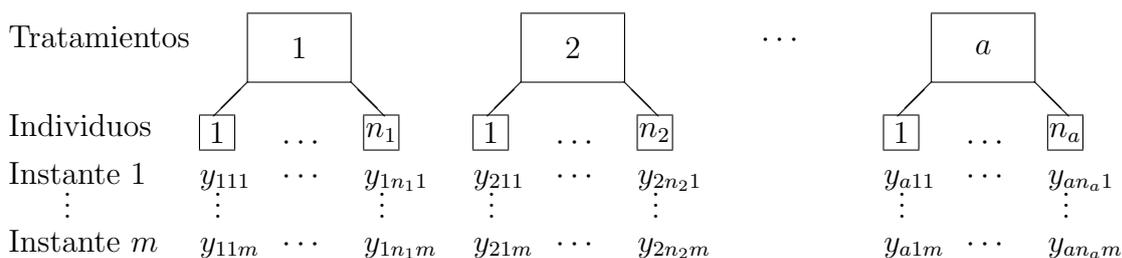
Muchos experimentos se llevan a cabo para estudiar y comparar los efectos a lo largo del tiempo (en varios instantes consecutivos) de varios tratamientos. Por ejemplo, en ensayos clínicos para comparar diferentes drogas, es de interés evaluar cómo varían los efectos de éstas con el tiempo (i.e., cuándo empieza a hacer efecto, cuánto dura, cuándo alcanza el pico, ...). Los diseños de medidas repetidas son útiles para estudiar estas cuestiones. En estos diseños la respuesta de interés es observada sobre cada individuo en distintos instantes de tiempo (o bien bajo distintas condiciones).

Las observaciones realizadas sobre un mismo individuo están correladas. Veremos que, bajo determinadas condiciones sobre la matriz de varianzas-covarianzas de las observaciones, los datos pueden ser analizados utilizando técnicas univariantes; si tales condiciones no se cumplen, entonces hay que emplear técnicas multivariantes.

10.2. El modelo

Supongamos que hay a tratamientos y que n_i u.e. son aleatoriamente asignadas al tratamiento i , $1 \leq i \leq a$. Sea $N = \sum_{i=1}^a n_i$ el número total de individuos en el estudio. Supondremos que sobre cada u.e. se realizan $m \geq 2$ observaciones en instantes de tiempo fijos o bajo m condiciones.

Sea y_{ijk} la observación realizada en el instante k al j -ésimo individuo en el i -ésimo tratamiento, $1 \leq j \leq n_i, 1 \leq i \leq a, 1 \leq k \leq m$.



El modelo es

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \gamma_k + \alpha\gamma_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

efectos fijos

μ es la media global

α_i efecto del i -ésimo tratamiento, $1 \leq i \leq a$

γ_k efecto del k -ésimo instante, $1 \leq k \leq m$

$\alpha\gamma_{ik}$ interacción del i -ésimo tratamiento y el k -ésimo instante, $1 \leq i \leq a$, $1 \leq k \leq m$.

efectos aleatorios

$\beta_{j(i)}$ representa el efecto aleatorio del j -ésimo individuo en el i -ésimo tratamiento, $1 \leq j \leq n_i$, $1 \leq i \leq a$. Supondremos que son v.a. i.i.d. de una ley $N(0, \sigma_{B(A)}^2)$.

ε_{ijk} es el error aleatorio, supondremos que tiene media 0 y que está incorrelado con los $\{\beta_{j(i)}\}$.

Los individuos son un factor aleatorio anidado dentro de los tratamientos, por este motivo el modelo no incluye interacción entre los individuos y los tratamientos.

Supondremos que los vectores aleatorios $Y_{ij} = (y_{ij1}, \dots, y_{ijm})'$ son independientes, siguen una ley normal, con igual matriz de varianzas-covarianzas $\Sigma = (\sigma_{ks}^2)_{1 \leq k, s \leq m}$.

En este modelo son de interés los siguientes contrastes:

Igualdad de efectos de los tratamientos

$$H_{0A} : \alpha_1 = \dots = \alpha_a$$

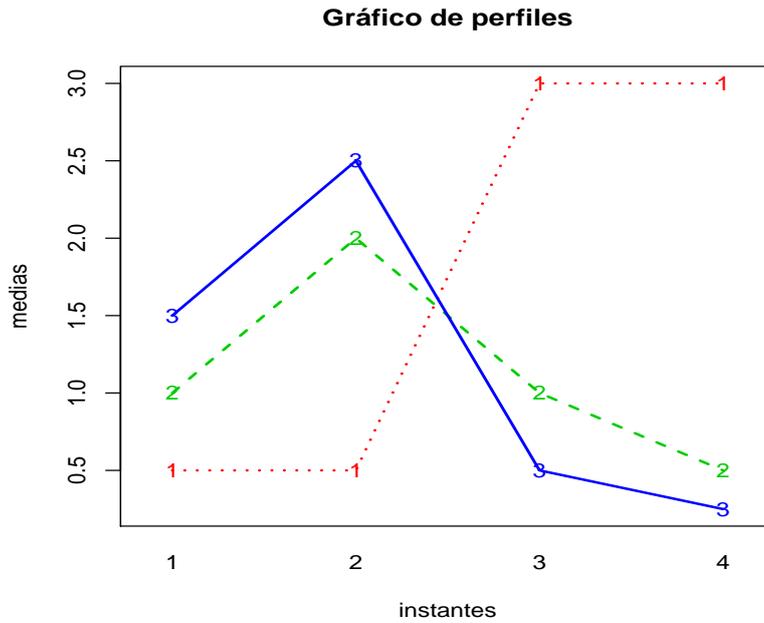
Efecto constante a lo largo del tiempo

$$H_{0C} : \gamma_1 = \dots = \gamma_m$$

No interacción entre tratamiento y tiempo

$$H_{0AC} : \alpha\gamma_{11} = \dots = \alpha\gamma_{am}$$

Gráfico de perfiles: Denotando $\mu_{ij} = E(y_{ijk}) = \mu + \alpha_i + \gamma_k + \alpha\gamma_{ik}$, y $\mu_i = (\mu_{i1}, \dots, \mu_{im})'$, si para cada i unimos mediante una línea quebrada los puntos (i, μ_{ik}) , $1 \leq k \leq m$, al gráfico resultante se le denomina *gráfico de perfiles* (en el tema del ANOVA de dos vías lo llamábamos gráfico de interacción):

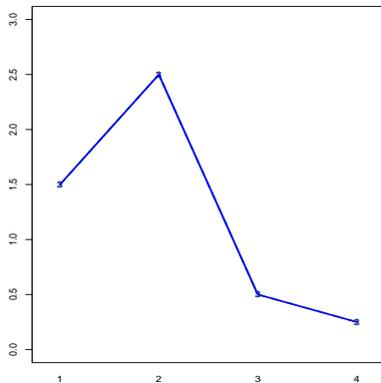


$H_{0A} : \alpha_1 = \dots = \alpha_a$ es equivalente a decir que los a perfiles coinciden.

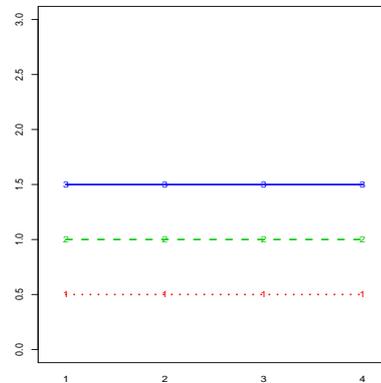
$H_{0C} : \gamma_1 = \dots = \gamma_m$ es equivalente a decir que los a perfiles son rectas paralelas al eje X.

$H_{0AC} : \alpha\gamma_{11} = \dots = \alpha\gamma_{am}$ es equivalente a decir que los a perfiles son líneas paralelas

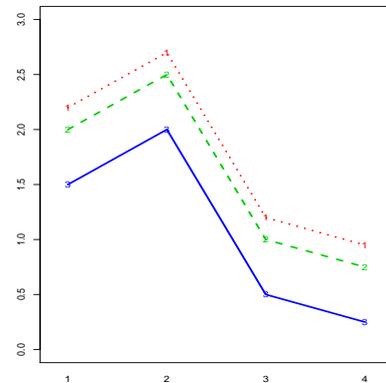
no efecto del tratamiento



no efecto del tiempo



no interacción



Para decidir qué test aplicar para contrastar estas hipótesis, resulta crucial saber si Σ tiene cierta estructura.

10.3. Condición de (Huynh-Feldt) esfericidad. Test de Mauchly

Se tiene que

$$\text{var}(y_{ijk} - y_{ijs}) = 2\lambda, \quad \forall 1 \leq k \neq s \leq m, \quad (10.1)$$

es una condición necesaria y suficiente para poder contrastar las hipótesis de interés empleado técnicas univariantes.

La condición (10.1) dice que la varianza de la diferencia de dos observaciones sobre un mismo individuo es la misma para cualesquiera dos instantes de tiempo. Esta condición puede ser realista cuando observamos individuos en distintas condiciones. Sin embargo, cuando hacemos medidas en el tiempo no lo es tanto, ya que observaciones cercanas tienden a estar más correladas que observaciones separadas en el tiempo.

Huynh-Feldt demostraron que la condición (10.1) es equivalente a

$$\text{var}(CY_{ij}) = C\Sigma C' = \theta I_{m-1}, \quad \text{para algún } \theta > 0,$$

donde C es una matriz, $C \in \mathcal{M}_{(m-1) \times m}$, cuyas filas satisfacen (matriz de contrastes normalizados ortogonales)

$$C = \begin{pmatrix} c'_1 \\ \vdots \\ c'_{m-1} \end{pmatrix}, \quad \begin{aligned} 1'_m c_k &= 0, & 1 \leq k \leq m, \\ c'_k c_k &= 1, & 1 \leq k \leq m, \\ c'_k c_s &= 0, & 1 \leq k \neq s \leq m. \end{aligned}$$

Teniendo en cuenta esta equivalencia, Mauchly propuso el siguiente test para contrastar (10.1)

$$\text{Rechazar (10.1) si } -c \log(W) \geq \chi_{f,1-\alpha}^2,$$

donde

$$f = \frac{m(m-1)}{2} - 1, \quad c = \nu - \frac{2m^2 - 3m + 3}{6(m-1)}, \quad W = \frac{(m-1)^{m-1} \det(T)}{\{\text{tr}(T)\}^{m-1}}, \quad T = CSC',$$

S es un estimador insesgado de Σ , en nuestro caso tomamos

$$S = \frac{1}{N-a} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i)(Y_{ij} - \bar{Y}_i)',$$

y ν son los grados de libertad de la matriz S (en nuestro caso $N-a$). El valor de W no depende de la elección de C .

Este test es sensible a desviaciones de normalidad. Es conservativo para distribuciones con colas más ligeras que la normal y liberal para distribuciones con colas pesadas.

