

**Universidad de Los Andes
Facultad de Ingeniería
Escuela de Sistemas**

**Clasificación por Variedad de *Pisum sativum*
Usando Métodos Estadísticos y Técnicas
Inteligentes**

www.bdigital.ula.ve

Autora: Lierka Guadalupe Piña Reyes
Tutor: Prof. Francklin Rivas Echeverría Ph.D.
Cotutora: Prof. Anna Gabriela Pérez Méndez Ms.C.

Proyecto de Grado presentado ante la Ilustre Universidad de Los Andes como
requisito final para optar al título de

INGENIERO DE SISTEMAS

Mérida – Venezuela
Septiembre - 2005

www.bdigital.ula.ve

*A mi madre, ejemplo de superación
Y de amor, a ti te debo todo lo que soy
hoy.....*

AGRADECIMIENTOS

- A Dios Todo Poderoso, por darme la salud, paciencia y los conocimientos necesarios para la realización de este trabajo.
- A la Profesora Anna Gabriela Pérez por su invaluable apoyo, confianza, y ayuda en todo momento para la realización de este proyecto. Muchas gracias por su cariño y su paciencia.
- Al Profesor Francklin Rivas Echeverría por su tiempo, apoyo y por compartir sus conocimientos para el desarrollo del proyecto.
- A Gabriel Vergara por tu amor, compañía y ayuda desde el principio de la carrera. Gracias por tu apoyo incondicional y por estar ahí siempre que te necesité. Te amo.
- A mi gran amigo Ing. Argenis Moreno por toda su ayuda, apoyo y contribución con sus conocimientos para avanzar en el proyecto.
- A mi madre, mi abuela, tía Deisi, Jesús y toda mi familia por impulsarme y apoyarme para poder culminar este trabajo.

RESUMEN

CLASIFICACIÓN POR VARIEDAD DE *PISUM SATIVUM* USANDO MÉTODOS ESTADÍSTICOS Y TÉCNICAS INTELIGENTES

Por

Lierka Guadalupe Piña reyes

En el presente trabajo se presenta la aplicación de una metodología en el área de reconocimiento de patrones, que permite el desarrollo de un sistema de clasificación basado en: análisis discriminante y redes neuronales artificiales para la clasificación de 8 variedades de *Pisum sativum* (plantas de guisantes), tomando en cuenta los valores de la curva de inducción de fluorescencia, obtenidos de las hojas bajas de las plantas con la técnica del JIP-TEST. Sobre estos valores se realizan procedimientos estadísticos descriptivos con el objetivo de seleccionar los valores más representativos.

Se ajustan cinco modelos discriminantes cuadráticos, debido a que no se cumplen los supuestos para el ajuste de modelos discriminantes lineales. De los modelos ajustados, 2 contienen información de las variables seleccionadas en el análisis exploratorio de los datos provenientes de la curva de inducción de fluorescencia, otros 2 modelos contienen la información de todas las variables originales y el último modelo esta conformada por los componentes principales extraídos. Luego de evaluar los resultados en los modelos discriminantes ninguno de los presentados para la aplicación logra un desempeño aceptable, ya que se obtienen errores no tolerables en las soluciones obtenidas durante la fase de ajuste y evaluación.

Para la construcción de los modelos neuronales se entrenaron 5 modelos de redes perceptrónicas multicapas, los cuales utilizan la misma información que en los modelos discriminantes, y se observa que las redes neuronales artificiales presentan un notable mejor desempeño en las soluciones obtenidas que los

modelos discriminantes, Sin embargo no cumple con las especificaciones requeridas por lo que no se obtuvo un modelo que permitiera clasificar las 8 variedades de *Pisum sativum*.

Palabras Claves: Reconocimiento de Patrones, Análisis Discriminante, Redes Neuronales, *Pisum sativum*.

www.bdigital.ula.ve

TABLA DE CONTENIDO

	Pág.
Dedicatoria.....	ii
Agradecimientos.....	iii
Resumen.....	iv
Lista de Tablas.....	ix
Lista de Gráficos.....	xi
Lista de Figuras.....	xii

INTRODUCCIÓN.....	1
--------------------------	----------

CAPÍTULO 1.
ANÁLISIS DISCRIMINANTE.

1.1 Introducción.....	4
1.2 Análisis discriminante en la Clasificación para Dos Poblaciones.....	5
1.3 Clasificación Usando Análisis Discriminante.....	6
1.4 Discriminación para Dos Poblaciones Normales Multivariadas.....	7
1.5 Reglas para la Clasificación.....	8
1.5.1 Discriminación de Dos Poblaciones Normales Homocedásticas.....	8
1.5.2 Discriminación de Dos Poblaciones Normales Heterocedásticas.....	11
1.5.3 Reglas Discriminantes para más de 2 Poblaciones.....	12
1.6 Funciones Discriminantes.....	13
1.6.1 Función Discriminante de Fisher.....	13
1.6.2 Función Discriminante de Coeficientes Estandarizados.....	14
1.6.3 Función Discriminante Cuadrática.....	14

CAPÍTULO 2.
GENERALIDADES SOBRE REDES NEURONALES ARTIFICIALES.

2.1. Introducción a las Redes Neuronales Artificiales.....	15
2.2. Evolución Histórica de las Redes Neuronales Artificiales.....	16
2.3. Neurona Biológica.....	18
2.4. Neurona Artificial.....	19
2.5. Redes Neuronales Artificiales.....	21
2.5.1 Funciones de Activación.....	23
2.5.2 Topologías de Redes Neuronales Artificiales.....	25
2.5.2.1. Redes Monocapas.....	25
2.5.2.2. Redes Multicapas.....	25
2.5.3 Entrenamiento de las Redes Neuronales Artificiales.....	26
2.5.3.1 Aprendizaje Supervisado.....	26
2.5.3.2 Aprendizaje No Supervisado.....	27
2.6 Red Perceptrón Unicapa.....	28
2.7 Redes Perceptrónicas Multicapas.....	29

CAPÍTULO 3.

APLICACIÓN DE LA METODOLOGÍA PARA LA CLASIFICACIÓN POR VARIEDAD DE *PISUM SATIVUM* USANDO MÉTODOS ESTADÍSTICOS Y TÉCNICAS INTELIGENTES

3.1	Etapa 1. Análisis y Descripción del Problema.....	30
3.2	Etapa 2. Análisis de Factibilidad para la Clasificación Usando Análisis Discriminante y Redes Neuronales.....	32
3.3	Etapa 3. Análisis de las Variables que Intervienen en el Proceso.....	33
3.3.1	Fase 3.1. Descripción Matriz de Datos.....	33
3.3.2	Fase 3.2. Requerimientos de Software.....	34
3.3.3	Fase 3.3. Análisis Exploratorio de los Datos.....	35
3.4	Etapa 4. Requerimientos de Entrada de Datos.....	42
3.4.1	Fase 4.1. Procesamiento de Datos.....	42
3.4.2	Fase 4.2. Selección del Conjunto de Entrenamiento y del Conjunto de Validación.....	46
3.5	Etapa 5. Análisis Discriminante.....	48
3.5.1	Fase 5.1. Construcción de los Modelos Discriminantes.....	48
3.5.1.1	Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 1 (4 Variables Independientes).....	48
3.5.1.2	Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 2 (4 Variables Independientes).....	54
3.5.1.3	Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 3 (11 Variables Independientes).....	61
3.5.1.4	Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 4 (11 Variables Independientes).....	67
3.5.1.5	Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 5 (2 Componentes Principales).....	73
3.5.2	Fase 5.2. Evaluación de los Modelos Discriminantes.....	79
3.5.1.1.	Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 1 (4 Variables Independientes).....	79
3.5.1.2.	Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 2 (4 Variables Independientes).....	80
3.5.1.3.	Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 3 (11 Variables Independientes).....	80
3.5.1.4.	Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 4 (11 Variables Independientes).....	81
3.5.1.5.	Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 5 (2 Componentes Principales).....	82
3.5.3	Comentarios Finales.....	82
3.6	Etapa 6. Redes Neuronales.....	83
3.6.1	Fase 6.1. Entrenamiento Neuronal.....	83
3.6.1.1	Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 1 Usando el Algoritmo de Retropropagación (4 Variables Independientes).....	83
3.6.1.2	Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 2 Usando el Algoritmo de Retropropagación (4 Variables Independientes).....	85
3.6.1.3	Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 3 Usando el Algoritmo de Retropropagación (11 Variables Independientes).....	86
3.6.1.4	Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 4 Usando el Algoritmo de Retropropagación (11 Variables Independientes).....	88

3.6.1.5	Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 5 Usando el Algoritmo de Retropropagación (2 Componentes Principales).....	89
3.6.2	Fase 6.2. Evaluación de los Modelos Neuronales.....	91
3.6.2.1	Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación Muestra Estratificada 1 (4 Variables Independientes).....	92
3.6.2.2	Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación Muestra Estratificada 2 (4 Variables Independientes).....	92
3.6.2.3	Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación Muestra Estratificada 3 (11 Variables Independientes).....	93
3.6.2.4	Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación Muestra Estratificada 4 (11 Variables Independientes).....	94
3.6.2.5	Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación Muestra Estratificada 5 (2 Componentes Principales).....	94
3.6.3	Comentarios Finales.....	95
3.7	Etapa 7. Resultados y Conclusiones.....	96
	CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	98
	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	101
	ANEXOS	
	Anexo 1.....	103
	Anexo 2.....	108
	Anexo 3.....	111
	Anexo 4.....	114
	Anexo 5.....	120
	Anexo 6.....	126

LISTA DE TABLAS

	Pág.
Tabla 1. Número de Observaciones Disponibles Correspondientes a Cada Variedad de <i>Pisum sativum</i>	34
Tabla 2. Matriz de Correlaciones.....	36
Tabla 3. Importancia de los Componentes.....	37
Tabla 4. Matriz de Coeficientes de Los Componentes Principales.....	38
Tabla 5. Estadísticas Descriptivas Generales para las Variables Seleccionadas.....	42
Tabla 6. Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad.....	42
Tabla 7. Número de Observaciones por Variedad de <i>Pisum sativum</i> en el Conjunto de Ajuste y en el Conjunto de Evaluación.....	47
Tabla 8. Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas.....	49
Tabla 9. Vectores de Medias Muestrales.....	49
Tabla 10. Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares.....	50
Tabla 11. T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias.....	51
Tabla 12. Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 1.....	52
Tabla 13. Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas.....	55
Tabla 14. Vectores de Medias Muestrales.....	55
Tabla 15. Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares.....	56
Tabla 16. T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias.....	57
Tabla 17. Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 2.....	59
Tabla 18. Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas.....	61
Tabla 19. Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares.....	61
Tabla 20. T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias.....	62
Tabla 21. Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 3.....	65
Tabla 22. Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas.....	67
Tabla 23. Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares.....	67
Tabla 24. T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias.....	68
Tabla25. Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 4.....	71
Tabla 26. Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas.....	73
Tabla 27. Vectores de Medias Muestrales.....	74
Tabla 28. Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares.....	74
Tabla 29. T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias.....	75
Tabla30. Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 5.....	77
Tabla 31. Errores de Clasificación en los Modelos Discriminantes Ajustados.....	78
Tabla 32. Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes).....	79
Tabla 33. Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes).....	80
Tabla 34. Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes).....	81
Tabla 35. Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes).....	81
Tabla 36. Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Componentes Principales).....	82
Tabla 37. Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes).....	84
Tabla 38. Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes).....	86
Tabla 39. Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes).....	87
Tabla 40. Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes).....	89

Tabla 41. Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Componentes Principales).....	91
Tabla 42. Errores de Clasificación para los Modelos Neuronales Entrenados.....	91
Tabla 43. Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes).....	92
Tabla 44. Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes).....	93
Tabla 45. Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes).....	93
Tabla 46. Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes).....	94
Tabla 47. Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Variables Independientes).....	95
Tabla 48. Errores de Clasificación en la Evaluación de los Modelos Neuronales Entrenados.....	95

www.bdigital.ula.ve

LISTA DE GRÁFICOS

	Pág.
Gráfico 1. Componentes Principales.....	39
Gráfico 2. Biplot para el Primer y Segundo Componente.....	40
Gráfico 3. Biplot para el Primer y Tercer Componente.....	40
Gráfico 4. Biplot para el Segundo y Tercer Componente.....	41
Gráfico 5. Histograma de Frecuencias para H1.....	43
Gráfico 6. Histograma de Frecuencias para I1.....	44
Gráfico 7. Histograma de Frecuencias para Q1.....	45
Gráfico 8. Histograma de Frecuencias para R1.....	46
Gráfico 9. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. HR-1. Muestra 1.....	53
Gráfico 10. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara. Muestra 1....	54
Gráfico 11. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. HR-1. Muestra 2.....	60
Gráfico 12. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Esla. Muestra 2.....	60
Gráfico 13. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara. Muestra 3....	66
Gráfico 14. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Desso vs. Esla. Muestra 3.....	66
Gráfico 15. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara. Muestra 4....	72
Gráfico 16. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Esla vs. HR-1. Muestra 4.....	72
Gráfico 17. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. HR-1. Muestra 5.....	77
Gráfico 18. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. HR-1. Muestra 5.....	78

LISTA DE FIGURAS

	Pág.
Figura 1. Regiones de Discriminación para 2 Poblaciones.....	7
Figura 2. Neurona Biológica.....	19
Figura 3. Neurona Artificial.....	20
Figura 4. Esquema de una Neurona Adaptativa o Perceptrón.....	21
Figura 5. Función Escalón.....	22
Figura 6. Función Lineal.....	23
Figura 7. Función Lineal Mixta.....	23
Figura 8. Función Logística o Sigmoidal.....	23
Figura 9. Función Exponencial.....	24
Figura 10. Perceptrón Unicapa.....	27
Figura 11. Perceptrón Multicapa.....	28
Figura 12. Esquema General de la Metodología para el Desarrollo de un Sistema de Reconocimiento de Patrones.....	29
Figura 13. Planta de <i>Pisum sativum</i>	30
Figura 14. Esquema de la Red Neuronal Muestra 1. (4 Variables Independientes).....	84
Figura 15. Esquema de la Red Neuronal Muestra 2. (4 Variables Independientes).....	85
Figura 16. Esquema de la Red Neuronal Muestra 3. (11 Variables Independientes).....	87
Figura 17. Esquema de la Red Neuronal Muestra 4. (11 Variables Independientes).....	88
Figura 18. Esquema de la Red Neuronal Muestra 5. (2 Componentes Principales).....	90

INTRODUCCIÓN

Uno de los temas que a inquietado a muchos científicos es el problema de reconocimiento de patrones, es decir, la forma como el cerebro tiene la capacidad de familiarizarse con ciertas señales y poder interpretarlas y relacionarlas con hechos y acontecimientos, para luego agruparlas o clasificarlas en un renglón específico. Realmente, este proceso sigue siendo desconocido en su mayor parte y no se ha encontrado un modelo determinante sobre cómo nuestro sistema nervioso realiza este reconocimiento. Sin embargo, se admite que esta tarea debe realizarse siguiendo una secuencia de pasos antes del reconocimiento, un patrón debe ser percibido por los órganos sensoriales. Además, el mismo patrón o alguno similar (de la misma clase) debe haberse percibido y recordado previamente. Finalmente, debe establecerse alguna equivalencia entre la percepción actual y lo recordado [14].

La clasificación es una tarea básica en el análisis de datos y en el reconocimiento de patrones, ya que se pueden tomar datos sin ningún sentido y clasificarlos de acuerdo a una acción basada en las categorías de un patrón dado o previamente analizado [20]. La clasificación en las tareas cotidianas de resolución de problemas y en la toma de decisiones, comienza desde la primera fase buscando la forma de clasificar el problema o la situación, para después aplicar la metodología correspondiente y que en buena medida dependerá de esa clasificación.

Existen numerosos puntos de vista para estudiar el problema de la clasificación. Por ejemplo, desde el punto de vista estadístico, se puede distinguir el enfoque donde los grupos ya están bien definidos y se trata de determinar un criterio para etiquetar cada individuo como perteneciente a alguno de los grupos, a partir de los valores de una serie limitada de parámetros. En este caso la técnica más utilizada se conoce con el nombre de análisis discriminante. Paralelamente, se

encuentran las redes neuronales artificiales que proporcionan una batería de tratamientos complementarios al enfoque estadístico. Para abordar el problema de reconocimiento de patrones este enfoque supone que se tiene una estructura de neuronas interconectadas que se estimulan unas a otras, las cuales pueden ser entrenadas para dar una cierta respuesta cuando se le presentan determinados valores [12].

Unas de las áreas donde se hace un extenso uso del reconocimiento de patrones y la clasificación, es en taxonomía de plantas. Los investigadores en éstas áreas siempre se han interesado en la forma de seleccionar y clasificar a un determinado espécimen. Uno de los métodos utilizados para reconocer el estado de salud de una planta es el JIP TEST¹, el cual es una herramienta para el monitoreo de la vitalidad de las plantas.

En este trabajo se desean clasificar 8 variedades de *Pisum sativum* (guisantes) mediante análisis discriminante y redes neuronales artificiales considerando la información de los valores de la curva de inducción de fluorescencia, que se obtienen de las hojas de plantas, por medio del JIP-TEST.

En este trabajo se plantean como objetivos específicos detectar si existen diferencias significativas entre los vectores de medias para los ocho variedades y aplicar una metodología para el desarrollo de un sistema general de reconocimiento de patrones en la clasificación de 8 variedades de *Pisum sativum* (guisantes).

La importancia del desarrollo de este proyecto radica en la capacidad de aportar modelos que permitan clasificar adecuadamente las ocho variedades de *Pisum sativum*; ya que al poder identificar claramente una variedad, se pueden hacer sugerencias acerca de las condiciones óptimas de crecimiento y desarrollo de la planta, de su supervivencia, así como los fertilizantes y el tratamiento adecuado

¹ “El JIP test es un procedimiento reciente, basado en las medidas de rayos de fluorescencia, y arroja información acerca de la estructura y función de fotosíntesis. A partir de los puntos de fluorescencia recolectados se puede hacer una descripción del estado fisiológico de la planta” [1].

para el cuidado de la misma, entre otros. También se da una contribución en el desarrollo de sistemas automatizados que puedan identificar y clasificar tipos de planta de forma óptima y eficaz.

En el capítulo 1 se describen las bases fundamentales del análisis discriminante. Seguidamente en el capítulo 2 se presenta una breve introducción al marco general conceptual de las redes neuronales artificiales. Más adelante en el capítulo 3 se presenta, la aplicación de una metodología para el desarrollo de sistemas de reconocimiento de patrones en un problema de clasificación de 8 variedades de *Pisum sativum* utilizando métodos estadísticos y técnicas inteligentes.

www.bdigital.ula.ve

CAPITULO 1

ANÁLISIS DISCRIMINANTE

1.1 Introducción:

Los métodos estadísticos multivariantes son técnicas y métodos que estudian y analizan las relaciones y/o el comportamiento entre un número razonablemente amplio de variables, incluyendo la dependencia de una frente a otras. Se usan principalmente para buscar reducir la dimensión de datos, en clasificación, agrupación, en análisis de las relaciones de dependencia entre variables, así como en la construcción y simplificación de modelos estadísticos.

Uno de los métodos estadísticos multivariantes más utilizados para resolver problemas de clasificación es el análisis discriminante que es una técnica que consiste en proporcionar reglas de clasificación de nuevas observaciones de las que se desconoce su grupo de procedencia, basándose en la información proporcionada por los valores que toman las variables independientes. Se usan mayormente en casos donde la variable dependiente o clasificatoria es de tipo cualitativa y las variables independientes son cuantitativas.

Este análisis permite predecir a qué grupo, de entre un conjunto, pertenece una determinada observación. Se pueden clasificar los datos en dos o más grupos o poblaciones, así como determinar que variables independientes marcan la mayor parte de la diferencia o predecir a qué grupo pertenece un nuevo caso.

El análisis discriminante genera esquemas de clasificación a partir de una serie de reglas y modelos matemáticos, obtenidos desde un conjunto de datos. Utiliza los grupos definidos a priori para ofrecer un análisis de la capacidad de las variables discriminantes para clasificar o discriminar entre los n sujetos de los k grupos.

A continuación se abordará el problema cuando se tienen dos poblaciones, luego estas reglas serán generalizadas para establecer soluciones cuando se tienen q grupos o poblaciones.

1.2 Análisis Discriminante en la Clasificación Para Dos Poblaciones:

En el análisis discriminante se estudian las técnicas de clasificación de sujetos en grupos ya definidos. Se parte de una muestra de k sujetos en los que se han medido p variables cuantitativas independientes, que son las que se utilizan para tomar la decisión en cuanto al grupo en el que se clasifica cada sujeto, mediante el modelo matemático estimado a partir de los datos [18].

Si se está trabajando sólo con dos grupos o poblaciones, entonces en la asignación existen dos posibles errores: el que se comete al clasificarlo en el primer grupo, cuando en realidad pertenece al segundo $P(I/II)$, y el que se cometería al incluirlo en el segundo grupo, cuando en realidad pertenece al primero $P(II/I)$. El criterio matemático de clasificación se determina de tal manera que minimice la probabilidad de error, que en el caso más general será:

$$P(\text{error}) = P(I/II) P(II) + P(II/I) P(I) \quad (1.1)$$

Siempre que se tiene el problema de clasificación se debe tener en consideración el costo que se incurre al clasificar a una observación de forma errónea, el cual debe ser mínimo. En el caso de dos poblaciones y conociendo las probabilidades a priori se tiene en cuenta la introducción en la ecuación que se va a minimizar un costo para cada error. Si llamamos C_1 al costo del error de clasificar en el grupo II a un sujeto del grupo I, y C_2 al de clasificar en el grupo I a un sujeto del grupo II [2,4], se trata ahora de minimizar la ecuación:

$$C(\text{error}) = C_1 P(I/II) P(II) + C_2 P(II/I) P(I) \quad (1.2)$$

Tomando $C_1 + C_2 = 1$.

Cuando se tienen dos grupos y p variables explicativas, el análisis discriminante permite estimar los coeficientes b_0, b_1, \dots, b_p de una función de clasificación:

$$D = b_0 + b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_p x_p$$

Donde:

- X_1, X_2, \dots, X_k – son las variables discriminantes independientes,
- b_0 - constante,
- b_1, b_2, \dots, b_k - coeficientes discriminantes de la función de clasificación.

Siendo $P(I)$ y $P(II)$ las probabilidades a priori de cada grupo, C_1 y C_2 los costos de clasificación, se obtiene:

$$c = \frac{C_2 P(II)}{C_1 P(I)}$$

Para clasificar, se obtiene una regla de decisión que consiste en clasificar una observación de X en el grupo I cuando $D > \ln c$, y clasificarla en el grupo II cuando $D < \ln c$. Cuando el número de grupos es mayor, el procedimiento se generaliza [18].

1.3 Clasificación Usando Análisis Discriminante:

Generalmente para clasificar utilizando análisis discriminante se siguen una serie de pasos y procedimientos, los cuales se resumen a continuación:

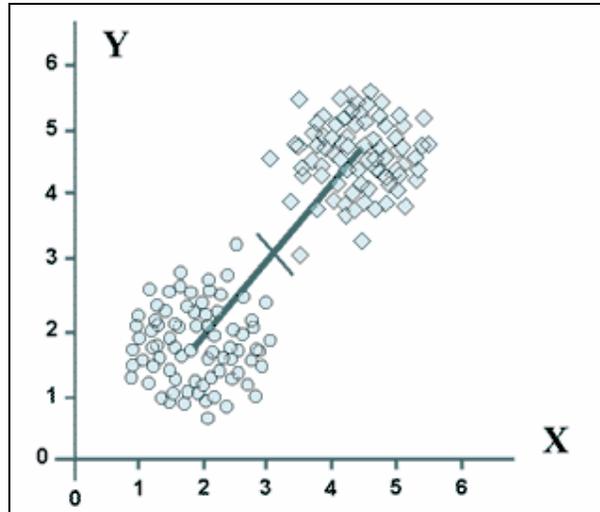
1. Determinar el espacio de discriminación.
2. Obtener las funciones discriminantes
3. Calcular las coordenadas de cada centroide.
4. Asignar cada dato al grupo más próximo.

En el caso para dos poblaciones paso a paso se tiene que: se calculan los valores de las puntuaciones discriminantes de todos los individuos para ambos grupos y se les calculan las medias a cada grupo, luego se asigna un individuo al grupo cuyo centro esté más próximo. Finalmente se estima la capacidad explicativa del modelo, calculando los porcentajes de asignaciones correctas [18].

Este es uno de tantos procedimientos para clasificar, ya que todos requieren de reglas de clasificación adecuadas de acuerdo al problema que se esté estudiando, en el caso de dos poblaciones el más utilizado es el criterio anteriormente explicado.

En la Figura 1 se muestra un claro ejemplo de discriminación para 2 poblaciones:

Figura 1. Regiones de Discriminación para 2 Poblaciones



El número máximo de funciones discriminantes es el valor mínimo entre el número de grupos menos 1 y el de variables [18]. Así la función discriminante elegida debe tener el máximo poder de discriminación entre los grupos.

1.4 Discriminación para Dos Poblaciones Normales Multivariadas:

Suponiendo que se tienen dos poblaciones normales multivariadas, denotadas por Π_1 , es decir $N_p(\mu_1, \Sigma_1)$ y Π_2 , como $N_p(\mu_2, \Sigma_2)$, donde μ_1 y μ_2 representan los vectores de medias y Σ_1 y Σ_2 las respectivas matrices de covariancia; teniendo además un nuevo vector de observaciones $X: [X_1, X_2, X_3, \dots, X_p]$, procedente de Π_1 o Π_2 . Es necesario determinar una regla que permita predecir de cual de las dos poblaciones es más probable que provenga X .

Para realizar la clasificación existen diversos métodos tomando en cuenta la igualdad o no de las matrices de covarianza, es decir, si $\Sigma_1 = \Sigma_2$ o si $\Sigma_1 \neq \Sigma_2$. Siendo el primer caso el más sencillo.

1.5 Reglas para La Clasificación:

1.5.1 Discriminación de Dos Poblaciones Normales Homocedásticas

Inicialmente es importante destacar que la homocedasticidad es una hipótesis que se refiere a suponer la igualdad de las matrices de varianzas y covarianzas, de las variables analizadas en diversos grupos.

Para contrastar la existencia de la igualdad entre las matrices de varianza y covarianza se suele utilizar el Test M de Box [1,3,5], El cual tiene como hipótesis nula la de igualdad de las matrices (homocedasticidad) y como alternativa la de heterocedasticidad (desigualdad de matrices de varianzas y covarianzas).

Asumiendo G grupos o poblaciones las hipótesis a contrastar son:

$$\begin{cases} H_0 = \Sigma_1 = \Sigma_2 = \dots = \Sigma_G \\ H_1 = \text{No todas las } \Sigma_g \text{ son iguales} \end{cases}$$

El estadístico del test está construido a partir del estadístico:

$$M = \frac{\prod_{g=1}^q |\Sigma_g|^{\frac{n_g-1}{2}}}{|\bar{\Sigma}|^{\frac{n-q}{2}}}$$

donde $\Sigma_g = \frac{W_g}{n_g - 1}$; $g = 1, \dots, q$ y $\bar{\Sigma} = \frac{\sum_{i=1}^q W_i}{n - q}$ q : Número de grupos

n : Tamaño muestral

W_g : Matriz de los coeficientes canónicos

- **Regla de la Función Discriminante Lineal:**

La regla para este caso está dada por [2]:

clasificar en Π_1 , si $b'x - k > 0$ y, en caso contrario, escoger Π_2

donde:

$$b = \Sigma^{-1}(\mu_1 - \mu_2) \quad y \quad k = \left(\frac{1}{2}\right)(\mu_1 - \mu_2)' \Sigma^{-1}(\mu_1 - \mu_2)$$

- **Regla de Distancia de Mahalanobis:**

La regla en este caso está dada por [2]:

Clasificar en Π_1 cuando $d_1 < d_2$ en caso contrario clasificar en Π_2

donde

$$d_i = (x - \mu_i)' \Sigma^{-1} (x - \mu_i) \text{ para } i = 1, 2.$$

- **Regla de la Probabilidad Posterior**

Cuando las matrices de varianza-covarianza son iguales, a la probabilidad $P(\Pi_i|x)$ dada por:

$$P(\Pi_i | x) = \frac{e^{-\frac{1}{2}d_i}}{\left(e^{-\frac{1}{2}d_1} + e^{-\frac{1}{2}d_2} \right)}$$

donde d_i representa la distancia de mahalanobis.

Se le denomina probabilidad posterior de la población Π_i , dado para $i=1,2$, entonces la regla de clasificación utilizando probabilidades posteriores es:

Elegir Π_1 si $P(\Pi_1|x) > P(\Pi_2|x)$, en caso contrario escoger Π_2

Una de las cualidades de la probabilidad posterior es que proporciona un indicador de cuanta confianza podría tener el investigador, considerando que está tomando la decisión correcta cuando asigna x a una de dos poblaciones [2].

- **Regla de Bayes:**

Uno de los criterios más utilizados es el *criterio Bayes* [3,4], el cual será explicado a continuación para la discriminación. La regla se puede aplicar a grupos que no necesariamente tengan distribuciones de probabilidad normal, sin embargo los casos que se presentan se trabajaran suponiendo normalidad para las poblaciones.

Aplicando el teorema de Bayes [3,4] se tiene que:

$$P[\Pi_i | x] = \frac{\pi_i f_i(x)}{\pi_1 f_1(x) + \pi_2 f_2(x)} \quad ; \quad i = 1, 2$$

La regla de clasificación está dada por:

La observación X se asignará al grupo Π_1 si:

$$P[\Pi_1 | x] > P[\Pi_2 | x] \Rightarrow p_1 f_1(x) > p_2 f_2(x)$$

donde sustituyendo y simplificando queda:

$$x' \Sigma^{-1} (\mu_1 - \mu_2) < 0.5 (\mu_1 + \mu_2)' \Sigma^{-1} (\mu_1 - \mu_2) - \log \frac{\pi_2}{\pi_1}$$

Esta es la regla para clasificar X en la población Π_1 en caso contrario clasificar en Π_2 .

Existe un caso particular para realizar la clasificación:

- Si $p_1 = p_2$ el criterio de Bayes asignará la observación X al grupo cuya media, μ_i , esté a menor distancia de Mahalanobis² [8] la cual viene dada por:

$$d(x, \mu_i) = (x - \mu_i)' \Sigma (x - \mu_i)$$

El criterio de Bayes utiliza como función de clasificación, la función lineal, donde se establece como punto de corte entre los dos grupos el siguiente:

$$0.5 (\mu_1 + \mu_2)' \Sigma^{-1} (\mu_1 - \mu_2) - \log \frac{\pi_1}{\pi_2}$$

Además el espacio geométrico p-dimensional de las observaciones queda dividido en dos regiones separadas por el hiperplano representado por:

$$x' \Sigma^{-1} (\mu_1 - \mu_2) = 0.5 (\mu_1 + \mu_2)' \Sigma^{-1} (\mu_1 - \mu_2) - \log \frac{\pi_1}{\pi_2}$$

1.5.2 Discriminación de Dos Poblaciones Normales Heterocedásticas

La heterocedasticidad consiste en la desigualdad de las matrices de varianzas y covarianzas, de las variables analizadas en diversos grupos o poblaciones denotadas por Π_1 y Π_2 .

