

Curso sobre mitigación de los efectos adversos del Cambio Climático mediante programas de reforestación  
Cartagena de Indias(Colombia), 12-16 septiembre 2016

# Dispositivos experimentales

Eduardo Notivol

Unidad de Recursos Forestales

Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón

[enotivol@cita-aragon.es](mailto:enotivol@cita-aragon.es)





$$x_{ijklmn} = \mu + repl_i + block_j(repl_i) + plot_k + pop_l + seedlot_m(pop_l) + \epsilon_n$$

Curso sobre mitigación de los efectos adversos del Cambio Climático mediante programas de reforestación. Cartagena de Indias, 12-16 septiembre 2016

Mixed model REML BLUP & BLUE







# Introducción

## ❖ Objetivo

Herramienta para resolución de problemas no sujetos a leyes fijas

## ❖ Variabilidad

- Existe
- Tratar y entenderla
- Modelizarla y controlarla

*error experimental*



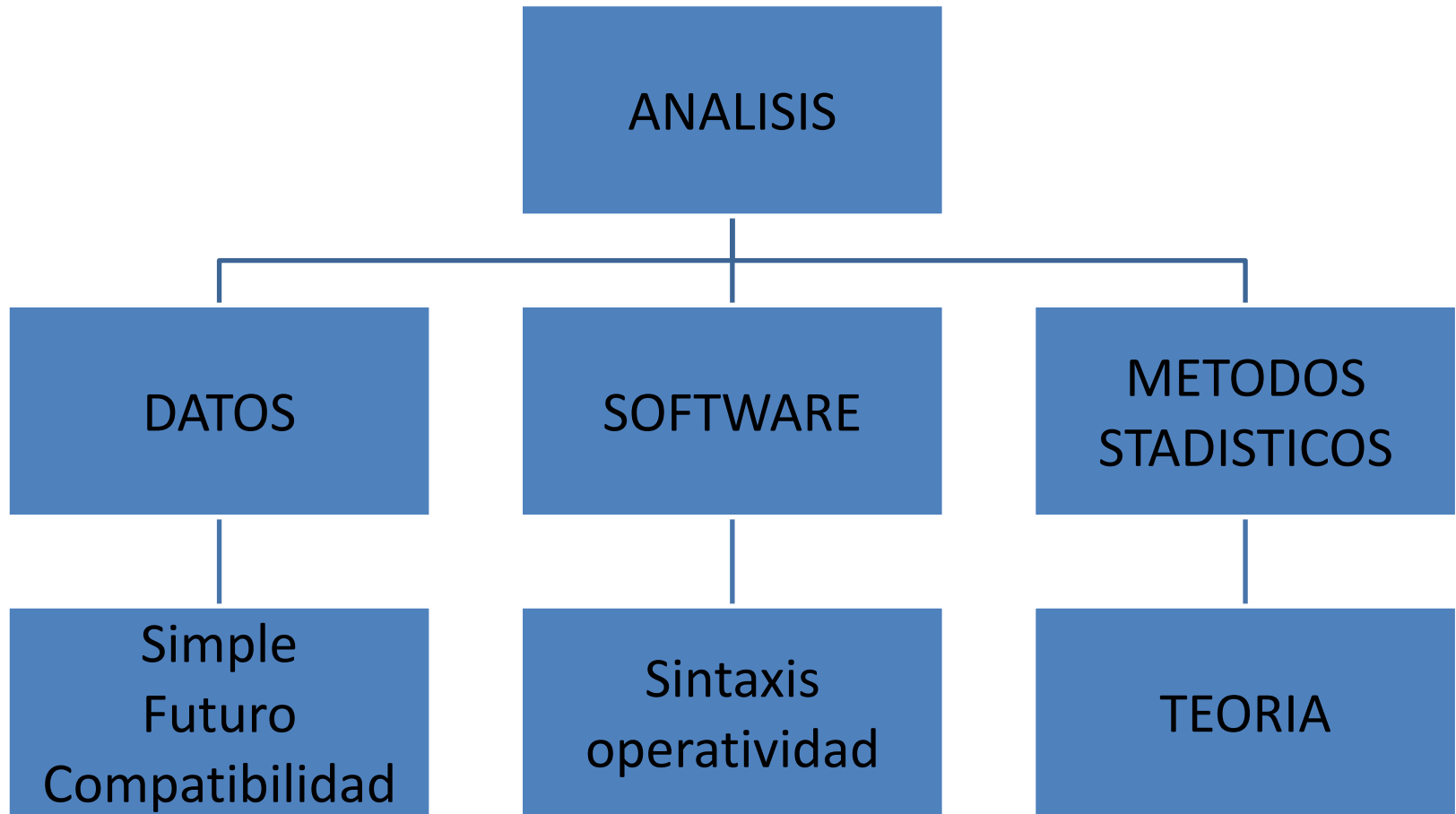


# Material Vegetal

## Evaluación Tratamientos

- ❖ Diseño de experimentos
- ❖ Análisis de experimentos
  - Principios Básicos
  - Diseños “convencionales” y “actuales” (BI)
  - Software