10.4. Análisis univariante

Se tiene la siguiente descomposición de la variabilidad total:

$$SC_{tot} = SC_A + SC_{B(A)} + SC_C + SC_{AC} + SC_\varepsilon$$

con grados de libertad asociados

$$mN - 1 = a - 1 + N - a + m - 1 + (a-1)(m-1) + (N-a)(m-1)$$

donde

$$\begin{aligned} SC_{tot} &= \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} \sum_{k=1}^m (y_{ijk} - \bar{y}_{...})^2 & SC_C &= N \sum_{k=1}^m (\bar{y}_{..k} - \bar{y}_{...})^2 \\ SC_A &= m \sum_{i=1}^a n_i (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...})^2 & SC_{AC} &= \sum_{i=1}^a \sum_{k=1}^m n_i (\bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{..k} + \bar{y}_{...})^2 \\ SC_{B(A)} &= m \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..})^2 & SC_\varepsilon &= \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} \sum_{k=1}^m (y_{ijk} - \bar{y}_{i.k} - \bar{y}_{ij.} + \bar{y}_{i..})^2 \end{aligned}$$

Si la condición (10.1) es cierta, y denotando $\sigma^2 = \frac{1}{m} \text{var}(\varepsilon_{ij})$, se tiene que

$$\begin{aligned} E(CM_A) &= \frac{m}{a-1} \sum_{i=1}^a n_i \alpha_i^2 + \{\sigma^2 + m\sigma_{B(A)}^2\}, \\ E(CM_{B(A)}) &= \sigma^2 + m\sigma_{B(A)}^2, \\ E(CM_C) &= \frac{N}{m-1} \sum_{k=1}^m \gamma_k^2 + \lambda, \\ E(CM_{AC}) &= \frac{1}{(a-1)(m-1)} \sum_{i=1}^a \sum_{k=1}^m n_i \alpha \gamma_{ik}^2 + \lambda, \\ E(CM_\varepsilon) &= \lambda, \end{aligned}$$

además las SC son independientes y se distribuyen según leyes chi-cuadrado como sigue

$$\begin{aligned} \frac{SC_A}{\sigma^2 + m\sigma_{B(A)}^2} &\sim \chi_{a-1, \lambda_A}^2, \quad \lambda_A = \frac{1}{\sigma^2 + m\sigma_{B(A)}^2} \frac{m}{a-1} \sum_{i=1}^a n_i \alpha_i^2, \\ \frac{SC_{B(A)}}{\sigma^2 + m\sigma_{B(A)}^2} &\sim \chi_{N-a}^2, \\ \frac{SC_C}{\lambda} &\sim \chi_{m-1, \lambda_C}^2, \quad \lambda_C = \frac{1}{\lambda} \frac{N}{m-1} \sum_{k=1}^m \gamma_k^2, \\ \frac{SC_{AC}}{\lambda} &\sim \chi_{(a-1)(m-1), \lambda_{AC}}^2, \quad \lambda_{AC} = \frac{1}{\lambda} \frac{1}{(a-1)(m-1)} \sum_{i=1}^a \sum_{k=1}^m n_i \alpha \gamma_{ik}^2, \\ \frac{SC_\varepsilon}{\lambda} &\sim \chi_{(N-a)(m-1)}^2. \end{aligned}$$

Las hipótesis H_{0A} , H_{0C} y H_{0AC} serán rechazadas para valores “grades” de los correspondientes F estadísticos. La siguiente tabla muestra la descomposición realizada y los F estadísticos asociados a estos contrastes

Fuente de variación	Suma de cuadrados	grados de libertad	Cuadrados medios	F
Tratamiento	SC_A	$a-1$	CM_α	$F_A = CM_\alpha / CM_{B(A)}$
Individuos	$SC_{B(A)}$	$N-a$	$CM_{B(A)}$	
Tiempo	SC_C	$m-1$	CM_C	$F_C = CM_C / CM_\varepsilon$
Interacción	$SC_{B(A)}$	$(a-1)(m-1)$	$CM_{B(A)}$	$F_{AC} = CM_{AC} / CM_\varepsilon$
Error	SC_ε	$(N-a)(m-1)$	CM_ε	
Total	SC_{tot}	$mN-1$		

Efecto de no esfericidad : el test sobre el efecto del tratamiento es válido aunque esta hipótesis no sea cierta; sin embargo, sí afecta a los contrastes sobre el efecto del tiempo y la interacción: el tamaño real del test F es superior al nominal, α , lo que implica que muchas hipótesis nulas ciertas van a ser rechazadas. Si esta hipótesis no se cumple entonces aplicaremos técnicas multivariantes (se estudiarán en el siguiente apartado). Si la hipótesis de esfericidad es cierta, entonces las técnicas multivariantes son menos potentes que las univariantes, por lo que la aplicación directa de las técnicas multivariantes no es la mejor estrategia.

Esta pérdida de potencia ha motivado que algunos autores hayan propuesto ajustes (aplicables al caso de desviación “moderada” de la hipótesis de esfericidad) que hacen el test F menos liberal. Estos

ajustes consisten en tomar los puntos críticos (análogamente para los p -valores) de una ley $F_{\varepsilon\nu_1, \varepsilon\nu_2}$ en vez de considerar la original F_{ν_1, ν_2} . La función `Anova` del paquete `car` del lenguaje R calcula las propuestas para ε dadas por Greenhouse-Geisser (GG) y por Huynh-Feldt (HF). El uso del último es recomendado porque es menos conservativo que el ajuste de GG. Esta función también calcula el test de Mauchly para contrastar esfericidad.

10.5. Análisis multivariante

Los datos $Y_{ij} = (y_{ij1}, \dots, y_{ijm})'$, $1 \leq j \leq n_i$, $1 \leq i \leq a$, se ajustan a un modelo MANOVA de 1 vía

$$Y_{ij} = \underline{\mu} + \underline{\alpha}_i + \varepsilon_{ij} \quad \begin{array}{l} 1 \leq j \leq n_i \\ 1 \leq i \leq a \\ \varepsilon_{ij} \text{ i.i.d. } N_m(0, \Sigma) \end{array} \quad (10.2)$$

o equivalentemente

$$Y_{ij} = \mu_i + \varepsilon_{ij} \quad \text{con} \quad \mu_i = \underline{\mu} + \underline{\alpha}_i = (\mu_{i1}, \dots, \mu_{im}),$$

con μ_{ij} = media del tratamiento i en el instante j . Los análogos multivariantes de las SC_A y SC_ε son

$$F = \sum_{i=1}^a n_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}) (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})', \quad E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i) (Y_{ij} - \bar{Y}_i)',$$

respectivamente. Los estadísticos para contrastar la hipótesis

$$H_0 : \underline{\alpha}_1 = \dots = \underline{\alpha}_a \iff \mu_1 = \dots = \mu_a$$

son funciones de los autovalores de HE^{-1} , $\lambda_1, \dots, \lambda_s$, $s = \min\{a-1, m\}$:

$$\text{Lambda de Wilks: } \Lambda = \frac{|E|}{|E + F|} = \prod_{i=1}^s \frac{1}{1 + \lambda_i}$$

$$\text{La traza de Lawley-Hotelling: } \text{tr}(FE^{-1}) = \sum_{i=1}^s \lambda_i$$

$$\text{La traza de Pillai: } \text{tr}\{F(F + E)^{-1}\} = \sum_{i=1}^s \frac{\lambda_i}{1 + \lambda_i}$$

$$\text{La raíz máxima de Roy: } \lambda_{\max} = \max_{1 \leq i \leq s} \lambda_i$$

Ahora reescribimos las hipótesis de interés en el modelo de medidas repetidas en términos del modelo MANOVA de 1 vía (10.2):

No efecto del tratamiento,

$$H_{0A} : \alpha_1 = \dots = \alpha_a \iff \bar{\mu}_1 = \dots = \bar{\mu}_a.$$

Se tiene que

$$\bar{y}_{ij.} \sim N(\bar{\mu}_1, \theta^2),$$

donde $\theta^2 = \frac{1}{m^2} \mathbf{1}'_m \Sigma \mathbf{1}_m$ es la varianza común. Por tanto, para contrastar H_{0A} , podemos aplicar el test F del ANOVA de 1 vía a las N medias $\bar{y}_{11}, \dots, \bar{y}_{ana}$, obteniendo

$$F_A = \frac{N-a}{a-1} \frac{\sum_{i=1}^a n_i (\bar{y}_{i..} - \bar{y}_{...})^2}{\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} (\bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..})^2} \stackrel{H_{0A}}{\sim} \mathcal{F}_{a-1, N-a},$$

que coincide con el estudiado en el análisis univariante.

No efecto del instante,

$$H_{0C} : \gamma_1 = \dots = \gamma_m \iff \bar{\mu}_{..1} = \dots = \bar{\mu}_{..m}$$

Los estimadores de mínimos cuadrados (que coinciden con los de ML) de las $\bar{\mu}_{..k}$, $1 \leq k \leq m$, son

$$\bar{y}_{..k}, \quad 1 \leq k \leq m.$$

Estos estimadores están correlados, y por tanto debemos usar un test multivariante. Se tiene que

$$(\bar{y}_{..1}, \dots, \bar{y}_{..m})' \sim N_m \left((\bar{\mu}_{..1}, \dots, \bar{\mu}_{..m})', \frac{1}{N} \Sigma \right).$$

Sea $D_m \in \mathcal{M}_{m \times (m-1)}$ definida como

$$D'_m = \begin{pmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 & -1 \\ 0 & 1 & \dots & 0 & -1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & 1 & -1 \end{pmatrix}$$

Nótese que H_{0C} es equivalente a

$$D'_m \bar{\mu} = 0,$$

donde

$$\bar{\mu} = (\bar{\mu}_{..1}, \dots, \bar{\mu}_{..m})'.$$

Sea $\bar{Y} = (\bar{y}_{..1}, \dots, \bar{y}_{..m})'$, se tiene que

$$D'_m \bar{Y} \stackrel{H_{0A}}{\sim} N_{m-1} \left(0, \frac{1}{N} D'_m \Sigma D_m \right).$$

Un estimador insesgado de Σ es

$$S = \frac{1}{N-a} E, \quad E = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^{n_i} (Y_{ij} - \bar{Y}_i)(Y_{ij} - \bar{Y}_i)' \sim W_m(N-a, \Sigma)$$

Resumiendo, H_{0C} puede ser expresada como una hipótesis sobre la media de una población normal, de la que se dispone de un estimador de la matriz de varianzas.

Recuérdese que

$$\left. \begin{array}{l} Y_1, \dots, Y_n \sim N_m(\mu, \Sigma) \\ W \sim W_m(r, \Sigma) \\ \text{independientes} \end{array} \right\} \implies T^2 = (\bar{Y} - \mu)'(W/r)^{-1}(\bar{Y} - \mu) \sim T_{m,r}^2 \implies \frac{r-m+1}{rm} T^2 \sim \mathcal{F}_{m, r-m+1}$$

Aplicando la teoría para este tipo de contrastes, se sigue que una región crítica es

$$F \geq \mathcal{F}_{m-1, N-a-m+2, 1-\alpha}$$

$$F = \frac{N-a-m+2}{(N-a)(m-1)} T^2, \quad T^2 = N\bar{Y}'D_m(D_m'SD_m)^{-1}D_m'\bar{Y}.$$

No interacción entre tratamiento y tiempo, $H_{0AC} : \alpha\gamma_{11} = \dots = \alpha\gamma_{am}$ es equivalente a

$$\begin{pmatrix} \mu_{11} - \mu_{12} \\ \mu_{12} - \mu_{13} \\ \vdots \\ \mu_{1m-1} - \mu_{1m} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mu_{21} - \mu_{22} \\ \mu_{22} - \mu_{23} \\ \vdots \\ \mu_{2m-1} - \mu_{2m} \end{pmatrix} = \dots = \begin{pmatrix} \mu_{a1} - \mu_{a2} \\ \mu_{a2} - \mu_{a3} \\ \vdots \\ \mu_{am-1} - \mu_{am} \end{pmatrix}$$

Sea

$$M = \begin{pmatrix} \mu'_1 \\ \mu'_2 \\ \vdots \\ \mu'_a \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mu_{11} & \dots & \mu_{1m} \\ \mu_{21} & \dots & \mu_{2m} \\ \vdots & & \vdots \\ \mu_{a1} & \dots & \mu_{am} \end{pmatrix}$$

La hipótesis de no interacción puede expresarse como

$$H_{0AC} : D'_a M D_m = 0$$

Se trata por tanto de un test de igualdad de medias, no de las observaciones originales, sino sobre una transformación de éstas, $Z_{ij} = Y_{ij}D_m$.