- **Regla de la Verosimilitud:**

Sea X un vector aleatorio p -dimensional la regla para este caso está dada por [2]:

Se asigna X a Π_1 , si $L(x; \mu_1, \Sigma_1) > L(x; \mu_2, \Sigma_2)$, de lo contrario se asigna a Π_2 donde:

$$L(x, \mu_i, \Sigma_i) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{p}{2}} |\Sigma_i|^{\frac{1}{2}}} \exp \left[-\frac{1}{2} (x - \mu_i)' \Sigma_i^{-1} (x - \mu_i) \right] \quad \text{para } x \in E_p$$

Representa la función de verosimilitud

E_p : Espacio vectorial p dimensional de números reales

La mayoría de las reglas clasificatorias descritas anteriormente son simplificaciones de la regla de la verosimilitud.

- **Regla de Bayes:**

Para la discriminación se supone $X \sim N_p(\mu_i, \Sigma_i)$ $i=1,2$ en cada uno de los grupos con $\Sigma_1 \neq \Sigma_2$ entonces las funciones de densidad de X están dadas por [8]:

$$f_i(x) = \frac{1}{|\Sigma_i|^{\frac{1}{2}}} e^{-0.5(x-\mu_i)' \Sigma_i^{-1} (x-\mu_i)} \quad i = 1,2$$

y el criterio de clasificación es el siguiente:

$$P[\Pi_1 | x] > P[\Pi_2 | x] \Rightarrow$$

Se asigna X en Π_1 si:

$$(x - \mu_1)' \Sigma_1^{-1} (x - \mu_1) - (x - \mu_2)' \Sigma_2^{-1} (x - \mu_2) \leq \log \frac{|\Sigma_2| \pi_1}{|\Sigma_1| \pi_2}$$

en caso contrario se asigna en Π_2

1.5.3 Reglas Discriminantes para más de 2 Poblaciones :

Para el caso cuando se tienen más de dos grupos o poblaciones se generalizan los criterios vistos con dos grupos de forma elemental:

1. Con la distancia de mahalanobis¹ se podrá calcular ésta, entre una observacion y cada una de las medias poblacionales, luego se clasificará esa observacion en la población a cuya media se encuentre más próxima [2].
2. Con las probabilidades posteriores se toma la $P(\Pi_i|x)$ de una observacion para cada una de las poblaciones en competencia y se clasifica la observación en la población que resulte la probabilidad posterior mas grande [2].
3. Tomando las funciones de clasificación de cada una de las poblaciones se evalúa la observación en cada función y se clasifica en la población cuyo valor sea el mas grande de las funciones de clasificación.
4. **Regla de Bayes:** sea X un vector aleatorio tal que $X \sim N_p(\mu_i, \Sigma)$ $i=1, \dots, q$ en cada uno de los grupos donde las funciones de densidad de x están dadas por:

$$f_i(x) = \mu_i e^{-0.5(x-\mu_i)'\Sigma^{-1}(x-\mu_i)} \quad i = 1, \dots, q$$

El criterio Bayes clasifica la observación X en el grupo g si:

$$P[\Pi_g | x] = k = 1, \dots, q \quad P[\Pi_k | x] \Leftrightarrow x'\Sigma^{-1}\mu_g - 0.5\mu_g'\Sigma^{-1}\mu_g + \log \pi_g = k = \max_{1, \dots, q} \{x'\Sigma^{-1}\mu_k - 0.5\mu_k' + \log \pi_k\}$$

Las funciones discriminantes son lineales y están dadas por:

$$x'\Sigma^{-1}\mu_g - 0.5\mu_g'\Sigma^{-1}\mu_g + \log \pi_g \quad \text{donde} \quad g = 1, \dots, q$$

¹ Distancia de Mahalanobis: Es la distancia que existe entre un caso y el centroide de cada grupo en el espacio definido por las variables (espacio n-dimensional definido por las variables de n).

1.6 Funciones Discriminantes:

La discriminación entre q grupos se realiza mediante el cálculo de unas funciones matemáticas denominadas funciones discriminantes. Para que estas funciones sean óptimas deben proporcionar reglas de clasificación que minimicen la probabilidad de cometer errores. Existen varios procedimientos para calcularlas siendo el procedimiento de Fisher uno de los más utilizados.

1.6.1 Función Discriminante de Fisher:

El procedimiento de Fisher toma como funciones discriminantes, combinaciones lineales de las variables clasificadoras de la forma:

$$D = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_pX_p = b'X$$

En este enfoque no se asume que las poblaciones sean normales, se asume que las matrices de covarianzas poblacionales son iguales. Las fronteras de decisión se expresan como una función lineal [14].

La variabilidad total de la función discriminante se puede descomponer en una combinación lineal de las variables originales "X" donde la finalidad es encontrar las funciones que maximicen el cociente entre la variabilidad entre los grupos y la variabilidad dentro de los grupos.

- El método de Fisher se basa en la maximización de la distancia promedio entre los dos grupos en términos del desvío estándar.
- El análisis discriminante toma la información de todas las variables (las Xs) y las reduce a una nueva variable (y) mediante una combinación lineal.
- Esta nueva variable se construye de forma tal que su distribución provee la mayor separación posible entre los dos grupos en términos de sus promedios.
- Los coeficientes discriminantes (los b_p) representan la contribución relativa de cada variable a la separación.

1.6.2 Funciones Discriminantes de Coeficientes No Estandarizados y de Coeficientes Estandarizados

Las funciones discriminantes de coeficientes no estandarizados utilizan coeficientes cuyos valores dependen de las variables originales sin ser sometidos a ninguna transformación. Estos indican la contribución parcial de cada variable a las funciones discriminantes, no ayudan en la determinación de la importancia relativa de las variables debido a que las variables difieren en las unidades de medición. En las funciones de coeficientes estandarizados se usan coeficientes independientes de la métrica original de las variables discriminantes, estandarizados a una media 0 y una desviación estándar 1; permiten comparar el poder discriminante de cada variable independiente, basándose en que las variables se ajustan a una misma unidad de medición. El máximo poder corresponderá a la variable independiente con mayor coeficiente estandarizado en las funciones discriminantes estandarizadas. Todas estas funciones se utilizan con fines predictivos para asignar nuevas observaciones a los grupos o poblaciones ya conocidos.

1.6.3 Función Discriminante Cuadrática:

Las funciones discriminantes cuadráticas en poblaciones normales se utilizan cuando las matrices de covarianzas son desiguales. Se diferencian de las otras en que las fronteras de decisión se expresan como una función cuadrática (círculos, elipses, parábolas, hipérbolas) [14]. La expresión de la función cuadrática muestral viene dada por:

$$g_i(X) = -\frac{1}{2}(X - \mu_i)' \Sigma_i^{-1}(X - \mu_i) - \frac{1}{2} \log|\Sigma_i| + \log \pi_i$$

Estas funciones se utilizan generalmente en casos donde la aplicación requiera de funciones con mayor complejidad para generar las regiones de clasificación.

CAPÍTULO 2

GENERALIDADES SOBRE REDES NEURONALES ARTIFICIALES

2.1 Introducción a las Redes Neuronales Artificiales:

El hombre siempre se ha caracterizado por la búsqueda constante de nuevas vías para mejorar sus condiciones de vida, esto ha conllevado a la creación de maquinas que de alguna u otra forma facilitan los esfuerzos que realizan los seres humanos en tareas complejas.

Todas esas máquinas han servido al progreso de muchas actividades, sin embargo existen campos en donde la gran capacidad de las mismas no genera mejoras considerables, ni un aporte en la solución de un problema determinado. Debido a ello y a que estas máquinas tienen la limitación de que no resuelven problemas donde la solución no sea algorítmica o de aprendizaje; surge lo llamado Inteligencia Artificial.

Siempre se ha tenido la curiosidad de determinar como el cerebro es capaz de interpretar información imprecisa suministrada por los sentidos a un ritmo increíblemente veloz [19]. Las redes neuronales artificiales pretenden imitar a pequeñísima escala la forma de funcionamiento de las neuronas que forman el cerebro humano, y por ende las estrategias de solución, fundamentadas en ejemplos de comportamiento típico de patrones, esto basándose en la generalización, y el aprendizaje que es concebido por ensayo y error lo cual genera una experiencia [22].

Las redes neuronales artificiales se desarrollan en el área de Inteligencia Artificial (IA). La IA permite a través de sistemas automáticos, ya sean maquinarias, mecanismos, dispositivos, programas, entre otros, emular el funcionamiento del sistema nervioso biológico, así como de otras actividades que buscan imitar el comportamiento del cerebro humano, las redes neuronales artificiales simulan el aprendizaje e interpretación de información. Las redes neuronales artificiales se

aplican mayormente en problemas de reconocimiento automático, descripción, clasificación y agrupamiento de patrones entre otros.

2.2 Evolución histórica de las redes neuronales artificiales:

Años 30:

- Se concibe la idea de estudiar el cerebro como una forma de ver el mundo de la computación. (Alan Turing-1936) [4].

Años 40:

- A través de un trabajo titulado “*A Logical Calculus Of The Ideas Inminent In Nervous Activity*” [5]. Se trata de explicar el funcionamiento del cerebro humano, por medio de una red de células conectadas entre si, donde se podía dar una idea acerca de la forma de trabajar las neuronas y que por la forma como se interconectaban entre ellas, podía ser el fundamento de construcción de máquinas similares al cerebro. (Walter Pitts, Warren McCulloch -1943).
- Se presentan las primeras arquitecturas de redes capaces de reconocer patrones especiales simples. (Walter Pitts, Warren McCulloch -1947).
- Se crea el fundamento de la regla de aprendizaje donde se establece una conexión entre psicología y fisiología. (Donal Hebb -1949) [4].

Años 50:

- Se construye la primera máquina de redes neuronales, un sistema de aprendizaje en una red, basada en reforzamiento. (Marvin Minsky y Dean Edmonds - 1951).
- En el Congreso de Dartmouth – 1956 se inicia el nacimiento de la inteligencia artificial.
- Se comenzó el desarrollo de un modelo de red neuronal denominado *Perceptrón*, que se basaba en la capacidad de generalizar, podía reconocer patrones similares de otros, a pesar de no ser presentados en el proceso de aprendizaje. Se utiliza frecuentemente en aplicaciones que impliquen reconocimiento de patrones. (Frank Rosenblatt - 1957).
- Se desarrolla el modelo ADALINE (**AD**Aptative **LINE**ar **E**lements), fue la primera red neuronal aplicada a un problema real: “*Filtros Adaptativos*”

para eliminar ecos en las líneas telefónicas “. (Bernard Widrow y Marcial Hoff - 1959).[4]

Años 60:

- *Die Lernmatrix*: red neuronal para simples realizaciones técnicas (memoria asociativa).(Karl Steinbeck -1961) [5].
- Se creó una red denominada *Avalancha*, que consistía en elementos discretos con actividad que varía en el tiempo que satisface ecuaciones diferenciales continuas, para resolver problemas tales como el reconocimiento continuo de habla y aprendizaje de los brazos de un robot. (Stephen Grossberg – 1967).
- Se demuestran las limitaciones teóricas del modelo perceptrón organizado. Y casi se produce la muerte de las redes neuronales artificiales, esto debido a la incapacidad de éstas para resolver problemas sencillos, por ejemplo el aprendizaje de una función no-lineal (Marvin Minsky y Seymour Papert - 1969).
- A pesar del decaimiento de las redes neuronales artificiales algunos investigadores continuaron sus trabajos. Se desarrolló un modelo llamado *asociador lineal*, que consistía en unos elementos integradores lineales (neuronas) que sumaban sus entradas. (James Anderson) [4].

Años 70:

- Se desarrolla la idea básica del algoritmo de aprendizaje de “propagación hacia atrás” (*backpropagation*). Que fue precisado totalmente en 1985. (Paul Verbos - 1974).
- Se crea una arquitectura de red llamada *Teoría de Resonancia Adaptada (TRA)*. La misma simula otras habilidades del cerebro: memoria a largo y corto plazo. (Stephen Grossberg - 1977).

Años 80:

- Se desarrolló un modelo neuronal para el reconocimiento de patrones visuales (Kunihiko Fukushima – 1980).
- Coinciden numerosos eventos que hacen resurgir el interés por las redes neuronales. John Hopfield presenta un trabajo sobre éstas, donde se explica con claridad y rigor matemático una red, su funcionamiento y sus

aplicaciones la cual lleva su nombre. Se celebra la *U.S.-Japan Joint Conference on Cooperative/Competitive Neural Networks*.(1982) [4].

- Se publica un libro que apertura el renacimiento de las redes neuronales: "*Computación neuronal de decisiones en problemas de optimización.*" (John Hopfield). Se redescubre el algoritmo de aprendizaje de propagación hacia atrás: "backpropagation" (David Rumelhart y G. Hinton) 1985. A partir de este año comenzaron a consolidarse los congresos más importantes como *Neural Networks for Computing*, la *Neural Information Processing Systems*.
- El *IEEE* celebra la primera conferencia internacional sobre redes neuronales. Se forma la *Internacional Neural Network Society (INNS)*.(1987)
- A raíz de todos estos acontecimientos se incrementa el interés de esta tecnología y comienzan a realizarse anualmente congresos y conferencias, resulto la unión del *IEEE* y de la *INNS* en 1988, así como la producción de numerosos artículos e investigaciones que se han ido desarrollando hasta la actualidad.

Actualmente se realizan y publican innumerables trabajos y revistas en esta área, las empresas cada vez lanzan más productos nuevos y surgen nuevas aplicaciones, existen mayores capacidades tanto en hardware como en software para el desarrollo de redes neuronales artificiales.

2.3 Neurona Biológica

Las neuronas biológicas son células vivas que conforman la unidad funcional y estructural del sistema nervioso, son las encargadas de recibir, procesar y enviar respuestas como impulsos nerviosos que permiten el funcionamiento de dicho sistema. La neurona está conformada por: cuerpo celular, dendritas y el axón [3].

En el cuerpo celular se encuentra el núcleo, que es en donde se ejecutan todas las transformaciones necesarias para la vida de la neurona, las dendritas son unas ramificaciones que brotan de la neurona cuya función es recibir y llevar impulsos percibidos de su exterior al cuerpo celular. El proceso de conexión

donde se intercambia información química entre neuronas se denomina sinapsis. El axón es un nervio tubular que sobresale de la neurona se encarga de la propagación de impulsos (información) a otras neuronas. En la figura 1 se ilustra una neurona biológica con sus componentes.

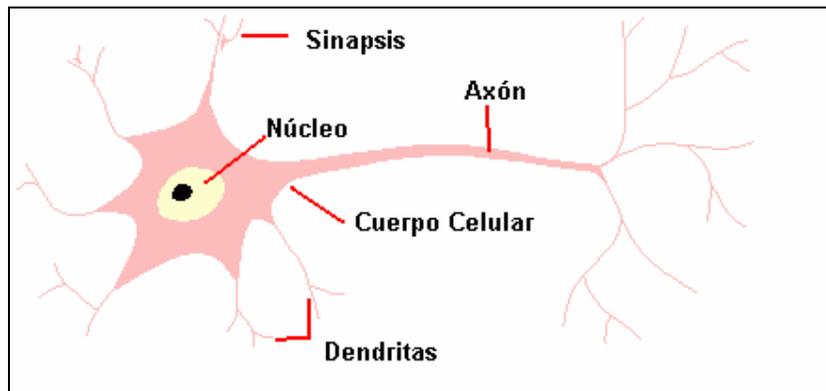


Figura 2. Neurona Biológica

El funcionamiento de una neurona biológica se puede explicar como un proceso donde la neurona recibe una serie de señales o impulsos nerviosos los cuales al llegar al cuerpo celular son sumados. El resultado de esta suma puede generar cambios en el estado de la neurona el cual puede ser excitatorio (cuando la sinapsis tiene carga positiva) o inhibitorio (cuando la sinapsis carga negativa). Si la suma es mayor que un cierto umbral que tolera la neurona, está pasa a emitir un impulso a través de su axón a otras neuronas. En el otro caso la neurona permanece inactiva.

2.4 Neurona artificial

Es la unidad fundamental de procesamiento de las Redes Neuronales Artificiales, pretenden mimetizar las características más importantes de las neuronas biológicas [4].

Están formadas por una serie de entradas (X_1, X_2, \dots, X_n), que son equivalentes a los estímulos que reciben las dendritas; estas entradas tiene un peso asociado (W_1, W_2, \dots, W_n) esto para determinar con qué intensidad afecta una entrada a la neurona. Luego la *función de activación* representa el cuerpo celular de la

neurona, debido a que allí se genera la respuesta a los estímulos recibidos. Y donde se tiene que Y es la respuesta o salida que genera la neurona.

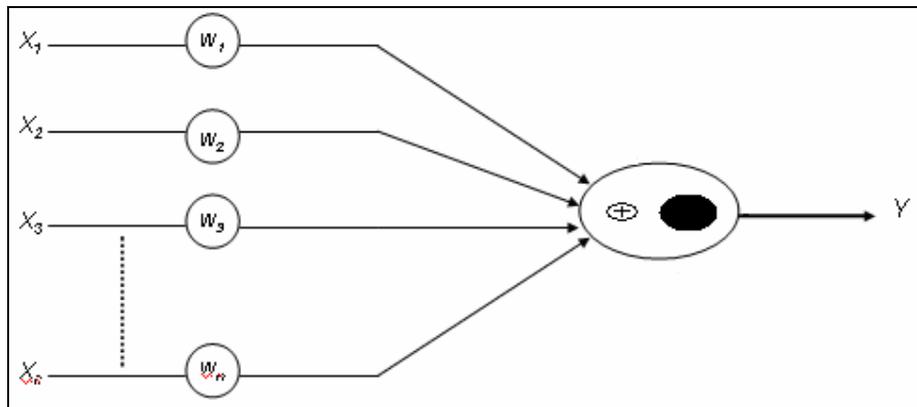


Figura 3. Neurona Artificial

Su funcionamiento se explica de la siguiente forma: cada entrada X_i tiene un peso asociado W_i , el cual le dará el grado de importancia en la activación de la neurona respecto a las otras entradas. Esto se determina mediante la siguiente relación:

$$\text{Suma_Ponderada} = \sum_{i=1}^n X_i W_i \quad (2.1)$$

Luego, con el valor resultante de esta suma ponderada, se evalúa la *función de activación*, generando de esta forma la salida de la neurona.

2.5 Redes neuronales artificiales:

Una red neuronal artificial es un modelo diseñado para emular y reproducir el comportamiento del cerebro, consta de unidades procesadoras (neuronas artificiales) altamente interconectadas que conforman una estructura y poseen la capacidad de almacenar conocimiento. Los elementos básicos de la mayoría de las RNA son las neuronas adaptativas o perceptrón las cuales están conformadas por los siguientes elementos:

- Un punto de sumas ponderadas: combina en único valor todos los valores de activación recibidos.

- Una función de activación (lineal o no lineal) que se basa en las diferentes entradas a los procesadores elementales.
- Una regla de entrenamiento o aprendizaje.

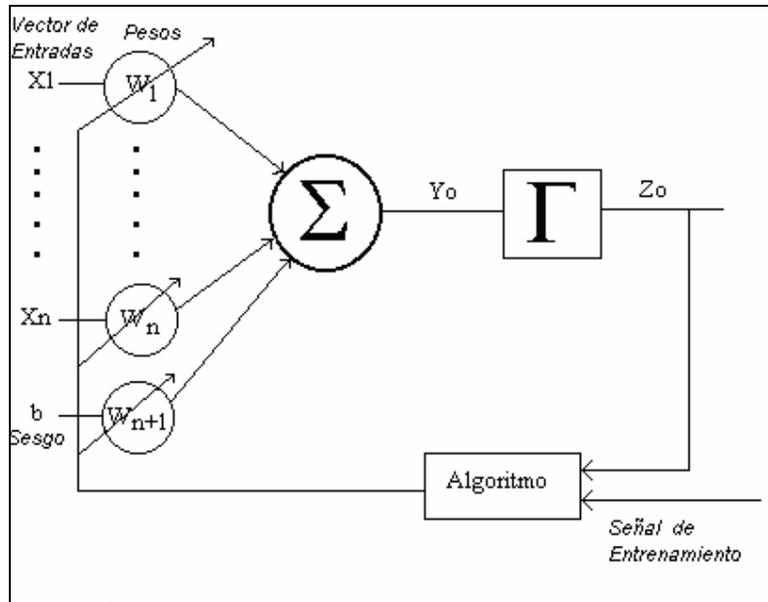


Figura 4. Esquema de una Neurona Adaptativa o Perceptrón

donde se tienen los siguientes elementos:

$X_i(t)$ es la señal de entrada.

$W_i(t)$ son los pesos para cada entrada.

b es el sesgo usado para evitar indeterminaciones en el algoritmo de entrenamiento, en el caso de que todas las entradas sean cero. Generalmente con valor de 1 ó -1.

$Y_0(t)$ es el resultado de la sumatoria de las señales de entradas ponderadas (ecuación 2.2).

$Z_0(t)$ es la salida de la red (ecuación 2.3).

$$Y_0(t) = \sum_{i=1}^n W_i(t)X_i(t) + W_{n+1}(t)b \quad (2.2)$$

$$Z_0(t) = \Gamma(Y(t)) \quad (2.3)$$

El funcionamiento de una neurona adaptativa es de la siguiente manera: cada señal de entrada X_1, X_2, \dots, X_n es multiplicada por los pesos, antes de introducirse al bloque de suma donde se realiza una suma algebraica de los productos obtenidos anteriormente, produciendo una salida [5].

Para entrenar la red se toma una salida deseada la cual se compara con la salida obtenida y se determina el error producido, el cual es útil para el ajuste de los pesos, allí se puede manipular hasta lograr que el error sea mínimo esto modificando cada uno de los pesos. Esto se realiza hasta obtener la salida deseada.

2.5.1 Funciones de Activación:

Representan el estado actual del sistema, e indican cuando una neurona esta en estado inhibitorio o excitatorio, combinan las entradas con el estado actual de la neurona para producir un nuevo estado de activación, es decir, esta función produce un nuevo estado de activación a partir del estado que existía y la combinación de las entradas con los pesos de las conexiones.

Algunas de las Funciones de Activación más utilizadas son:

1. Función Escalón o Paso: Es usada para problemas de clasificación, y se asocia a neuronas binarias en donde la salida puede ser dicotómica y se representa mediante:

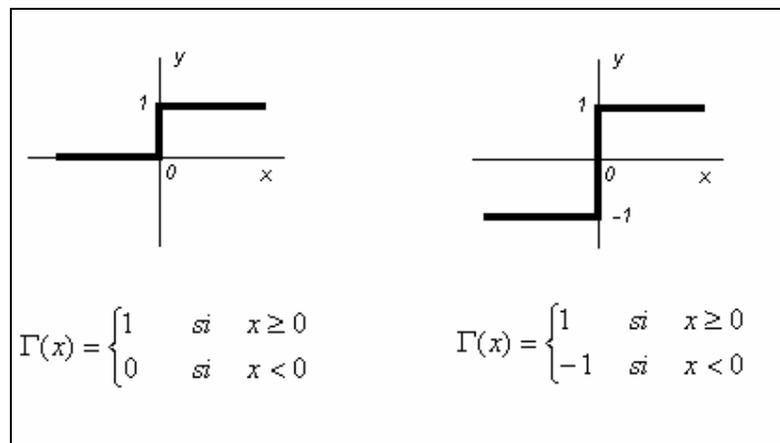
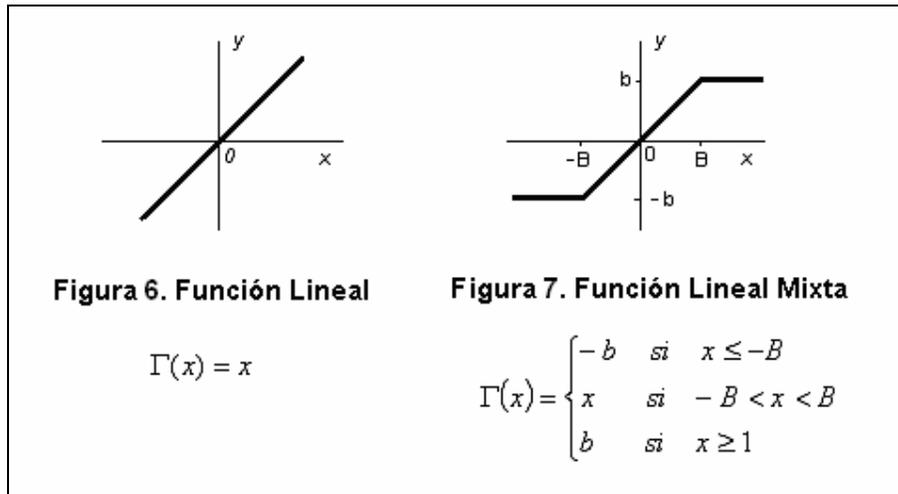


Figura 5. Función Escalón

2. Función Lineal y Mixta: la función lineal se identifica por tener la propiedad en la que la entrada de la función de activación es igual a la salida. En la mixta el estado de activación de la unidad de esta función está obligado a estar dentro de valores reales prefijados, que generalmente se encuentran entre 1 y -1.



3. Función Logística o Sigmoidal: esta es una función continua en donde la salida contiene valores entre 0 y 1, y el espacio de los estados de activación es un intervalo del eje real.

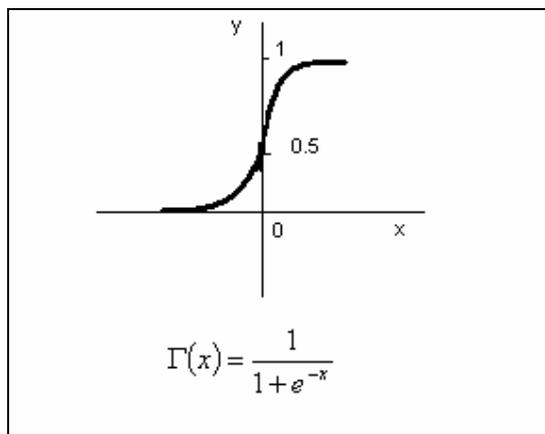


Figura 8. Función Logística o Sigmoidal

4. Función Exponencial Negativa: es definida como $f(x)=e^{-x}$ y la salida se encuentra entre el rango $(0, +\infty)$.

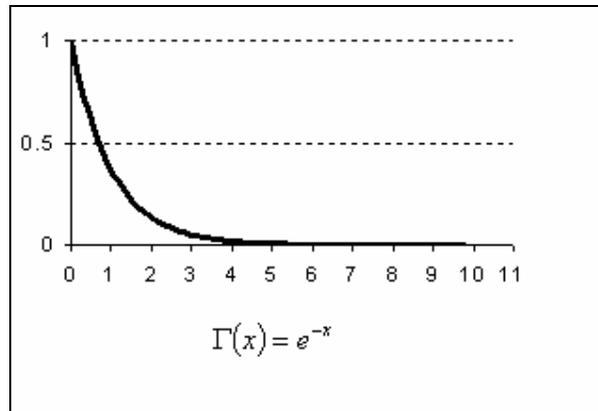


Figura 9. Función Exponencial Negativa

2.5.2 Topologías de Redes Neuronales Artificiales:

“Las topologías de las redes neuronales artificiales consiste en la organización y disposición de las neuronas en la red formando capas o agrupaciones de neuronas” [4]. Para la escogencia de ésta se toman en cuenta los siguientes parámetros: número de capas, número de neuronas por capa, grado de conectividad y tipo de conexiones entre neuronas.

Al estudiar la clasificación de las redes en topologías se presentan 2 grupos las redes monocapas y las redes multicapas que se describirán a continuación:

2.5.2.1 Redes Monocapa: Son aquellas en las que se establecen conexiones laterales entre las neuronas que pertenecen a la única capa de la red [4]; es decir, cada una de las entradas es conectada a cada una de las neuronas.

2.5.2.1 Redes Multicapa: Son aquellas que disponen las neuronas agrupadas en varias capas, en donde, todas las neuronas de una capa reciben señales de entrada de otra capa anterior, más cercana a la entrada de la red, y envían su señal de salida a una capa posterior, más cercana a la salida de la red.

2.5.3 Entrenamiento de Las Redes Neuronales Artificiales:

En los sistemas biológicos, las redes neuronales se entrenan mediante ensayo y error de las acciones generadas como respuesta a los estímulos que el individuo recibe al comenzar a interactuar con el medio ambiente. Cuando cierta acción de respuesta al estímulo es exitosa, los enlaces sinápticos entre un grupo de neuronas se fortalecen, de manera que cuando el individuo perciba una sensación sensorial parecida, la respuesta será la correcta. Así se generará un aprendizaje.

El entrenamiento de las redes neuronales artificiales consiste en presentarle a la misma un conjunto de estímulos (vectores de entradas) con sus respectivas salidas óptimas, de esta forma la red determina las salidas que generaría para los mismos estímulos y por comparación con las salidas óptimas se obtiene la desviación, procediendo luego a ajustar sus pesos proporcionalmente al error cometido. Esto finaliza cuando se minimiza el error o por ciclos preestablecidos a priori.

Para realizar el entrenamiento se debe considerar como se realiza la modificación de los valores de los pesos, que es la clave del entrenamiento de las redes neuronales artificiales, el correcto entrenamiento de éstas dependen de la interconectividad entre sus neuronas y el algoritmo usado para ajustar sus pesos. Por lo que los métodos de aprendizaje entre se dividen en dos grupos:

2.5.3.1 Aprendizaje Supervisado: Para estos algoritmos el proceso de aprendizaje se realiza mediante un entrenamiento controlado por un agente externo (supervisor o maestro) que determina la respuesta que debería generar la red a partir de una entrada determinada [4]; es decir, para cada patrón de entrada se presentan valores de entrada junto a los patrones de salida deseados. El supervisor comprueba la salida de la red y en caso de que ésta no coincida con la deseada, se procederá a modificar los pesos de las conexiones, con el fin de que la salida obtenida se aproxime a la deseada [4].