# Planificación de un experimento (i)

- ❖ Definición de objetivos
- ❖ Definición de todas las fuentes de variación
  - ❖ Tratamientos y sus niveles
  - ❖ Unidades experimentales
  - ❖ Factores “incómodos” : blocking, ruido & covs
- ❖ Establecimiento de las unidades experimentales & tratamientos





# Planificación de un experimento (ii)

- ❖ Definición de la variable respuesta, proceso experimental and previsión de problemas
- ❖ Establecimiento del modelo (estadístico)
- ❖ Pasos del esquema de análisis
- ❖ Establecimiento del tamaño de la muestra
- ❖ Revisión todos los puntos precedentes y su modificación si necesario



# Fases (i)

- ❖ Definición del problema
- ❖ Definición de los objetivos
- ❖ Selección de los tratamientos a evaluar ( y sus interacciones)
- ❖ Selección del material a evaluar
- ❖ Selección del diseño experimental (simple)
- ❖ Selección de la unidad experimental: tamaño y número de repeticiones



# Fases (ii)

- ❖ Control de los efectos “circundantes”
- ❖ Tipo de datos a medir
- ❖ Selection of statistical tests
- ❖ Accomplishment of the experiment
- ❖ Analysis and interpretation of results
- ❖ Final reporting (conclusions)



# Principios Diseño de Experimentos (i)

Herramienta para análisis de problemas sin leyes exactas

## 1. Repeticiones.

Error típico de la diferencia

$$ETD = \sqrt{\frac{2\sigma^2}{n}}$$

Ensayos agronómicos  $ETD < 1/3$  dif

Selección de material  $ETD < 1/6$  dif

Conociendo  $s^2$  y  $d \implies n$

## 2. Aleatorización de tratamientos

## 3. Existencia de control local de la variación existente (bloques o análisis espacial)

**ANDIA / SDA / Métodos robustos**





# “typical numbers & expressions”

4 replications  
randomization  
25 plants per plot  
4 treatments  
latinization  
3 sites  
2 border lines  
RCB  
single tree plot  
5 x 5 m spacing  
25 genotypes



## Principios Diseño de experimentos (ii)

# Factores Limitantes Operacionales

- Número de efectivos disponibles
- Limitaciones del sitio (topografía, superficie...)
- Limitaciones técnicas (maquinaria, ....)
- Mediciones
- Competencia, necesidades específicas,
- Tratamientos futuros , raleos,...
- Marco de plantación, densidad



# Diseño de experimentos

## Condicionantes de partida:

Modelo aditivo

Normalidad

Homocedasticidad.

Errores de los distintos  
tratamientos son

independientes

y se distribuyen  $N(0, \sigma^2)$

## Pruebas estadísticas:

N: Shapiro-Wilks, gráfs distrib,  
freq acum., res \* pred

H: Barlett, Levenne, ratios varianzas

Transformaciones

Métodos no paramétricos



# Diseños elementales

**D.G.A**

Modelo:  $y_{ij} = \mu + t_i + \varepsilon_{ij}$

|       | GdL    | SC | CM       | F             | CME                         |
|-------|--------|----|----------|---------------|-----------------------------|
| Total | rt-1   | a  | a/rt-1   |               |                             |
| Trat  | t-1    | b  | b/t-1    | $MS_T / MS_E$ | $\sigma_e^2 + r \sigma_t^2$ |
| Error | t(r-1) | c  | c/t(r-1) |               | $\sigma_e^2$                |

Modelo  $y = \text{trat};$





# Diseños elementales

**D.B.G.A**

Modelo:  $y_{ijk} = \mu + t_i + b_j + \varepsilon_{ijk}$

|       | GdL       | SC | CM       | F             | CME                         |
|-------|-----------|----|----------|---------------|-----------------------------|
| Total | rb-1      | a  | a/rb-1   |               |                             |
| Trat  | t-1       | b  | b/t-1    | $MS_T / MS_E$ | $\sigma_e^2 + b \sigma_t^2$ |
| Blq   | b-1       | c  | c/b-1    | $MS_B / MS_E$ | $\sigma_e^2 + t \sigma_b^2$ |
| Error | t-1)(r-1) | d  | d/t(r-1) |               | $\sigma_e^2$                |