10.6. Análisis con R

EJEMPLO: Se desea investigar el efecto de 4 drogas en perros. Para ello 16 perros fueron divididos en 4 grupos, a cada uno de los cuales se le asignó una de las drogas. Tras su administración, a los perros se les midió el nivel de cierta sustancia en la sangre en tres instantes. Los resultados obtenidos se muestran en la siguiente tabla. Considerar como variable respuesta el logaritmo del nivel de la sustancia.

droga	perro	tiempo			droga	perro	tiempo		
		t_1	t_2	t_3			t_1	t_2	t_3
1	1	0.20	0.10	0.08	3	9	0.62	0.31	0.22
	2	0.06	0.02	0.02		10	1.05	0.73	0.60
	3	1.40	0.48	0.24		11	0.83	1.07	0.80
	4	0.57	0.35	0.24		12	3.13	2.06	1.23
2	5	0.09	0.13	0.14	4	13	0.09	0.09	0.08
	6	0.11	0.10	0.09		14	0.09	0.09	0.10
	7	0.07	0.07	0.07		15	0.10	0.12	0.12
	8	0.07	0.06	0.07		16	0.05	0.05	0.05

```

mrdata=read.table("MedidasRepetidasDatos.txt", head=TRUE)
str(mrdata)

'data.frame':  48 obs. of  4 variables:
 $ dog   : int  1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 ...
 $ group: int  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ time  : int  1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 ...
 $ y     : num  0.2 0.1 0.08 0.06 0.02 0.02 1.4 0.48 0.24 0.57 ...

mrdata$dog=as.factor(mrdata$dog)
mrdata$group=as.factor(mrdata$group)
mrdata$time=as.factor(mrdata$time)
mrdata$y=log(mrdata$y)
str(mrdata)

'data.frame':  48 obs. of  4 variables:
 $ dog   : Factor w/ 16 levels "1","2","3","4",...: 1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 ...
 $ group: Factor w/ 4 levels "1","2","3","4": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ time  : Factor w/ 3 levels "1","2","3": 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 ...
 $ y     : num  0.2 0.1 0.08 0.06 0.02 0.02 1.4 0.48 0.24 0.57 ...

#%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
# análisis univariante suponiendo esfericidad
#%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%
mr2=aov(y~group*time+Error(dog), data=mrdata)
summary(mr2)

Error: dog
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
group    3  42.16  14.054   7.667  0.004 **
Residuals 12   22.00    1.833

Error: Within
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
time    2  1.4762  0.7381  19.651 8.82e-06 ***
group:time 6  2.2318  0.3720   9.903 1.58e-05 ***
Residuals 24  0.9014  0.0376

#####
# La funcion Anova del paquete car realiza:
# (a) analisis multivariante
# (b) analisis univariante
# (c) test de esfericidad + correcciones
#####
response.matrix=cbind(mrdata$y[mrdata$time==1],mrdata$y[mrdata$time==2],mrdata$y[mrdata$time==3])
factor.matrix=as.factor(rep(1:4, each=4))
model=lm(response.matrix~factor.matrix)
design <- factor(c("1", "2", "3"))
library(car)
vvv = Anova(model, idata=data.frame(design), idesign=~design)
summary(vvv) #mostramos la parte relevante de la salida

Term: factor.matrix ## ***** H_0A: no efecto del tratamiento

Multivariate Tests: factor.matriz
      Df test stat approx F num Df den Df Pr(>F)
Pillai    3 0.6571386  7.66652    3    12 0.0040014 **

```

Wilks	3	0.3428614	7.66652	3	12	0.0040014	**
Hotelling-Lawley	3	1.9166301	7.66652	3	12	0.0040014	**
Roy	3	1.9166301	7.66652	3	12	0.0040014	**

Term: design ## ***** H_OC: no efecto del tiempo

Multivariate Tests: design

	Df	test stat	approx F	num Df	den Df	Pr(>F)
Pillai	1	0.6802503	11.70095	2	11	0.00189 **
Wilks	1	0.3197497	11.70095	2	11	0.00189 **
Hotelling-Lawley	1	2.1274463	11.70095	2	11	0.00189 **
Roy	1	2.1274463	11.70095	2	11	0.00189 **

Term: factor.matriz:design H_OAC: no interaccion tiempo x factor = paralelismo de perfiles

Multivariate Tests: factor.matriz:design

	Df	test stat	approx F	num Df	den Df	Pr(>F)
Pillai	3	0.974418	3.800448	6	24	0.00838419 **
Wilks	3	0.194506	4.647244	6	22	0.00340964 **
Hotelling-Lawley	3	3.272764	5.454606	6	20	0.00175056 **
Roy	3	2.981472	11.925890	3	12	0.00065203 ***

Univariate Type II Repeated-Measures ANOVA Assuming Sphericity

	SS	num Df	Error SS	den Df	F	Pr(>F)
(Intercept)	145.541	1	21.9982	12	79.3926	1.227e-06 ***
factor.matriz	42.162	3	21.9982	12	7.6665	0.004001 **
design	1.476	2	0.9014	24	19.6507	8.822e-06 ***
factor.matriz:design	2.232	6	0.9014	24	9.9032	1.580e-05 ***

Mauchly Tests for Sphericity

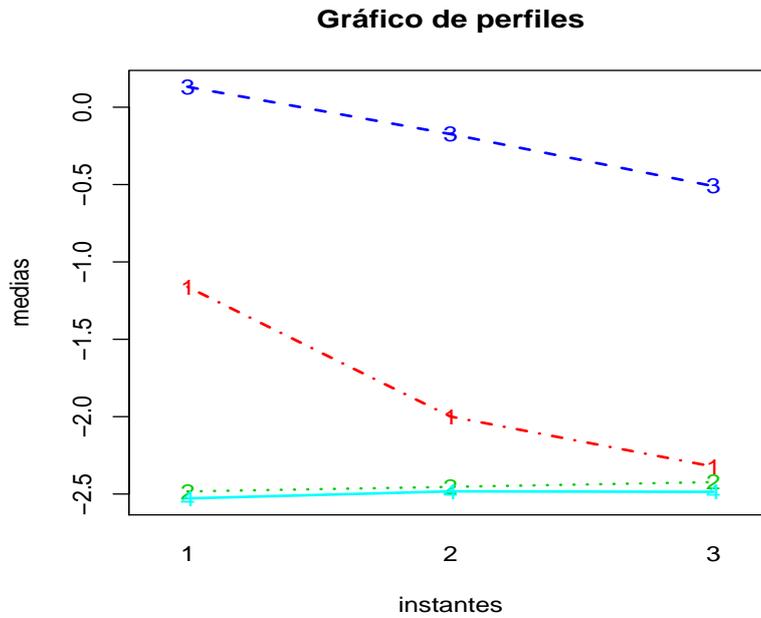
	Test statistic	p-value
design	0.56316	0.04251
factor.matriz:design	0.56316	0.04251

Greenhouse-Geisser and Huynh-Feldt Corrections
for Departure from Sphericity

	GG eps	Pr(>F[GG])
design	0.69597	0.0001368 ***
factor.matriz:design	0.69597	0.0002411 ***

	HF eps	Pr(>F[HF])
design	0.7586371	7.751904e-05
factor.matriz:design	0.7586371	1.369334e-04

```
#grafico de perfiles
interaction.plot(mrdata$time,mrdata$group,mrdata$y, fun="mean", xlab="instantes", ylab="medias", main="Gráfico de perfiles",col = 2:5,type="o",lwd=2, legend=FALSE)
```



```
#Comprobamos la igualdad de las matrices de varianzas-covarianzas
library(biotools)
boxM(response.matrix, factor.matrix)
      Box's M-test for Homogeneity of Covariance Matrices
```

```
data: response.matrix
Chi-Sq (approx.) = 14.837, df = 18, p-value = 0.6731
```

10.7. Problema

1. Se ha realizado un experimento similar al descrito en el ejemplo anterior con ratas. Analiza los datos

droga	ratón	tiempo			
		t_1	t_2	t_3	t_4
1	1	-0.3	-0.2	1.2	3.1
	2	-0.5	2.2	3.3	3.7
	3	-1.1	2.4	2.2	2.7
	4	1.0	1.7	2.1	2.5
	5	-0.3	0.8	0.6	0.9
2	6	-1.1	-2.2	0.2	0.3
	7	-1.4	-0.2	-0.5	-0.1
	8	-0.1	-0.1	-0.5	-0.3
	9	-0.2	0.1	-0.2	0.4
	10	-0.1	-0.2	0.7	-0.3
3	11	-1.8	0.2	0.1	0.6
	12	-0.5	0.0	1.0	0.5
	13	-1.0	-0.3	-2.1	0.6
	14	0.4	0.4	-0.7	-0.3
	15	-0.5	0.9	-0.4	-0.3

Capítulo 11

Factores con 2 niveles

11.1. Introducción

En temas anteriores se han estudiado los diseños multifactoriales en general. No obstante, existen casos particulares que resultan de interés especial por su gran aplicabilidad.

El más importante de ellos es el diseño con k factores, cada uno de ellos con 2 niveles, denominado **diseño factorial 2^k** . Este diseño es especialmente útil en las primeras etapas de una experimentación, donde el número de factores a considerar suele ser elevado, pues es el que requiere menor número de ensayos por réplica en un diseño factorial completo.

En este tema estudiaremos estos diseños. A lo largo del mismo supondremos que:

1. Los factores son fijos y cruzados.
2. Los diseños son completamente aleatorizados.
3. Los errores satisfacen la hipótesis de normalidad.

11.2. Diseño 2^2

En este diseño se investigan dos factores, A y B , cada uno de ellos con dos niveles, que suelen denominarse “superior.” “inferior”, “presencia” “ausencia”, “alto” “bajo”, $A^- A^+$ y $B^- B^+$, etc.

Supongamos que se realizan n ($n \geq 2$) réplicas del experimento. El modelo asociado es

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}, \quad \begin{array}{l} i, j = 1, 2, \\ k = 1, \dots, n, \\ \varepsilon_{ijk} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2). \end{array}$$

Si para resolver el sistema de ecuaciones normales, imponemos las condiciones habituales

$$\left. \begin{array}{l} \alpha_1 + \alpha_2 = 0 \longrightarrow \alpha_1 = -\alpha_2, \\ \beta_1 + \beta_2 = 0 \longrightarrow \beta_1 = -\beta_2, \\ \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{12} = 0 \\ \alpha\beta_{21} + \alpha\beta_{22} = 0 \\ \alpha\beta_{11} + \alpha\beta_{21} = 0 \\ \alpha\beta_{12} + \alpha\beta_{22} = 0 \end{array} \right\} \longrightarrow \alpha\beta_{11} = -\alpha\beta_{12} = -\alpha\beta_{21} = \alpha\beta_{22},$$

se obtiene

$$\begin{aligned} \hat{\mu} &= \bar{y}_{...} \\ \hat{\alpha}_2 &= \bar{y}_{2..} - \bar{y}_{...} = -\hat{\alpha}_1 \\ \hat{\beta}_2 &= \bar{y}_{.2.} - \bar{y}_{...} = -\hat{\beta}_1 \\ \widehat{\alpha\beta}_{22} &= \bar{y}_{22.} - \bar{y}_{2..} - \bar{y}_{.2.} + \bar{y}_{...} = -\widehat{\alpha\beta}_{12} = -\widehat{\alpha\beta}_{21} = \widehat{\alpha\beta}_{11}. \end{aligned}$$

Si representamos mediante

$$\begin{aligned} (1) &= \text{total de observaciones en la celdilla 11} = y_{11}. && A^- B^- \\ a &= \text{total de observaciones en la celdilla 21} = y_{21}. && A^+ B^- \\ b &= \text{total de observaciones en la celdilla 12} = y_{12}. && A^- B^+ \\ ab &= \text{total de observaciones en la celdilla 22} = y_{22}. && A^+ B^+ \end{aligned}$$

(nótese que el símbolo a se utiliza para indicar que A está presente, o que se se ensaya el nivel alto de A , etc, y análogo para el símbolo b), se tiene que

$$\begin{aligned} \hat{\mu} &= \frac{1}{4n} \{(1) + a + b + ab\} \\ \hat{\alpha}_2 &= \frac{1}{4n} \{a + ab - (1) - b\} && \text{a } a + ab - (1) - b \text{ se le denomina } \mathbf{contraste A} \\ \hat{\beta}_2 &= \frac{1}{4n} \{b + ab - (1) - a\} && \text{a } b + ab - (1) - a \text{ se le denomina } \mathbf{contraste B} \\ \widehat{\alpha\beta}_{22} &= \frac{1}{4n} \{(1) + ab - a - b\} && \text{a } (1) + ab - a - b \text{ se le denomina } \mathbf{contraste AB} \end{aligned}$$

Esto puede representarse en la denominada **tabla de signos**, donde en la primera columna se colocan los totales por celdillas en “orden estándar”, $(1) a b ab$, y en las siguientes columnas los signos asociados a los efectos en el modelo, incluyendo la media:

Combinaciones de tratamientos	Efectos			
	I	A	B	AB
(1)	+	-	-	+
a	+	+	-	-
b	+	-	+	-
ab	+	+	+	+

Tabla de signos de un diseño 2^2

La columna encabezada por “I” siempre tiene signo positivo en todas las combinaciones de tratamientos y corresponde al parámetro μ .

La columna encabezada por “A” contiene los signos del estimador de α_2 =efecto principal de la presencia de A . Nótese que tiene signo + siempre que aparece a en las combinaciones de tratamientos, esto es, en presencia de A^+ .

Una explicación análoga puede darse para la columna encabezada por “B”.