Entre algunos algoritmos de entrenamiento supervisados se tienen los siguientes:

- **Aprendizaje por corrección del error:** Consiste en ajustar los pesos de las conexiones de la red en función de la diferencia entre los valores deseados y los obtenidos en la salida de la red; es decir, en función del error cometido en la salida. Entre ellos se encuentra el algoritmo de retropropagación [4].
- **Aprendizaje por refuerzo:** Se basa en la idea de no indicar durante el entrenamiento exactamente la salida que se desea que proporcione la red ante una determinada entrada. La función del supervisor se reduce a indicar mediante una señal de refuerzo si la salida obtenida en la red se ajusta a la deseada (éxito = 1 o fracaso = -1), y en función de ello se ajustan los pesos basándose en un mecanismo de probabilidades [4].
- **Aprendizaje estocástico:** Consiste básicamente en realizar cambios aleatorios en los valores de los pesos de las conexiones de la red y evaluar su efecto a partir del objetivo deseado y de distribuciones de probabilidad [4].

2.5.3.2 Aprendizaje no supervisado: Las redes con dicho aprendizaje no requieren de influencia externa para ajustar los pesos de las conexiones entre sus neuronas. La red no recibe ninguna información por parte del entorno que le indique si la salida generada en respuesta de una entrada es o no correcta. Suele decirse que estas redes son capaces de autorganizarse [4].

En cuanto a los algoritmos de aprendizaje no supervisados, en general se consideran dos tipos, que dan lugar a los siguientes aprendizajes:

- **Aprendizaje Asociativo o Hebbiano:** Consiste en el ajuste de los pesos de las conexiones de acuerdo con la correlación de los valores de activación de las dos neuronas conectadas. Se basa en el postulado de Hebb [4], puesto que si las dos unidades son activas (positivas), se refuerza la conexión; por el contrario, cuando una es activa y la otra pasiva, se debilita la conexión.
- **Aprendizaje competitivo o cooperativo:** Suele orientarse hacia la clusterización o clasificación de dichos datos. En dicho aprendizaje suele

decirse que las neuronas compiten (y cooperan) unas con otras con el fin de llevar a cabo una tarea dada.

Son muchos los algoritmos de aprendizaje así como topologías de redes neuronales artificiales sin embargo en esta investigación se utilizarán únicamente las redes perceptrónicas multicapas usando el algoritmo de entrenamiento supervisado de retropropagación, las cuales se describirán brevemente a continuación:

2.6 Red Perceptrón Unicapa:

Un perceptrón unicapa es un conjunto de neuronas no unidas entre si, de manera que cada una de las entradas del sistema se conectan a cada neurona, produciendo cada una de ellas una salida individual (Figura 10). Es una red con conexiones hacia adelante, las cuales se caracterizan por arquitecturas en niveles y conexiones estrictamente hacia adelante entre las neuronas.

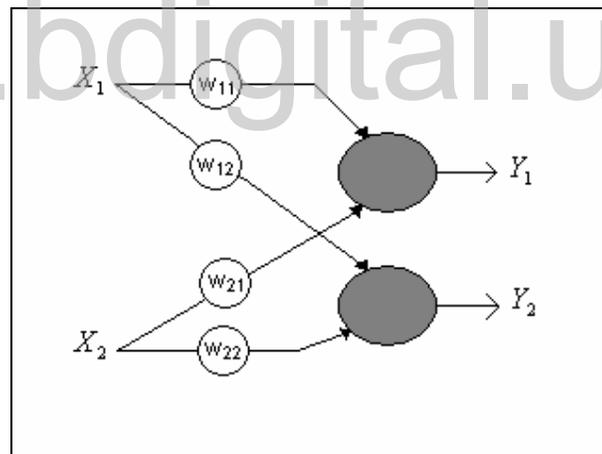


Figura 10. Perceptrón Unicapa

La regla de aprendizaje de perceptrón es de tipo supervisado, lo cual requiere que sus resultados sean evaluados y se realicen las oportunas modificaciones del sistema cuando fuese necesario.

2.7 Redes Perceptrónicas Multicapas:

Estructuralmente, una red perceptrónica multicapa es un arreglo en cascada de una serie de perceptrones unicapas conectados entre sí (Figura 11). Son redes de alimentación adelantada que aceptan entradas tanto continuas como binarias [3,5]. Si las señales de entrada son bien seleccionadas, la capacidad de aproximación de la red multicapa depende del número de capas ocultas así como de la cantidad de neuronas y del tipo de función de activación adecuado.

Es mucho más eficaz que el perceptrón unicapa en las tareas de clasificación de patrones, ya que las redes perceptrónicas multicapas pueden resolver problemas de clasificación para más de dos categorías, mientras las unicapas se limitan solo a clasificar en dos clases o categorías.

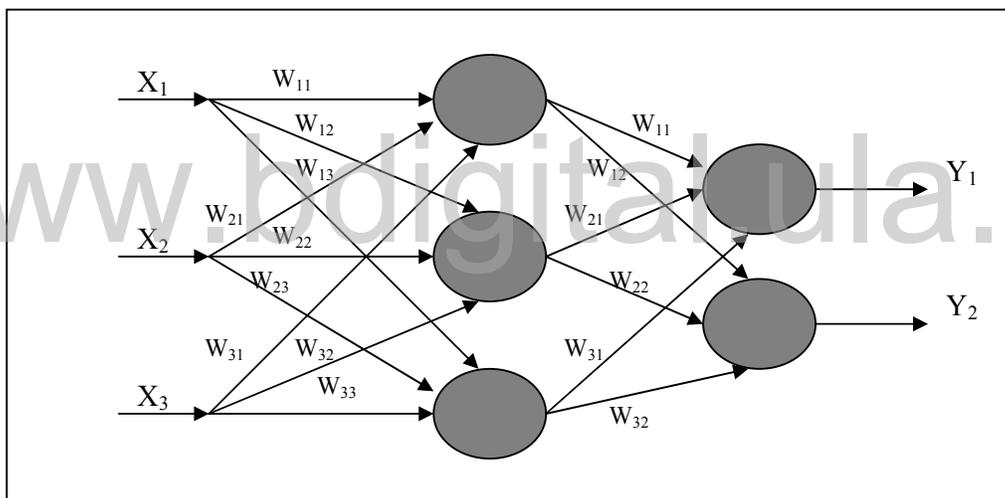


Figura 11. Perceptrón Multicapa

La regla de aprendizaje de estas redes se conoce como el mecanismo de retropropagación, el cual funciona minimizando una función de costo igual a la diferencia media cuadrática entre la salida deseada y la salida generada por la red [4]. Se tiene que es uno de los mejores algoritmos de entrenamiento conocido para redes neuronales, y uno de los más usados. Requiere menos memoria que otros algoritmos, y usualmente alcanza rápidamente un nivel de error aceptable, aunque puede ser más lento para converger apropiadamente a un error mínimo.

CAPÍTULO 3

CLASIFICACIÓN POR VARIEDAD DE *PISUM SATIVUM* USANDO MÉTODOS ESTADÍSTICOS Y TÉCNICAS INTELIGENTES APLICANDO LA METODOLOGÍA PARA EL DESARROLLO DE UN SISTEMA GENERAL DE RECONOCIMIENTO DE PATRONES

La metodología usada en el desarrollo del trabajo es el resultado de la fusión de enfoques y técnicas involucradas y asociadas al reconocimiento de patrones. Esta metodología incluye, entre otras cosas, análisis estadísticos de datos con la finalidad de retener observaciones y variables representativas y descartar aquellas que sean redundantes o atípicas. Si se dispone de una matriz de datos que contiene gran cantidad de variables puede realizarse un análisis de componentes principales (ACP), que es una técnica multivariante cuyo objetivo fundamental es reducir la dimensionalidad del conjunto original de datos, a un nuevo conjunto de variables o componentes principales, las cuales se ordenan de manera tal, que los primeros componentes retienen la mayor parte de la variación presente en todas las variables originales.

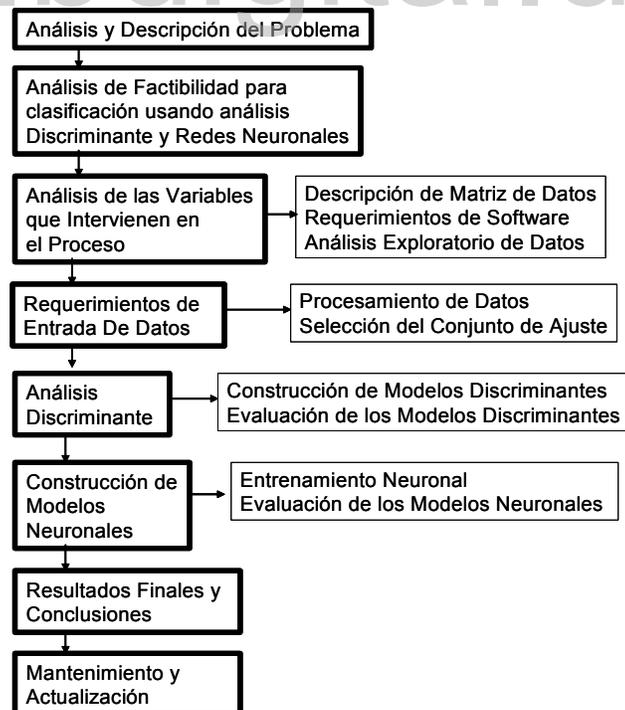


Figura 12. Esquema General de la Metodología para el Desarrollo de un Sistema de Reconocimiento de Patrones

3.1 Etapa 1. Análisis y Descripción del Problema:

La *Pisum Sativum* pertenece (familia de las Papilionáceas) es una planta anual con raíz poco desarrollada, de la que se conocen distintas variedades. Posee hojas penadas dispuestas sobre un tallo erguido o rastrero, compuestas por dos o tres folíolos provistos de zarcillo. El fruto es una legumbre arqueada, simétrica en ambas caras, algo hinchada, que encierra semillas verdes, alineadas, esféricas. Se cultiva ampliamente y requiere terrenos de regadío. Se recolecta en verano [15]. También se le conoce con el nombre de guisantes.

En la figura 11, se muestra una planta de *Pisum sativum*.



Figura 13. Planta de *Pisum sativum*

En la actualidad existe una creciente necesidad de técnicas y procedimientos rápidos que ayuden al reconocimiento del estado de salud de las plantas y que a su vez sean útiles en tareas de selección y clasificación de éstas, es decir, que permitan asignar clara y eficazmente una nueva variedad dentro de la especie. Uno de los procedimientos recientes para saber acerca de la salud de una planta es el JIP test, que basado en las medidas de rayos de fluorescencia, arroja información acerca de la estructura y función de fotosíntesis. A partir de los

puntos de fluorescencia recolectados se puede hacer una descripción del estado fisiológico de la planta [11,13,16].

Existen muchas variedades de *Pisum sativum* las cuales se ven diferenciadas por su capacidad de desarrollo en diferentes climas, además del tipo de hojas que poseen y la resistencia que estas tienen a la sequía, conjuntamente con características propias que permiten diversificarse entre sí.

Para el desarrollo del proyecto que se presenta, se utilizará el estudio realizado por el Dr. Ronald Maldonado Rodríguez en el laboratorio de Bioenergética de la Universidad de Ginebra – Suiza, el cual parte de que las señales de fluorescencia pueden ser incorporadas como un código de barras de las características fisiológicas de las plantas y pueden ser usadas para propósitos taxonómicos, y de allí surge el objetivo principal de su investigación el cual es: “Proporcionar un método rápido para desarrollar estrategias que ayuden a la disminución del impacto del estrés ambiental en la agricultura” [1]. También se tiene como referencia el estudio realizado por la Profesora Anna Gabriela Pérez, en el cual se clasifican especímenes de *Pisum sativum* de acuerdo a la resistencia a la sequía.

En el trabajo desarrollado por el Dr. Ronald Maldonado, se desean clasificar ocho variedades de *Pisum Sativum*. Para realizar la clasificación se usan curvas de inducción de fluorescencia, las cuales fueron obtenidas en el tiempo real y en el sitio. Los experimentos para realizar estas mediciones tomaron varios años [1].

El experimento fue realizado bajo las siguientes condiciones:

- Se cultivaron en el laboratorio 8 plantas de cada variedad en macetas de 15cm de diámetro.
- Condiciones de invernadero (23/16°C, día/noche, en un foto periodo de 14/10 horas, HFI Hg. lámparas de 400W).
- Las plantas fueron regadas cada dos días con un rociador de agua.
- Las señales de fluorescencia medidas en milivatios/milisegundos, se obtienen de las hojas superiores e inferiores de las plantas.

- Se obtiene una curva para cada hoja.
- De cada curva se extraen valores, los cuales sirven para definir los vectores de entrada para los modelos de clasificación.
- Las componentes del vector que define cada curva medida son lo suficientemente representativas para caracterizar las señales medidas.

En este trabajo se desean clasificar 8 variedades de *Pisum sativum* mediante análisis discriminante y redes neuronales artificiales considerando la información de los valores de la curva de inducción de fluorescencia, que se obtienen de las hojas de plantas, por medio del JIP-TEST.

3.2 Etapa 2. Análisis de Factibilidad para la Clasificación Usando Análisis Discriminante y Redes Neuronales Artificiales:

El problema que se presenta es clasificar *Pisum Sativum* de acuerdo a la variedad, la variable dependiente corresponde a las 8 variedades de *Pisum sativum* representadas por: Frisson x Filby, Desso, Solara, First and Best, Bountiful, Esla, Gloton, HR-1, las cuales son mutuamente excluyentes. Las variables independientes son cuantitativas y corresponden a los puntos que se obtienen de la curva de fluorescencia del JIP-test, están expresadas en mv/msg y tienen la siguiente nomenclatura: A1,B1,C1,D1,G1,H1,I1,J1,K1,M1,NI,Q1,R1. Los procedimientos para la medición y nomenclatura de las variables se explican en [6].

Es importante tener en cuenta que para realizar el análisis discriminante se presentan los siguientes requerimientos sobre el tamaño de la muestra:

- “Elevada sensibilidad al tamaño muestral Vs. N° de predictoras” [7], es decir, que es recomendable que el número de observaciones para cada variable sea mayor que el número total de variables independientes.
- Es importante además examinar el tamaño de los grupos:
 1. “El equilibrio no es necesario pero es recomendable.”

2. “El más pequeño de los grupos no puede serlo mucho”. [7]

En este caso el número total de observaciones es 144 para cada variable y las variables predictoras son 13. No existe un equilibrio entre el tamaño de los grupos, sin embargo ésta no es una condición necesaria. El tamaño de los grupos oscila entre 24 el máximo y 16 el mínimo, el cual es mayor al número de variables que son 13. Por lo tanto se puede afirmar que el grupo de variables presenta características funcionales que permiten que reglas de clasificación sean estimadas mediante el uso de análisis discriminante y redes neuronales artificiales [1]. Por otra parte, se cuenta con información confiable, lo que indica que es factible realizar el sistema de reconocimiento de patrones, que permita clasificar variedades de *Pisum Sativum* usando métodos estadísticos (análisis discriminante) y técnicas inteligentes (redes neuronales).

3.3 Etapa 3. Análisis de las Variables que Intervienen en el Proceso

3.3.1 Fase 3.1. Descripción Matriz de Datos

La matriz de datos a manipular se presenta en formato Excel, tiene las siguientes dimensiones 144 filas y 16 columnas que se especificaran a continuación:

- 144 filas que corresponden a las hojas de las plantas.
- 14 columnas de las cuales: 13 columnas representan los puntos obtenidos por el JIP-TEST y son las variables independientes, y la última columna que indica el nombre de cada variedad y corresponde a la variable dependiente.
- Las unidades de las observaciones obtenidas por medio del JIP-TEST vienen dadas por milivatios/milisegundos.
- Todos estos datos pertenecen sólo a las hojas bajas de las plantas, “ya que las mediciones tienden a ser más homogéneas que en las hojas altas, este hecho se justifica por querer controlar una fuente de variación atribuida al desarrollo foliar”. [1,6].

El número de hojas y el porcentaje correspondiente para cada variedad es el siguiente:

Tabla 1
Número de Observaciones Disponibles Correspondientes a Cada Variedad de *Pisum sativum*

Variedad	Número de Datos	Porcentaje
Frisson x Filby (2B)	24	16,66666 %
Desso (6B)	16	11,11111 %
Solara (14B)	18	12,5 %
First and Best (24B)	19	13,19444 %
Bountiful (35B)	18	12,5 %
Esla (41B)	16	11,11111 %
Gloton (42B)	17	11,8555 %
HR-1 (49B)	16	11,11111 %
Total	144	100 %

3.3.2 Fase 3.2. Requerimientos de Software

Para la aplicación de la metodología planteada es necesaria el uso de herramientas de software para el análisis estadístico de los datos, así como para la construcción de modelos neuronales. Por tanto las especificaciones de software son las siguientes:

- Se utilizará por preferencias propias *S-PLUS 6.0* como software para el análisis exploratorio de los datos y análisis discriminante.[9]
- Y el *Statistica Neural Networks* como software para el entrenamiento de redes neuronales. [10]

3.3.3 Fase 3.3. Análisis Exploratorio de los Datos:

En el anexo 1 se presentan las estadísticas descriptivas para las ocho variedades de *Pisum sativum*, en las cuales no se registraron valores faltantes y donde se observan los índices de tendencia central, forma y dispersión [22]. Es de interés lo que se presentó con las variables B1 y D1 así como con A1 y C1, lo cual consistió en observar información idéntica, y con la particularidad de que se presentaba para las 8 variedades; también se distinguió que la variable R1 se asemeja mucho para cada variedad.

Con respecto a la matriz de correlación (tabla 2) se descubren algunos puntos de gran relevancia que se explicaran a continuación:

- Se observan grupos de variables; por lo menos las variables: A1,C1,G1,I1,K1,M1 presentan una asociación lineal positiva fuerte entre ellas, descubriendo una correlación lineal perfecta entre A1 y C1; y coeficientes muy altos entre las demás. De igual forma otro grupo que presenta características similares es el de: B1,D1,H1,J1,N1 en el que se registra el mismo patrón, con una correlación lineal perfecta entre B1 y D1. Cabe destacar que ambos grupos resultaron ser complementarios, y presentan coeficientes de correlación bajos entre ellos.
- La variable Q1 muestra una correlación lineal alta con todas las variables excepto con M1, con la que tiene el mas bajo índice con un valor=0,491. Por lo que se podría incluir en cualquiera de los dos grupos descritos anteriormente.
- La variable R1 presenta coeficientes de correlación bajo con todas las variables, menos con H1, con la que comparte un coeficiente de correlación de 0,558, es interesante además, indicar que con las variables del primer grupo tiene coeficiente de correlación negativa, y positiva con el segundo grupo.

Tabla 2
Matriz de Correlaciones

	A1	B1	C1	D1	G1	H1	I1	J1	K1	M1	N1	Q1	R1
A1	1.000	0.135	1.000	0.114	0.971	-0.288	0.977	0.698	0.996	0.997	-0.056	0.802	-0.248
B1	0.135	1.000	0.142	1.000	0.359	0.837	-0.005	0.765	0.069	0.207	0.973	0.651	0.185
C1	1.000	0.142	1.000	0.121	0.973	-0.283	0.976	0.703	0.996	0.997	-0.050	0.806	-0.248
D1	0.114	1.000	0.121	1.000	0.338	0.850	-0.024	0.749	0.048	0.186	0.979	0.635	0.197
G1	0.971	0.359	0.973	0.338	1.000	-0.102	0.907	0.847	0.949	0.987	0.164	0.910	-0.240
H1	-0.288	0.837	-0.283	0.850	-0.102	1.000	-0.350	0.321	-0.327	-0.235	0.938	0.229	0.521
I1	0.977	-0.005	0.976	-0.024	0.907	-0.350	1.000	0.550	0.991	0.958	-0.172	0.711	-0.208
J1	0.698	0.765	0.703	0.749	0.847	0.321	0.550	1.000	0.638	0.753	0.602	0.927	-0.116
K1	0.996	0.069	0.996	0.048	0.949	-0.327	0.991	0.638	1.000	0.986	-0.115	0.763	-0.237
M1	0.997	0.207	0.997	0.186	0.987	-0.235	0.958	0.753	0.986	1.000	0.012	0.841	-0.251
N1	-0.056	0.973	-0.050	0.979	0.164	0.938	-0.172	0.602	-0.115	0.012	1.000	0.493	0.306
Q1	0.802	0.651	0.806	0.635	0.910	0.229	0.711	0.927	0.763	0.841	0.493	1.000	-0.268
R1	-0.248	0.185	-0.248	0.197	-0.240	0.521	-0.208	-0.116	-0.237	-0.251	0.306	-0.268	1.000
OR	-0.286	0.311	-0.283	0.314	-0.169	0.251	-0.366	0.091	-0.323	-0.247	0.322	0.025	-0.224
PO	0.370	-0.216	0.368	-0.223	0.281	-0.259	0.408	0.064	0.392	0.343	-0.265	0.053	0.231

Como se puede observar en las estadísticas descriptivas (Anexo 1) y corroborando esta información en la matriz de correlación (Tabla 2) se determinó

que las variables A1, C1 y B1, D1 presentan un problema de multicolinealidad por lo tanto es necesario considerar la exclusión de una variable por grupo ya que se incorporaría información redundante. Al eliminar C1 y D1 se reduce la matriz de datos a una matriz con las siguientes dimensiones: 144 filas x 11 columnas, quedando descartadas para el estudio las variables C1 y D1.

Distinguiendo todas las consideraciones expuestas hasta ahora y con la nueva matriz de datos, se procede a realizar el análisis de componentes principales el cual va ayudar de forma gráfica en la escogencia de las variables independientes que formaran parte de los modelos discriminantes y neuronales.

En el análisis de componentes principales (Tabla 3) se observa que el primer componente representa el 64.813% de la variabilidad de los datos, y el segundo componente el 26,367%, estos dos componentes representan el 91.180% de la variabilidad total lo cual es una muy buena representación de la variabilidad original de los datos, y se retienen estos dos componentes. Es notable indicar que la variable R1 (Tabla 4) se asocia solo con el segundo componente, mientras la variable H1 e I1 se correlacionan con el primer y segundo componente, y la variable Q1 se asocia solo con el primer componente.

Tabla 3
Importancia de los Componentes

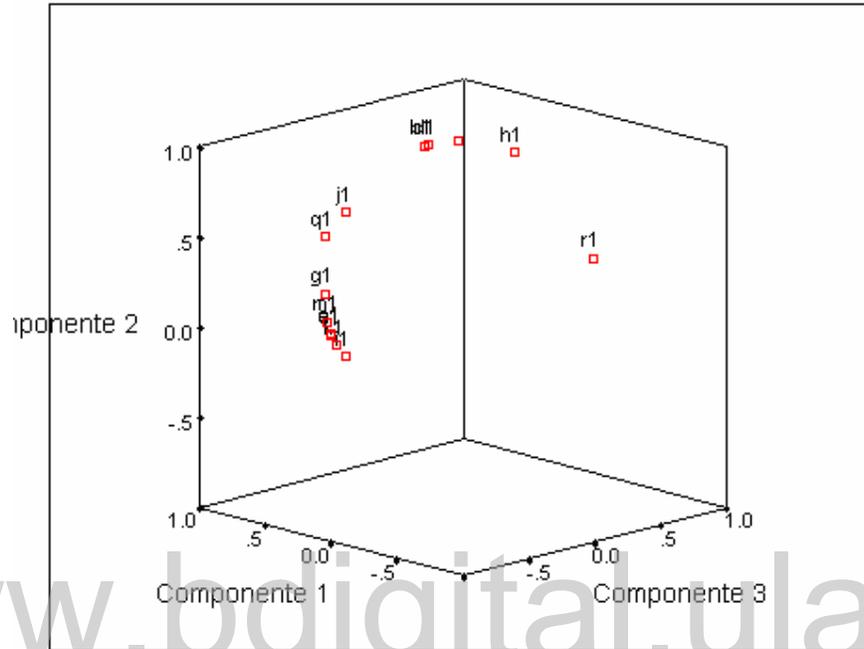
Componente	Total	% de la Varianza	% de Varianza Acumulado
1	7.129	64.813	64.813
2	2.900	26.367	91.180
3	0.866	7.877	99.057
4	0.101	0.921	99.978
5	2.196E-03	1.997E-02	99.998
6	2.342E-04	2.129E-03	100.000
7	1.174E-05	1.067E-04	100.000
8	1.478E-06	1.344E-05	100.000
9	2.711E-08	2.464E-07	100.000
10	1.059E-08	9.623E-08	100.000
11	1.360E-09	1.237E-08	100.000

Tabla 4
Matriz de Coeficientes de Los Componentes Principales

	Comp. 1	Comp. 2	Comp. 3	Comp. 4	Comp. 5	Comp. 6	Comp. 7	Comp. 8	Comp. 9
A1	0.342	0.232	-0.113		-0.111	-0.149		-0.447	
B1	0.282	-0.372	0.188	0.128	0.479	0.166	-0.381	0.463	
G1	0.367	0.110		0.168	0.231			-0.272	-0.685
H1	0.165	-0.518		-0.507	-0.411	-0.383	-0.305		-0.157
I1	0.303	0.309	-0.238	-0.447	0.312				0.504
J1	0.353	-0.134	0.161	0.597	-0.353	-0.242	0.105		0.391
K1	0.328	0.268	-0.162	-0.116		-0.271	0.455	0.606	-0.272
M1	0.353	0.192		0.119			-0.427		
N1	0.242	-0.441	0.139	-0.115	0.392	-0.137	0.557	-0.357	0.126
Q1	0.365		0.210	-0.226	-0.389	0.768	0.168		
R1		-0.331	-0.879	0.222		0.249			
	Comp. 10	Comp. 11							
A1	-0.393	0.641							
B1	-0.147	0.304							
G1	0.474								
H1	0.110								
I1	0.444								
J1	0.344								
K1	-0.224								
M1	-0.422	-0.672							
N1	-0.209	-0.211							
Q1									
R1									

En el Gráfico 1 de los componentes principales se muestra la ubicación de todas las variables con respecto a los 3 componentes extraídos, donde se observa una gran cercanía entre la mayoría de las variables, excepto para las variables R1 y H1 que se encuentran en otros cuadrantes

Gráfico 1
Componentes Principales



Se realizan biplots entre pares de componentes (Gráficos 2,3,4), mostrándose principalmente que todas las variables se encuentran ubicadas en el primer y cuarto cuadrante, además de que B1,Q1,J1,N1 se encuentran situadas en el primer cuadrante, igual para A1,G1,I1,K1,M1 que están situadas en el cuarto cuadrante y como anteriormente se demostró su alta correlación (Matriz de correlación) se confirman estos dos grandes grupos.

Gráfico 2

Biplot para el Primer y Segundo Componente

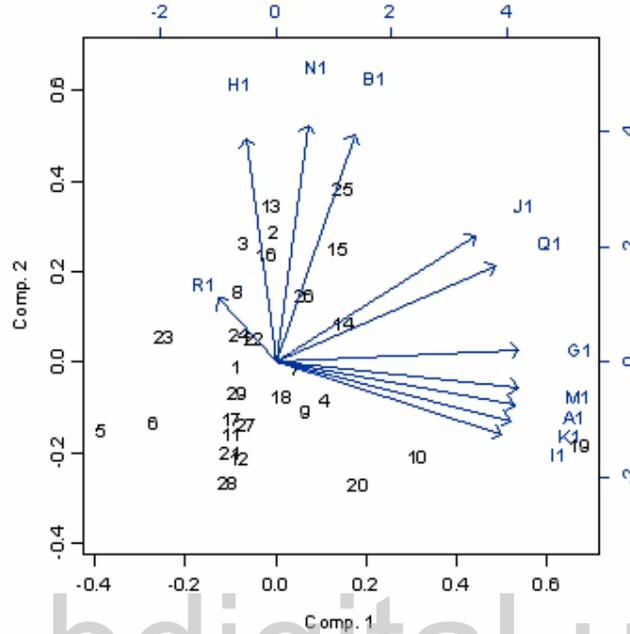


Gráfico 3

Biplot para el Primer y Tercer Componente

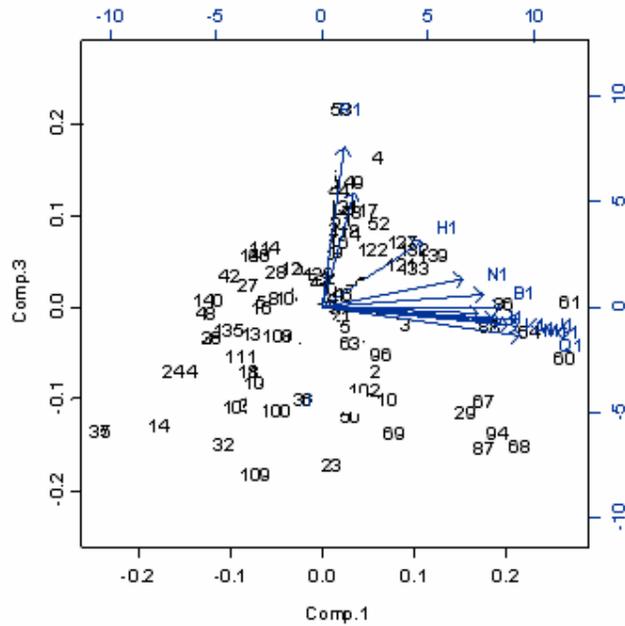
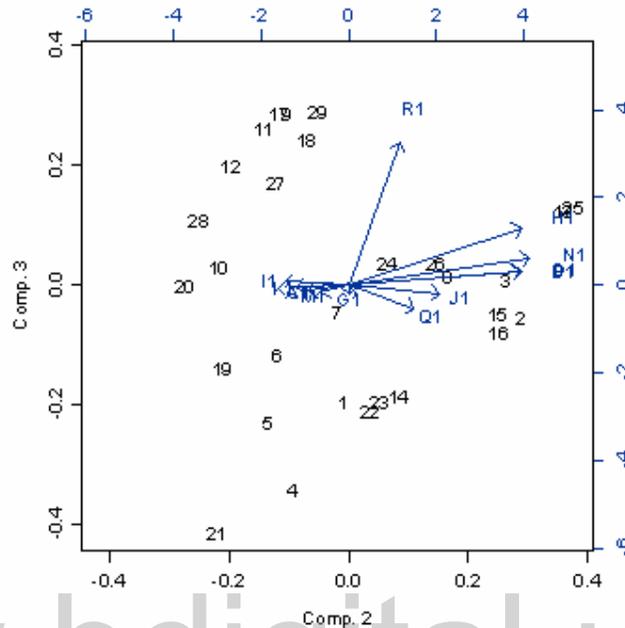


Gráfico 4
Biplot para el Segundo y Tercer Componente



Una vez realizado el análisis de los datos a través de las estadísticas descriptivas, matriz de correlaciones y el análisis de componentes principales, se procede a seleccionar las variables independientes que se que se usaran para la construcción de los modelos discriminantes y neuronales. Las variables sugeridas son las siguientes: H1,I1,Q1,R1. Para su escogencia se emplearon diferentes criterios, por ejemplo H1 e I1 porque representaban a cada uno de los dos grupos donde existen altas correlaciones entre variables, además de figurar en los extremos de los gráficos (Gráficos 1,2,3,4). Q1 por estar asociada con ambos grupos y por presentar relación con el primer y segundo componente y finalmente R1 porque presentó coeficientes de correlación bajos con todas las variables.