Modelo  $y = \text{trat blq}$ ;



# Diseño de experimentos

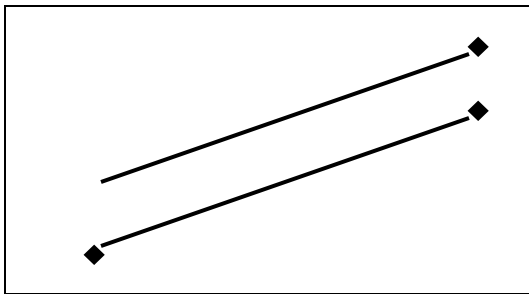
Posible estructuración de tratamientos

Factorial: combinación de todos x todos

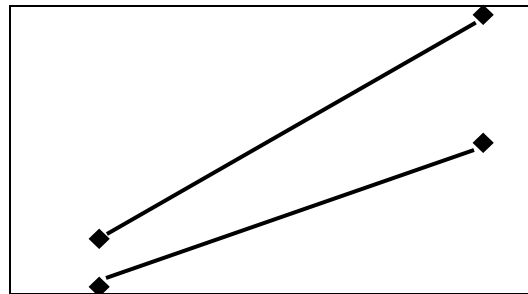
Posibilidad estudio interacciones (GxE)

## Normas de reacción

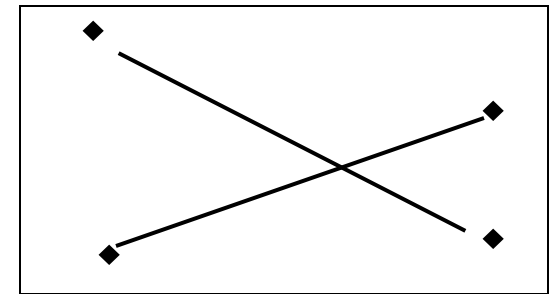
$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$



No interacción



Interacción  
cuantitativa



Interacción  
**cuantitativa**



# Diseño de experimentos

Posible estructuración de tratamientos

Jerarquizado o anidado: **Imposible** combinación cruzada de todos x todos

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j (\alpha_i) + \varepsilon_{ijk}$$

SAS  
SAS

Data.....;

Proc GLM;

Class pop fam;

Model y = pop fam(pop);

Run;

¿ Importante la estructura de los tratamientos?

F

C.M.E.

Otra estructuración + importante



# ¿Fijo o aleatorio?

F C.M.E.

1. Decisión crítica
2. No bien descrita en textos
3. A menudo convenciones estadísticas subjetivas

**Fijo**: Niveles del factor expresamente seleccionados

*Resultados y conclusiones* del anova son para esos niveles

*Interés pral*: Estimar las medias de la variable para cada nivel  
(BLUE)

**Aleatorio**: Niveles muestra aleatoria de los posibles.

*Resultados y conclusiones* pueden extrapolarse + de los niveles

*Interés pral*: Estimar la variabilidad presente del factor  
o tal vez en la predicción a un nivel (BLUP)





|       | gdl        | CM               | A y B fijos                        | A y B aleat                        | A:fijo B:aleat                     |
|-------|------------|------------------|------------------------------------|------------------------------------|------------------------------------|
| Total | abr-1      |                  |                                    |                                    |                                    |
| A     | a-1        | CM <sub>A</sub>  | CM <sub>A</sub> / CM <sub>E</sub>  | CM <sub>A</sub> / CM <sub>AB</sub> | CM <sub>A</sub> / CM <sub>AB</sub> |
| B     | b-1        | CM <sub>B</sub>  | CM <sub>B</sub> / CM <sub>E</sub>  | CM <sub>B</sub> / M <sub>AB</sub>  | CM <sub>B</sub> / CM <sub>E</sub>  |
| AxB   | (a-1)(b-1) | CM <sub>AB</sub> | CM <sub>AB</sub> / CM <sub>E</sub> | CM <sub>AB</sub> / CM <sub>E</sub> | CM <sub>AB</sub> / CM <sub>E</sub> |
| Error | ab(r-1)    | CM <sub>E</sub>  |                                    |                                    |                                    |

$$\sigma_e^2 + c_1 \Phi_\alpha$$

$$\sigma_e^2 + n \sigma_{ab}^2 + nb \sigma_a^2$$





# ¿Fijo o aleatorio? en software de análisis

Data.....;