Nótese que la columna encabezada por “AB” es el producto de las columnas A y B, y contiene los signos del estimador de $\alpha\beta_{22}$ =efecto de interacción de la presencia de A y B .

La descomposición de la variabilidad total, junto con sus correspondientes grados de libertad, para este modelo es

$$\begin{array}{cccccc} SC_{tot} & = & SC_A & + & SC_B & + & SC_{AB} & + & SC_\epsilon \\ 4n - 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 4(n - 1) \end{array}$$

donde

$$\begin{aligned} SC_A &= 2n \sum_i \hat{\alpha}_i^2 = 4n\hat{\alpha}_2^2 = \frac{1}{4n} \{ \text{contraste A} \}^2 \\ SC_B &= 2n \sum_j \hat{\beta}_j^2 = 4n\hat{\beta}_2^2 = \frac{1}{4n} \{ \text{contraste B} \}^2 \\ SC_{AB} &= n \sum_{ij} \widehat{\alpha\beta}_{ij}^2 = 4n\widehat{\alpha\beta}_{22}^2 = \frac{1}{4n} \{ \text{contraste AB} \}^2 \\ SC_\varepsilon &= SC_{tot} - SC_A - SC_B - SC_{AB} \end{aligned}$$

Bajo la hipótesis de normalidad, las SC/σ^2 se distribuyen según leyes χ^2 y son independientes. La tabla ANOVA para este modelo se construye como se estudió en el Tema 4.

Una forma alternativa de analizar los datos es considerando el modelo de regresión

$$y = \gamma_0 + \gamma_1 x_1 + \gamma_2 x_2 + \gamma_{12} x_1 x_2 + \varepsilon$$

donde

$$x_1 = \begin{cases} -1 & \text{si no A (A}^-) \\ 1 & \text{si A (A}^+) \end{cases} \quad x_2 = \begin{cases} -1 & \text{si no B (B}^-) \\ 1 & \text{si B (B}^+) \end{cases}$$

y por tanto

$$\gamma_0 = \mu, \quad \gamma_1 = \alpha_2, \quad \gamma_2 = \beta_2, \quad \gamma_{12} = \alpha\beta_{22}.$$

11.3. Diseño 2^3

Consideremos ahora un experimento con tres factores, A , B y C , cada uno de ellos con 2 niveles, esto es, un diseño 2^3 . Supongamos que se realizan n ($n \geq 2$) réplicas del experimento. El modelo asociado es

$$y_{ijkm} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + \alpha\beta_{ij} + \alpha\gamma_{ik} + \beta\gamma_{jk} + \alpha\beta\gamma_{ijk} + \varepsilon_{ijkm}, \quad \begin{aligned} & i, j, k = 1, 2, \\ & m = 1, \dots, n, \\ & \varepsilon_{ijkm} \text{ i.i.d. } N(0, \sigma^2). \end{aligned}$$

Si para resolver el sistema de ecuaciones normales imponemos las condiciones habituales

$$\begin{aligned} \alpha_1 &= -\alpha_2 & \alpha\beta_{11} &= -\alpha\beta_{12} = -\alpha\beta_{21} = \alpha\beta_{22} \\ \beta_1 &= -\beta_2 & \alpha\gamma_{11} &= -\alpha\gamma_{12} = -\alpha\gamma_{21} = \alpha\gamma_{22} \\ \gamma_1 &= -\gamma_2 & \beta\gamma_{11} &= -\beta\gamma_{12} = -\beta\gamma_{21} = \beta\gamma_{22} \\ \alpha\beta\gamma_{111} &= -\alpha\beta\gamma_{211} = -\alpha\beta\gamma_{121} = -\alpha\beta\gamma_{112} = \alpha\beta\gamma_{122} = \alpha\beta\gamma_{212} = \alpha\beta\gamma_{221} = -\alpha\beta\gamma_{222} \end{aligned}$$

y denotando por

$$\begin{aligned} (1) &= \text{total de la celdilla con } A^- B^- C^- \\ a &= \text{total de la celdilla con } A^+ B^- C^- \\ b &= \text{total de la celdilla con } A^- B^+ C^- \\ ab &= \text{total de la celdilla con } A^+ B^+ C^- \\ c &= \text{total de la celdilla con } A^- B^- C^+ \\ ac &= \text{total de la celdilla con } A^+ B^- C^+ \\ bc &= \text{total de la celdilla con } A^- B^+ C^+ \\ abc &= \text{total de la celdilla con } A^+ B^+ C^+ \end{aligned}$$

(los totales por celdillas se han dispuesto en orden estándar: primero todos los tratamientos en su nivel inferior, luego añadimos a, luego añadimos b a todos, y finalmente añadimos c a todos. Si hubiera más

factores, se seguiría esta misma regla) se tiene que

$$\begin{aligned}
 \hat{\mu} &= \frac{1}{8n} \{ (1) + a + b + ab + c + ac + bc + abc \} \\
 \hat{\alpha}_2 &= \frac{1}{8n} \{ a + ab + ac + abc - (1) - b - c - bc \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste A} \} \\
 \hat{\beta}_2 &= \frac{1}{8n} \{ b + ab + bc + abc - (1) - a - c - ac \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste B} \} \\
 \hat{\gamma}_2 &= \frac{1}{8n} \{ c + ac + bc + abc - (1) - a - b - ab \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste C} \} \\
 \widehat{\alpha\beta}_{22} &= \frac{1}{8n} \{ abc + ab + c + (1) - a - b - ac - bc \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste AB} \} \\
 \widehat{\alpha\gamma}_{22} &= \frac{1}{8n} \{ (1) + b + ac + abc - a - ab - c - bc \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste AC} \} \\
 \widehat{\beta\gamma}_{22} &= \frac{1}{8n} \{ (1) + a + bc + abc - b - bc - c - ac \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste BC} \} \\
 \widehat{\alpha\beta\gamma}_{222} &= \frac{1}{8n} \{ abc + a + b + c - (1) - ab - ac - bc \} = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste ABC} \}
 \end{aligned}$$

La tabla de signos para este modelo es

Combinaciones de tratamientos	Efectos							
	I	A	B	C	AB	AC	BC	ABC
(1)	+	-	-	-	+	+	+	-
<i>a</i>	+	+	-	-	-	-	+	+
<i>b</i>	+	-	+	-	-	+	-	+
<i>ab</i>	+	+	+	-	+	-	-	-
<i>c</i>	+	-	-	+	+	-	-	+
<i>ac</i>	+	+	-	+	-	+	-	-
<i>bc</i>	+	-	+	+	-	-	+	-
<i>abc</i>	+	+	+	+	+	+	+	+

Tabla de signos de un diseño 2^3

Comentarios similares a los realizados para la tabla de signos del diseño 2^2 pueden hacerse ahora. Nótese que la columna correspondiente a ABC es el producto de las columnas A, B y C.

La descomposición de la variabilidad total, junto con sus correspondientes grados de libertad, para este modelo es

$$\begin{array}{rcccccccc}
 SC_{tot} & = & SC_A & + & SC_B & + & SC_C & + & SC_{AB} & + & SC_{AC} & + & SC_{BC} & + & SC_{ABC} & + & SC_\varepsilon \\
 8n - 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 1 & & 8(n - 1)
 \end{array}$$

donde

$$\begin{aligned}
 SC_A &= 4n \sum_i \hat{\alpha}_i^2 = 8n \hat{\alpha}_2^2 = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste A} \}^2 \\
 SC_{AB} &= 2n \sum_{ij} \widehat{\alpha\beta}_{ij}^2 = 8n \widehat{\alpha\beta}_{22}^2 = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste AB} \}^2 \\
 SC_{ABC} &= n \sum_{ijk} \widehat{\alpha\beta\gamma}_{ijk}^2 = 8n \widehat{\alpha\beta\gamma}_{222}^2 = \frac{1}{8n} \{ \text{contraste ABC} \}^2 \\
 SC_\varepsilon &= SC_{tot} - SC_A - SC_B - SC_C - SC_{AB} - SC_{AC} - SC_{BC} - SC_{ABC}
 \end{aligned}$$

De forma análoga a como se hizo en el diseño 2^2 , el estudio de los efectos de los factores puede realizarse mediante el modelo de regresión

$$y = \gamma_0 + \gamma_1 x_1 + \gamma_2 x_2 + \gamma_3 x_3 + \gamma_{12} x_1 x_2 + \gamma_{13} x_1 x_3 + \gamma_{23} x_2 x_3 + \gamma_{123} x_1 x_2 x_3 + \varepsilon$$

con

$$x_1 = \begin{cases} -1 & \text{si no A (A}^-) \\ 1 & \text{si A (A}^+) \end{cases} \quad x_2 = \begin{cases} -1 & \text{si no B (B}^-) \\ 1 & \text{si B (B}^+) \end{cases} \quad x_3 = \begin{cases} -1 & \text{si no C (C}^-) \\ 1 & \text{si C (C}^+) \end{cases}$$

11.4. Diseño 2^k

La metodología anterior puede generalizarse para el caso de un diseño con k factores, cada uno de ellos con 2 niveles, diseño 2^k . El modelo asociado incluiría:

- El efecto global
- k efectos principales
- $\binom{k}{2}$ interacciones de dos factores
- $\binom{k}{3}$ interacciones de tres factores
- \vdots
- una interacción de los k factores.

Para estimar cualquier efecto, así como la SC asociada, se puede hacer a partir de la tabla de signos:

$$\widehat{ef} = \frac{1}{2^{k_n}} \{ \text{contraste del efecto} \}, \quad SC_{ef} = \frac{1}{2^{k_n}} \{ \text{contraste del efecto} \}^2.$$

No obstante, este procedimiento puede resultar bastante laborioso para k grande. Un método alternativo para obtener los contrastes asociados a cada efecto es el siguiente:

- Para cada factor se considera el binomio

$$a \pm 1, \quad b \pm 1, \quad c \pm 1, \quad \dots$$

- El contraste asociado a un efecto es el producto de todos los binomios asociados a los factores en el diseño con

$$\begin{array}{ll} -1 & \text{para aquellos factores incluidos en el efecto} \\ +1 & \text{para aquellos factores no incluidos en el efecto} \end{array}$$

EJEMPLO: En un diseño 2^3 el contraste AB es $(a-1)(b-1)(c+1) = abc + ab + c + (1) - ac - bc - a - c$.

Otra forma de obtener los contrastes es mediante el **Algoritmo de Yates**, que consta de varios pasos:

1. Escribir en la primera columna los totales por celdilla en orden estándar.
2. Las primeras 2^{k-1} posiciones de las columnas siguientes se obtienen por adición: el elemento en la i -ésima fila de la columna $j+1$ se obtiene sumando los elementos en las filas $2i-1$ y $2i$ de la columna j .
3. Las restantes 2^{k-1} posiciones se obtienen por diferencia: el elemento en la fila $2^{k-1} + i$ de la columna $j+1$ se obtiene restando a la cantidad en la fila $2i$ en la columna j , la cantidad en la fila $2i-1$ de esta misma columna.
4. Las cantidades en la columna $k+1$ son: el total de las observaciones seguida de los contrastes para los efectos en orden estándar.

EJEMPLO: Consideremos un diseño 2^3

Orden estándar	Col. 1	Col. 2	Col. 3	Col. 4
(1)	12	34 (=12+22)	82 (=34+48)	196 (=82+114) = $y \dots$
a	22	48 (=18+30)	114 (=50+64)	48 (=22+26) = Contraste A
b	18	50 (=20+30)	22 (=10+12)	28 (=14+14) = Contraste B
ab	30	64 (=24+40)	26 (=10+16)	8 (=2+6) = Contraste AB
c	20	10 (=22-12)	14 (=48-34)	32 (=114-82) = Contraste C
ac	30	12 (=30-18)	14 (=64-50)	4 (=26-22) = Contraste AC
bc	24	10 (=30-20)	2 (=12-10)	0 (=14-14) = Contraste BC
abc	40	16 (=40-24)	6 (=16-10)	4 (=6-2) = Contraste ABC

11.5. Una réplica de un diseño 2^k

Incluso para un número moderado de factores, el número total de combinaciones de tratamientos en un diseño 2^k es grande. Por ejemplo, un diseño 2^5 tiene 32 combinaciones de tratamientos, un diseño 2^6 tiene 64, y así sucesivamente. Puesto que usualmente los recursos son limitados, el número de réplicas que el experimentador puede realizar está restringido. Frecuentemente, los recursos disponibles sólo permiten realizar una única réplica, salvo que el experimentador desee omitir algunos factores.