3.4 Etapa 4. Requerimientos de Entrada de Datos

3.4.1 Fase 4.1 Procesamiento de Datos

Seguidamente se realiza el análisis de las variables seleccionadas en la etapa anterior con la finalidad de identificar observaciones atípicas, de igual forma para verificar si estas variables provienen de una distribución normal, y si no; realizar las transformaciones matemáticas necesarias para eliminar la atipicidad y promover un comportamiento normal, esto para garantizar la calidad de los datos.

Primero se presentan las estadísticas descriptivas para las 6 variables seleccionadas (Tabla 5). Esto se realiza sin tomar en cuenta la clasificación de acuerdo a las 8 variedades.

Tabla 5

Estadísticas Descriptivas Generales para las Variables Seleccionadas

	H1	I1	Q1	R1	TURGOR	PO
Media	14,58094	436,298	1375,8583	5,14057	0,46592	0,41175
Mediana	14,88300	417,079	1355,7110	5,24700	0,52200	0,34900
Desv. Típica	1,99602	103,420	223,9542	0,96030	0,14963	0,18953
Asimetría	-0,363	0,961	0,795	-0,188	-0,016	-0,187
Curtosis	-0,058	1,437	1,585	-0,383	-1,491	-0,784
Mínimo	9,169	233,8	810,51	2,790	0,252	0,054
Máximo	19,650	816,1	2093,33	7,593	0,663	0,665

Tabla 6

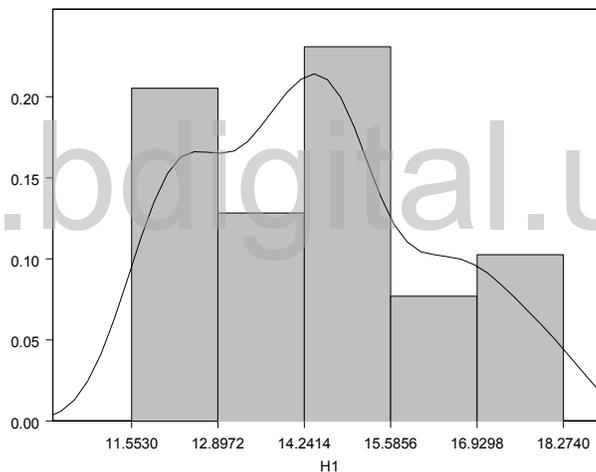
Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

Variable	Estadístico	Nivel de Significación
H1	0.1095336	0.1150406
I1	0.0847193	0.3602241
Q1	0.0719716	0.5685353
R1	0.0438384	0.9761962

- ❖ **Variable H1:** Se registra un mínimo de 9,169 mv/ms y un máximo de 19,650 mv/ms. El promedio es de 14,58094 mv/ms y la desviación estándar es de $\pm 1,99602$ mv/ms. El promedio es inferior que la mediana, lo que sugiere que la distribución de las observaciones en esta variable presenta asimetría negativa. El índice de asimetría confirma que la distribución es

ligeramente asimétrica negativa y el coeficiente de kurtosis revela que los datos no se concentran en su mayoría en la parte central de la distribución, por tanto la curva es más achatada, tal como puede apreciarse en el Gráfico 5. Con respecto a la prueba de Kolgomorov – Smirnov para normalidad, los valores del estadístico y el valor de probabilidad indican que no hay evidencias para rechazar la hipótesis, de que la variable en particular se distribuye de forma normal (Tabla 6), por lo que se verifica que no es necesario aplicar transformaciones matemáticas. No hay evidencias de valores atípicos.

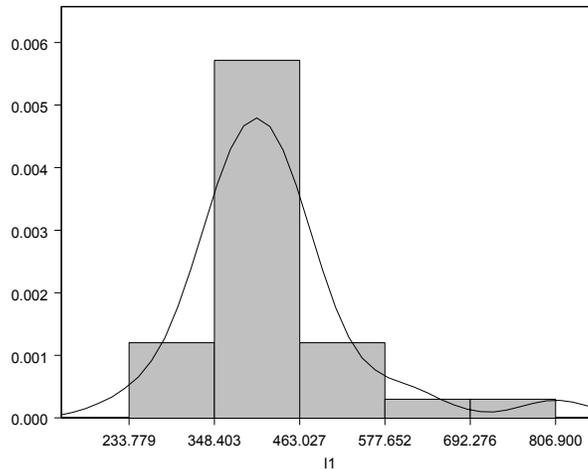
Gráfico 5 .Histograma de Frecuencias para H1



- ❖ **Variable I1:** Se registra un mínimo de 233,8 mv/ms y un máximo de 816,1 mv/ms. El promedio es de 436,298 mv/ms y la desviación estándar es de $\pm 103,420$ mv/ms. El valor de la mediana de la distribución es de 417,079 mv/ms, y es inferior al valor del promedio, esto sugiere que la distribución de las observaciones es ligeramente asimétrica positiva, lo que se confirma con el coeficiente de asimetría. El coeficiente de kurtosis, indica que las observaciones en su mayoría se concentran en la parte central de la distribución (Gráfico 6). Con respecto a la prueba de Kolgomorov – Smirnov para normalidad, los valores del estadístico y el valor de probabilidad indican que no hay evidencias para rechazar la hipótesis, de que la variable en particular se distribuye de forma normal (Tabla 6), por lo que se verifica

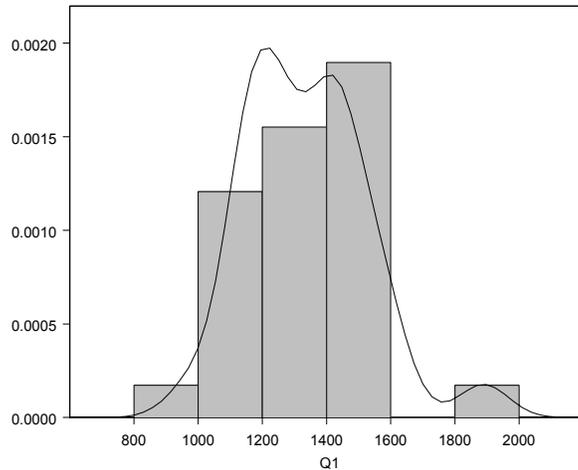
que no es necesario aplicar transformaciones matemáticas. No hay evidencias de valores atípicos.

Gráfico 6 .Histograma de Frecuencias para I1



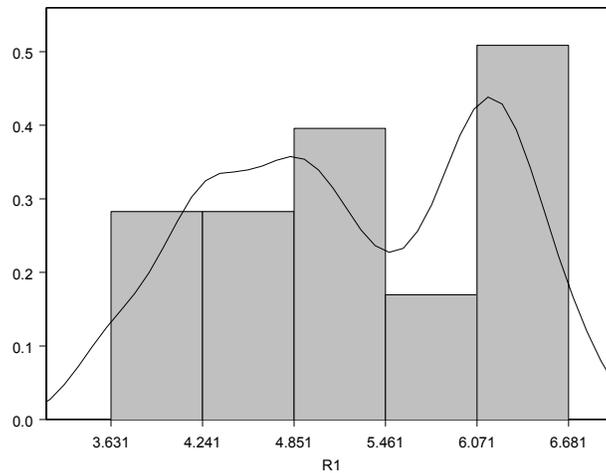
❖ **Variable Q1:** Se registra un mínimo de 810,51mv/ms y un máximo de 2093,33 mv/ms. El promedio es de 1375,8583 mv/ms con una desviación estándar de $\pm 223,9542$ mv/ms. El valor de la mediana de la distribución es de 1355,7110 mv/ms, y es inferior al valor del promedio, esto sugiere que la distribución de las observaciones es ligeramente asimétrica positiva, lo que se confirma con el coeficiente de asimetría. El coeficiente de kurtosis, indica que las observaciones en su mayoría se concentran en la parte central de la distribución (Gráfico 7). Con respecto a la prueba de Kolgomorov – Smirnov para normalidad, los valores del estadístico y el valor de probabilidad indican que no hay evidencias para rechazar la hipótesis, de que la variable en particular se distribuye de forma normal (Tabla 6), por lo que se verifica que no es necesario aplicar transformaciones matemáticas. No hay evidencias de valores atípicos.

Gráfico 7. Histograma de Frecuencias para Q1



- ❖ **Variable R1:** Se registra un mínimo de 2,790 mv/ms y máximo de 7,593 mv/ms. El promedio es de 5,14057 mv/ms con una desviación estándar de $\pm 0,96030$ mv/ms. El valor de la mediana o punto medio de la distribución es de 5,24700 mv/ms, y es discretamente superior al valor del promedio, esto sugiere que la distribución de las observaciones es asimétrica negativa, lo que se confirma con el coeficiente de asimetría de Pearson. El coeficiente de kurtosis, indica que las observaciones en su mayoría no se concentran en la parte central de la distribución, y como es menor que 3, indica también que la curva de estas observaciones es más achatada que la curva de la distribución normal estándar (Tabla 6 y Gráfico 8). Con respecto a la prueba de Kolgomorov – Smirnov para normalidad, los valores del estadístico y el valor de probabilidad indican que no hay evidencias para rechazar la hipótesis, de que la variable en particular se distribuye de forma normal, por lo que se verifica que no es necesario aplicar transformaciones matemáticas. No hay evidencias de valores atípicos.

Gráfico 8 .Histograma de Frecuencias para R1



3.4.2 Fase 4.2 Selección del Conjunto de Entrenamiento y del Conjunto de Validación:

Una vez seleccionadas las variables independientes se deben seleccionar 2 conjuntos de datos a partir del conjunto original, el conjunto de ajuste y el de evaluación. El grupo que se usará para la construcción de los modelos se denominará conjunto de ajuste, y el otro grupo será el conjunto de evaluación o prueba, el cual permitirá evaluar y probar estos modelos, tomando en cuenta que estos conjuntos son complementarios. Por adecuación al contexto del problema en estudio se utilizará el muestreo estratificado, donde cada una de las variedades de *Pisum sativum* representarán un estrato. Para la selección de la muestra se va a utilizar el criterio afijación proporcional, en el cual tamaño de cada estrato (número de observaciones por estrato) es proporcional al tamaño de cada grupo.

Se usará uno de los criterios usados en entrenamiento de redes neuronales para estimar el tamaño de los conjuntos de ajuste y prueba respectivamente. El criterio sugiere usar entre 80% y 85% de los datos para entrenamiento o ajuste y el 20 ó 15% restante para probar el ó los modelos obtenidos en el entrenamiento o ajuste. Así, en esta aplicación, se usará el 80% de los datos, 115 observaciones

por variable para construir los modelos discriminantes y neuronales y 20% de los datos, 29 observaciones por variable para probar dichos modelos.

Seguidamente se presentan en la Tabla 7, los tamaños del conjunto de ajuste y evaluación para cada variedad de *Pisum sativum*, proporcional al tamaño de cada uno de estos.

Tabla 7

Número de Observaciones por Variedad de *Pisum sativum* en el Conjunto de Ajuste y en el Conjunto de Evaluación

Variedad	Ajuste	Evaluación	Total
Frisson x Filby (2B)	19	5	24
Desso (6B)	13	3	16
Solara (14B)	14	4	18
First and Best (24B)	15	4	19
Bountiful (35B)	14	4	18
Esla (41B)	13	3	16
Gloton (42B)	14	3	17
HR-1 (49B)	13	3	16
Total	115	29	144

Los modelos discriminantes se ajustan para cinco muestras estratificadas; dos de los cuales tienen cuatro variables independientes: I1,H1,Q1,R1 (variables seleccionadas anteriormente para construir los modelos), otras dos muestras contienen todas las variables independientes y la última muestra esta formada por los componentes principales extraídos de la información de las variables obtenidas del JIP-TEST. Esto se realiza para poder establecer comparaciones entre las muestras que incluyen un menor número de variables y las que contienen todas las variables, para poder determinar si la reducción de la dimensión de las variables arroja mejores resultados con respecto a las muestras que contienen toda la información.

3.5 Etapa 5. Análisis Discriminante

3.5.1 Fase 5.1. Construcción de Modelos Discriminantes

3.5.1.1 Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 1 (4 variables independientes):

A continuación se realiza el caso mas sencillo del análisis discriminante, que es el análisis discriminante lineal con la muestra estratificada 1, para el cual se considera que la estructura de la matriz de varianzas y covarianzas es homocedástica, además se contempla que las probabilidades a priori para cada variedad son proporcionales.

Para verificar el supuesto de homocedasticidad se realizan 2 pruebas de las funciones discriminantes de Fisher, el Test Box M y el Test adj M; ambos muestran que este supuesto no se cumple, lo cual se verifica con el correspondiente valor p (Tabla 8), que indica que existen diferencias significativas entre las matrices de variancias-covarianzas con un estadístico de 159.2722 y un nivel de significación $p=0,000$ por lo tanto no se debe ajustar un modelo discriminante lineal, sino un modelo mas complejo como el discriminante cuadrático, para poder aplicar así, un criterio que admita las diferencias entre las matrices de covarianza. Seguidamente es conveniente ajustar un modelo cuadrático para esta muestra.

Tabla 8
Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas

	Estadístico	Df	Valor p
Test Box M	159.2722	70	0.0e+000
Test adj M	139.7564	70	1.5e-006

A continuación se muestran los resultados obtenidos en el análisis discriminante cuadrático realizado para la muestra estratificada 1, es importante resaltar que se consideró que la estructura de la matriz de varianzas y covarianzas es heterocedástica, esto significa que existen diferencias significativas entre las

matrices de covarianzas de las variedades, asimismo se considera que las probabilidades a priori para cada variedad son proporcionales.

A continuación se presentan los vectores de medias para las ocho variedades de *Pisum sativum* para la muestra 1 (Tabla 9). En los que se observa que en la variable H1, la variedad que posee el mayor promedio es Gloton luego viene First & Best, el menor valor para Solara, para la variable J1 la variedad con mayor promedio es Bontiful y la de menor es Frisson x Filby, en la variable R1 la variedad que presenta la media mas alta es First and Best y la mas baja la presenta Desso, con la variable Q1 se observa que la variedad con promedio mayor es Gloton y la que tiene el menor valor es Desso. Destacando que la variedad Desso presenta menor promedio para dos variables.

Tabla 9
Vectores de Medias Muestrales

Resistencia (mv/ms)	H1	J1	R1	Q1	n	Prob. Priori
Frisson	15.37432	343.6690	1326.174	4.788158	19	0.1652174
Desso	13.18746	399.2026	1291.849	4.087000	13	0.1130435
Solara	13.05107	501.6187	1333.643	5.010286	14	0.1217391
First & Best	16.11973	433.1757	1681.696	4.656000	15	0.1304348
Bontiful	13.69236	537.3154	1443.930	5.450286	14	0.1217391
Esla	14.84746	403.8713	1294.055	5.617846	13	0.1130435
Gloton	16.31236	406.4196	1393.044	6.189857	14	0.1217391
HR-1	13.64823	438.5968	1311.335	5.231923	13	0.1130435
TOTAL	14.52912	432,9836	1384.466	5.128919	115	1.0000000

A continuación se muestra la matriz de distancias (distancia cuadrada generalizada) (Tabla 10), y se observa que las variedades más parecidas para la muestra (menos distantes) son las variedades Solara y Bontiful seguida por HR-1 y Bontiful, con respecto a las que menos se parecen tenemos a Gloton y Solara, seguidas por HR-1 y Gloton que son las que poseen las distancias más grandes lo que sugiere que son las variedades menos similares.

Tabla 10
Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares

	Bontiful	Desso	Esla	First&Best	Frisson	Gloton	HR-1	Solara
Bontiful	0.000000							
Desso	4.525932	0.0000						
Esla	2.741407	4.7659	0.0000					
Fir&Best	10.04893	12.044	16.172	0.000000				
Frisson	7.121918	1.5936	5.6943	4.667697	0.0000			
Gloton	6.421683	6.0467	3.1437	10.943323	7.8308	0.0000		
HR-1	0.973929	3.9398	1.2177	6.411804	4.5430	20.060	0.0000	
Solara	0.441796	4.1906	5.2549	11.622096	10.691	34.505	2.2657	0.0000

“En seguida se presenta la prueba T^2 de Hotelling según la aproximación propuesta por Yao para detectar diferencias entre pares de vectores de medias cuando las matrices de covarianzas son diferentes”. [1]

En la tabla 11 se pueden observar los resultados en la prueba T^2 de Hotelling en el cual destaca lo siguiente:

- Existen diferencias entre 25 pares de vectores de medias para las variedades en por lo menos alguna de sus componentes, esto se determina al observar su respectivo valor p; excepto en las variedades: Solara-Bontiful, Bountiful-HR-1, Esla-HR-1 en las que el estadístico de prueba demuestra que no existen diferencias, entre las mismas. Esto indica un gran parecido entre las observaciones de estas variedades, por lo que podrían confundirse en la clasificación.

Tabla 11
 T^2 de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias

	Estadístico F	Df1	Df2	Valor p
Bountiful-Desso	6.31618	4	21.76186	0.0015637
Bountiful-Esla	5.22004	4	19.58682	0.0049627
Bountiful-First	9.79570	4	21.81512	0.0001078
Bountiful-Frisson	13.30357	4	21.81604	0.0000123
Bountiful-Gloton	14.86633	4	16.60820	0.0000243
Bountiful-HR	1.96868	4	16.70197	0.1460230
Bountiful-Solara	0.78887	4	20.84325	0.5454542
Desso-Esla	5.94661	4	20.62220	0.0023960
Desso-First	8.55919	4	20.34773	0.0003222
Desso-Frisson	3.02409	4	17.50364	0.0460989
Desso-Gloton	12.39688	4	12.40451	0.0002764
Desso-HR	3.86276	4	20.83723	0.0167945
Desso-Solara	3.81075	4	21.63886	0.0170830
Esla-First	7.56942	4	16.52534	0.0011660
Esla-Frisson	7.91026	4	26.00167	0.0002603
Esla-Gloton	5.06747	4	18.41658	0.0062659
Esla-HR	1.96229	4	18.55081	0.1424149
Esla-Solara	8.54185	4	18.94208	0.0004076
First-Frisson	5.95605	4	22.29620	0.0020457
First-Gloton	18.21316	4	23.84101	0.0000006
First-HR	6.70152	4	22.89774	0.0010049
First-Solara	12.10769	4	23.72469	0.0000167
Frisson-Gloton	19.64126	4	27.85305	0.0000001
Frisson-HR	9.02265	4	26.99634	0.0000922
Frisson-Solara	20.85427	4	27.91796	0.0000000
Gloton-HR	11.32672	4	18.63018	0.0000780
Gloton-Solara	30.74900	4	21.52104	0.0000000
HR-Solara	3.37132	4	21.65451	0.0272768

Al examinar los intervalos de 95% confianza que se muestran en el Anexo 1, para la diferencia de medias usando el método de Sidak se tiene:

- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable H1 para los siguientes pares de variedades:
Bontiful-First, Bontiful-Frisson, Bontiful-Gloton, Desso-Gloton, Esla-Solara, First-HR-1, First-Solara, Frisson-HR-1, Frisson-Solara, Gloton-Solara.
- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable I1 para los siguientes pares de variedades:
Bontiful-Esla, Bontiful-Frisson, Bontiful-Gloton, Desso-Solara, Esla-Frisson, Esla-Solara, Frisson-Gloton, Frisson-HR-1, Frisson-Solara, Gloton-Solara.
- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable Q1 para los siguientes pares de variedades:
Desso-First, Esla-First, First-Gloton, First-HR-1, First-Solara.
- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable R1 para los siguientes pares de variedades:
Desso-Esla, Desso-Gloton, Esla-Frisson, Esla-Solara, First-Gloton, Frisson-Gloton, Gloton-HR-1, Gloton-Solara.

Se puede decir que la variable que presentó menor diferencia con respecto a sus componentes fue Q1, siendo H1 e I1 las que mostraron mayores diferencias entre sus valores promedios.

Por último, se presenta la matriz de confusión (Tabla 12), en la que se observa la clasificación obtenida con las funciones discriminantes cuadráticas para la muestra 1, de las 115 observaciones totales 47 fueron clasificadas correctamente, representando un 40.87% de las observaciones. De forma detallada se tiene:

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Bontiful, 2 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 24.29% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 7 de las cuales se asignaron a la variedad Solara.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Desso, 5 fueron

clasificadas correctamente lo que representa el 38.46% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó en este grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.

- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Esla, 5 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 38.46% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó en ese grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 15 observaciones correspondientes a la variedad First and Best, 7 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 46.67% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó en ese grupo. Las 9 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 19 observaciones correspondientes a la variedad Frisson x Filby, 11 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 57.89%, siendo esta variedad la segunda mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Gloton, 9 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 64.29% de las observaciones, siendo esta variedad la mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad HR-1, 2 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 15.38%, Las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Solara, 6 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 42.86%, siendo esta la variedad que mejor se clasificó en el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.

Tabla 12

Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 1

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	Friss.	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	2	0	1	1	0	0	3	7	14	0.8571
Desso	0	5	1	0	4	0	0	3	13	0.6153
Esla	0	0	5	2	1	1	3	1	13	0.6154
Fir&Best	0	1	1	7	4	0	1	1	15	0.5333
Frisson	0	2	3	1	11	0	2	0	19	0.4211
Gloton	0	1	2	0	0	9	2	0	14	0.3571
HR-1	1	1	2	2	1	2	2	2	13	0.8462
Solara	4	1	1	1	0	0	1	6	14	0.5714

Error Total: 0.5913043

Como se puede observar los resultados no son muy satisfactorios en cuanto a la correcta clasificación de observaciones, esto debido a que fueron muy pocas las variedades que excedieron el 50% de clasificación correcta sin embargo, hay que realizar los otros análisis discriminantes para poder establecer comparaciones y determinar cual es el modelo que mejor discrimina las 8 variedades .

En los Gráficos 9 y 10 de las funciones discriminantes cuadráticas entre las variedades Bountiful, HR-1 y Solara se aprecia que las observaciones de todas las variedades tienden a mezclarse en grandes proporciones por lo que se observa que no existe una buena discriminación entre las 8 variedades de *Pisum sativum*. Las variedades que se muestran más dispersas en los gráficos son solara y Bountiful, con respecto a solara se confirma que fue la segunda variedad en la que se clasificaron más observaciones. Con esto se confirma que no existe una buena clasificación, ya que la mayoría de las observaciones tienden a confundirse.

Gráfico 9. Funciones Discriminantes Cuadráticas - Bountiful vs. HR-1.
Muestra 1

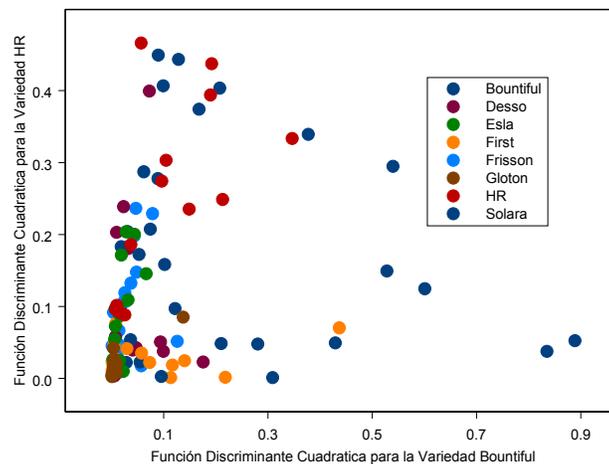
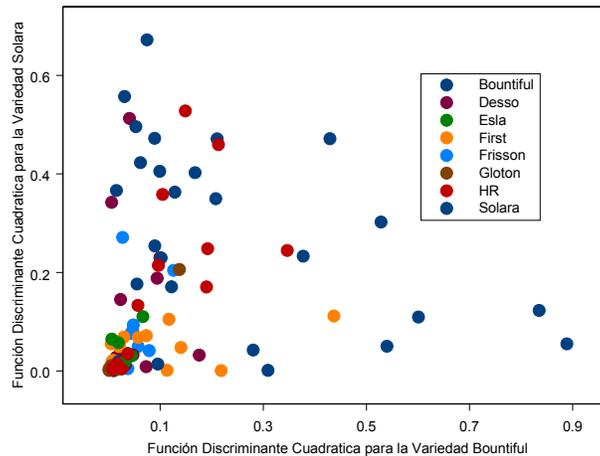


Gráfico 10. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara.Muestra 1



En el anexo 2, se muestran las pruebas Kolmogorov–Smirnov para normalidad de las variables para la muestra estratificada 1.

3.5.1.2 Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 2 (4 variables independientes):

Inicialmente se realiza un análisis discriminante lineal con la muestra estratificada 2 al igual que en la muestra anterior. Considerando para este caso que la estructura de la matriz de varianzas y covarianzas es homocedástica, es decir se consideran iguales las matrices de varianzas y covarianzas poblacionales, por lo que para las estimaciones se utiliza la matriz de covarianzas combinada S_p , además se considera que las probabilidades a priori para cada variedad son proporcionales.

El supuesto de homocedasticidad no se cumple para este caso, lo cual se verifica con el Test Box M y el Test adj M; ya que ambos muestran con el correspondiente valor p (Tabla 13), que existen diferencias significativas entre las matrices de varianzas-covarianzas con un estadístico de 98.56891 y un nivel de significación $p=0.0138354$ por lo tanto no se debe ajustar un modelo discriminante lineal, sino

un modelo mas complejo como el discriminante cuadrático, para aplicar un criterio que admita las diferencias entre las matrices de covarianza. Seguidamente es conveniente ajustar un modelo cuadrático para la muestra.

Tabla 13
Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas

	Estadístico	Df	Valor p
Test Box M	98.56891	70	0.0138354
Test adj M	86.49116	70	0.0880906

A continuación se muestran los resultados obtenidos con el análisis discriminante cuadrático realizado para la muestra estratificada 2, se considera que la estructura de la matriz de varianzas y covarianzas es heterocedástica, además que las variables se distribuyen normalmente, asimismo se considera que las probabilidades a priori para cada variedad son proporcionales.

A continuación se muestran los vectores de medias para las ocho variedades de *Pisum sativum* para la muestra ajustada. En los que se observa que en la variable H1, la variedad que posee el mayor promedio es Gloton seguida por First and Best y el menor valor para Solara, para la variable J1 la variedad con mayor promedio es Bontiful y la de menor es Frisson x Filby, en la variable R1 la variedad que se destaca con la media más alta es First and Best y la más baja la presenta Desso, con la variable Q1 se observa que la variedad con promedio superior es Gloton y la que tiene el menor valor es Desso. Destacando la variedad Desso como la que presenta menor promedio para dos variables.

Tabla 14
Vectores de Medias Muestrales

Resistencia (mv/ms)	H1	J1	R1	Q1	N	Prob. Priori
Frisson	15.29226	356.5693	1347.919	4.862526	19	0.1652174
Desso	13.11500	401.6723	1276.758	3.996000	13	0.1130435
Solara	13.03457	513.2669	1383.736	5.135286	14	0.1217391
First & Best	16.28533	461.5291	1652.742	4.721333	15	0.1304348
Bontiful	13.51114	546.2183	1428.999	5.534286	14	0.1217391
Esla	14.90800	414.5288	1305.042	5.490692	13	0.1130435
Gloton	16.40386	405.0279	1388.736	6.175571	14	0.1217391
HR-1	13.81362	460.8524	1330.767	5.238769	13	0.1130435
TOTAL	14.54547	444.9581	1389.337	5.144308	115	1.0000000

A continuación se muestra la matriz de distancias (distancia cuadrada generalizada) (Tabla 15), y se observa que las variedades más parecidas (menos distantes) para la muestra 2, son las especies Bontiful y Solara seguida por Solara y HR-1, con respecto a las que menos se parecen tenemos a Solara y Gloton, seguidas por HR-1 y Gloton que son las que poseen las distancias mas grandes lo que sugiere que son las clases menos similares.

Tabla 15
Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Best	Frisson	Gloton	HR-1	Solara
Bontiful	0.000000							
Desso	4.021577	0.0000						
Esla	2.877074	6.5867	0.0000					
Fir&Best	7.325283	6.7218	9.2067	0.000000				
Frisson	5.487965	4.0491	2.7321	2.202234	0.0000			
Gloton	7.383400	14.761	4.8163	5.470664	5.14165	0.0000		
HR-1	0.856665	3.0287	2.1804	4.199005	5.14988	22.909	0.0000	
Solara	0.380063	2.6594	7.3075	5.886888	9.519592	37.597	0.5814	0.0000

En la tabla 16 se pueden observar los resultados en el T^2 de Hotelling en el cual se destaca lo siguiente:

- Existen diferencias entre 24 pares de vectores de medias para las variedades, en por lo menos alguna de sus componentes, esto se determina al observar el respectivo valor de p. Excepto entre las variedades: Solara-Bontiful, Bountiful-HR-1, Esla-HR-1 y HR-1-Solara en las que el estadístico de prueba indica que no existen diferencias significativas para estas variedades, esto se comprueba con su referido valor p, confirmándose con la matriz de distancias cuadradas ya que son las variedades menos distantes, por lo que podrían confundirse en la clasificación.

Tabla 16

T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias

	Estadístico F	Df1	Df2	Valor p
Bountiful-Desso	6.68397	4	21.95266	0.0011211
Bountiful-Esla	5.79683	4	19.22477	0.0031128
Bountiful-First	10.20274	4	23.99548	0.0000569
Bountiful-Frisson	11.60134	4	18.93043	0.0000625
Bountiful-Glonton	16.40419	4	17.51924	0.0000094
Bountiful-HR	1.50180	4	21.59598	0.2366577
Bountiful-Solara	0.48176	4	22.76934	0.7488496
Desso-Esla	9.59260	4	20.15151	0.0001644
Desso-First	8.15104	4	22.89293	0.0003061
Desso-Frisson	6.23651	4	24.59906	0.0013087
Desso-Glonton	30.17322	4	15.82522	0.0000003
Desso-HR	4.28930	4	20.75861	0.0109690
Desso-Solara	3.47122	4	21.99109	0.0241790
Esla-First	7.07194	4	21.97571	0.0008097
Esla-Frisson	4.26821	4	23.46609	0.0097295
Esla-Glonton	8.79961	4	18.67113	0.0003591
Esla-HR	1.56358	4	16.79443	0.2297325
Esla-Solara	5.79323	4	20.32855	0.0028113
First-Frisson	5.63429	4	17.88207	0.0040780
First-Glonton	13.44964	4	17.98625	0.0000304
First-HR	6.69090	4	22.91921	0.0010121
First-Solara	9.69698	4	23.97854	0.0000821
Frisson-Glonton	12.22981	4	26.93293	0.0000085
Frisson-HR	4.80700	4	16.5713	0.0092197
Frisson-Solara	10.15078	4	20.30904	0.0001113
Glonton-HR	10.51387	4	13.66486	0.0004157
Glonton-Solara	13.99309	4	15.03484	0.0000592
HR-Solara	0.92894	4	21.03256	0.4660467

Al construir los intervalos de 95% confianza que se muestran en el anexo 3, para la diferencia de medias usando el método de Sidak se tienen los siguientes resultados:

- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable H1 para los siguientes pares de variedades:
 Bontiful–First, Bontiful-Frisson, Desso-First, Desso-Frisson, Desso-Glonton, Esla-Glonton, Esla-Solara, First-HR-1, First-Solara, Frisson-Solara, Glonton-HR-1, Glonton-Solara.
- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable I1 para los siguientes pares de variedades:
 Bontiful-Desso, Bontiful–Esla, Bontiful-Frisson, Bontiful-Glonton, Desso-Solara, Esla-Frisson, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-HR-1, Frisson-Solara, Glonton-Solara.
- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable Q1 para los siguientes pares de variedades:

Desso-First, Esla-First, First-Glton, First-HR-1, First-Solara.