Proc GLM;

Class loc var blq;

Model y =loc blq(loc) var var\*loc;

Random loc blq(loc) var\*loc /test;

Run;

1º Cálculos como fijo

2º Cálculo de ECM

3º Repite las pruebas F con denominadores correctos

**PROC MIXED**



# Bloques incompletos

La evaluación de materiales : elevado nº genotipos  
cantidad de material limitado

Muchos genotipos suponen bloques enormes # no control

B.I. No todos trat por bloque, se necesitan varios para  
repetición completa

|   |   |   |   |   |   |
|---|---|---|---|---|---|
| . | . | B | A | . | 1 |
| . | . | A | C | . | 2 |
| B | . | . | . | C | 3 |

Basados en

$$\begin{aligned} \text{Aditividad: } B-C &= (B-C)_3 \\ &= (B-A)_1 - (C-A)_2 \end{aligned}$$

Error experimental independiente del tratamiento

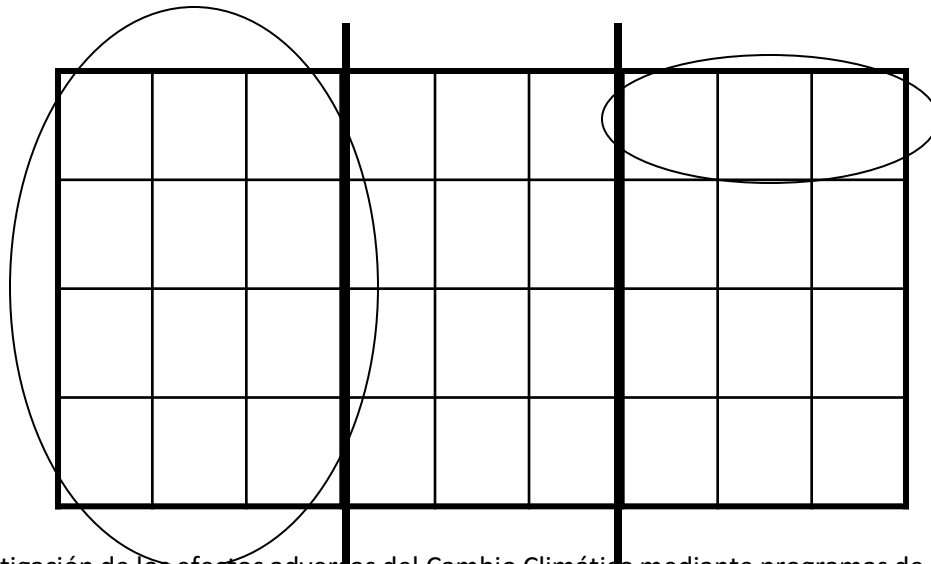


# Bloques incompletos

- Coexisten comparaciones directas e indirectas.
- Pérdida de precisión en comparaciones indirectas pero compensada por la reducción del error experimental

Diseños resolubles

Igual n<sup>o</sup> de b.i. por repetición. P. ej.:  $g=k$  bi  
 $\alpha$ -latices, latinizados, filas, columnas,...



Análisis complicado  
Software específico

Recuperación info  
intrabloque





# Eficiencia de diseño b.i.

Objetivo comparar genotipos con la mayor precisión

$E = (\text{ESD}_{\text{BCA}} / \text{ESD}_{\text{BI}})^2$  representa el nº de repeticiones de más en un DBCA para alcanzar el mismo nivel de precisión

$$\left( \frac{\sqrt{\left( \frac{2\sigma^2}{r} \right)}}{\sqrt{\left( \frac{2\sigma^2}{rxE} \right)}} \right)^2 = E$$

Un BI con 4 reps y  $E=1.5$  equivale a un DBCA con  $4 \times 1.5 = 6$  BC

“Eficiencia” ~ costes





# Utilidad Para la Conservación

## "Cuantificación"

Disribución estructura y patrones de  
variación adap. inter/intra pobl.

Variación en metapoblaciones

Las determinaciones de la diversidad genética basadas en marcadores neutros no pueden SUSTITUIR a las medidas directas de la variación cuantitativa en caracteres adaptativos, y especialmente para la conservación de los recursos genéticos forestales.

Información básica en poblaciones reducido  $N_e$

Orientación del nivel de amenaza

.....