Con una única réplica, no hay estimador del error, ya que la $SC_\varepsilon = 0$. En estas circunstancias, el experimentador puede:

- Suponer que ciertas interacciones de orden superior son nulas, y combinar las sumas de cuadrados asociadas a tales interacciones para obtener un estimador de la varianza del error.
- La solución anterior es inapropiada en caso de que tales interacciones sean no nulas. Para salvar este problema, Daniel (1959) ha propuesto un método gráfico para decidir qué efectos, en un diseño factorial 2^k , son significativamente no nulos, cuando no se dispone de un estimador del error, y se sospecha que pueden existir interacciones de orden alto.

Bajo la hipótesis de normalidad, los estimadores de los efectos en un diseño 2^k son independientes y se distribuyen según una ley

$$\widehat{ef} \sim N\left(ef, \frac{\sigma^2}{2^k n}\right)$$

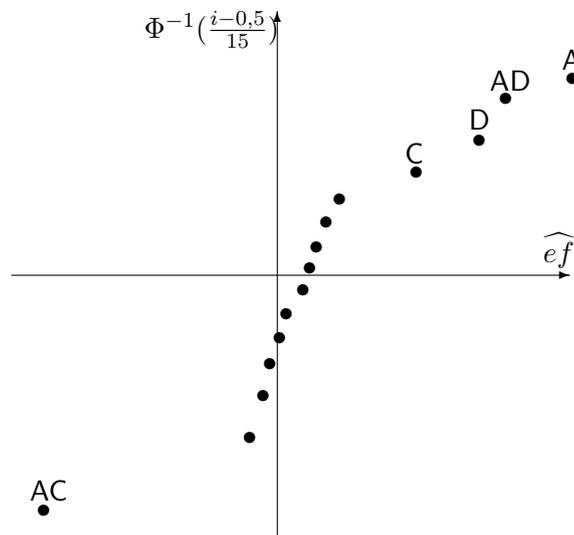
donde ef representa cualquier efecto en el modelo, \widehat{ef} su estimador y n el número de réplicas, que en nuestro caso es $n = 1$.

El método consiste en construir un gráfico de normalidad con los estimadores de los efectos. Puesto que todos tienen igual varianza, los estimadores de aquellos efectos despreciables se situarían en una línea recta, mientras estimadores de efectos no nulos se ubicarían lejos de la recta.

EJEMPLO: Se ha realizado una réplica de un diseño 2^4 obteniéndose los siguientes datos

	col1	col2	col3	col4	col5	$\widehat{ef} = \frac{\text{col5}}{2^4}$
(1)	45	116	229	502	1121	
<i>a</i>	71	113	273	619	173	10,8125
<i>b</i>	48	128	292	20	25	1,5625
<i>ab</i>	65	145	327	153	1	0,0625
<i>c</i>	68	143	43	14	79	4,9375
<i>ac</i>	60	149	-23	11	-145	-9,0625
<i>bc</i>	80	161	116	-16	19	1,1875
<i>abc</i>	65	166	37	17	15	0,9375
<i>d</i>	43	26	-3	44	117	7,3125
<i>ad</i>	100	17	17	35	133	8,3125
<i>bd</i>	45	-8	6	-66	-3	-0,1875
<i>abd</i>	104	-15	5	-79	33	2,0625
<i>cd</i>	75	57	-9	20	-9	-0,5625
<i>acd</i>	86	59	-7	-1	-13	-0,8125
<i>bcd</i>	70	11	2	2	-21	-1,3125
<i>abcd</i>	96	26	15	13	11	0,6875

Orden (i)	efecto	\widehat{ef}	$\frac{i-0,5}{15}$	$\Phi^{-1}\left(\frac{i-0,5}{15}\right)$
1	AC	-9,0625	0,0333	-1,8343
2	BCD	-1,3125	0,1000	-1,2817
3	ACD	-0,8125	0,1667	-0,9627
4	CD	-0,5625	0,2333	-0,7281
5	BD	-0,1875	0,3000	-0,5244
6	AB	0,0625	0,3667	-0,3495
7	ABCD	0,6875	0,4333	-0,1621
8	ABC	0,9375	0,5000	0,0000
9	BC	1,1875	0,5667	0,1621
10	B	1,5625	0,6333	0,3495
11	ABD	2,0625	0,7000	0,5244
12	C	4,9375	0,7667	0,7281
13	D	7,3125	0,8333	0,9627
14	AD	8,3125	0,9000	1,2817
15	A	10,8125	0,9667	1,8343



Puesto que tanto el efecto B como todas las interacciones con B son despreciables, podríamos descartar el factor B, teniendo así dos réplicas de un diseño 2^3 en los factores A, C y D. Como

$$SC_{tot} = 5730,9374$$

se tiene que

$$SC_{\varepsilon} = SC_{tot} - SC_A - SC_C - SC_D - SC_{AC} - SC_{AD} - SC_{CD} - SC_{ACD} = 179,50$$

de donde la tabla ANOVA para este diseño es

	SC	$g.l.$	CM	F
A	1870,5625	1	1870,5625	83,36*
C	390,0625	1	390,0625	17,38*
D	855,5625	1	855,5625	38,13*
AC	1314,0625	1	1314,0625	58,56*
AD	1105,5625	1	1105,5625	49,27*
CD	5,0625	1	5,0625	0,23
ACD	10,5625	1	10,5625	0,47
Error	179,5000	8	22,4375	

Se deducen conclusiones similares a las observadas gráficamente ($\mathcal{F}_{1,8,0,95} = 5,32$).

11.6. Confusión en el diseño factorial 2^k

11.6.1. Confusión en diseños 2^k en dos bloques de tamaño 2^{k-1}

Cuando se introdujo el diseño por bloques, sólo se consideró la situación en la que los bloques son completos, es decir, cada bloque contiene tantos puntos (individuos o plots) como tratamientos o combinaciones de tratamientos (cabe una réplica completa del diseño en cada bloque). Hay situaciones en las que el tamaño del bloque es pequeño para contener una réplica completa del experimento, pero es suficientemente grande para alguna fracción del experimento.

La *confusión* es una técnica de diseño utilizada para acomodar un experimento factorial completo en bloques, cuando el tamaño de los bloques es menor que el número de combinaciones de tratamientos en una réplica. Al utilizar este procedimiento, la información sobre ciertos efectos se *confunde* (se vuelve *indistinguible*) con los bloques.

Comencemos discutiendo un experimento 2^2 en dos bloques de dos puntos cada uno. En este caso existen tres opciones:

	Bloque 1	Bloque 2
(i)	(1), a	b, ab
(ii)	(1), b	a, ab
(iii)	(1), ab	a, b

El modelo, incluyendo los efectos de los bloques, puede ser escrito como sigue,

$$y_{ijg} = \gamma_0 + \gamma_1 x_1 + \gamma_2 x_2 + \gamma_{12} x_1 x_2 + \delta_g + \varepsilon_{ijg}$$

donde y_{ijg} es la respuesta en el i -ésimo nivel de A y en el j -ésimo nivel de B en el g -ésimo bloque,

$$x_1 = \begin{cases} -1 & \text{no A} \\ 1 & \text{sí A} \end{cases}, \quad x_2 = \begin{cases} -1 & \text{no B} \\ 1 & \text{sí B} \end{cases},$$

y δ_g es el efecto del bloque que se considera como fijo, verificando que $\delta_1 + \delta_2 = 0 \Rightarrow \delta_2 = \delta = -\delta_1$.

Consideremos la situación (i). El valor esperado para el contraste B es (utilizando el sufijo 1 para indicar el nivel bajo de un factor y 2 para el nivel alto)

$$\begin{aligned} E(B) &= E(y_{122} + y_{222} - y_{111} - y_{211}) \\ &= (\gamma_0 - \gamma_1 + \gamma_2 - \gamma_{12} + \delta) + (\gamma_0 + \gamma_1 + \gamma_2 + \gamma_{12} + \delta) - \\ &\quad (\gamma_0 - \gamma_1 - \gamma_2 + \gamma_{12} - \delta) - (\gamma_0 + \gamma_1 - \gamma_2 - \gamma_{12} - \delta) \\ &= 4\gamma_2 + 4\delta \end{aligned}$$

Por otro lado, $E(A) = 4\gamma_1$ y $E(AB) = 4\gamma_{12}$.

Así pues, el efecto del factor B y el efecto bloque son indistinguibles, se confunden. Esto es debido a que las dos observaciones en el bloque 1 tienen B bajo, y las dos observaciones en el bloque 2 tienen B alto, por lo que no se puede averiguar si las diferencias observadas son debidas al efecto de B, al efecto de los bloques, o a ambos. Por otro lado, cada bloque contiene una combinación de tratamientos con A alto y otra con A bajo, y por ello el efecto de los bloques se anula; lo mismo ocurre para AB. Se dice entonces que el efecto B *está completamente confundido* con los bloques.

En la situación (ii), A está confundido, pero B y AB no. En la práctica, la mayoría de los experimentadores elegirían la situación (iii), ya que en ella la interacción AB está confundida, mientras que los efectos principales están libres de los efectos de los bloques.

Consideremos ahora un diseño 2^3 en dos bloques de tamaño 4. En este caso el número de opciones se incrementa,

$$\frac{1}{2} \binom{8}{4} = 35.$$

Para cada una de ellas, el modelo es

$$y_{ijk} = \gamma_0 + \gamma_1 x_1 + \gamma_2 x_2 + \gamma_3 x_3 + \gamma_{12} x_1 x_2 + \gamma_{13} x_1 x_3 + \gamma_{23} x_2 x_3 + \gamma_{123} x_1 x_2 x_3 + \delta_g + \varepsilon_{ijk}$$

Una opción es considerar como primer bloque: (1), a, b, c (experimento *one-at-a-time*, se comienza con un punto base, y en cada prueba se modifica el nivel de un único factor, manteniendo el resto en el punto base). En este caso, el valor esperado del contraste entre bloques es

$$E\{abc + ab + ac + bc - (1) - a - b - c\} = 8\delta + 4\gamma_1 + 4\gamma_2 + 4\gamma_3 - 4\gamma_{123}.$$

También se tiene que $E(A) = 8\gamma_1 + 4\delta$. Los efectos principales y la interacción de los tres efectos principales están confundidos con los bloques.

Las combinaciones de tratamientos pueden disponerse en los bloques de modo que uno y sólo uno de los efectos esté confundido. Esto se consigue tomando uno de los siete contrastes para estimar los efectos, y colocando en un bloque todas las combinaciones de tratamientos que aparecen con signo positivo en el contraste, y en el otro bloque aquellas combinaciones de tratamientos con signo negativo. El contraste elegido será el único que se confundirá con el efecto bloque, mientras que el resto no. Así, si decidimos confundir ABC con los bloques, mirando la tabla de signos para este diseño, la división será

Bloque I	abc, a, b, c
Bloque II	ab, ac, bc, (1)

Obsérvese que en cada bloque hay dos puntos con A alto y A bajo. Lo mismo ocurre para B y C.

El bloque I está formado por todas las combinaciones de tratamientos con signo positivo en el contraste ABC. Se denominan *conjunto de puntos definidos por $I=+ABC$* , o *conjunto de puntos definidos por $x_1 x_2 x_3 = 1$* . El otro bloque contiene el *conjunto de puntos definidos por $I=-ABC$* , o *conjunto de puntos definidos por $x_1 x_2 x_3 = -1$* .

En general, sea P cualquier efecto. Denominaremos al conjunto de puntos que tienen signo positivo (negativo) en el contraste P, el *conjunto de puntos definido por $I=+P$ ($I=-P$)*. El contraste elegido se dice que es el *contraste que define el esquema de confusión*, o abreviadamente, *contraste definitorio (defining contrast)*.

Para realizar el análisis se procede como antes, utilizando el algoritmo de Yates, salvo que la suma de cuadrados para el contraste definitorio es descartada, puesto que está sesgada por el efecto de bloque.

La extensión al diseño 2^k en dos bloques con 2^{k-1} observaciones en cada bloque es obvia. El caso de más de dos bloques se tratará después.

11.6.2. Confusión parcial

Si el experimento consta de varias repeticiones, se tienen dos elecciones.