- Existen diferencias significativas entre el valor promedio de la variable R1 para los siguientes pares de variedades:

Bontiful-Desso, Desso-Esla, Desso-Frisson, Desso-Glton, Desso – HR-1, Esla-First, Esla-Glton, First-Glton, Frisson-Glton, Glton-HR-1, Glton-Solara.

La variable Q1 fue la que presentó menos diferencias entre las 8 variedades y H1 las mayores diferencias entre todas las variedades.

Por último, se presenta la matriz de confusión (Tabla 17), en la que se muestra la clasificación obtenida con las funciones discriminantes cuadráticas para la muestra 2, de allí se observa que de las 115 observaciones totales 43 fueron clasificadas correctamente, representando un 37.39% de las observaciones. De forma detallada se tiene:

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Bontiful, 3 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 21.43% de las observaciones. Las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 5 de las cuales se asignaron a la variedad Solara.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Desso, 5 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 38.46% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Esla, 6 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 46.15% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 7 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 15 observaciones correspondientes a la variedad First and Best, 7 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 46.67% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó dentro del grupo. Las 9 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 19 observaciones correspondientes a la variedad Frisson x Filby, 10 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 52.63%, siendo esta

variedad, la segunda mejor clasificada de la matriz de confusión.

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Gloton, 9 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 64.29%, siendo esta variedad la mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad HR-1, 2 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 15.38%, las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 4 de las cuales se asignaron a la variedad Esla.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Solara, 6 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 42.86%, Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.

Tabla 17

Tabla de Clasificación obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 2

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	Friss.	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	3	0	2	1	0	1	2	5	14	0.7857
Desso	1	5	0	2	2	0	1	2	13	0.6154
Esla	0	0	6	1	1	2	3	0	13	0.5385
Fir&Best	0	0	1	7	4	1	1	1	15	0.5333
Frisson	0	2	1	2	10	3	0	1	19	0.4737
Gloton	0	0	2	0	2	9	1	0	14	0.3571
HR-1	2	2	4	1	2	0	2	0	13	0.8462
Solara	5	3	4	0	0	0	1	1	14	0.9286

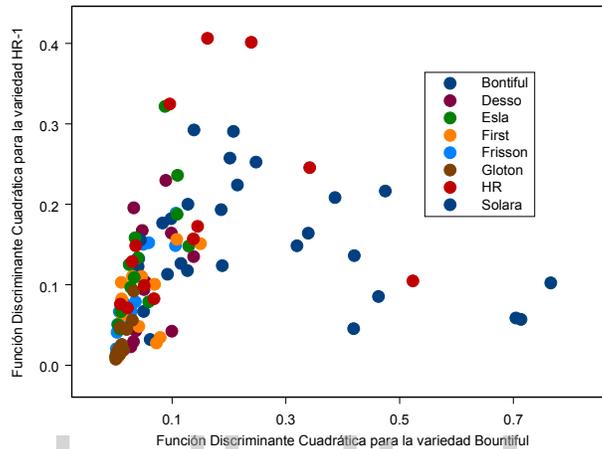
Error Total: 0.6260870

En esta muestra al igual que en la anterior no se muestran resultados muy favorables en la clasificación correcta, apenas 2 variedades exceden la barrera del 50% de observaciones clasificadas correctamente, es conveniente destacar que además presenta un error total de clasificación discretamente mayor que el de la muestra anterior.

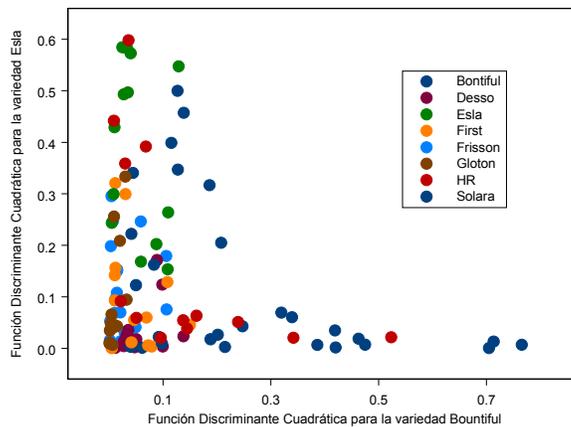
En los gráficos 11 y 12 de las funciones discriminantes cuadráticas entre las variedades Bountiful, HR-1 y Esla, se aprecia que las observaciones de todas las variedades tienden a mezclarse en grandes proporciones por lo que se observa que no existe una buena discriminación entre las 8 variedades de *Pisum sativum* para esta muestra. Las variedades que se muestran más dispersas en los gráficos son: Solara y Bountiful. Con esto se confirma que no existe una buena

clasificación, ya que la mayoría de las observaciones tienden a confundirse entre variedades. Para el resto de variedades el comportamiento es muy similar.

**Gráfico 11. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. HR-1.
Muestra 2**



**Gráfico 12. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Esla.
Muestra 2**



En el anexo 3, se muestran las pruebas Kolmogorov –Smirnov para normalidad de cada variable para la muestra estratificada 2.

3.5.1.3 Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 3 (11 Variables Independientes)

A continuación se muestran los resultados obtenidos con el análisis discriminante cuadrático usando la información correspondiente a la muestra estratificada 3, en la que se consideran 11 variables independientes. Tal como en las muestras 1 y 2 no es conveniente ajustar el modelo lineal discriminante, ya que no se cumple la hipótesis de igualdad entre las matrices de varianza y covarianza para las ocho variedades de *Pisum sativum* (tabla 18). Lo más conveniente es ajustar un análisis discriminante cuadrático, en el cual se aceptan las diferencias existentes entre las matrices de covarianzas de las ocho variedades. La probabilidad a priori se toma como en los otros casos proporcionales al tamaño de cada variedad.

Tabla 18
Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas

	Estadístico	df	Valor p
Test Box M	988.7669	462	0
Test adj M	667.0966	462	0

A continuación se muestra la matriz de distancias (distancia cuadrada generalizada) (tabla 19), y se observa que las variedades más parecidas para la muestra (menos distantes) son las variedades Solara y Bountiful seguida por Esla y Bontiful, con respecto a las que menos se parecen tenemos a Gloton y Solara, seguidas por First and Best y Desso que son las que poseen las distancias más grandes lo que sugiere que son las variedades más diferentes.

Tabla 19
Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares

	Bontiful	Desso	Esla	Firt&Best	Frisson	Gloton	HR-1	Solara
Bontiful	0.000000							
Desso	97.14202	0.0000						
Esla	4.426389	16.156	0.0000					
Fir&Best	263.3920	300.59	374.97	0.000000				
Frisson	279.7894	25.236	37.919	45.54419	0.0000			
Gloton	145.9949	60.437	64.263	95.06683	26.38009	0.0000		
HR-1	33.47388	38.475	52.928	154.23617	15.05839	175.979	0.0000	
Solara	3.412858	31.377	289.09	297.18905	51.48698	330.865	33.929	0.0000

En la tabla 20 se pueden observar los resultados para la prueba T^2 de Hotelling (para detectar diferencias entre pares de vectores de medias cuando las matrices de covarianzas son diferentes) la cual indica que se rechaza la hipótesis de igualdad de pares de vectores de media para 24 casos, existiendo excepciones entre las variedades: Bountiful-Solara, Desso-Esla, Esla-HR-1, HR-1-Solara donde no existen diferencias significativas

Tabla 20

T^2 * de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias

	Estadístico F	Df1	Df2	Valor p
Bountiful-Desso	7.99676	11	14.92143	0.0001924
Bountiful-Esla	11.90817	11	13.64748	0.0000328
Bountiful-First	9.60780	11	16.59334	0.0000327
Bountiful-Frisson	20.50120	11	19.93136	0.0000000
Bountiful-Gloton	19.12707	11	15.86813	0.0000004
Bountiful-HR	3.47913	11	13.26905	0.0173540
Bountiful-Solara	0.85161	11	15.98888	0.5981387
Desso-Esla	2.75206	11	10.61824	0.0563916
Desso-First	10.53553	11	14.62032	0.0000422
Desso-Frisson	3.02467	11	12.33737	0.0333720
Desso-Gloton	9.38010	11	12.83861	0.0001819
Desso-HR	3.47635	11	11.57390	0.0226584
Desso-Solara	6.57177	11	14.56852	0.0006510
Esla-First	7.68456	11	9.82074	0.0017066
Esla-Frisson	4.86780	11	19.97544	0.0010988
Esla-Gloton	6.60239	11	13.79043	0.0008054
Esla-HR	1.28302	11	13.94237	0.3254605
Esla-Solara	13.19352	11	12.28171	0.0000392
First-Frisson	5.26446	11	12.76806	0.0032439
First-Gloton	9.20359	11	16.33990	0.0000479
First-HR	7.64204	11	15.90590	0.0001797
First-Solara	7.82720	11	15.59696	0.0001725
Frisson-Gloton	9.14433	11	20.20765	0.0000124
Frisson-HR	6.23174	11	18.69702	0.0002952
Frisson-Solara	15.72982	11	20.98393	0.0000001
Gloton-HR	5.62816	11	10.91161	0.0040787
Gloton-Solara	18.44044	11	15.30794	0.0000008
HR-Solara	2.53166	11	13.59874	0.0541894

“Al existir diferencias entre los pares de vectores de medias, es de interés hallar intervalos de confianza simultáneos para detectar cuál o cuáles componentes son las causantes de tales diferencias y así verificar que la selección de las variables independientes usadas en los modelos anteriores que incluyen sólo 4 variables independientes ha sido la selección idónea”[1]. Los intervalos de confianza usando el método de Sidak se muestran en el anexo 4, de allí se tiene lo siguiente:

- Para la variable A1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Frisson, Desso-Solara, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-Solara.
- Para la variable B1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Glton, Desso-First, Desso-Frisson, Desso-Glton, Esla-First, Esla-Glton, First-Frisson, First-HR_1, First-Solara, Frisson-HR_1, Frisson-Solara, Glton-HR_1, Glton-Solara.
- Para la variable G1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Frisson, Desso-First, First-Frisson.
- Para la variable H1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Glton, Desso-First, Desso-Glton, First-HR_1, First-Solara, Frisson-Solara, Glton-HR_1, Glton-Solara.
- Para la variable I1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Esla, Bountiful-Frisson, Bountiful-Glton, Desso-Solara, Esla-Frisson, Esla-Solara, Frisson-HR_1, Frisson-Solara, Glton-Solara.
- Para la variable J1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Desso-Frisson, Desso-Glton, Esla-First, Esla-Glton, First-Frisson, First-HR_1, First-Solara, Glton-Solara.
- Para la variable K1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Glton, Desso-First, Desso-Glton, Esla-First, First-Frisson, First-HR_1, First-Solara, Glton-Solara.
- Para la variable M1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:

Bountiful-Frisson, Esla-Gloton, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-Solara.

- Para la variable N1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Esla, Bountiful-Frisson, Desso-Solara, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-Solara, Gloton-Solara.
- Para la variable Q1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Desso-First, Esla-First, First-Frisson, First-Gloton, First-HR_1, First-Solara, Gloton-HR_1.
- Para la variable R1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Desso-Gloton, Desso-HR_1, Esla-Frisson, First-Gloton, Frisson-Gloton, Gloton-HR_1, Gloton-Solara.

En el anexo 4, se muestran los vectores de medias correspondientes a las 11 variables independientes incluidas en el modelo, las pruebas de normalidad (Kolgomorov – Smirnov) para cada variable, pertenecientes a la muestra estratificada 3.

Por último, se tiene la matriz de confusión (Tabla 21), en la que se muestra la clasificación obtenida con las funciones discriminantes cuadráticas para la muestra 3, de allí en forma general se observa que de las 115 observaciones 32 fueron clasificadas correctamente, representando un 27.82% de las observaciones. De forma detallada se tiene:

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Bontiful, 2 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 14.29% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 10 de las cuales se asignaron a la variedad Solara.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Desso, 1 fue clasificada correctamente lo que representa el 7.69% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 8 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.

- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Esla, ninguna observación fue clasificada correctamente lo que representa el 0%. Todas las observaciones se clasificaron de forma errónea, 8 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 15 observaciones correspondientes a la variedad First and Best , 7 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 46.67% de las observaciones. Siendo esta la variedad que se clasificó de mejor forma, Las 9 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 19 observaciones correspondientes a la variedad Frisson x Filby, 12 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 63.16%, siendo esta variedad la mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Gloton, 4 fueron clasificadas apropiadamente lo que significa el 28.57%, Las 10 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 5 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad HR-1, 1 fue clasificada correctamente lo que significa el 7.69%, las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 5 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Solara, 5 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 35.71%, las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea. 7 de las cuales se asignaron a la variedad Bountiful.

Tabla 21

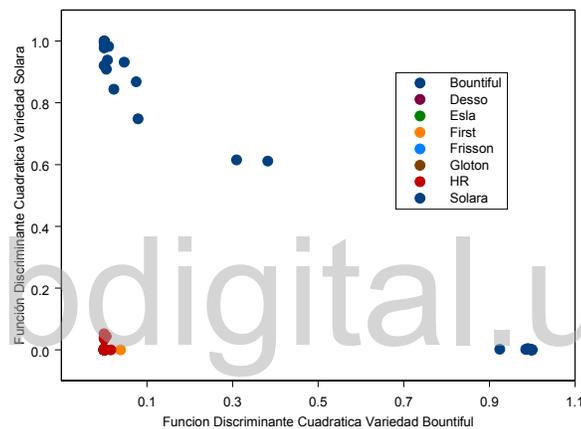
Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 3

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	Friss.	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	2	0	0	1	1	0	0	10	14	0.8571
Desso	3	1	0	0	8	0	1	0	13	0.9231
Esla	1	2	0	0	6	1	3	0	13	1.0000
Fir&Best	3	0	0	7	2	0	0	3	15	0.5333
Frisson	0	3	0	4	12	0	0	0	19	0.3684
Gloton	0	0	1	1	5	4	3	0	14	0.7142
HR-1	2	0	1	0	5	0	1	4	13	0.9231
Solara	7	0	0	1	1	0	0	5	14	0.6429

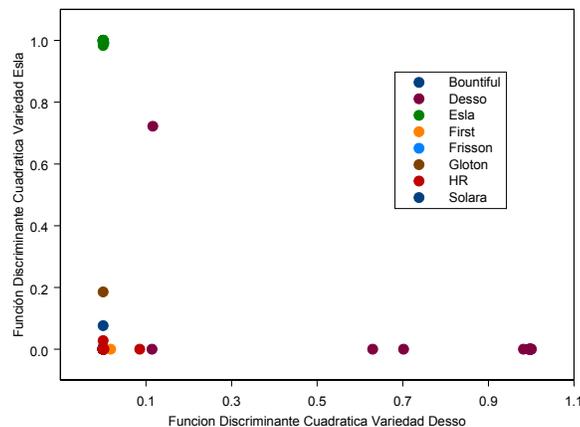
Error Total: 0.7217391

En los Gráficos 13 y 14 de las funciones discriminantes cuadráticas entre las variedades Bountiful vs.Solara y Desso vs.Esla, se aprecia que las observaciones pertenecientes a las variedades Bountiful, Solara, HR-1 y Desso pudieran separarse bastante bien, con respecto a las otras variedades se tiene que se encuentran muy apiladas o se clasificaron como pertenecientes a las 3 variedades anteriores. Se podría decir que a esto se debe la mala clasificación de las observaciones.

**Gráfico 13. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara.
Muestra 3**



**Gráfico 14. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Desso vs. Esla.
Muestra 3**



3.5.1.4 Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 4 (11 Variables Independientes)

A continuación se muestran los resultados obtenidos del análisis discriminante cuadrático usando la información correspondiente a la muestra estratificada 4, en la que se consideran 11 variables independientes. Como en las muestras anteriores no es conveniente ajustar el modelo lineal discriminante, ya que no se cumple la hipótesis de igualdad entre las matrices de varianza y covarianza para las ocho variedades de *Pisum sativum* (Tabla 22). De tal forma lo más conveniente es ajustar un análisis discriminante cuadrático, en el cual se contemplan las diferencias existentes entre las matrices de covarianzas de las ocho variedades. La probabilidad a priori se toma como en los otros casos proporcionales al tamaño de cada variedad.

Tabla 22

Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas

	Estadístico	Df	Valor p
Test Box M	966.6587	462	0
Test adj M	652.1807	462	0

A continuación se muestra la matriz de distancias (distancia cuadrada generalizada) (tabla 23), y se observa que las variedades más parecidas para la muestra (menos distantes) son las variedades Solara y Bountiful seguida por Esla y Frisson, con respecto a las que menos se parecen tenemos a First and Best y Desso, seguidas por Desso y Bountiful que son las que poseen las distancias más grandes lo que sugiere que son las variedades menos similares.

Tabla 23

Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares

	Bontiful	Desso	Esla	Firt&Best	Frisson	Gloton	HR-1	Solara
Bontiful	0.000000							
Desso	379.0542	0.0000						
Esla	294.6571	71.933	0.0000					
Fir&Best	54.23896	759.03	160.55	0.000000				
Frisson	326.8459	136.72	10.103	35.73024	0.0000			
Gloton	158.8693	205.86	36.623	16.95667	19.2259	0.0000		
HR-1	135.8492	117.54	8.0998	33.25368	17.5972	130.642	0.0000	
Solara	7.527282	244.16	36.997	122.43515	51.8612	184.629	22.649	0.0000

En la Tabla 24 se pueden observar los resultados para la prueba T^2 de Hotelling la cual indica que se rechaza la hipótesis de igualdad de pares de vectores de media para 25 casos, exceptuando los pares: Bountiful-Solara, Esla-HR, HR-Solara donde no existen diferencias significativas.

Tabla 24
 T^2 * de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias

	Estadístico F	Df1	Df2	Valor p
Bountiful-Desso	7.50543	11	14.31100	0.0003416
Bountiful-Esla	5.33045	11	14.72701	0.0018834
Bountiful-First	10.94038	11	16.89351	0.0000120
Bountiful-Frisson	13.42324	11	15.14190	0.0000071
Bountiful-Gloton	12.59326	11	15.99076	0.0000070
Bountiful-HR	2.55374	11	14.89183	0.0471704
Bountiful-Solara	1.18305	11	15.06615	0.3727643
Desso-Esla	8.10343	11	13.90569	0.0002589
Desso-First	23.77246	11	15.76931	0.0000001
Desso-Frisson	4.42920	11	17.91590	0.0026916
Desso-Gloton	21.89027	11	14.64698	0.0000004
Desso-HR	3.38648	11	13.44980	0.0188246
Desso-Solara	8.92149	11	12.91496	0.0002292
Esla-First	11.99450	11	11.96822	0.0000774
Esla-Frisson	2.57194	11	17.78839	0.0369773
Esla-Gloton	8.99105	11	14.79443	0.0001014
Esla-HR	2.00354	11	9.80209	0.1439397
Esla-Solara	7.74971	11	13.73068	0.0003521
First-Frisson	10.66561	11	19.87337	0.0000042
First-Gloton	8.04856	11	13.38095	0.0003276
First-HR	7.78220	11	15.50453	0.0001843
First-Solara	11.21637	11	15.54739	0.0000186
Frisson-Gloton	5.68401	11	20.70478	0.0003504
Frisson-HR	6.25351	11	19.27933	0.0002512
Frisson-Solara	10.75553	11	17.70249	0.0000095
Gloton-HR	10.11866	11	11.11776	0.0002809
Gloton-Solara	8.45763	11	11.46185	0.0005564
HR-Solara	1.44494	11	14.95480	0.2496269

Cuando existen diferencias entre los pares de vectores de medias, es de interés hallar intervalos de confianza simultáneos para detectar cuál o cuáles componentes son las causantes de tales diferencias y así verificar que la selección de las variables independientes de los modelos que solo incluyen sólo 4 variables independientes ha sido la mejor selección. Los intervalos de confianza usando el método de Sidak se muestran en el anexo 5, de allí se tiene lo siguiente:

- Para la variable A1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:

Bountiful-Desso, Bountiful-Esla, Bountiful-Frisson, Esla-Solara, First-Frisson, Desso-Solara.

- Para la variable B1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Gloton, Desso-First, Desso-Gloton, Esla-First, Esla-Gloton, First-Frisson, First-HR_1, First-Solara, Gloton-Solara.
- Para la variable G1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Frisson, Desso-First, Esla-First, First-Frisson, Frisson-Solara.
- Para la variable H1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Frisson, Bountiful-Gloton, Desso-First, Desso-Gloton, First-Solara, Frisson-Solara, Gloton-Solara.
- Para la variable I1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Esla, Bountiful-Frisson, Bountiful-Gloton, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-HR_1, Frisson-Solara, Gloton-Solara.
- Para la variable J1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Desso-Frisson, Desso-Gloton, Desso-Solara, Esla-First, Esla-Gloton, First-Frisson, First-HR_1, First-Solara.
- Para la variable K1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Bountiful-Esla, Bountiful-Frisson, Bountiful-Gloton, Desso-First, Esla-Solara, First-Frisson, Frisson-Solara.
- Para la variable M1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Desso-First, Desso-Solara, Esla-Solara, Frisson-Solara, Gloton-HR_1.

- Para la variable N1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-First, Bountiful-Glonton, Desso-First, Desso-Glonton, Esla-First, Esla-Glonton, First-Frisson, First-Glonton, First-HR_1, First-Solara, Frisson-Solara, Glonton-Solara.
- Para la variable Q1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Esla-First, First-Frisson, First-Glonton, First-HR_1.
- Para la variable R1 se observan diferencias significativas entre el promedio de los pares de variedades que se muestran a continuación:
Bountiful-Desso, Desso-Esla, Desso-Glonton, Desso-HR_1, Frisson-Glonton, Glonton-HR_1.

La variable G1 fue la que presentó menor diferencia entre las 8 variedades y N1 las mayores diferencias entre variedades.

En el anexo 5, se muestran los vectores de medias, matrices de varianzas y covarianzas muestrales correspondientes a las 11 variables independientes incluidas en el modelo y las pruebas de normalidad (Kolgomorov – Smirnov) para cada variable, pertenecientes a la muestra estratificada 4.

Por último, se tiene la matriz de confusión (Tabla 25), en la que se muestra la clasificación obtenida con las funciones discriminantes cuadráticas para la muestra 4, de allí en forma general se observa que de las 115 observaciones 33 fueron clasificadas correctamente, representando un 28.69% de las observaciones. De forma detallada se tiene:

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Bontiful, 5 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 35.71% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 9 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Desso, 1 fue clasificada correctamente lo que representa el 7.69% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 8 de las

cuales se asignaron a la variedad Frisson.

- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Esla, ninguna observación fue clasificada correctamente lo que representa el 0%. Todas las observaciones se clasificaron de forma errónea, 7 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 15 observaciones correspondientes a la variedad First and Best, 7 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 46.67% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 8 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 19 observaciones correspondientes a la variedad Frisson x Filby, 12 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 63.16%, siendo esta variedad la mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Gloton, 1 fue clasificada correctamente lo que significa el 7.14% de las observaciones. Las 13 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 9 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad HR-1, 2 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 15.38%, las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 5 de las cuales se asignaron a la variedad Frisson.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Solara, 5 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 35.71%, las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea. 5 de las cuales se asignaron a la variedad Bountiful.

Tabla 25

Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 4

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	Friss.	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	5	0	0	2	2	0	3	2	14	0.6429
Desso	1	1	1	1	8	0	1	0	13	0.9231
Esla	1	0	0	0	7	1	3	1	13	1.0000
Fir&Best	0	0	0	7	8	0	0	0	15	0.5333
Frisson	1	0	2	2	12	0	1	1	19	0.3684
Gloton	1	0	0	2	9	1	0	1	14	0.9286
HR-1	1	1	0	2	5	0	2	2	13	0.8462
Solara	5	0	0	0	2	0	2	5	14	0.6428

Error Total: 0.7130435

En los gráficos 15 y 16 de las funciones discriminantes cuadráticas entre las variedades Bountiful vs.Solara y Desso vs.Esla, se aprecia que las observaciones pertenecientes a las variedades Bountiful, Solara, HR-1 y Esla pudieran separarse bastante bien, con respecto a las otras variedades se tiene que se encuentran muy apiladas o se clasificaron como pertenecientes a las 3 variedades anteriores. Se podría decir que a esto se debe la mala clasificación de las observaciones. El comportamiento para las otras variedades es muy similar.

Gráfico 15. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Bountiful vs. Solara.

Muestra 4

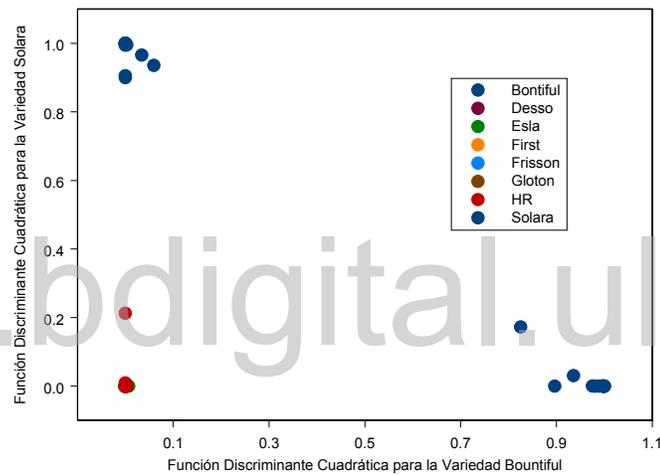
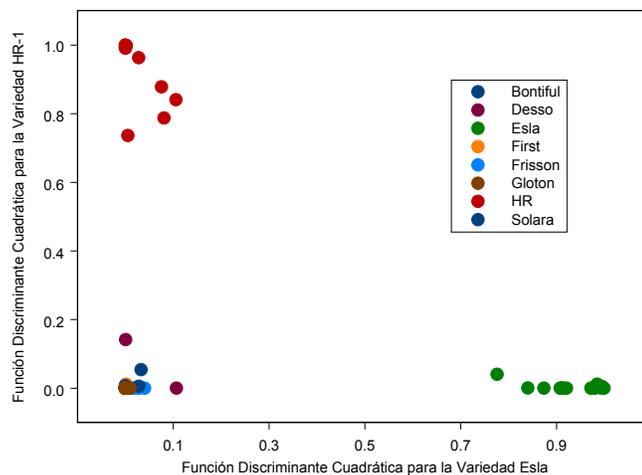


Gráfico 16. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Esla vs. HR-1. Muestra 4



3.5.1.5 Ajuste de los Modelos Discriminantes para la Muestra Estratificada 5 (2 Componentes Principales)

Para la muestra estratificada 5 se consideran las variables resultado del análisis de componentes principales, el cual proporciona una nueva dimensión al problema, estas nuevas variables son producto de una combinación lineal de las 11 variables originales y que en forma de componentes van a resumir el contenido completo de la variabilidad de los datos en un menor número de variables. En el análisis de componentes principales (ver Tablas 3 y 4) se observa que con la retención de dos componentes se explica el 91.813% de la variabilidad original de los datos. Por lo que el problema se reduce a dos nuevas variables (Comp.1 y Comp.2).

El supuesto de homocedasticidad no se cumple, lo cual se verifica con el correspondiente valor p (Tabla 26), que indica que existen diferencias significativas entre las matrices de variancias-covarianzas con un estadístico de 40.48678 y un nivel de significación $p=0.0064855$ por lo tanto no se debe ajustar un modelo discriminante lineal, sino un modelo mas complejo como el discriminante cuadrático, se considerará el supuesto de heterocedasticidad, y la probabilidad a priori se toma como en los otros casos proporcionales al tamaño de cada variedad.

Tabla 26

Test de Homogeneidad de Matrices de Covarianzas

	Estadístico	Df	Valor p
Test Box M	40.48678	21	0.0064855
Test adj M	37.98711	21	0.0129335

A continuación se presentan los vectores de medias para las ocho variedades de *Pisum sativum* para la muestra 5 (Tabla 27). En los que se observa que en la variable Comp.1, la variedad que posee el mayor promedio es First and Best, luego viene Bountiful y el menor valor para Desso, para la variable Comp.2 la variedad con mayor promedio es Bontiful y la de menor es Frisson x Filby.

Tabla 27

Vectores de Medias Muestrales

Resistencia (mv/ms)	Comp. 1	Comp.2	n	Prob. Priori
Frisson	1570.811	566.9080	19	0.1652174
Desso	1535.407	576.6063	13	0.1130435
Solara	1861.432	755.0853	14	0.1217391
First & Best	1994.448	738.9467	15	0.1304348
Bontiful	1959.492	801.2226	14	0.1217391
Esla	1622.493	616.2554	13	0.1130435
Gloton	1708.937	636.3477	14	0.1217391
HR-1	1706.706	670.5025	13	0.1130435
TOTAL	1744.966	989.4523	115	1.0000000

A continuación se muestra la matriz de distancias (distancia cuadrada generalizada) (Tabla 28), y se observa que las variedades más parecidas para la muestra (menos distantes) son las variedades Frisson y Desso seguida por Solara y Bontiful, con respecto a las que menos se parecen tenemos a First and Best y Esla, seguidas por Frisson x Filby y Solara que son las que poseen las distancias más grandes lo que sugiere que son las variedades más diferentes.

Tabla 28

Matriz de Distancias Cuadradas Generalizadas por Pares

	Bontiful	Desso	Esla	Firt&Best	Frisson	Gloton	HR-1	Solara
Bontiful	0.000000							
Desso	6.492632	0.0000						
Esla	4.426389	0.6542	0.0000					
Fir&Best	3.383316	13.128	28.345	0.000000				
Frisson	7.449358	0.2705	3.1104	5.982733	0.0000			
Gloton	3.975096	1.8301	1.8849	2.488285	1.8282	0.0000		
HR-1	2.201587	3.5233	1.2177	2.747784	5.8619	1.9957	0.0000	
Solara	0.287521	12.731	2.9377	2.216383	16.205	9.6613	2.3441	0.0000

En la tabla 29 se pueden observar los resultados en la prueba T^2 de Hotelling en el cual se destaca lo siguiente:

- Existen diferencias entre 25 pares de vectores de medias para las variedades en por lo menos alguna de sus componentes, esto se determina al observar el respectivo valor de p, exceptuando los pares de variedades: Solara-Bontiful, Desso-Esla y Desso-Frisson en las que el estadístico de prueba demuestra que no existen diferencias, entre las mismas. Esto indica un gran parecido entre las observaciones de estas variedades, por lo que podrían confundirse en la clasificación.

Tabla 29

T^{2*} de Hotelling para Diferencias entre Pares Vectores de Medias

	Estadístico F	Df1	Df2	Valor p
Bountiful-Desso	32.12850	2	19.84756	0.0000006
Bountiful-Esla	25.42609	2	15.66595	0.0000121
Bountiful-First	10.15860	2	25.93994	0.0005518
Bountiful-Frisson	39.97973	2	18.08121	0.0000002
Bountiful-Glonton	21.16754	2	17.91687	0.0000191
Bountiful-HR	10.36900	2	20.95004	0.0007409
Bountiful-Solara	1.43966	2	19.67941	0.2609028
Desso-Esla	2.88557	2	19.25616	0.0801492
Desso-First	29.05285	2	23.99486	0.0000004
Desso-Frisson	1.37650	2	15.75772	0.2812117
Desso-Glonton	7.58538	2	20.60945	0.0033981
Desso-HR	9.85804	2	22.76250	0.0008246
Desso-Solara	37.76363	2	23.99839	0.0000000
Esla-First	24.98903	2	17.58330	0.0000073
Esla-Frisson	8.50605	2	28.77951	0.0012518
Esla-Glonton	4.67031	2	23.34373	0.0196756
Esla-HR	4.48119	2	18.13927	0.0262104
Esla-Solara	31.40144	2	20.56570	0.0000006
First-Frisson	31.21178	2	22.89471	0.0000003
First-Glonton	14.09135	2	19.68811	0.0001590
First-HR	13.75064	2	22.61243	0.0001237
First-Solara	10.15384	2	24.29639	0.0006236
Frisson-Glonton	9.18911	2	29.91459	0.0007743
Frisson-HR	16.03879	2	21.35537	0.0000559
Frisson-Solara	47.75531	2	25.00570	0.0000000
Glonton-HR	4.49948	2	21.06553	0.0235985
Glonton-Solara	20.73305	2	22.19571	0.0000083
HR-Solara	7.80461	2	23.66369	0.0024938

Al examinar los intervalos de 95% confianza que se muestran en el anexo 6, para la diferencia de medias usando el método de Sidak se tiene:

- Existen diferencias significativas entre los valores promedios para la variable Comp.1, en casi todos los pares de variedades, excepto para los siguientes:
 Bountiful-First, Esla-Frisson, Esla-HR-1, Glonton-HR_1.
- Existen diferencias significativas entre los valores promedios para la variable Comp.2, en casi todos los pares de variedades, excepto para los siguientes:
 Bountiful-First, Esla-Glonton, Glonton-HR_1.

Por último, se presenta la matriz de confusión (Tabla 30), en la que se observa que la clasificación obtenida con las funciones discriminantes cuadráticas para la muestra 5, de las 115 observaciones totales 54 fueron clasificadas correctamente, representando un 46.96% de las observaciones. De forma detallada se tiene:

- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Bontiful, 3 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 21.43% de las observaciones. Las 12 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea, 7 de las cuales se asignaron a la variedad Solara.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Desso, 4 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 30.77% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea,
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad Esla, 7 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 53.85% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó para el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 15 observaciones correspondientes a la variedad First and Best, 8 fueron clasificadas correctamente lo que representa el 53.33% de las observaciones. Siendo esta la variedad que mejor se clasificó en el grupo. Las 9 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 19 observaciones correspondientes a la variedad Frisson x Filby, 14 fueron clasificadas exactamente lo que significa el 73.68%, siendo ésta variedad la mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Gloton, 6 fueron clasificadas apropiadamente lo que significa el 42.86%, siendo ésta la segunda variedad mejor clasificada de la matriz de confusión.
- De las 13 observaciones correspondientes a la variedad HR-1, 4 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 30.77%. Las 11 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.
- De las 14 observaciones correspondientes a la variedad Solara, 8 fueron clasificadas correctamente lo que significa el 57.14%, Siendo esta la variedad que mejor se clasificó en el grupo. Las 8 observaciones restantes se clasificaron de forma errónea.

Tabla 30

Tabla de Clasificación Obtenida con las Funciones Discriminantes Cuadráticas Muestra 5

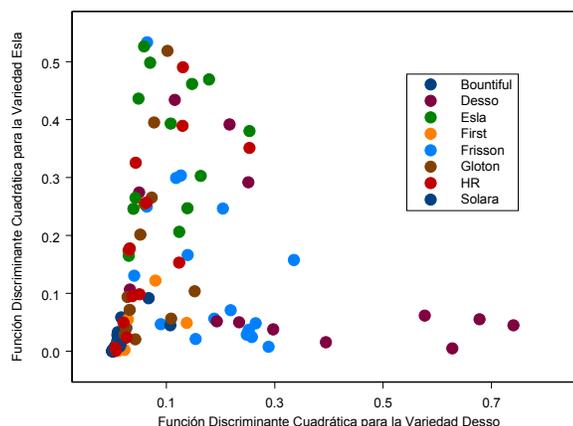
	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	Friss.	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	3	0	0	3	0	0	1	7	14	0.7857
Desso	0	4	2	1	4	1	1	0	13	0.6923
Esla	0	1	7	0	3	1	1	0	13	0.4615
Fir&Best	0	0	0	8	1	2	0	4	15	0.4667
Frisson	0	2	1	0	14	1	1	0	19	0.2632
Gloton	0	0	2	1	2	6	3	0	14	0.5714
HR-1	0	1	2	0	1	3	4	2	13	0.6923
Solara	3	0	0	0	0	1	2	8	14	0.4286

Error total: 0.5304348

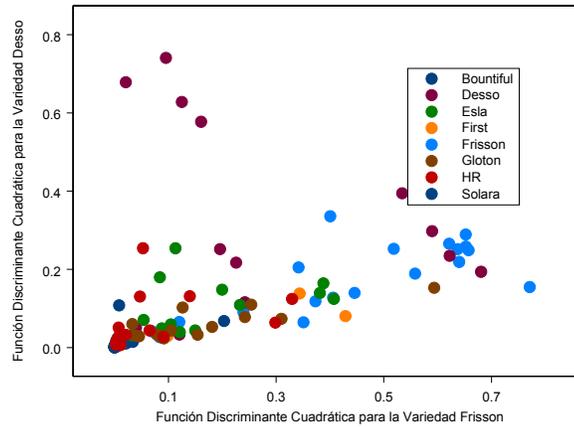
Comparando con los 4 modelos ajustados anteriormente, este es el modelo que presenta un menor error total de clasificación, sin embargo la clasificación es muy deficiente, por lo que hay que evaluar todos los modelos para establecer las conclusiones definitivas.

En los Gráficos 17 y 18 de las funciones discriminantes cuadráticas entre las variedades Desso, Esla y Frisson, se aprecia que las observaciones de todas variedades tienden a mezclarse en grandes proporciones por lo que se observa que no existe una buena discriminación entre las 8 variedades de *Pisum sativum* para esta muestra. Las variedades que se muestran más dispersas en los gráficos son Desso y Esla. Con esto se confirma que no existe una buena clasificación ya que la mayoría de las observaciones tienden a confundirse entre variedades.

Gráfico 17. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Desso vs. Esla. Muestra 5



**Gráfico 18. Funciones Discriminantes Cuadráticas – Frisson vs. Desso.
 Muestra 5**



**Tabla 31
 Errores de Clasificación en los Modelos Discriminantes Ajustados**

Modelo	Error
Modelo 1	0.5913043
Modelo 2	0.6260870
Modelo 3	0.7217391
Modelo 4	0.7130435
Modelo 5	0.5304348

En esta fase se puede concluir que considerando los 5 modelos discriminantes cuadráticos que fueron ajustados, el que presentó una mayor proporción de observaciones clasificadas correctamente es el modelo que contiene 2 variables independientes compuestas por los componentes principales, y corresponde a la muestra estratificada 5 (ver Tabla 31), esto no establece que sea óptimo para la asignación de nuevas observaciones de *Pisum sativum* ya que apenas y logró casi un 47% de observaciones clasificadas correctamente, lo que sugiere que es un modelo extremadamente deficiente.

3.5.2 Fase 5.2. Evaluación de los Modelos Discriminantes

En esta etapa se evalúan los modelos discriminantes obtenidos en la fase anterior, haciendo uso de los conjuntos de ajuste para cada variedad. Estos constituyen el 20% de los datos totales, es decir, 29 observaciones distribuidas entre las ocho variedades (ver Tabla 7).

“La finalidad del conjunto de prueba, es evaluar la asignación que hace el modelo ajustado a nuevas observaciones, y en base a la proporción de casos clasificados correctamente decidir cuál modelo es el mejor, y sugerirlo para la asignación de nuevas observaciones” [1].

3.5.2.1 Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 1 (4 Variables Independientes)

Al observar la tabla de clasificación (Tabla 32), obtenida para el modelo discriminante ajustado con la muestra 1, se observa que la clasificación adecuada de las observaciones es extremadamente deficiente. De las 29 observaciones iniciales, solo las 4 observaciones de la variedad First and Best fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 13.79% del total de observaciones. Para las 7 variedades restantes todas las observaciones fueron clasificadas como pertenecientes a la variedad First and Best, es decir, que las 25 observaciones restantes se clasificaron exclusivamente en esta variedad.

Tabla 32

Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bontiful	0	0	0	4	0	0	0	0	4	1.000
Desso	0	0	0	3	0	0	0	0	3	1.000
Esla	0	0	0	3	0	0	0	0	3	1.000
First	0	0	0	4	0	0	0	0	4	0.000
Frisson	0	0	0	5	0	0	0	0	5	1.000
Gloton	0	0	0	3	0	0	0	0	3	1.000
HR-1	0	0	0	3	0	0	0	0	3	1.000
Solara	0	0	0	4	0	0	0	0	4	1.000

Error total: 0.8621

3.5.2.2 Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 2 (4 Variables Independientes)

Al observar la tabla de clasificación (Tabla 33), obtenida para el modelo discriminante ajustado con la muestra 2, se observa que la clasificación apropiada de las observaciones es bastante deficiente. De las 29 observaciones, sólo 4 observaciones fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 13.79% del total de observaciones, de las cuales 1 fue clasificada correctamente para la variedad Bountiful y las 3 restantes para Gloton. Con respecto a las otras variedades se tiene que para la mayoría de los casos se clasificaron las observaciones en la variedad Gloton, HR-1, y Esla.

Tabla 33
Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	1	0	0	0	0	2	1	0	4	0.750
Desso	0	0	2	0	0	0	1	0	3	1.000
Esla	0	0	0	0	0	3	0	0	3	1.000
First	0	0	0	0	0	4	0	0	4	1.000
Frisson	0	0	0	0	0	3	2	0	5	1.000
Gloton	0	0	0	0	0	3	0	0	3	0.000
HR-1	0	0	1	0	0	2	0	0	3	1.000
Solara	0	0	0	0	0	2	2	0	4	1.000

Error total: 0.8621

3.5.2.3 Modelo Discriminante Cuadrático – Muestra Estratificada 3 (11 variables independientes)

Al observar la tabla de clasificación (Tabla 34), obtenida para el modelo discriminante ajustado con la muestra 3, se observa que la clasificación adecuada de las observaciones es extremadamente deficiente. De las 29 observaciones, sólo 4 observaciones fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 13.79% del total de observaciones, sólo las 4 observaciones de la variedad Solara se clasificaron correctamente. Consecuentemente para las otras siete variedades todas sus observaciones fueron clasificadas como pertenecientes a la variedad Solara, es decir, que las 25 observaciones restantes se clasificaron exclusivamente en esta variedad.

Tabla 34

Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	0	0	0	0	0	0	0	4	4	1.000
Desso	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
Esla	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
First	0	0	0	0	0	0	0	4	4	1.000
Frisson	0	0	0	0	0	0	0	5	5	1.000
Gloton	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
HR-1	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
Solara	0	0	0	0	0	0	0	4	4	0.000

Error total: 0.8621

3.5.2.3 Modelo Discriminante Cuadrático – Muestra Estratificada 4 (11 variables independientes)

Al observar la tabla de clasificación (Tabla 35), obtenida para el modelo discriminante ajustado con la muestra 4, se observa que la clasificación adecuada de las observaciones es extremadamente deficiente, al igual que para las 3 muestras anteriores. De las 29 observaciones, sólo 4 observaciones se clasificaron correctamente, lo que representa un 13.79% del total de observaciones, sólo las 4 observaciones de la variedad Solara fueron clasificadas correctamente. Para las otras siete variedades todas sus observaciones fueron clasificadas como pertenecientes a la variedad Solara, las 25 observaciones restantes se clasificaron exclusivamente en esta variedad.

Tabla 35

Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	0	0	0	0	0	0	0	4	4	1.000
Desso	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
Esla	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
First	0	0	0	0	0	0	0	4	4	1.000
Frisson	0	0	0	0	0	0	0	5	5	1.000
Gloton	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
HR-1	0	0	0	0	0	0	0	3	3	1.000
Solara	0	0	0	0	0	0	0	4	4	0.000

Error total: 0.8621

3.5.2.4 Modelo Discriminante Cuadrático - Muestra Estratificada 5 (2 Componentes Principales)

Al observar la tabla de clasificación (Tabla 36), obtenida para el modelo discriminante ajustado con la muestra 5, se observa que la clasificación adecuada de las observaciones es extremadamente deficiente, como para las muestras anteriores. De las 29 observaciones, sólo 3 observaciones se clasificaron correctamente, lo que representa un 10.34% del total de observaciones, sólo las 3 observaciones de la variedad Desso fueron clasificadas correctamente. Consecuentemente para las otras siete variedades todas sus observaciones fueron clasificadas como pertenecientes a la variedad Solara y First and Best, de las 25 observaciones restantes 23 se clasificaron como Desso y 3 como First and Best.

Tabla 36

Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Componentes Principales)

	Bountiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	0	2	0	2	0	0	0	0	4	1.000
Desso	0	3	0	0	0	0	0	0	3	0.000
Esla	0	3	0	0	0	0	0	0	3	1.000
First	0	4	0	0	0	0	0	0	4	1.000
Frisson	0	5	0	0	0	0	0	0	5	1.000
Gloton	0	3	0	0	0	0	0	0	3	1.000
HR-1	0	3	0	0	0	0	0	0	3	1.000
Solara	0	3	0	1	0	0	0	0	4	1.000

Error total: 0.8967

En esta fase de evaluación se confirma la deficiencia de los modelos discriminantes, ya que casi todos tienen el mismo error de evaluación de 0.8621, con excepción del modelo ajustado con la muestra 5 que tiene el mayor error de 0.8967, es paradójico porque este modelo fue el que presento menor error en la fase de ajuste, con lo expuesto anteriormente se hace imposible sugerir un modelo discriminante que permita clasificar las 8 variedades de *Pisum Sativum*.

3.5.3 Comentarios Finales

Al analizar las tablas de clasificación obtenidas para cada uno de los modelos discriminantes cuadráticos ajustados, se observa claramente la extrema deficiencia en la asignación de nuevas observaciones. Esto conlleva a interpretar que la composición de los datos es bastante compleja por lo que es imposible garantizar la apropiada separación o discriminación de las ocho variedades de

Pisum sativum con polinomios de grado 2. Por lo tanto se deben examinar otras formas de representación que permita la separación de las ocho variedades de la planta, en la que se deben contemplar funciones no lineales que garanticen la asignación eficiente de nuevas observaciones.

3.6. Etapa 6 Redes Neuronales

3.6.1 Fase 6.1 Entrenamiento Neuronal

Para el entrenamiento neuronal se consideran las 5 muestras estratificadas que se usaron para ajustar los modelos discriminantes de la etapa anterior. Se entrenará una red neuronal con el algoritmo de retropropagación para cada caso, usando la herramienta computacional Statistica Neural Networks® [10].

3.6.1.1 Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 1 Usando el Algoritmo de Retropropagación (4 Variables Independientes)

Para el entrenamiento de las redes neuronales se utilizó el asistente inteligente del Statistica Neural Networks, el cual hace una selección utilizando algoritmos genéticos de los pesos iniciales de las redes neuronales y busca diversas topologías y tipos de algoritmos de entrenamiento. [1]

Una vez realizado el entrenamiento neuronal, la red que produjo mejores resultados en cuanto a la asignación de las observaciones usadas en el entrenamiento tiene la siguiente topología (Figura 14):

- 4 entradas que corresponden a los valores de las cuatro variables independientes seleccionadas y función de activación lineal.
- Dos capas intermedias con 8 neuronas cada una y función de activación sigmoideal respectivamente.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum* y la función de activación es sigmoideal.

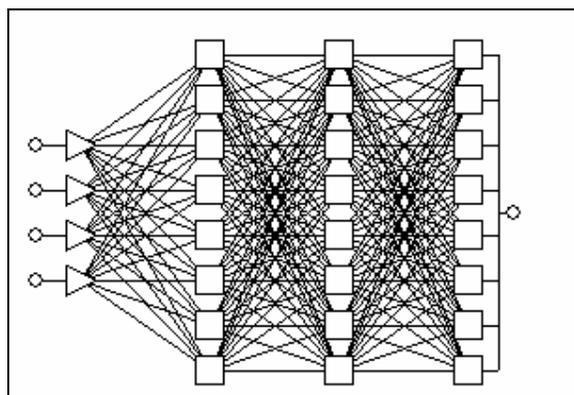


Figura 14. Esquema de la Red Neuronal Muestra 1. (4 Variables Independientes)

En la Tabla 37 se presenta la clasificación o matriz de confusión de las observaciones usadas en el entrenamiento. De las 115 observaciones usadas en el entrenamiento 97 fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 84.34% de las observaciones. Se destacan como las variedades mejores clasificadas First and Best y Gloton, para las cuales todas sus observaciones se asignaron correctamente. Las variedades peor clasificadas en la tabla fueron Desso y HR-1, de las cuales un poco más del 30% de sus observaciones se clasificaron de forma errónea. Con respecto a la variedad que recibió más asignaciones erradas resalta First and Best con 5 observaciones, seguida por las variedades Esla y Solara con 4 observaciones respectivamente. Comparando con el modelo discriminante ajustado para esta muestra se observa una diferencia de 43.47% en observaciones que se clasificaron de forma apropiada lo que sugiere que es bastante bueno.

Tabla 37

Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bontiful	12	0	1	1	0	0	0	0	14	0.143
Desso	1	8	0	1	0	0	1	2	13	0.385
Esla	0	0	10	1	0	0	1	1	13	0.231
First	0	0	0	15	0	0	0	0	15	0.000
Frisson	0	0	0	1	17	1	0	0	19	0.105
Gloton	0	0	0	0	0	14	0	0	14	0.000
HR-1	0	0	3	0	0	0	9	1	13	0.308
Solara	0	0	0	1	0	1	0	12	14	0.143

Error total: 0.1565

3.6.1.3 Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 2 Usando el Algoritmo de Retropropagación (4 Variables Independientes)

Una vez realizado el entrenamiento neuronal, la red que produjo mejores resultados en cuanto a la asignación de las observaciones usadas en el entrenamiento tiene la siguiente topología, Figura 16:

- 4 entradas que corresponden a los valores de las cuatro variables independientes seleccionadas y función de activación lineal.
- Dos capas intermedias con 8 neuronas cada una y función de activación sigmoideal para cada capa.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum* y la función de activación es sigmoideal.

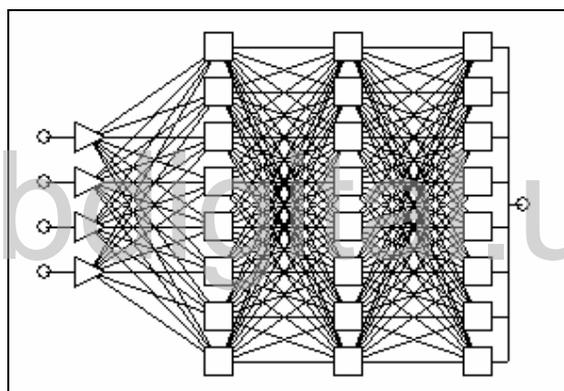


Figura 16. Esquema de la Red Neuronal Muestra 2. (4 Variables Independientes)

En la Tabla 38 se presenta la clasificación o matriz de confusión de las observaciones usadas en el entrenamiento. De las 115 observaciones usadas en el entrenamiento 97 fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 84.34% de las observaciones. Se destaca como la variedad mejor clasificada Bountiful, para la cual todas sus observaciones se asignaron correctamente. La variedad peor clasificada en la tabla fue Esla, de la cual un poco más del 30% de sus observaciones se clasificaron de forma errónea. Con respecto a la variedad que recibió más asignaciones erradas resalta Esla con 4 observaciones, seguida por las variedades Bountiful, First and Best y Solara con 3 observaciones cada una. Comparando con el modelo discriminante ajustado para esta muestra se

observa una diferencia de 46.95% en observaciones que se clasificaron de forma apropiada lo que sugiere que es bastante bueno. La topología de la red coincide con la de la muestra estratificada 1.

Tabla 38

Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes)

	Bountiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	14	0	0	0	0	0	0	0	14	0.000
Desso	0	10	0	1	0	0	0	2	13	0.231
Esla	1	0	9	1	1	0	1	0	13	0.308
First	0	0	2	12	0	1	0	0	15	0.200
Frisson	0	0	0	1	17	0	0	1	19	0.105
Gloton	0	0	1	0	0	13	0	0	14	0.071
HR-1	0	1	1	0	1	0	10	0	13	0.231
Solara	2	0	0	0	0	0	0	12	14	0.143

Error total: 0.1565

3.6.1.5 Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 3 Usando el Algoritmo de Retropropagación (11 variables independientes)

Una vez realizado el entrenamiento neuronal, la red que produjo mejores resultados en cuanto a la asignación de las observaciones usadas en el entrenamiento para esta muestra tiene la siguiente topología, la cual puede ser observada en la Figura 18:

- 11 entradas que corresponden a los valores de las once variables independientes usadas en el experimento, la función de activación de esta capa es lineal.
- Dos capas intermedias con 7 y 4 neuronas respectivamente y función de activación sigmoideal para cada capa.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum* y la función de activación es sigmoideal.

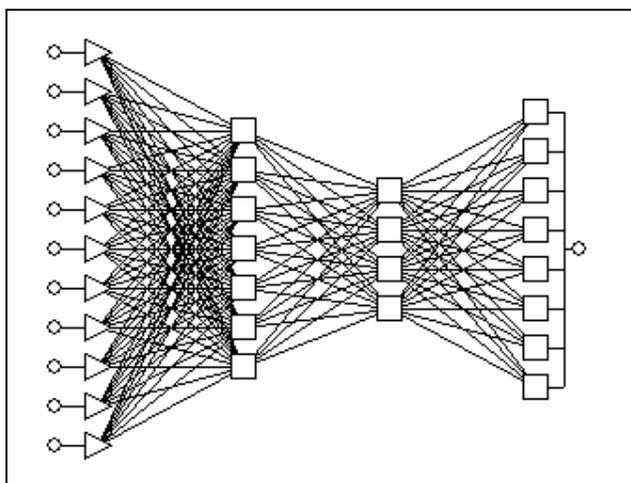


Figura 18. Esquema de la Red Neuronal Muestra 3. (11 variables independientes)

En la Tabla 39 se presenta la clasificación o matriz de confusión de las observaciones usadas en el entrenamiento. De las 115 observaciones usadas en el entrenamiento 110 fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 95.65% de las observaciones. Casi todas las variedades se clasificaron correctamente. Exceptuando las variedades HR-1 y Desso que obtuvieron 3 y 2 observaciones mal clasificadas respectivamente. Con respecto a la variedad que recibió más asignaciones erradas destaca Gloton con 2 observaciones, seguida por las variedades Esla, Frisson y Desso con 1 observación para cada una. Comparado con el modelo discriminante ajustado para esta muestra se observa una diferencia de 67.82% en observaciones que se clasificaron de forma apropiada lo que sugiere que es bastante bueno.

Tabla 39

Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bontiful	14	0	0	0	0	0	0	0	14	0.000
Desso	0	11	1	0	1	0	0	0	13	0.154
Esla	0	0	13	0	0	0	0	0	13	0.000
First	0	0	0	15	0	0	0	0	15	0.000
Frisson	0	0	0	0	19	0	0	0	19	0.000
Gloton	0	0	0	0	0	14	0	0	14	0.000
HR-1	0	1	0	0	0	2	10	0	13	0.231
Solara	0	0	0	0	0	0	0	14	13	0.000

Error total: 0.04348

3.6.1.7 Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 4 Usando el Algoritmo de Retropropagación (11 variables independientes)

Una vez realizado el entrenamiento neuronal, la red que produjo mejores resultados en cuanto a la asignación de las observaciones usadas en el entrenamiento tiene la siguiente topología (Figura 20):

- 11 entradas que corresponden a los valores de las once variables independientes usadas en el experimento con función de activación lineal.
- Dos capas intermedias con 13 neuronas cada una y función de activación sigmoideal para ambas capas.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum* y la función de activación es sigmoideal.

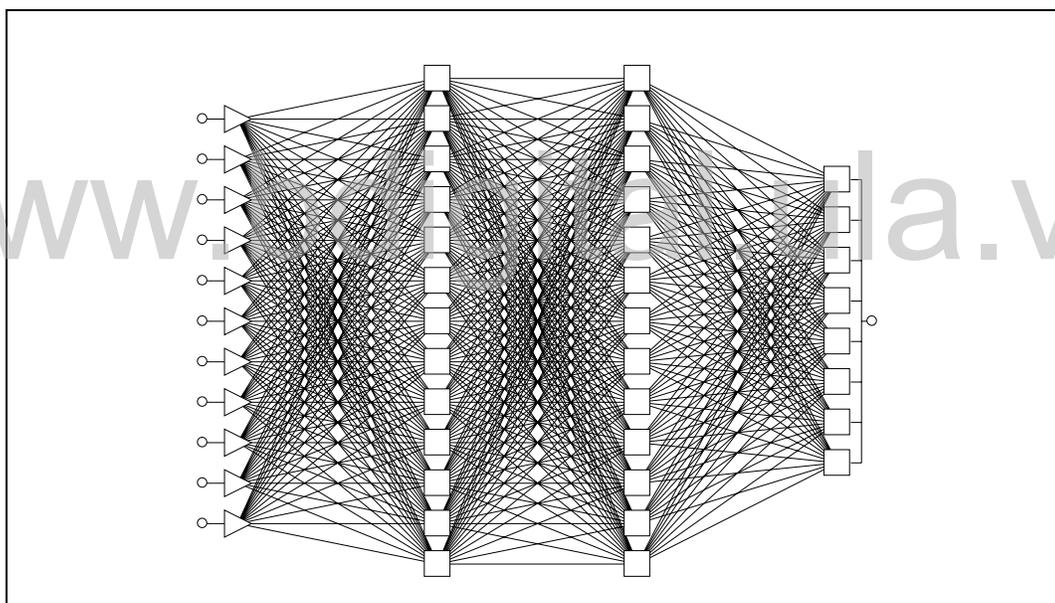


Figura 20. Esquema de la Red Neuronal Muestra 4. (11 Variables Independientes)

En la Tabla 40 se presenta la clasificación o matriz de confusión de las observaciones usadas en el entrenamiento de esta muestra. De las 115 observaciones usadas en el entrenamiento 91 fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 79.13% de las observaciones. Ninguna de las 8 variedades se clasificó completamente, sin embargo las variedades mejores clasificadas fueron Desso, First and Best y Desso para las cuales solo una observación se clasificó erradamente. La variedad peor clasificada en la

tabla fue Esla, la cual obtuvo 5 observaciones clasificadas de forma errónea. Con respecto a la variedad que recibió más asignaciones erradas resaltan: Bountiful y Gloton con 5 observaciones cada una. Comparado con el modelo discriminante ajustado para esta muestra se observa una diferencia de 50.43% en observaciones que se clasificaron de forma apropiada lo que sugiere la superioridad del modelo. La topología de la red neuronal obtenida en el entrenamiento de esta muestra, es más compleja que la topología de la red neuronal que mejor representó las observaciones para la muestra 3, ya que aunque posee el mismo número de capas, el número de neuronas para esta topología es mayor.

Tabla 40

Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes)

	Bountiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	10	0	0	0	0	0	1	3	14	0.000
Desso	0	12	0	0	1	0	0	0	13	0.154
Esla	1	0	8	0	1	2	1	0	13	0.000
First	0	0	0	14	1	0	0	0	15	0.000
Frisson	0	0	1	1	16	0	1	0	19	0.000
Gloton	0	0	0	0	1	13	0	0	14	0.000
HR-1	1	1	1	0	0	0	8	2	13	0.231
Solara	3	0	1	0	0	0	0	10	13	0.000

Error total: 0.2087

3.6.1.9 Entrenamiento Neuronal para la Muestra Estratificada 5 Usando el Algoritmo de Retropropagación (2 Componentes Principales)

Una vez realizado el entrenamiento neuronal, la red que produjo mejores resultados en cuanto a la asignación de las observaciones usadas en el entrenamiento tiene la siguiente topología, (Figura 20):

- 2 entradas que corresponden a los valores de las dos nuevas variables o 2 componentes principales seleccionados y función de activación lineal.
- Dos capas intermedias con 9 neuronas respectivamente y función de activación sigmoïdal para cada capa.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum*, y la función de activación es sigmoïdal.