- Repetir cada vez el mismo esquema. En el ejemplo anterior, en cada réplica es confundido ABC.
- Confundir uno o más de los otros efectos en cada réplica. Siguiendo con el ejemplo anterior, si el experimento tiene cuatro réplicas, podría confundirse ABC en la primera, AB en la segunda, AC en la tercera y BC en la cuarta. En este caso se dice que las cuatro interacciones están *parcialmente confundidas* con los bloques, ya que cada interacción está confundida en una de las réplicas, pero no lo está en las otras tres réplicas. De este modo, se pierde un 25 % de información sobre cada interacción.

Por tanto, el experimentador tiene dos elecciones. Puede elegir no aprender nada sobre la interacción de los tres factores y retener el 100 % de información sobre las interacciones de dos factores, o puede obtener información de las cuatro interacciones a costa de incrementar la varianza de los estimadores de AB, AC y BC.

El análisis estadístico de los datos dependerá de la opción elegida.

- Para la opción 1, aplicar el algoritmo de Yates a los totales de todas las réplicas, descartando al final ABC.
- Para la opción 2, aplicar el algoritmo de Yates a cada réplica, descartando en cada una el efecto confundido, y luego sumar, escogiendo divisores apropiados.

11.6.3. Confusión en diseños 2^k en 2^p bloques de tamaño 2^{k-p}

Consideremos el conjunto formado por todos los efectos y un elemento unidad I. Por ejemplo, en un diseño 2^3 el conjunto a considerar es

$$\{I, A, B, C, AB, AC, CB, ABC\}$$

En este conjunto consideramos el producto interno definido de modo que el producto de un efecto principal por sí mismo sea el elemento unidad, $A \times A = A^2 = I, B \times B = B^2 = I, \dots$ Así,

$$ABC \times ABD = A^2B^2CD = CD$$

A CD se le denomina *interacción generalizada* de ABC y ABD. El conjunto de todos los efectos más el elemento unidad I con la multiplicación antes definida, forman un grupo¹ abeliano (conmutativo) de orden² 2^k .

Consideremos en primer lugar que se realiza un diseño 2^k en cuatro bloques con 2^{k-2} puntos cada bloque, confundiendo ABC y ABD. Podemos colocar en el primer bloque aquellos puntos con

Bloque I	$ABC = +1$	y	$ABD = +1$	\Rightarrow	$CD = +1$
Bloque II	$ABC = +1$	y	$ABD = -1$	\Rightarrow	$CD = -1$
Bloque III	$ABC = -1$	y	$ABD = +1$	\Rightarrow	$CD = -1$
Bloque IV	$ABC = -1$	y	$ABD = -1$	\Rightarrow	$CD = +1$

El contraste en los totales por bloques I+II-III-IV es el contraste ABC, el contraste en los totales por bloques I-II+III-IV es el contraste ABD, el contraste en los totales por bloques I-II-III+IV es el contraste CD, que se corresponden con los 3 g.l. de los bloques que se confunden con dichos efectos, y ningún otro efecto es confundido.

El caso general, sean P y Q dos efectos. Podemos dividir el diseño 2^k en cuatro bloques, cada uno con 2^{k-2} puntos, donde el bloque I está formado por aquellos puntos que tienen signo positivo en los contrastes P y Q; el bloque II está formado por aquellos puntos que tienen signo positivo en el contraste P y signo negativo en el contraste Q; el bloque III está formado por aquellos puntos que tienen signo negativo en el contraste P y signo positivo en el contraste Q; y el bloque IV está formado por aquellos puntos que tienen signo negativo en los contrastes P y Q. La interacción generalizada PQ también se confundirá con los bloques, siendo P, Q y PQ los únicos efectos confundidos.

Si deseamos disponer las observaciones en 8 bloques de tamaño 2^{k-3} , tomaremos un tercer efecto R, distinto de PQ. Los bloques estarán constituidos por las ocho posibles combinaciones de los puntos con

¹Sea C un conjunto no vacío, y T una operación interna. Al par (C,T) se le denomina grupo si se verifica la propiedad asociativa, existe un elemento neutro, y para cada elemento existe un elemento inverso.

²Número de elementos en el conjunto.

$P=\pm 1$, $Q=\pm 1$, $R=\pm 1$. Los efectos confundidos serán siete (que se corresponden con los siete grados de libertad asociados con los bloques): P, Q, R, PQ, PR, QR, PQR.

En el caso general de 2^p bloques, tomaremos p efectos independientes, es decir, de forma que ninguno de ellos pueda obtenerse como producto de otros, P, Q, R, S, Los bloques estarán definidos por $P=\pm 1$, $Q=\pm 1$, $R=\pm 1$, $S=\pm 1$, El conjunto de efectos confundidos constará de los efectos considerados y todas las posibles interacciones generalizadas, es decir, productos de dos, de tres, Así pues, si añadimos el elemento unidad al conjunto de efectos confundidos, con la multiplicación antes definida, forman un subgrupo del grupo de los efectos. Este subgrupo es denominado *subgrupo contraste definitorio* (*defining contrast subgroup*).

Suele ser deseable escoger los contrastes definitorios de modo que sólo las interacciones de orden superior sean confundidas.

11.7. Diseños fraccionales

Cuando el número de factores crece en un diseño 2^k , la cantidad de observaciones necesarias sobrepasa los recursos de la mayoría de los experimentadores. Así por ejemplo, un diseño 2^8 requiere 256 observaciones por réplica. Sólo 8 g.l. corresponden a los efectos principales, y 28 a las interacciones de dos factores. El resto de los 219 g.l. corresponden a interacciones de 3 ó más factores. Si se puede razonablemente suponer que las interacciones de orden superior son despreciables, el experimentador tiene 219 g.l. para el error, que es más de lo que realmente necesita para obtener un estimador adecuado de σ^2 . Por otro lado, tiene que hacer 256 pruebas para estimar sólo 8+28 efectos, i.e., tan sólo un 14% de los g.l. son utilizados para estimación.

Los cuadrados latinos pueden ser utilizados para estimar los efectos principales en un diseño factorial p^3 con sólo p^2 pruebas. Los cuadrados greco-latinos y los hiper-greco-latinos producen incluso mayores ahorros.

Estudiaremos fracciones de diseños 2^k . Los diseños factoriales fraccionales (o las fracciones de diseños factoriales) son comunmente utilizados en la experimentación industrial donde las pruebas son muy caras. También son muy utilizados en los denominados *screening experiments*, experimentos de criba o de prueba. Éstos son experimentos en los que son considerados muchos factores con el propósito de identificar aquellos factores con grandes efectos (si los hubiera). Estos experimentos son usualmente realizados en las primeras etapas de un proyecto, donde es probable que muchos de los factores inicialmente considerados tengan poco o ningún efecto sobre la respuesta. Los factores que son identificados como importantes son entonces investigados más profundamente en experimentos posteriores.

En adelante supondremos que el experimentador

1. está interesado en estimar los efectos principales y quizás las interacciones de dos factores.
2. supone que las interacciones de orden superior son despreciables.
3. no está particularmente interesado en estimar la varianza a partir de los datos (puede disponer de un estimador previo de la varianza).

Así pues, el énfasis se centrará en hallar "experimentos pequeños" (que necesiten pocas o relativamente pocas pruebas), en los que un alto porcentaje de g.l. son utilizados para estimación. En estos experimentos pequeños quedarán pocos (o incluso ningún) g.l. para estimar el error. Si el experimentador no tiene ningún estimador previo de la varianza, entonces puede utilizar el método gráfico introducido por Daniel para decidir qué efectos son significativos.

11.8. Diseño 2^{3-1}

Consideremos una situación con 3 factores con dos niveles cada uno, donde el experimentador no puede realizar todas las $2^3 = 8$ combinaciones de tratamientos. Supongamos que sólo puede realizar 4 pruebas, la

mitad de un réplica completa. A un diseño así se le denomina diseño 2^{3-1} . Supongamos que decide realizar las cuatro combinaciones de tratamientos a , b , c y abc .

Combinaciones de tratamientos	Efectos							
	I	A	B	C	AB	AC	BC	ABC
a	+	+	-	-	-	-	+	+
b	+	-	+	-	-	+	-	+
c	+	-	-	+	+	-	-	+
abc	+	+	+	+	+	+	+	+
ab	+	+	+	-	+	-	-	-
ac	+	+	-	+	-	+	-	-
bc	+	-	+	+	-	-	+	-
(1)	+	-	-	-	+	+	+	-

TABLA 1: Signos en un diseño 2^3

Mirando en la tabla, las combinaciones de tratamientos elegidas son aquellas que tienen signo + en la columna ABC. Se dice que ABC es el *generador* de esta fracción particular. Como la columna I siempre tiene signo +, a

$$I=ABC$$

se le denomina *relación definitoria* (defining relation) del diseño. También se utilizan los términos *palabra definitoria* y *contraste definitorio*. En general, la *relación definitoria* de un diseño factorial fraccional será siempre el conjunto de columnas en la tabla de signos que son iguales a la columna I.

Las combinaciones de tratamientos en el diseño 2^{3-1} producen 3 g.l. que podríamos usar para estimar los efectos principales. Mirando en la tabla, las combinaciones lineales para estimar los efectos principales son

$$l_A = \frac{1}{4}(a + abc - b - c)$$

$$l_B = \frac{1}{4}(b + abc - a - c)$$

$$l_C = \frac{1}{4}(c + abc - a - b)$$

Nótese que

$$l_A = l_{BC}$$

$$l_B = l_{AC}$$

$$l_C = l_{AB}$$

Se tiene que (ignorando interacciones de 3 factores)

$$E(l_A) = A + BC$$

$$E(l_B) = B + AC$$

$$E(l_C) = C + AB$$

es decir, en la fracción considerada, cuando estimamos A, realmente estamos estimando A+BC. Lo mismo ocurre con $B \rightarrow B+AC$ y $C \rightarrow C+AB$. Dos o más efectos con esta propiedad se denominan *alias*, o se dice que son *alias*. En nuestro caso, A y BC son alias, B y AC son alias, y C y AB son alias.

La estructura alias para un diseño puede ser determinada utilizando la relación definitoria. Multiplicando la relación definitoria por cualquier efecto se determinan sus alias. En nuestro caso se tendría

$$A = A \times I = A \times ABC = A^2BC = BC$$

$$B = B \times I = B \times ABC = AB^2C = AC$$

$$C = C \times I = C \times ABC = ABC^2 = AB$$

Si hubiésemos escogido los otro cuatro puntos, la relación definitoria hubiera sido

$$I = -ABC$$

y por tanto, la estructura alias sería

$$A = -BC$$

$$B = -AC$$

$$C = -AB$$

Así pues, en ambos casos, para estimar los efectos principales sin sesgo, hemos de suponer que las interacciones son nulas.

11.9. Clasificación de fracciones

Hemos visto que en el uso de réplicas fraccionales es necesario suponer a priori que ciertos efectos son nulos. Es una práctica común en la experimentación industrial hacer la hipótesis de que, en ausencia de información previa, todas las interacciones de tres o más factores pueden ser ignoradas. Nosotros haremos esta hipótesis a lo largo del tema (como ya se indicó en la introducción). Una interacción que es tomada como cero de este modo (a priori) diremos que es *suprimida* (puede que no sea 0, pero nosotros así la consideramos, i.e., la suprimimos del modelo). En ocasiones, también suprimiremos las interacciones de dos factores (como en el caso visto en el apartado anterior), y consideraremos estimar sólo los efectos principales. En adelante utilizaremos la abreviatura 2 f.i. para aludir a las interacciones de dos factores.

Un efecto se dice que es *estimable* si existe un contraste en los datos cuya esperanza está sesgada (en el modelo completo) sólo por efectos que hemos suprimido. El efecto que se estima se dice que es alias de los efectos que aparecen en la expresión del sesgo y que fueron suprimidos. Diseños en los que algunos efectos principales son alias de otros efectos principales no son de interés. El resto de los diseños (aquellos donde los efectos principales no son alias de otros efectos principales) son clasificados en varias clases. Una clasificación es la siguiente,

- (i) Diseños de efectos principales sólomente. Son fracciones en las que alguno de los efectos principales es alias de algún 2 f.i.. Por tanto, sólo son estimables los efectos principales cuando las correspondientes 2 f.i. son suprimidas. También se les denomina diseños de resolución III.
- (ii) Planes netos de efectos principales. Son fracciones en las que los efectos principales son estimables tanto si los 2 f.i. son suprimidos o no, pero donde algunos 2 f.i. son alias de otros 2 f.i.. También se les denomina diseños de resolución IV.
- (iii) Planes netos de 2 f.i.. Son aquellas fracciones en las que todos los efectos principales y todas las 2 f.i. son estimables. También se les denomina diseños de resolución V.