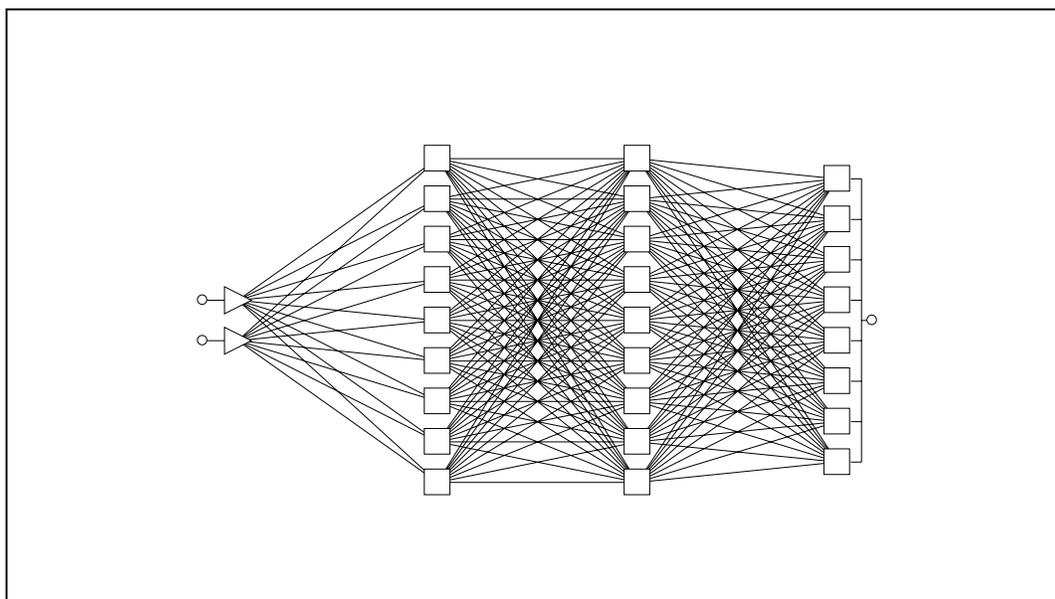


Figura 20. Esquema de la Red Neuronal Muestra 5. (2 Componentes Principales)

En la Tabla 41 se presenta la clasificación o matriz de confusión de las observaciones usadas en el entrenamiento. De las 115 observaciones usadas en el entrenamiento 90 fueron clasificadas correctamente, lo que representa un 78.26% de las observaciones. Se destaca como la variedad mejor clasificada en la tabla: Bountiful, para la cual todas sus observaciones se asignaron correctamente. Las variedades peores clasificadas en la tabla fueron: Desso y HR-1, de las cuales casi el 39% de sus observaciones se clasificaron de forma errónea. Con respecto a la variedad que recibió más asignaciones erradas resalta Esla con 7 observaciones, seguida por las variedades Frisson x Filby y HR-1 con 4 observaciones respectivamente. Comparado con el modelo discriminante ajustado para esta muestra se observa una diferencia de 31.30% en observaciones que se clasificaron de forma apropiada lo que sugiere que es bueno.

Tabla 41

Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Componentes Principales)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	14	0	0	0	0	0	0	0	14	0.000
Desso	1	8	2	0	0	1	1	0	13	0.385
Esla	0	1	11	0	0	0	1	0	13	0.154
First	0	0	0	12	1	0	1	1	15	0.200
Frisson	0	0	3	0	15	1	0	0	19	0.211
Gloton	0	0	1	0	2	10	1	0	14	0.286
HR-1	0	0	1	1	1	1	8	1	13	0.385
Solara	0	0	0	2	0	0	0	12	14	0.143

Error total: 0.2174

Tabla 42

Errores de Clasificación para los Modelos Neuronales Entrenados

Modelo	Error
Modelo 1	0.1565
Modelo 2	0.1565
Modelo 3	0.04348
Modelo 4	0.2087
Modelo 5	0.2174

En esta fase se pueden comparar los 5 modelos neuronales entrenados con los modelos discriminante ajustados, y se establece que existen grandes diferencias entre estos modelos ya que los errores para los 5 modelos neuronales ajustados son significativamente menores que los modelos discriminantes, por lo que se sugiere que son los modelos mejores entrenados. A continuación se estudiarán estos modelos en su fase de evaluación para establecer conclusiones definitivas respecto al potencial para la clasificación de nuevas observaciones.

3.6.2 Fase 6.2 Evaluación de los Modelos Neuronales

Igual que en los modelos discriminantes cada uno de los conjuntos de ajuste o entrenamiento usados en la construcción de los modelos neuronales, tiene su correspondiente conjunto de prueba, los cuales serán usados para evaluar los modelos neuronales obtenidos con el asistente para cada muestra, esto para determinar la capacidad clasificatoria de nuevas observaciones los cuales se presentan a continuación:

3.6.2.1 Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación - Muestra 1 (4 Variables Independientes)

En la matriz de confusión o tabla de clasificación correspondiente a la validación del modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 1 (Tabla 43), se observa que la asignación apropiada se considera deficiente. De las 29 observaciones 15 se asignaron correctamente, lo que representa un 51.724% de las observaciones. Las observaciones que corresponden a las variedades Desso y Gloton se asignaron correctamente en su totalidad, fueron las mejores clasificadas de la tabla. Las variedades que peor se clasificaron fueron Esla y HR-1 que no acertaron ninguna observación. La variedad que recibió más asignaciones erradas fue Gloton con 3 observaciones.

Tabla 43

Tabla de Clasificación Muestra 1. (4 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	3	0	0	0	0	0	1	0	4	0.250
Desso	0	3	0	0	0	0	0	0	3	0.000
Esla	0	0	0	0	1	1	0	1	3	1.000
First	0	0	0	3	0	1	0	0	4	0.250
Frisson	0	1	0	1	1	1	1	0	5	0.800
Gloton	0	0	0	0	0	3	0	0	3	0.000
HR-1	1	0	1	0	0	0	0	1	3	1.000
Solara	1	0	0	1	0	0	0	2	4	0.500

Error total: 0.4827

3.6.2.3 Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación - Muestra 2 (4 variables independientes)

En la matriz de confusión o tabla de clasificación correspondiente a la validación del modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 2 (Tabla 44), se observa que la asignación apropiada se considera muy deficiente. De las 29 observaciones 10 se asignaron correctamente, lo que representa un 34.48% de las observaciones. Ninguna variedad fue asignada correctamente en su totalidad. La variedad que peor se clasificó fue Esla, la cual no acertó ninguna observación. La variedad que recibió más asignaciones erradas fue Frisson x Filby con 7 observaciones.

Tabla 44

Tabla de Clasificación Muestra 2. (4 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	1	0	0	1	0	0	1	1	4	0.750
Desso	0	1	0	0	2	0	0	0	3	0.667
Esla	0	0	0	0	1	0	2	0	3	1.000
First	0	0	0	2	2	0	0	0	4	0.500
Frisson	0	2	0	0	2	0	1	0	5	0.600
Gloton	0	0	0	1	0	2	0	0	3	0.333
HR-1	0	0	0	0	2	0	1	0	3	0.667
Solara	2	1	0	0	0	0	0	1	4	0.750

Error total: 0.6552

3.6.2.5 Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación - Muestra 3 (11 variables independientes)

En la matriz de confusión o tabla de clasificación correspondiente a la validación del modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 3 (Tabla 45), se observa que la asignación apropiada se considera deficiente. De las 29 observaciones totales 14 se asignaron correctamente, lo que representa un 48.28% de las observaciones. Las variedades mejores clasificadas en la tabla fueron Bountiful y Gloton. Las que peor se clasificaron fueron: Esla y HR-1 que no acertaron ninguna observación. La variedad que recibió más asignaciones erradas fue Bountiful con 5 observaciones.

Tabla 45

Tabla de Clasificación Muestra 3. (11 Variables Independientes)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	4	0	0	0	0	0	0	0	4	0.000
Desso	0	2	1	0	0	0	0	0	3	0.333
Esla	0	1	0	0	0	1	1	0	3	1.000
First	0	0	0	2	2	0	0	0	4	0.500
Frisson	1	0	2	0	2	0	0	0	5	0.600
Gloton	0	0	0	0	0	3	0	0	3	0.000
HR-1	2	0	1	0	0	0	0	0	3	1.000
Solara	2	0	0	0	0	0	1	1	4	0.750

Error total: 0.5172

3.6.2.7 Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación - Muestra 4 (11 variables independientes)

En la matriz de confusión o tabla de clasificación correspondiente a la validación del modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 4 (Tabla 46), se observa que la asignación apropiada se considera muy deficiente. De las 29 observaciones totales 14 se asignaron correctamente, lo que representa un 48.28% de las observaciones. Ninguna de las variedades se clasificó en su totalidad correctamente. Las variedades peores clasificadas son: Bountiful y Esla que no obtuvieron ninguna observación acertada. La variedad que recibió más asignaciones erradas fue Solara con 5 observaciones.

Tabla 46

Tabla de Clasificación Muestra 4. (11 Variables Independientes)

	Bountiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	0	0	0	0	0	1	0	3	4	1.000
Desso	0	2	0	0	0	0	1	0	3	0.333
Esla	0	0	0	0	0	0	3	0	3	1.000
First	0	0	0	3	0	0	0	1	4	0.250
Frisson	0	1	2	0	2	0	0	0	5	0.600
Gloton	0	0	0	1	0	2	0	0	3	0.333
HR-1	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0.333
Solara	1	0	0	0	0	0	0	3	4	0.333

Error total:0.5172

3.6.2.9 Evaluación de la Red Neuronal Algoritmo de Retropropagación - Muestra 5 (2 Componentes Principales)

En la matriz de confusión o tabla de clasificación correspondiente a la validación del modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 5 (Tabla 47), se observa que la asignación apropiada se considera extremadamente deficiente. De las 29 observaciones solo 9 se asignaron correctamente, lo que representa un 31.03% de las observaciones. Ninguna variedad se clasificó correctamente en su totalidad. Las variedades peores clasificadas fueron Gloton y HR-1 que no obtuvieron ninguna observación bien clasificada.

Tabla 47

Tabla de Clasificación Muestra 5. (2 Componentes Principales)

	Bontiful	Desso	Esla	Fir&Be	FrixFil	Gloton	HR-1	Solara	Total	Error
Bountiful	2	0	0	1	0	0	0	1	4	0.500
Desso	0	1	1	0	1	0	0	0	3	0.667
Esla	0	1	1	0	0	0	1	0	3	0.667
First	0	0	0	2	0	0	1	1	4	0.500
Frisson	0	2	1	0	2	0	0	0	5	0.600
Gloton	0	0	1	1	0	0	1	0	3	1.000
HR-1	0	0	0	0	1	1	0	1	3	1.000
Solara	1	0	0	1	0	1	0	1	4	0.750

Error total: 0.6897

Tabla 48

Errores de Clasificación en la Evaluación de los Modelos Neuronales

Entrenados

Modelo	Error
Modelo 1	0.4827
Modelo 2	0.6552
Modelo 3	0.5172
Modelo 4	0.5172
Modelo 5	0.6897

En esta fase se puede concluir que la asignación apropiada de observaciones es bastante deficiente, por lo que ningún modelo neuronal cumple con las expectativas, considerando que el mejor modelo apenas y logró clasificar correctamente un poco más del 50% de las observaciones. Sin embargo, estos modelos tuvieron un considerable mejor desempeño que los modelos discriminantes donde el menor error en la etapa de evaluación fue de 0.86 para cuatro de las cinco muestras originales (Tabla 48).

3.6.3 Comentarios Finales

Al examinar la asignación de nuevas observaciones o generalización usando los 5 modelos neuronales ajustados en la fase 6.1, es importante señalar lo siguiente:

- El modelo neuronal correspondiente a la muestra 1 con 4 variables Independientes usando el algoritmo de retropropagación, asignó correctamente casi todas las observaciones del conjunto de ajuste, y en la clasificación de las observaciones correspondientes al conjunto de prueba

el modelo falló considerablemente, la proporción de observaciones asignadas correctamente a las 8 variedades de *Pisum sativum*, fue superior a las proporciones de los otros 4 modelos que en la etapa de entrenamiento hicieron una buena asignación de las observaciones del conjunto de ajuste.

3.7 Etapa 7 Resultados y Conclusiones

Se observó en la etapa 5 que el análisis discriminante resultó poco eficiente en la separación de las variedades de *Pisum sativum*, y luego en la fase de evaluación, la asignación de nuevas observaciones fue realmente deficiente. Se esperaba que el modelo en el que se incluyen como variables independientes o explicativas los 11 puntos de la curva de inducción de fluorescencia mejorara la clasificación respecto a los modelos que sólo tenían 4 variables independientes o explicativas. Igual se esperaba la superioridad de los modelos con los componentes principales, pero sin embargo la clasificación de nuevas observaciones fue pésima. Esto indica que la reducción del número de variables a un menor número en forma de componentes principales no es conveniente para el ajuste de modelos discriminantes en esta aplicación, ya que no presenta mejoras en la solución del problema. Esa clasificación tan deficiente se atribuye a la estructura compleja que presentan los datos, que hace imposible la representación de los mismos usando un polinomio de grado 2. Así pues, al emplear otra técnica de clasificación como las redes neuronales, los resultados en cuanto a clasificación y asignación de nuevas observaciones mejora sustancialmente. Las redes neuronales logran capturar la mayor parte de la complejidad de los datos, debido a que emplean funciones no lineales, sin embargo no generaron un modelo clasificador.

Se sugiere como el mejor modelo obtenido para la asignación de nuevas observaciones entre las ocho variedades de *Pisum sativum*, al modelo neuronal obtenido con la muestra estratificada 1 y que tiene 4 variables independientes, y algoritmo de entrenamiento retropropagación. Este modelo además de ser sencillo desde el punto de vista de topología, es el que mantiene una mejor

relación entre los resultados obtenidos en el entrenamiento y en su fase de evaluación. El esquema de este modelo es el siguiente:

- Red neuronal con 4 entradas que corresponden a los valores de H1, I1, Q1 y R1 que se obtienen de las señales de fluorescencia, y función de activación lineal.
- Dos capas intermedias con 8 neuronas respectivamente y función de activación sigmoide para cada una.
- 8 neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum*, y función de activación es sigmoide.

www.bdigital.ula.ve

Conclusiones y Recomendaciones

- La metodología planteada para un sistema general de reconocimiento de patrones, se aplicó en la clasificación de plantas de *Pisum sativum* de acuerdo a la variedad dentro de ocho clases (Bountiful, First and Best, Frisson x Filby, Esla, Desso, HR-1, Solara, Gloton).
- Al aplicar la metodología al problema de clasificación de *Pisum sativum*, se observó mediante el análisis exploratorio de datos, que de los 13 valores arrojados por la curva de fluorescencia, algunos de ellos producen la misma información, lo cual puede generar problemas de multicolinealidad. Así, de los 13 valores que tienen las variables iniciales, se eliminan 2 y se obtiene un conjunto final de 11 valores de la curva de fluorescencia medidos en milivatos/milisegundos.
- A pesar de que se eliminaron 2 valores de la curva de fluorescencia, se realizó un análisis de componentes principales para reducir aún más la dimensionalidad de las observaciones y seleccionar un conjunto más pequeño de valores que sean representativos de la curva de fluorescencia se utilizaron de forma gráfica y se construyeron modelos con los componentes extraídos. Así, de un conjunto de 11 valores de la curva, se pasó a un conjunto de 4 valores de la curva formado por los valores H1, I1, Q1 y R1. De un conjunto de 11 variables se pasó a un conjunto de 2 componentes principales.
- El objeto de seleccionar dos muestras con el mismo número de variables (muestras estratificadas con 4 y 11 variables Independientes), se realiza para garantizar la reproductibilidad de la información con lo que se esperaba obtener resultados similares y no azarosos, lo cual fue demostrado con los modelos discriminantes y neuronales en los cuales se observó que el error entre estas muestras difiere en muy pocas proporciones.
- Se ajustan 5 modelos cuadráticos discriminantes, ya que el modelo lineal no es adecuado por la violación del supuesto de igualdad de matrices de covarianzas entre las ocho variedades de *Pisum sativum*. Los resultados en cuanto a la clasificación de nuevas observaciones son bastante deficientes, se asignaron las nuevas observaciones en la fase de evaluación sólo a las variedades First and Best, Solara, Gloton y Desso. Se ajustaron dos modelos

discriminantes que incluyen los 11 valores de la curva de inducción de fluorescencia como variables independientes, y a pesar de tener más información que los dos modelos que incluyen sólo 4 variables independientes, no se logró separar adecuadamente las observaciones de las ocho variedades de *Pisum sativum*. Igualmente con la muestra que incluye los componentes principales no se logró el objetivo propuesto, sin embargo esta muestra fue la que presentó menor error en la fase de ajuste, pero el mayor error en la fase de evaluación. Por lo tanto se concluye que la estructura de los datos es bastante compleja y con un polinomio de grado 2 no se logra la representación adecuada de las observaciones.

- Se ajustaron modelos de redes neuronales artificiales usando el algoritmo de retropropagación y se tiene una mejor representación de las observaciones respecto a los modelos discriminantes. En la etapa de entrenamiento uno de los cinco modelos ajustados casi logra una clasificación perfecta, pero en la etapa de validación, cuando se deben asignar nuevas observaciones a las ocho variedades de *Pisum sativum*, este modelo de entrenamiento casi perfecto falló. Esto se puede atribuir al efecto de sobreentrenamiento, memorización o a la complejidad de los datos. El modelo que obtuvo muy buena asignación de las observaciones del conjunto de ajuste en las ocho variedades de *Pisum sativum*, y en la etapa de validación logró asignar con menor error las observaciones que conformaron el conjunto de prueba fue el propuesto como mejor modelo del trabajo. Sin embargo es bastante deficiente como para ser propuesto como modelo clasificador.
- El mejor modelo obtenido en el trabajo fue uno de redes neuronales artificiales utilizando el algoritmo de retropropagación, con una topología de red consistente de 4 entradas, que corresponden a los valores H1, I1, Q1 y R1 de la curva de fluorescencia seleccionados mediante el análisis exploratorio de datos, esta capa con función de activación lineal; dos capas intermedias con 8 neuronas para cada una y función de activación sigmoide respectivamente. ocho neuronas en la capa de salida que corresponden a las ocho variedades de *Pisum sativum*, y con función de activación sigmoide.
- En este trabajo se muestra el complemento entre las técnicas estadísticas y las técnicas inteligentes como las redes neuronales artificiales. Las técnicas

estadísticas usadas en el análisis exploratorio son una herramienta fundamental en la creación del conjunto de variables y observaciones de ajuste tanto en los modelos neuronales como en los modelos discriminantes, así como en la muestra 5 se realizó una fusión de técnicas estadísticas que permitieron a través de los componentes principales la creación de nuevas variables que fueron entradas para la creación de los modelos neuronales.

- Es importante resaltar que no se obtuvo un modelo determinante para la correcta asignación de 8 variedades de *Pisum sativum*, ya que ninguno de los modelos obtenidos es lo suficientemente óptimo para la clasificación de nuevas observaciones, esto se podría deber a la gran complejidad de los datos o se podría incurrir en que las variables que arroja el JIP-test no aportan la suficiente información como para resolver un problema de clasificación por variedad de esta especie, ó a lo mejor los métodos aplicados no generan la mejor solución al problema planteado por lo que se recomienda para posteriores trabajos la utilización de redes probabilísticas, redes de base radial, u otro tipo de redes neuronales que puedan ser usadas en problemas de clasificación para mejorar la asignación de nuevas observaciones. Así como el uso de lógica difusa como otra técnica inteligente.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Ana Gabriela Pérez, **Clasificación de Pisum sativum usando Análisis Discriminante y Redes Neuronales Artificiales**.2004.
2. Dallas E. Johnson. **Métodos Multivariados Aplicados al Análisis de Datos**. Internacional Thomson Editores.2000.
3. Colina Eliécer, Rivas Francklin. **Introducción a las Técnicas de Computación inteligente**. (1998)
4. Hilera José R., Martínez Víctor J. **Redes Neuronales Artificiales Fundamentos, Modelos y Aplicaciones**. ALFAOMEGA RA-MA, 2000.
5. Maldonado Delyana. **Identificación y Control de Sistemas Dinámicos Utilizando Redes Neuronales**.(1996)
6. Maldonado Rodriguez Ronald, Pavlov Stancho, Gonzalez Alberto Oukarroum Abdallah, strasser Reto J. **Can Machines Recognise Stress in Plants?** © Springer-Verlag 2006
7. Curso CITIUS. **Análisis de la información Económica con SPSS. Análisis Discriminante**. Guía de Exposición. Ramón Mahía. Mayo 2004. http://www.uam.es/personal_pdi/economicas/eva/pdf/discriminante.doc
8. **Salvador Figueras, M** (2000): "Análisis Discriminante", [en línea] *5campus.com, Estadística* <http://www.5campus.com/leccion/discr>
9. S-PLUS 6.0: <http://www.insightful.com/support/splus60win/default.asp>
10. Statistica Neural Networks. http://www.statsoft.com/products/stat_nn.html
11. <http://www.citologica.net/default.asp?Id=15&Fs=2>
12. Jesús Ariel Carrasco Ochoa. Instituto Nacional de Astrofísica Óptica y Electrónica. **"Reconocimiento de Patrones"**. Ver en: <http://ccc.inaoep.mx/~ariel/recpat.pdf>
13. <http://canales.elcorreodigital.com/ekoplaneta/datos/actualidad/octubre/actu281002.htm>
14. http://www-etsi2.ugr.es/depar/ccia/rf/www/tema1_00-01_www/node2.html
15. <http://www.hipernatural.com/es/pltquisante.htm>
16. <http://www.nueva-acropolis.es/Noticias/2002/00056.htm>
17. Alfredo Catalina Gallego. **"Introducción a las redes neuronales artificiales"**.ver en: <http://www.qui.uva.es/login/13/redesn.html>

18. Luis M. Molinero (Diciembre 2000): "**Métodos Estadísticos de Clasificación**" ver en: <http://www.seh-lilha.org/clasifica.htm>
19. <http://ohm.utp.edu.co/neuronales/Capitulo1/FundamentosRN.htm>
20. Juan Reyes. "**Elementos en Sistemas de Reconocimiento de Patrones**". http://ccrma.stanford.edu/~juanig/articles/charlAndes/Elementos_Sistemas_Reconoci.html
21. Freixa Monserrat, Salafranca Luis, Ferrer Ramón, guardia Joan y Turbany Jaime. **Análisis Exploratorio de Datos**. Promociones y Publicaciones Universitarias. Primera Edición. Barcelona España 1992.

www.bdigital.ula.ve

Anexo 1

Estadísticas Descriptivas para las Ocho Variedades de *Pisum sativum*

Estadísticas Descriptivas-Frisson x Filby (2B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	573,91792	32,54975	584,11963	31,80	905,92433
Mediana	562,76750	33,38100	573,00200	32,65	902,42350
Moda	508,669	30,141	518,435	29	821,931
Desv. Típica	573,91792	3,73904	105,50809	3,64	143,45533
Asimetría	0,285	-0,818	0,276	-0,816	-0,082
Curtosis	-0,288	0,329	-0,306	0,314	-0,462
Mínimo	382,084	23,516	389,612	23	635,977
Máximo	764,136	38,664	777,112	38	1157,759

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	15,06946	358,192	54,34283	476,93800	679,8300
Mediana	15,17150	358,881	54,99850	467,83900	671,2405
Moda	13,617	303,3	50,850	415,671	609,71
Desv. Típica	1,79452	60,051	7,79208	86,12198	119,4979
Asimetría	-0,377	0,201	-0,394	0,337	0,181
Curtosis	-0,646	0,223	-0,322	-0,069	-0,426
Mínimo	11,376	233,8	37,631	312,451	461,91
Máximo	17,961	475,5	66,047	639,421	895,63

	N1	Q1	R1
Media	25,59146	1321,4185	4,80171
Mediana	26,44150	1355,2755	4,77350
Moda	23,502	1182,95	4,216
Desv. Típica	2,88185	174,2456	0,60709
Asimetría	-0,734	-0,504	-0,359
Curtosis	0,043	-0,208	-0,219
Mínimo	18,813	970,80	3,462
Máximo	30,087	1607,46	5,904

Estadísticas Descriptivas-Desso (6B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	580,45150	28,51469	589,21581	27,87338	866,57100
Mediana	604,20150	28,83250	612,50200	28,12450	885,16550
Moda	350,808	18,885	356,269	18,486	536,146
Desv. Típica	144,67214	5,21104	146,60821	5,07739	196,05572
Asimetría	0,492	-0,334	0,499	-0,358	0,495
Curtosis	1,329	0,266	1,365	0,204	1,998
Mínimo	350,808	18,885	356,269	18,486	536,146
Máximo	933,802	38,468	948,177	37,416	1359,029

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	13,46069	388,90969	47,97675	496,66663	671,36894
Mediana	13,55200	408,93650	46,93350	522,85250	688,34100
Moda	9,169	235,942	30,515	299,513	408,340
Desv. Típica	2,38295	93,80434	10,09526	124,27830	163,43661
Asimetría	-0,594	0,150	0,490	0,387	0,541
Curtosis	-0,723	0,243	2,214	0,901	1,664
Mínimo	9,169	235,942	30,515	299,513	408,340
Máximo	16,502	591,368	73,474	789,531	1078,782

	N1	Q1	R1
Media	22,54125	1260,75356	4,12906
Mediana	22,46200	1267,76850	4,06100
Moda	15,107	810,513	2,790
Desv. Típica	4,01753	250,46692	0,84364
Asimetría	-0,530	0,299	-0,094
Curtosis	-,242	2,136	-1,010
Mínimo	15,107	810,513	2,790
Máximo	28,929	1878,444	5,370

Estadísticas Descriptivas-Solara (14B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	761,31333	28,98883	771,3901	28,25156	1058,35661
Mediana	731,87800	29,81000	742,4215	28,95300	1060,54200
Moda	919,810	29,810	931,52	28,953	1244,803
Desv. Típica	118,71880	3,37334	119,6701	3,30688	138,70116
Asimetría	0,136	-0,726	0,124	-0,700	-0,339
Curtosis	-1,194	0,020	-1,190	-0,039	-0,807
Mínimo	591,109	21,421	598,11	20,909	801,897
Máximo	937,345	33,306	947,83	32,531	1244,803

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	13,20189	515,85028	54,18617	660,03539	861,76583
Mediana	13,30150	487,51300	54,42500	626,58500	838,29550
Moda	12,418	620,289	60,696	799,536	1034,061
Desv. Típica	1,88436	88,48833	5,99140	107,94394	127,15891
Asimetría	-0,314	0,274	-1,073	0,228	0,006
Curtosis	-0,924	-1,135	0,900	-1,200	-1,132
Mínimo	10,014	393,895	39,521	515,363	661,489
Máximo	15,834	665,611	60,696	827,556	1038,451

	N1	Q1	R1
Media	22,37878	1360,98356	5,23056
Mediana	22,44800	1408,55950	5,25400
Moda	22,285	1542,979	4,548
Desv. Típica	2,78356	162,54223	1,15628
Asimetría	-0,502	-0,756	0,002
Curtosis	-0,472	-0,639	-0,236
Mínimo	16,791	1042,933	3,112
Máximo	26,234	1542,979	7,593

Estadísticas Descriptivas-First and Best (24B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	741,65384	38,12747	755,13884	37,14074	1153,22711
Mediana	718,20100	36,78400	730,90800	35,88400	1090,47100
Moda	579,694	34,302	591,915	33,339	970,559
Desv. Típica	177,28775	4,14333	179,69605	3,98176	229,64547
Asimetría	0,697	0,948	0,700	0,943	0,810
Curtosis	-0,890	0,165	-0,885	0,201	-0,761
Mínimo	538,588	32,528	548,608	31,765	885,392
Máximo	1062,084	47,338	1079,996	46,048	1573,919

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	16,29558	440,53016	68,71258	610,28295	878,82116
Mediana	16,30500	433,77400	66,02200	594,07600	831,68000
Moda	13,891	324,816	62,241	463,133	706,916
Desv. Típica	1,56821	107,14983	11,30944	150,73667	199,30749
Asimetría	0,204	0,610	0,858	0,660	0,734
Curtosis	-0,219	-1,052	-0,598	-0,943	-0,846
Mínimo	13,891	324,816	55,593	446,191	644,722
Máximo	19,650	628,242	89,701	881,097	1240,293

	N1	Q1	R1
Media	29,10784	1626,75495	4,67221
Mediana	28,48100	1521,48300	4,59000
Moda	25,644	1451,402	4,072
Desv. Típica	2,83901	248,34454	,69818
Asimetría	0,831	0,946	0,428
Curtosis	0,378	-0,637	-0,026
Mínimo	25,470	1354,190	3,414
Máximo	35,702	2093,333	6,139

Estadísticas Descriptivas-Bountiful (35B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	804,70617	30,24606	815,36150	29,46644	1117,63972
Mediana	733,77700	29,65650	743,12650	28,91100	1021,21450
Moda	612,916	26,703	621,185	26,114	873,517
Desv. Típica	179,46908	3,42595	181,60079	3,28515	226,63425
Asimetría	1,211	1,822	1,205	1,853	1,076
Curtosis	0,461	3,091	0,434	3,221	-0,155
Mínimo	612,916	26,703	621,185	26,114	873,517
Máximo	1192,240	39,085	1206,631	37,990	1569,312

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	13,60056	546,22039	56,75889	697,57556	910,99267
Mediana	13,51200	503,95750	53,40400	640,99300	827,81500
Moda	11,478	427,874	45,981	533,568	697,730
Desv. Típica	1,25136	117,59273	9,48610	155,90924	199,21255
Asimetría	0,197	1,388	1,089	1,283	1,154
Curtosis	-0,327	1,167	-0,054	0,754	0,210
Mínimo	11,478	427,874	45,981	533,568	697,730
Máximo	15,975	816,142	75,914	1040,520	1331,197

	N1	Q1	R1
Media	23,25156	1427,69356	5,39628
Mediana	22,94100	1327,13300	5,60700
Moda	21,038	1127,099	3,329
Desv. Típica	2,28198	271,40317	1,02815
Asimetría	1,936	1,002	-0,634
Curtosis	3,508	-0,457	-0,753
Mínimo	21,038	1127,099	3,329
Máximo	29,248	1904,128	6,681

Estadísticas Descriptivas-Esla (41B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	624,67894	30,94725	634,4324	30,23369	933,73306
Mediana	614,28850	30,65600	624,1350	29,91900	920,81450
Moda	659,358	30,656	669,44	29,919	968,050
Desv. Típica	67,83398	2,79817	68,3715	2,75067	84,82045
Asimetría	0,697	-0,176	0,691	-0,176	0,779
Curtosis	1,345	-0,323	1,366	-0,303	1,539
Mínimo	494,899	25,709	503,10	25,065	776,799
Máximo	774,409	35,879	785,34	35,089	1118,359

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	14,64144	408,21225	52,95119	530,41619	724,62600
Mediana	14,85950	391,04450	53,70150	518,42650	718,94500
Moda	14,317	430,621	53,979	561,444	761,156
Desv. Típica	1,49535	53,01595	4,10188	62,20964	73,29427
Asimetría	-0,359	1,045	-0,141	0,791	0,681
Curtosis	0,084	1,078	-0,614	1,128	1,543
Mínimo	11,553	327,189	46,404	418,524	581,312
Máximo	17,321	527,274	60,189	667,966	886,566