Hay autores que denominan a estas clases planes de tres, cuatro y cinco letras, respectivamente. La justificación de esta nomenclatura es la siguiente: si uno de los generadores es una palabra de tres letras, pongamos ABC, entonces A y BC son alias; también los son B y AC y C y AB. En este caso, los efectos

principales A, B y C son estimables sii las tres 2 f.i. son suprimidas. Si ABCD es un contraste definitorio, entonces A y BCD son alias, pero BC y AD también lo son. Con una palabra de cinco letras, ABCED, los efectos principales y los 2 f.i. son alias de interacciones de tres o más factores.

Usualmente, estaremos interesados en utilizar diseños fraccionales con la mayor resolución posible.

11.10. Diseño 2^{k-1}

Por lo que se ha visto en el apartado anterior, una fracción 1/2 de un diseño 2^k con la mayor resolución posible, viene determinada por la relación

$$I = ABC...(K - 1)K \quad \text{ó} \quad I = -ABC...(K - 1)K$$

Multiplicando por K se tiene

$$K = ABC...(K - 1) \quad \text{ó} \quad K = -ABC...(K - 1)$$

Así pues, una fracción 1/2 de un diseño 2^k con la máxima resolución puede ser construida escribiendo un diseño factorial completo con $k - 1$ factores, cada uno con dos niveles, y luego añadiendo el k -ésimo factor identificando sus signos con los de la interacción de mayor orden en el diseño completo con $k - 1$ factores, $ABC...(K - 1)$.

Otra forma de construir una fracción 1/2 es disponer las pruebas en dos bloques con la interacción de mayor orden $ABC...(K - 1)K$ confundida. Cada bloque es un diseño factorial fraccional 2^{k-1} con la mayor resolución.

Ejemplo. Consideremos un diseño 2^4 , para construir una fracción 1/2 con $I = ABCD$, lo que dará lugar a un diseño de resolución IV, primero escribimos un diseño 2^3 completo.

	Diseño 2^3			D=ABC	Combinación de tratamientos	Observaciones
	A	B	C			
(1)	-	-	-	-	(1)	7
a	+	-	-	+	ad	8
b	-	+	-	+	bd	12
ab	+	+	-	-	ab	1
c	-	-	+	+	cd	6
ac	+	-	+	-	ac	12
bc	-	+	+	-	bc	14
abc	+	+	+	+	abcd	6

Luego añadimos la columna del factor D (D=ABC), y finalmente obtenemos la combinación de tratamientos.

La relación definitoria para este diseño es $I=ABCD$, a partir de ella se obtiene la estructura de alias:

$$\begin{array}{ll}
 A=BCD & AB=CD \\
 B=ACD & AC=BD \\
 C=ABD & AD=BC \\
 D=ABC &
 \end{array}$$

Para calcular los estimadores de los efectos puede utilizarse el algoritmo de Yates, considerando un diseño 2^3 completo,

(1)	(2)	(3)	(4)	Efectos estimados
7	15	28	66	
8	13	38	-12	A
12	18	-10	0	B
1	20	-2	-26	AB+CD
6	1	-2	10	C
12	-11	2	8	AC+BD
14	6	-12	4	BC+AD
6	-8	-14	-2	D

Los efectos realmente estimados se obtienen multiplicando los efectos asociados con la combinaciones de tratamientos en el diseño 2^{k-1} completo, por la relación definitoria en el diseño factorial fraccional 2^{k-1} .

11.11. Diseño 2^{k-2}

Consideraremos en este apartado una fracción $1/4$ de un diseño 2^k . Este diseño consta de 2^{k-2} pruebas, y es usualmente denominado diseño factorial fraccional 2^{k-2} .

El diseño 2^{k-2} puede ser construido escribiendo primero un diseño factorial completo con $k-2$ factores, y entonces asociar las dos columnas adicionales con interacciones apropiadas de los $k-2$ primeros factores. Si P y Q representan los efectos elegidos, a P y Q se les denomina *generadores* o *palabras generadoras* de la fracción, y a

$$I = P \quad I = Q$$

se les denomina *relaciones generadoras* del diseño. Nótese que hay cuatro posibles fracciones. Los signos de P y Q determinan la fracción elegida.

La *relación definitoria completa* del diseño consta de todas las columnas que son iguales a la columna I. Nótese que si $I=P$ e $I=Q$, entonces la interacción generalizada PQ también verifica $I=PQ$. Por tanto, la relación definitoria completa será

$$I = P = Q = PQ \tag{11.1}$$

A P, Q y PQ se les denomina *palabras de la relación definitoria*. Los alias de cualquier efecto se obtienen multiplicando la relación (11.1) por tal efecto. Claramente, cada efecto tiene tres alias. El experimentador debe de tener cuidado a la hora de elegir los generadores, de modo que efectos de interés no sean alias entre sí.

Ejemplo. Consideremos el diseño 2^{6-2} , y supongamos que escogemos como generadores ABCE y BCDF. La interacción generalizada de estos generadores es

$$ABCE \times BCDF = AB^2C^2DEF = ADEF$$

y por tanto, la relación definitoria completa es

$$I = ABCE = BCDF = ADEF$$

Como el mínimo número de letras en la relación definitoria completa es cuatro, el diseño resultante es de resolución IV. Para este diseño, los efectos principales son alias de las interacciones de tres y cinco factores, mientras que las interacciones de dos factores tienen como alias otras interacciones de dos factores

e interacciones de orden superior. Más concretamente,

$$\begin{aligned}
 A &= BCE = DEF = ABCDF & AB &= CE = ACDF = BDEF \\
 B &= ACE = CDF = ABDEF & AC &= BE = ABDF = CDEF \\
 C &= ABE = BDF = ACDEF & AD &= EF = DCDE = ABCF \\
 D &= BCF = AEF = ABCDE & AE &= BC = DF = ABCDEF \\
 E &= ABC = ADF = BCDEF & AF &= DE = BCEF = ABCD \\
 F &= BCD = ADE = ABCEF & BD &= CF = ACDE = ABEF \\
 & & BF &= CD = ACEF = ABDE \\
 \\
 ABD &= CDE = ACF = BEF \\
 ACD &= BDE = ABF = CEF
 \end{aligned}$$

Para construir el diseño, primero escribimos un diseño completo 2^4 en A, B, C y D, y posteriormente, los factores E y F son añadidos con los signos de $E=ABC$ y $F=BCD$.

	Diseño 2^4				E=ABC	F=BCD	Combinación de tratamientos
	A	B	C	D			
(1)	-	-	-	-	-	-	(1)
a	+	-	-	-	+	-	ae
b	-	+	-	-	+	+	bef
ab	+	+	-	-	-	+	abf
c	-	-	+	-	+	+	cef
ac	+	-	+	-	-	+	acf
bc	-	+	+	-	-	-	bc
abc	+	+	+	-	+	-	abce
d	-	-	-	+	-	+	df
ad	+	-	-	+	+	+	adef
bd	-	+	-	+	+	-	bde
abd	+	+	-	+	-	-	abd
cd	-	-	+	+	+	-	cde
acd	+	-	+	+	-	-	acd
bcd	-	+	+	+	-	+	bcd
abcd	+	+	+	+	+	+	abcdef

Otras fracciones vienen dadas por

$$I = -ABCE = BCDF = -ADEF$$

$$I = ABCE = -BCDF = -ADEF$$

$$I = -ABCE = -BCDF = ADEF$$

Otra forma de obtener este diseño es a partir de un diseño 2^6 en 4 bloques con los efectos ABCE y BCDF confundidos. Cada bloque es un diseño 2^{6-2} .

11.12. Diseño factorial fraccional 2^{k-p}

Una fracción de un diseño 2^k con 2^{k-p} pruebas se denomina una fracción $1/2^p$ de un diseño 2^k , o simplemente, un diseño factorial fraccional 2^{k-p} . Estos diseños requieren la selección de p generadores independientes. La relación definitoria del diseño consta de los p generadores inicialmente elegidos y de sus $2^p - p - 1$ interacciones generalizadas.

La estructura alias puede ser determinada multiplicando cada efecto por la relación definitoria completa. Los generadores deben ser elegidos cuidadosamente de modo que efectos de interés no sean alias unos de otros. Cada efecto tiene $2^p - 1$ alias.

Es importante seleccionar los p generadores de modo que se obtengan las mejores relaciones alias posibles. Un criterio razonable es seleccionar los generadores tal que el diseño resultante tenga la mayor resolución posible (hay diseños tabulados).

Análisis. El diseño 2^{k-p} puede ser analizado mediante el algoritmo de Yates: para ello considerar un diseño factorial completo 2^r , donde $r = k - p$ es un subconjunto de los k factores originales. Como en el ejemplo antes visto, los efectos realmente estimados se obtienen multiplicando los efectos estimados en el diseño 2^r por la relación definitoria en el diseño 2^{k-p} .

También puede ser analizado mediante

$$l_i = \frac{\text{Contraste}_i}{N}$$

donde Contraste_i se determina utilizando la tabla de signos + y - en la tabla de signos del diseño, y $N = 2^{k-p}$ es el número total de observaciones.

Un diseño 2^{k-p} sólo permite estimar $2^{k-p} - 1$ efectos (y sus alias).

Diseños factoriales fraccionales 2^{k-p} por bloques. En ocasiones puede ocurrir que un diseño factorial fraccional requiera tantas observaciones que no puedan ser hechas bajo condiciones homogéneas (i.e., en un bloque). En estas circunstancias, es necesario realizar un diseño por bloques.

El procedimiento para disponer las observaciones en los bloques es el visto antes. Recordemos que hay que tener cuidado a la hora de seleccionar el efecto o efectos que definen los bloques, de modo que efectos de interés no se confundan con los bloques.

Ejemplo. Consideremos el diseño 2^{6-2} visto en el ejemplo anterior, y supongamos que se desea disponer las observaciones en dos bloques. Como hay dos conjuntos de alias que sólo contienen interacciones de orden 3, cogeremos uno de ellos para formar los bloques, por ejemplo ABF, obteniéndose

Combinación de tratamientos	ABF	Bloque 1 (ABF=I)	Bloque 2 (ABF=-I)
(1)	-		
ae	+	ae	(1)
bef	-	abf	bef
abf	+	cef	acf
cef	+	bc	abce
acf	-	df	adef
bc	+	bde	abd
abce	-	acd	cde
df	+	abcdef	bcdf
adef	-		
bde	+		
abd	-		
cde	-		
acd	+		
bcdf	-		
abcdef	+		

Si quisiéramos disponer las observaciones en cuatro bloques, entonces necesariamente o bien un efecto de interacción de dos factores o bien un efecto principal se confundiría con los bloques.

11.13. Diseños de resolución III

Como se dijo antes, un diseño es de resolución III si todos los efectos principales son estimables cuando todas las interacciones son suprimidas.

Es posible construir diseños de resolución III para investigar $2^k - 1$ factores con sólo 2^k pruebas. Para ello, se procede de la siguiente manera: comenzar con un diseño completo 2^k , e ir añadiendo nuevos factores igualándolos con las interacciones. En un diseño así, cada grado de libertad es utilizado para estimar un efecto principal. Se dice entonces que es una fracción *saturada*, o bien que el diseño factorial fraccional está *saturado*.

Ejemplo. Para $k = 3$, obtendremos un diseño 2^{7-4} con $2^3 = 8$ observaciones a partir de un diseño 2^3 .

	Diseño 2^3			$D=ABC$	$E=AB$	$F=AC$	$G=BC$	Combinación de tratamientos
	A	B	C					
(1)	-	-	-	-	+	+	+	efg
a	+	-	-	+	-	-	+	adg
b	-	+	-	+	-	+	-	bdf
ab	+	+	-	-	+	-	-	abe
c	-	-	+	+	+	-	-	cde
ac	+	-	+	-	-	+	-	acf
bc	-	+	+	-	-	-	+	bcg
abc	+	+	+	+	+	+	+	abcdefg

La fracción hallada es una de las 2^4 posibles que pueden ser obtenidas cambiando los signos: $D=\pm ABC$, $E=\pm AB$, $F=\pm AC$, $G=\pm BC$.

Los generadores de este diseño son

$$ABCD \quad ABE \quad ACF \quad BCG$$

La relación definitoria completa es

$$I = ABCD = ABE = ACF = BCG = CDE = BDF = ADG = BCEF = ACEG = ABFG = ADEF = BDFG = CDFG = EFG = ABCDEFG$$

11.14. Diseños de resolución IV

Ya se vio que un diseño es de resolución IV si los efectos principales son estimables cuando todas las interacciones de orden mayor o igual que 3 son suprimidas. Veremos en este apartado cómo a partir de un diseño de resolución III puede obtenerse un diseño de resolución IV. El método para realizar esto se denomina *plegado* (*folding over*), y consiste en lo siguiente: supongamos que tenemos un diseño 2^{k-p} de resolución III, el proceso de plegado consiste en repetir cada prueba con los niveles de cada factor cambiados. La relación definitoria para el modelo combinado consta de aquellas palabras en la relación de la fracción original que contienen un número par de letras. Como el diseño original era de resolución III y hemos quitado las palabras con un número impar de letras, el número de letras en la relación definitoria del diseño combinado es mayor o igual que 4, y por tanto, el diseño resultante es de resolución IV o más.

Análogamente, plegando un diseño de resolución V se obtiene otro de resolución VI o más.

Ejemplo. Consideremos el ejemplo antes visto de un diseño 2^{7-4} . Cambiando los signos se tiene la siguiente fracción

A	B	C	D=ABC	E=-AB	F=-AC	G=-BC	Combinación de tratamientos
+	+	+	+	-	-	-	abcdg
-	+	+	-	+	+	-	bcefg
+	-	+	-	+	-	+	ace
-	-	+	+	-	+	+	cdf
+	+	-	-	-	+	+	abf
-	+	-	+	+	-	+	bde
+	-	-	+	+	+	-	adefg
-	-	-	-	-	-	-	(1)

Los generadores de esta fracción son

$$ABCD \quad - ABE \quad - ACF \quad - BCG$$

La relación definitoria completa es

$$I = ABCD = -ABE = -ACF = -BCG = -CDE = -BDF = -ADG = BCEF = ACEG = ABFG = ADEF = BDFG = CDFG = -EFG = -ABCDEFG$$

Ignorando las interacciones de orden mayor o igual que 3, para esta fracción se tiene que

$$\begin{aligned} E(l''_A) &= A - BE - CF - DG & E(l''_E) &= E - AB - CD - FG \\ E(l''_B) &= B - AE - CG - DF & E(l''_F) &= F - AC - BD - EG \\ E(l''_C) &= C - AF - BG - DE & E(l''_G) &= G - AD - BC - EF \\ E(l''_D) &= D - AG - BF - CE \end{aligned}$$

Combinando ambas fracciones se obtiene

i	$\frac{1}{2}(l_i + l''_i)$	$\frac{1}{2}(l_i - l''_i)$
A	A	BE + CF + DG
B	B	AE + CG + DF
C	C	AF + BG + DE
D	D	AG + BF + CE
E	E	AB + FG + CD
F	F	AC + EG + BD
G	G	BC + EF + AD

Por tanto, el diseño combinado es de resolución IV.

La relación definitoria completa para el diseño combinado es

$$I = ABCD = BCEF = ACEG = ABFG = ADEF = BDFG = CDFG$$

Cualquier fracción 2^{k-p} de resolución IV debe constar de al menos $2k$ observaciones. Diseños de resolución IV que tienen exactamente $2k$ observaciones se denominan *diseños minimales*. Un diseño minimal puede ser obtenido mediante el proceso de plegado antes visto.

Recordemos que una fracción de un diseño con k factores de resolución III ha de tener al menos $k + 1$ observaciones. Consideremos un diseño 2^{k-p} de resolución III con $k + 1$ observaciones. Para plegar este diseño hay que añadir a la fracción original una segunda fracción con los signos cambiados; si añadimos ahora un nuevo factor al diseño combinado, de modo que tenga signo + en la primera fracción y signo - en la segunda fracción, el diseño resultante es un diseño 2^{k+1-p} de resolución IV con $2k + 2$ observaciones.

Diseño	Factores	Observaciones	Resolución
original	k	k+1	III
plegado	k	2k+2	IV
plegado con un factor más	k+1	2k+2	IV

Ejemplo. Diseño 2^{8-4} de resolución IV con 16 observaciones.

	Diseño 2^3			D=ABC	E=AB	F=AC	G=BC	H
	A	B	C					
(1)	-	-	-	-	+	+	+	+
a	+	-	-	+	-	-	+	+
b	-	+	-	+	-	+	-	+
ab	+	+	-	-	+	-	-	+
c	-	-	+	+	+	-	-	+
ac	+	-	+	-	-	+	-	+
bc	-	+	+	-	-	-	+	+
abc	+	+	+	+	+	+	+	+
	+	+	+	+	-	-	-	-
	-	+	+	-	+	+	-	-
	+	-	+	-	+	-	+	-
	-	-	+	+	-	+	+	-
	+	+	-	-	-	+	+	-
	-	+	-	+	+	-	+	-
	+	-	-	+	+	+	-	-
	-	-	-	-	-	-	-	-

Los generadores de la primera fracción son

$$ABCD \quad ABE \quad ACF \quad BCG \quad H$$

y por tanto, la relación definitoria completa de la primera fracción es

$$\begin{aligned} I &= ABCD = ABE = ACF = BCG = H = CDE = BDF = ADG = BCEF \\ &= ACEG = ABFG = ADEF = BDFG = CDFG = EFG = ABCDEFG \\ &= ABCDH = ABEH = ACFH = BCGH = CDEH = BDFH = ADGH \\ &= BCEFH = ACEGH = ABFGH = ADEFH = BDFGH = CDFGH \\ &= EFGH = ABCDEFGH \end{aligned}$$

Como el diseño combinado se ha obtenido mediante plegado, la relación definitoria completa del mismo es

$$\begin{aligned} I &= ABCD = BCEF = ACEG = ABFG = ADEF = BDFG = CDFG \\ &= ABEH = ACFH = BCGH = CDEH = BDFH = ADGH = EFGH \\ &= ABCDEFGH \end{aligned}$$

11.15. Problemas

1. Se han realizado 4 réplicas de un diseño 2^3 , cada una de ellas en dos bloques, con 4 observaciones por bloque. Analiza los datos.

	(1)	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>ab</i>	<i>c</i>	<i>ac</i>	<i>bc</i>	<i>abc</i>
Réplica 1	101			291		373	398	
		106	265		312			450
Réplica 2	106			306	324			449
		89	272			338	407	
Réplica 3	87		279			324		471
		128		334	323		423	
Réplica 4	131	103					445	437
			302	272	324	361		

2. Se han realizado dos réplicas de un diseño 2^3 obteniéndose los siguientes resultados,

Réplica 1				Réplica 2			
(1)	0	<i>c</i>	9	(1)	1	<i>c</i>	10
<i>a</i>	4	<i>ac</i>	15	<i>a</i>	5	<i>ac</i>	14
<i>b</i>	5	<i>bc</i>	15	<i>b</i>	4	<i>bc</i>	30
<i>ab</i>	10	<i>abc</i>	30	<i>ab</i>	9	<i>abc</i>	20

Sabiendo que

- la primera réplica se ha realizado en dos bloques, confundiendo el efecto ABC,
 - la segunda réplica se ha realizado en dos bloques, confundiendo el efecto BC,
- ¿qué efectos son significativos?

3. Se ha realizado un diseño 2^4 , obteniéndose los siguientes resultados,

(1)	1	<i>c</i>	5	<i>d</i>	4	<i>cd</i>	8
<i>a</i>	3	<i>ac</i>	9	<i>ad</i>	9	<i>acd</i>	14
<i>b</i>	4	<i>bc</i>	9	<i>bd</i>	10	<i>bcd</i>	15
<i>ab</i>	7	<i>abc</i>	14	<i>abd</i>	13	<i>abcd</i>	16

Si se conoce, por experiencias anteriores, que la desviación típica del error experimental es $\sigma = 1,5$, ¿qué efectos son significativos?

4. Para analizar el efecto que tienen tres factores en la producción de cierta componente, se han realizado dos réplicas de un diseño 2^3 , cada una de ellas en dos bloques, obteniéndose los siguientes resultados:

Réplica 1				Réplica 2			
bloque 1	bloque 2			bloque 1	bloque 2		
(1)	-3	<i>a</i>	0	(1)	-1	<i>a</i>	1
<i>ab</i>	2	<i>b</i>	-1	<i>c</i>	0	<i>b</i>	0
<i>ac</i>	2	<i>c</i>	-1	<i>ab</i>	3	<i>ac</i>	1
<i>bc</i>	1	<i>abc</i>	6	<i>abc</i>	5	<i>bc</i>	1

Describe el modelo asociado al experimento, construye la tabla ANOVA y estudia qué efectos son significativos.

5. Se han realizado 9 réplicas de un experimento factorial con 3 factores, (A, B y C), cada uno de ellos con dos niveles (A: A1 y A2, B: B1 y B2, C: C1 y C2). La siguiente tabla muestra las medias por celdilla:

A1 B1 C1	11	A1 B1 C2	15
A2 B1 C1	13	A2 B1 C2	19
A1 B2 C1	14	A1 B2 C2	19
A2 B2 C1	17	A2 B2 C2	24

Por experiencias anteriores, se sabe que la desviación típica del error experimental es $\sigma = 5$.

Describe el modelo y averigua qué efectos son significativos. Toma $\alpha = 0,05$.

6. Se ha realizado una réplica de un diseño 2^3 obteniéndose los siguientes resultados,

(1)	2	<i>c</i>	11
<i>a</i>	6	<i>ac</i>	17
<i>b</i>	7	<i>bc</i>	17
<i>ab</i>	12	<i>abc</i>	32

Averigua qué efectos son significativos si se suprimen las interacciones de orden tres.

7. Para estudiar el efecto en la producción de cierta sustancia de tres factores, cada uno de ellos con dos niveles, se han realizado 2 réplicas, cada una de ellas en dos bloques. Los resultados fueron

Réplica 1				Réplica 2			
Bloque 1		Bloque 2		Bloque 1		Bloque 2	
(1)	9	<i>a</i>	5	(1)	5	<i>a</i>	9
<i>c</i>	2	<i>b</i>	10	<i>b</i>	5	<i>c</i>	8
<i>ab</i>	7	<i>ac</i>	5	<i>ac</i>	5	<i>ab</i>	9
<i>abc</i>	7	<i>bc</i>	6	<i>abc</i>	8	<i>bc</i>	9

- a) Determinar el efecto confundido en cada réplica.
b) Obtener la tabla ANOVA asociada al experimento y extraer conclusiones.

8. Se ha realizado una réplica de un diseño 2^4 en 4 bloques, de tamaño 4 cada uno de ellos, definidos por

Bloque I	ABC=+	ACD=+	Bloque II	ABC=+	ACD=-
Bloque III	ABC=-	ACD=+	Bloque IV	ABC=-	ACD=-

Los datos (en orden estándar) son: 0, 3, 4, 8, 3, 7, 6, 9, 2, 4, 7, 8, 6, 9, 8, 12.

- a) Calcula el valor esperado de los siguientes cuadrados medios en el modelo asociado al experimento: CM_{ABC} , CM_{ACD} , CM_{BC} y $CM_{bloques}$.
b) Analiza los datos si son suprimidas todas las interacciones.

9. Se ha realizado un diseño 2^{5-2} para investigar el efecto que sobre la cantidad de producción de un determinado ítem tienen 5 factores: A, B, C, D y E. Los generadores de la fracción seleccionada son $I=ACE$ e $I=BDE$. Las respuestas observadas fueron

e = 23.2	ad = 16.9	cd = 23.8	bde = 16.8
ab = 15.5	bc = 16.2	ace = 23.4	abcde = 18.1

- a) Escribe la relación definitoria completa, así como la estructura alias de la fracción. Indica qué resolución tiene esta fracción, razonando la respuesta.
b) Estima los efectos principales así como la varianza, suponiendo que son suprimidas todas las interacciones.
c) Suponiendo de nuevo que todas las interacciones son suprimidas, escribe la tabla ANOVA. ¿Qué efectos son significativos? (toma $\alpha = 0,10$).