	N1	Q1	R1
Media	24,37781	1286,45025	5,53050
Mediana	24,02100	1285,68800	5,55950
Moda	23,962	1291,782	5,749
Desv. Típica	2,32811	120,40279	0,62118
Asimetría	-0,218	0,935	0,190
Curtosis	-0,147	0,946	2,021
Mínimo	19,850	1106,915	4,250
Máximo	28,518	1572,814	6,997

Estadísticas Descriptivas-Gloton (42B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	657,19518	34,79259	668,46971	33,9676	1008,20600
Mediana	666,83100	34,76500	677,92300	33,9590	1010,17300
Moda	604,390	32,063	615,085	31,28	934,854
Desv. Típica	81,14216	1,74052	82,05560	1,6924	98,50754
Asimetría	-0,022	0,413	-0,032	0,427	-0,078
Curtosis	0,226	0,966	0,220	1,063	-0,001
Mínimo	485,549	32,063	494,515	31,28	798,759
Máximo	810,378	39,010	822,331	38,10	1172,950

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	16,2339	405,60529	60,34182	547,3283	772,18394
Mediana	16,2270	400,05800	59,99200	546,3700	779,18400
Moda	14,57	364,763	56,394	499,80	713,450
Desv. Típica	0,9705	52,41736	4,63576	70,4482	89,14284
Asimetría	0,028	0,546	-0,246	0,127	-0,088
Curtosis	0,201	0,744	0,091	0,314	0,167
Mínimo	14,57	311,232	50,054	403,61	580,929
Máximo	18,27	529,884	68,350	691,53	930,974

	N1	Q1	R1
Media	27,23235	1391,48529	6,23500
Mediana	27,33600	1400,73500	6,14800
Moda	24,891	1229,241	6,147
Desv. Típica	1,37672	116,35104	0,40983
Asimetría	0,406	0,226	0,112
Curtosis	1,441	-0,361	0,434
Mínimo	24,891	1207,524	5,376
Máximo	30,621	1599,425	7,080

Estadísticas Descriptivas-HR-1 (49B)

	A1	B1	C1	D1	G1
Media	676,96513	29,7769	686,90475	29,04969	979,10488
Mediana	605,62300	29,6935	614,55350	28,95750	896,29500
Moda	599,395	26,69	608,104	26,057	867,697
Desv. Típica	132,13224	3,5669	133,70611	3,46392	167,44028
Asimetría	0,876	-0,152	0,874	-0,171	0,809
Curtosis	-0,503	-0,857	-0,507	-0,845	-0,601
Mínimo	526,583	23,52	535,269	22,931	768,441
Máximo	923,497	34,72	936,104	33,844	1287,058

	H1	I1	J1	K1	M1
Media	13,76988	443,36125	53,66294	578,47106	777,20994
Mediana	13,88200	403,70250	51,09450	517,40700	698,11650
Moda	12,495	395,921	47,493	513,400	687,822
Desv. Típica	1,64094	85,65444	7,97983	114,67440	146,40460
Asimetría	-0,200	0,937	0,493	0,899	0,856
Curtosis	10,729	-0,323	-0,876	-0,443	-0,545
Mínimo	16,749	343,600	42,126	444,674	606,774
Máximo	13,76988	610,668	67,308	795,899	1047,784

	N1	Q1	R1
Media	23,1831	1305,90700	5,27488
Mediana	23,0615	1224,03800	5,26750
Moda	20,88	1158,245	4,920
Desv. Típica	2,7067	190,70321	,68644
Asimetría	-0,274	0,818	-0,686
Curtosis	-0,749	-0,596	1,222
Mínimo	18,21	1069,178	3,757
Máximo	27,39	1678,123	6,496

Anexo 2

Test de Kolgomorov Smirnov para Normalidad, Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 1

Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

	Estadístico	Probabilidad
H1	0.0478993	0.9545278
I1	0.0573531	0.8437588
Q1	0.0460407	0.9678135
R1	0.0566297	0.8544905

Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Desso.H1	0.505	0.787	-1.62	2.63
Bountifl.I1-Desso.I1	138.000	36.900	38.40	238.00 ****
Bountifl.Q1-Desso.Q1	152.000	96.400	-108.00	412.00
Bountifl.R1-Desso.R1	1.360	0.364	0.38	2.35 ****
Punto Crítico	2.7016			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Esla.H1	-1.160	0.537	-2.62	0.308
Bountifl.I1-Esla.I1	133.000	30.900	49.10	218.000 ****
Bountifl.Q1-Esla.Q1	150.000	77.500	-61.60	361.000
Bountifl.R1-Esla.R1	-0.168	0.316	-1.03	0.695
Punto Crítico	2.7266			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-First.H1	-2.430	0.539	-3.8800	-0.972 ****
Bountifl.I1-First.I1	104.000	41.300	-7.3100	216.000
Bountifl.Q1-First.Q1	-238.000	94.600	-493.0000	17.600
Bountifl.R1-First.R1	0.794	0.312	-0.0497	1.640
Punto Crítico	2.7011			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Frisson.H1	-1.680	0.559	-3.190	-0.172 ****
Bountifl.I1-Frisson.I1	194.000	30.800	111.000	277.000 ****
Bountifl.Q1-Frisson.Q1	118.000	77.700	-92.200	328.000
Bountifl.R1-Frisson.R1	0.662	0.300	-0.149	1.470
Punto Crítico	2.7011			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Gloton.H1	-2.62	0.456	-3.88	-1.3600 ****
Bountifl.I1-Gloton.I1	131.00	31.900	42.40	219.0000 ****
Bountifl.Q1-Gloton.Q1	50.90	74.600	-156.00	258.0000
Bountifl.R1-Gloton.R1	-0.74	0.284	-1.53	0.0479
Punto Crítico	2.7723			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Esla.H1	-1.66	0.789	-3.80	0.483
Desso.I1-Esla.I1	-4.67	27.100	-78.10	68.800
Desso.Q1-Esla.Q1	-2.21	76.700	-210.00	206.000
Desso.R1-Esla.R1	-1.53	0.304	-2.36	-0.706****
Punto Crítico	2.714			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-First.H1	-2.930	0.791	-5.08	-0.783****
Desso.I1-First.I1	-34.000	38.500	-138.00	70.500
Desso.Q1-First.Q1	-390.000	93.900	-645.00	-135.000****
Desso.R1-First.R1	-0.569	0.300	-1.38	0.246
Punto Crítico	2.7172			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Frisson.H1	-2.190	0.805	-4.41	0.0323
Desso.I1-Frisson.I1	55.500	26.900	-18.60	130.0000
Desso.Q1-Frisson.Q1	-34.300	76.900	-246.00	178.0000
Desso.R1-Frisson.R1	-0.701	0.287	-1.49	0.0907
Punto Crítico	2.7568			

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Gloton.H1	-3.12	0.737	-5.25	-1.00****
Desso.I1-Gloton.I1	-7.22	28.200	-88.40	73.90
Desso.Q1-Gloton.Q1	-101.00	73.700	-313.00	111.00
Desso.R1-Gloton.R1	-2.10	0.270	-2.88	-1.33****
Punto Crítico 2.8779				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-HR-1.H1	-0.461	0.850	-2.77	1.84
Desso.I1-HR-1.I1	-7.22	28.200	-88.40	73.90
Desso.Q1-HR-1.Q1	-19.500	87.900	-258.00	219.00
Desso.R1-HR-1.R1	-1.140	0.326	-2.03	-0.26****
Punto Crítico 2.7116				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Solara.H1	0.136	0.832	-2.11	2.390
Desso.I1-Solara.I1	-102.000	31.100	-187.00	-18.300****
Desso.Q1-Solara.Q1	-41.800	81.900	-263.00	180.000
Desso.R1-Solara.R1	-0.923	0.380	-1.95	0.104
Punto Crítico 2.7029				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-First.H1	-1.270	0.543	-2.780	0.234
Esla.I1-First.I1	-29.300	32.700	-120.000	61.500
Esla.Q1-First.Q1	-388.000	74.400	-594.000	-181.000****
Esla.R1-First.R1	0.962	0.240	0.297	1.630****
Punto Crítico 2.7738				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Frisson.H1	-0.527	0.563	-2.030	0.974
Esla.I1-Frisson.I1	60.200	17.800	12.800	108.000****
Esla.Q1-Frisson.Q1	-32.100	51.400	-169.000	105.000
Esla.R1-Frisson.R1	0.830	0.224	0.234	1.430****
Punto Crítico 2.6656				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Gloton.H1	-1.460	0.461	-2.73	-0.2010****
Esla.I1-Gloton.I1	-2.550	19.700	-56.50	51.5000
Esla.Q1-Gloton.Q1	-99.000	46.400	-226.00	28.4000
Esla.R1-Gloton.R1	-0.572	0.201	-1.12	-0.0202****
Punto Crítico 2.7427				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Solara.H1	1.800	0.601	0.152	3.44****
Esla.I1-Solara.I1	-97.700	23.700	-162.000	-33.00****
Esla.Q1-Solara.Q1	-39.600	58.700	-200.000	121.00
Esla.R1-Solara.R1	0.608	0.335	-0.308	1.52
Punto Crítico 2.7352				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Frisson.H1	0.745	0.565	-0.779	2.270
First.I1-Frisson.I1	89.500	32.600	1.620	177.000 ****
First.Q1-Frisson.Q1	356.000	74.600	154.000	557.000 ****
First.R1-Frisson.R1	-0.132	0.218	-0.720	0.456
Punto Crítico 2.6963				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Gloton.H1	-0.193	0.463	-1.44	1.05
First.I1-Gloton.I1	26.800	33.700	-63.60	117.00
First.Q1-Gloton.Q1	289.000	71.300	97.40	480.00****
First.R1-Gloton.R1	-1.530	0.195	-2.06	-1.01****
Punto Crítico 2.6823				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-HR-1.H1	2.470	0.627	0.783	4.160****
First.I1-HR-1.I1	-5.420	37.400	-106.000	95.100
First.Q1-HR-1.Q1	370.000	86.000	139.000	602.000****
First.R1-HR-1.R1	-0.576	0.267	-1.300	0.143
Punto Crítico 2.6906				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Solara.H1	3.070	0.603	1.45	4.690****
First.I1-Solara.I1	-68.400	36.100	-165.00	28.600
First.Q1-Solara.Q1	348.000	79.800	134.00	562.000****
First.R1-Solara.R1	-0.354	0.331	-1.24	0.534
Punto Crítico 2.6833				

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-Gloton.H1	-0.938	0.487	-2.23	0.354
Frisson.I1-Gloton.I1	-62.800	19.500	-114.00	-11.100 ****
Frisson.Q1-Gloton.Q1	-66.900	46.800	-191.00	57.200
Frisson.R1-Gloton.R1	-1.400	0.175	-1.87	-0.937 ****
Punto Crítico 2.6534				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-HR-1.H1	1.730	0.645	0.0112	3.440 ****
Frisson.I1-HR-1.I1	-94.900	25.300	-162.0000	-27.600 ****
Frisson.Q1-HR-1.Q1	14.800	67.000	-163.0000	193.000
Frisson.R1-HR-1.R1	-0.444	0.253	-1.1200	0.229
Punto Crítico 2.6588				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-Solara.H1	2.320	0.621	0.674	3.970 ****
Frisson.I1-Solara.I1	-158.000	23.500	-220.000	-95.700 ****
Frisson.Q1-Solara.Q1	-7.470	58.900	-164.000	149.000
Frisson.R1-Solara.R1	-0.222	0.319	-1.070	0.626
Punto Crítico 2.653				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Gloton.H1-HR-1.H1	2.660	0.558	1.140	4.19 ****
Gloton.I1-HR-1.I1	-32.200	26.700	-105.000	41.00
Gloton.Q1-HR-1.Q1	81.700	63.300	-91.700	255.00
Gloton.R1-HR-1.R1	0.958	0.234	0.318	1.60 ****
Punto Crítico 2.7396				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Gloton.H1-Solara.H1	3.26	0.530	1.830	4.7 ****
Gloton.I1-Solara.I1	-95.20	25.000	-163.000	-27.7 ****
Gloton.Q1-Solara.Q1	59.40	54.700	-88.400	207.0
Gloton.R1-Solara.R1	1.18	0.304	0.357	2.0 ****
Punto Crítico 2.7042				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
HR.H1-Solara.H1	0.597	0.679	-1.240	2.43
HR.I1-Solara.I1	-63.000	29.800	-143.000	17.40
HR.Q1-Solara.Q1	-22.300	72.700	-219.000	174.00
HR.R1-Solara.R1	0.222	0.355	-0.738	1.18
Punto Crítico 2.7028				

Anexo 3

Test de Kolgomorov Smirnov para Normalidad, Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 2

Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

	Estadístico	Probabilidad
H1	0.0609199	0.7868943
I1	0.0574238	0.8426940
Q1	0.0440374	0.9789874
R1	0.0491391	0.9440470

Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Desso.H1	0.396	0.778	-1.70	2.50
Bountifl.I1-Desso.I1	145.000	37.800	42.50	247.00 ****
Bountifl.Q1-Desso.Q1	152.000	105.000	-131.00	436.00
Bountifl.R1-Desso.R1	1.540	0.366	0.55	2.53 ****
Punto Crítico	2.6997			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Esla.H1	-1.4000	0.545	-2.88	0.0912
Bountifl.I1-Esla.I1	132.0000	31.600	45.30	218.0000 ****
Bountifl.Q1-Esla.Q1	124.0000	80.300	-95.30	343.0000
Bountifl.R1-Esla.R1	0.0436	0.338	-0.88	0.9670
Punto Crítico	2.7314			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-First.H1	-2.770	0.559	-4.270	-1.28 ****
Bountifl.I1-First.I1	84.700	39.700	-21.700	191.00
Bountifl.Q1-First.Q1	-224.000	101.000	-493.000	45.70
Bountifl.R1-First.R1	0.813	0.343	-0.106	1.73
Punto Crítico	2.681			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Frisson.H1	-1.780	0.545	-3.270	-0.291 ****
Bountifl.I1-Frisson.I1	190.000	31.400	104.000	275.000 ****
Bountifl.Q1-Frisson.Q1	81.100	82.400	-144.000	307.000
Bountifl.R1-Frisson.R1	0.672	0.313	-0.185	1.530
Punto Crítico	2.7354			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Bountifl.H1-Gloton.H1	-2.890	0.435	-4.09	-1.690 ****
Bountifl.I1-Gloton.I1	141.000	31.900	53.30	229.000 ****
Bountifl.Q1-Gloton.Q1	40.300	77.800	-174.00	255.000
Bountifl.R1-Gloton.R1	-0.641	0.301	-1.47	0.187
Punto Crítico	2.7565			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Esla.H1	-1.79	0.799	-3.97	0.381
Desso.I1-Esla.I1	-12.90	29.400	-92.80	67.100
Desso.Q1-Esla.Q1	-28.30	84.000	-257.00	200.000
Desso.R1-Esla.R1	-1.49	0.304	-2.32	-0.669 ****
Punto Crítico	2.7196			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-First.H1	-3.170	0.809	-5.35	-0.994 ****
Desso.I1-First.I1	-59.900	38.000	-162.00	42.300
Desso.Q1-First.Q1	-376.000	104.000	-655.00	-97.500 ****
Desso.R1-First.R1	-0.725	0.308	-1.56	0.104
Punto Crítico	2.6906			
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Frisson.H1	-2.180	0.799	-4.32	-0.0382 ****
Desso.I1-Frisson.I1	45.100	29.100	-32.90	123.0000
Desso.Q1-Frisson.Q1	-71.200	76.900	-301.00	159.0000
Desso.R1-Frisson.R1	-0.867	0.275	-1.60	-0.1300 ****
Punto Crítico	2.6761			

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Gloton.H1	-3.29	0.729	-5.32	-1.26 ****
Desso.I1-Gloton.I1	-3.36	29.700	-86.10	79.40
Desso.Q1-Gloton.Q1	-112.00	81.600	-340.00	116.00
Desso.R1-Gloton.R1	-2.18	0.261	-2.91	-1.45 ****
Punto Crítico 2.7873				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-HR-1.H1	-0.699	0.847	-3.0	1.600
Desso.I1-HR-1.I1	-59.200	34.800	-154.0	35.200
Desso.Q1-HR-1.Q1	-54.000	94.100	-309.0	201.000
Desso.R1-HR-1.R1	-1.240	0.316	-2.1	-0.385 ****
Punto Crítico 2.7125				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Desso.H1-Solara.H1	0.0804	0.831	-2.16	2.3200
Desso.I1-Solara.I1	-112.0000	34.400	-204.00	-18.8000 ****
Desso.Q1-Solara.Q1	-107.0000	89.000	-347.00	133.0000
Desso.R1-Solara.R1	-1.1400	0.400	-2.22	-0.0588 ****
Punto Crítico 2.6993				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-First.H1	-1.380	0.588	-2.9700	0.211
Esla.I1-First.I1	-47.000	31.800	-133.0000	38.900
Esla.Q1-First.Q1	-348.000	78.300	-559.0000	-136.000 ****
Esla.R1-First.R1	0.769	0.275	0.0271	1.510 ****
Punto Crítico 2.6995				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Frisson.H1	-0.384	0.575	-1.93000	1.16
Esla.I1-Frisson.I1	58.000	20.500	2.84000	113.00 ****
Esla.Q1-Frisson.Q1	-42.900	53.100	-185.00000	99.70
Esla.R1-Frisson.R1	0.628	0.237	-0.00882	1.27
Punto Crítico 2.6855				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Gloton.H1	-1.500	0.473	-2.79	-0.2020 ****
Esla.I1-Gloton.I1	9.500	21.300	-48.80	67.8000
Esla.Q1-Gloton.Q1	-83.700	45.600	-209.00	41.1000
Esla.R1-Gloton.R1	-0.685	0.220	-1.29	-0.0815 ****
Punto Crítico 2.739				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Esla.H1-Solara.H1	1.870	0.618	0.193	3.55 ****
Esla.I1-Solara.I1	-98.700	27.500	-173.000	-24.10 ****
Esla.Q1-Solara.Q1	-78.700	57.800	-236.000	78.30
Esla.R1-Solara.R1	0.355	0.375	-0.664	1.37
Punto Crítico 2.7175				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Frisson.H1	0.993	0.588	-0.626	2.610
First.I1-Frisson.I1	105.000	31.600	18.100	192.000 ****
First.Q1-Frisson.Q1	305.000	80.500	83.400	526.000 ****
First.R1-Frisson.R1	-0.141	0.243	-0.811	0.528
Punto Crítico 2.7508				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Gloton.H1	-0.119	0.489	-1.46	1.22
First.I1-Gloton.I1	56.500	32.100	-31.70	145.00
First.Q1-Gloton.Q1	264.000	75.700	55.80	472.00 ****
First.R1-Gloton.R1	-1.450	0.227	-2.08	-0.83 ****
Punto Crítico 2.7491				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-HR-1.H1	2.470	0.652	0.718	4.23 ****
First.I1-HR-1.I1	0.677	36.900	-98.500	99.80
First.Q1-HR-1.Q1	322.000	89.100	82.300	562.00 ****
First.R1-HR-1.R1	-0.517	0.289	-1.300	0.26
Punto Crítico 2.6904				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
First.H1-Solara.H1	3.250	0.631	1.56	4.940 ****
First.I1-Solara.I1	-51.700	36.500	-150.00	46.100
First.Q1-Solara.Q1	269.000	83.700	44.70	493.000 ****
First.R1-Solara.R1	-0.414	0.379	-1.43	0.602
Punto Crítico 2.6811				

	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-Gloton.H1	-1.11	0.472	-2.37	0.145
Frisson.I1-Gloton.I1	-48.50	20.900	-104.00	7.230
Frisson.Q1-Gloton.Q1	-40.80	49.300	-172.00	90.200
Frisson.R1-Gloton.R1	-1.31	0.179	-1.79	-0.836 ****
Punto Crítico 2.6592				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-HR-1.H1	1.480	0.640	-0.296	3.250
Frisson.I1-HR-1.I1	-104.000	27.700	-181.000	-27.500 ****
Frisson.Q1-HR-1.Q1	17.200	68.000	-171.000	206.000
Frisson.R1-HR-1.R1	-0.376	0.253	-1.080	0.326
Punto Crítico 2.7729				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Frisson.H1-Solara.H1	2.260	0.618	0.578	3.940 ****
Frisson.I1-Solara.I1	-157.000	27.200	-231.000	-82.800 ****
Frisson.Q1-Solara.Q1	-35.800	60.700	-201.000	129.000
Frisson.R1-Solara.R1	-0.273	0.353	-1.230	0.686
Punto Crítico 2.7177				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Gloton.H1-HR-1.H1	2.590	0.549	1.030	4.15 ****
Gloton.I1-HR-1.I1	-55.800	28.300	-136.000	24.40
Gloton.Q1-HR-1.Q1	58.000	62.300	-119.000	235.00
Gloton.R1-HR-1.R1	0.937	0.238	0.262	1.61****
Punto Crítico 2.8388				
	Diferencia	Error Estándar	Lím Inferior	Lím superior
Gloton.H1-Solara.H1	3.37	0.524	1.9000	4.84 ****
Gloton.I1-Solara.I1	-108.00	27.800	-163.000	-30.30 ****
Gloton.Q1-Solara.Q1	5.00	54.300	-147.0000	157.00
Gloton.R1-Solara.R1	1.04	0.342	0.0826	2.00 ****
Punto Crítico 2.8043				

www.bdigital.ula.ve

Anexo 4

Vectores de Medias Muestrales, Test de Kolgomorov Smirnov para Normalidad, Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 3

Vectores de Medias Muestrales

	A1	B1	G1	H1	I1	J1	K1
Bountiful	795.8491	30.28264	1130.0686	13.69236	537.3154	56.35386	707.3096
Desso	571.7903	27.26062	838.8896	13.18746	399.2026	46.52408	495.5009
Esla	616.2312	31.24515	934.0052	14.84746	403.8713	53.43946	543.1814
First	763.3013	37.73087	1166.2803	16.11973	433.1757	68.63093	638.7205
Frisson	573.6478	33.31142	890.2599	15.37432	343.6690	56.53032	473.9203
Gloton	660.0766	34.74729	1006.5682	16.31236	406.4196	60.44486	551.4869
HR	664.9747	29.17362	1000.1485	13.64823	438.5968	54.79462	554.2493
Solara	767.3346	28.52157	1030.0915	13.05107	501.6187	53.41614	656.1634

	M1	N1	Q1	R1	N	Prob.	Prio
Bontiful	878.9747	23.48936	1443.930	5.450286	14	0.1217391	
Desso	697.6698	22.99769	1291.849	4.087000	13	0.1130435	
Esla	726.6791	24.25569	1294.055	5.617846	13	0.1130435	
First	901.9152	29.04107	1681.696	4.656000	15	0.1304348	
Frisson	677.2864	25.69253	1326.174	4.788158	19	0.1652174	
Gloton	764.8630	27.01657	1393.044	6.189857	14	0.1217391	
HR	769.9039	22.99908	1311.335	5.231923	13	0.1130435	
Solara	869.9535	22.59636	1333.643	5.010286	14	0.1217391	

Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

	Estadístico	Probabilidad
A1	0.0461175	0.9673214
B1	0.0724589	0.5819165
G1	0.0611969	0.7822477
H1	0.0506606	0.9294107
I1	0.0722566	0.5855224
J1	0.0474651	0.9578906
K1	0.0604778	0.7942515
M1	0.0610783	0.7842418
N1	0.0792639	0.4653040
Q1	0.0570414	0.8484205
R1	0.1108212	0.1186277

Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-Desso.A1	224.000	67.000	4.670	443.00 ****
Bountifl.B1-Desso.B1	3.020	1.650	-2.380	8.43
Bountifl.G1-Desso.G1	291.000	84.400	15.100	567.00 ****
Bountifl.H1-Desso.H1	0.505	0.787	-2.070	3.08
Bountifl.I1-Desso.I1	138.000	36.900	17.300	259.00 ****
Bountifl.J1-Desso.J1	9.830	3.420	-2.610	21.00
Bountifl.K1-Desso.K1	212.000	52.200	40.900	383.00 ****
Bountifl.M1-Desso.M1	181.000	64.500	-29.800	392.00
Bountifl.N1-Desso.N1	0.492	1.230	-3.540	4.52
Bountifl.Q1-Desso.Q1	152.000	96.400	-163.000	467.00
Bountifl.R1-Desso.R1	1.360	0.364	0.172	2.55 ****
Punto Crítico	3.2728			

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-Esla.A1	180.000	54.800	-2.03	361.000
Bountifl.B1-Esla.B1	-0.963	1.320	-5.35	3.420
Bountifl.G1-Esla.G1	196.000	64.200	-16.80	409.000
Bountifl.H1-Esla.H1	-1.160	0.537	-2.94	0.625
Bountifl.I1-Esla.I1	133.000	30.900	30.90	236.000 ****
Bountifl.J1-Esla.J1	2.910	2.760	-6.23	12.100
Bountifl.K1-Esla.K1	164.000	48.500	3.28	325.000 ****
Bountifl.M1-Esla.M1	152.000	52.100	-20.40	325.000
Bountifl.N1-Esla.N1	-0.766	0.889	-3.72	2.180
Bountifl.Q1-Esla.Q1	150.000	77.500	-107.00	407.000
Bountifl.R1-Esla.R1	-0.168	0.316	-1.22	0.882

Punto Crítico 3.3177

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-First.A1	32.500	71.400	-198.000	263.000
Bountifl.B1-First.B1	-7.450	1.490	-12.300	-2.630 ****
Bountifl.G1-First.G1	-36.200	90.100	-327.000	254.000
Bountifl.H1-First.H1	-2.430	0.539	-4.170	-0.689 ****
Bountifl.I1-First.I1	104.000	41.300	-28.900	237.000
Bountifl.J1-First.J1	-12.300	3.910	-24.900	0.335
Bountifl.K1-First.K1	68.600	60.600	-127.000	264.000
Bountifl.M1-First.M1	-22.900	72.800	-258.000	212.000
Bountifl.N1-First.N1	-5.550	0.929	-8.550	-2.560 ****
Bountifl.Q1-First.Q1	-238.000	94.600	-543.000	67.200
Bountifl.R1-First.R1	0.794	0.312	-0.213	1.800

Punto Crítico 3.225

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-Frisson.A1	222.000	58.100	38.900	406.0000 ****
Bountifl.B1-Frisson.B1	-3.030	1.230	-6.900	0.8390
Bountifl.G1-Frisson.G1	240.000	70.000	18.900	461.0000 ****
Bountifl.H1-Frisson.H1	-1.680	0.559	-3.450	0.0823
Bountifl.I1-Frisson.I1	194.000	30.800	96.600	291.0000 ****
Bountifl.J1-Frisson.J1	-0.176	2.940	-9.460	9.1000
Bountifl.K1-Frisson.K1	233.000	49.500	77.300	389.0000 ****
Bountifl.M1-Frisson.M1	202.000	55.000	28.200	375.0000 ****
Bountifl.N1-Frisson.N1	-2.200	0.920	-5.100	0.6980
Bountifl.Q1-Frisson.Q1	118.000	77.700	-128.000	363.0000
Bountifl.R1-Frisson.R1	0.662	0.300	-0.285	1.6100

Punto Crítico 3.1549

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-Gloton.A1	136.00	56.700	-48.10	320.000
Bountifl.B1-Gloton.B1	-4.46	1.130	-8.14	-0.788 ****
Bountifl.G1-Gloton.G1	124.00	67.600	-95.80	343.000
Bountifl.H1-Gloton.H1	-2.62	0.456	-4.10	-1.140 ****
Bountifl.I1-Gloton.I1	131.00	31.900	27.30	234.000 ****
Bountifl.J1-Gloton.J1	-4.09	2.850	-13.30	5.150
Bountifl.K1-Gloton.K1	156.00	49.600	-5.02	317.000
Bountifl.M1-Gloton.M1	114.00	52.800	-57.20	285.000
Bountifl.N1-Gloton.N1	-3.53	0.770	-6.02	-1.030 ****
Bountifl.Q1-Gloton.Q1	50.90	74.600	-191.00	293.000
Bountifl.R1-Gloton.R1	-0.74	0.284	-1.66	0.182

Punto Crítico 3.2444

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Bountifl.A1-HR-1.A1	131.0000	63.100	-79.400	341.00
Bountifl.B1-HR-1.B1	1.1100	1.430	-3.650	5.87
Bountifl.G1-HR-1.G1	130.0000	77.700	-129.000	389.00
Bountifl.H1-HR-1.H1	0.0441	0.622	-2.030	2.12
Bountifl.I1-HR-1.I1	98.7000	35.800	-20.600	218.00
Bountifl.J1-HR-1.J1	1.5600	3.380	-9.690	12.80
Bountifl.K1-HR-1.K1	153.0000	53.000	-23.500	330.00
Bountifl.M1-HR-1.M1	109.0000	60.900	-94.000	312.00
Bountifl.N1-HR-1.N1	0.4900	1.030	-2.930	3.91
Bountifl.Q1-HR-1.Q1	133.0000	88.700	-163.000	428.00
Bountifl.R1-HR-1.R1	0.2180	0.338	-0.908	1.34

Punto Crítico 3.3328

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Desso.A1-First.A1	-192.000	65.100	-405.00	22.200
Desso.B1-First.B1	-10.500	1.700	-16.00	-4.890 ****
Desso.G1-First.G1	-327.000	87.700	-615.00	-39.400 ****
Desso.H1-First.H1	0.0441	0.791	-5.53	-0.336 ****
Desso.I1-First.I1	-34.000	38.500	-160.00	92.300
Desso.J1-First.J1	-22.100	3.770	-34.50	-9.740
Desso.K1-First.K1	-143.000	47.300	70.800	11.900
Desso.M1-First.M1	-204.000	60.900	-437.00	28.200
Desso.N1-First.N1	-6.040	1.220	-10.00	-2.040 ****
Desso.Q1-First.Q1	-390.000	93.900	-698.00	-81.800 ****
Desso.R1-First.R1	-0.569	0.300	-1.55	0.415

Punto Crítico 3.2826

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Desso.A1-Frisson.A1	-1.860	50.200	-171.00	168.000
Desso.B1-Frisson.B1	-6.050	1.470	-11.00	-1.090 ****
Desso.G1-Frisson.G1	-51.400	66.900	-277.00	174.000
Desso.H1-Frisson.H1	-2.190	0.805	-4.90	0.529
Desso.I1-Frisson.I1	55.500	26.900	-35.20	146.000
Desso.J1-Frisson.J1	-10.000	2.750	-19.30	-0.735 ****
Desso.K1-Frisson.K1	21.600	31.800	-85.60	129.000
Desso.M1-Frisson.M1	20.400	52.300	-156.00	197.000
Desso.N1-Frisson.N1	-2.690	1.210	-6.78	1.390
Desso.Q1-Frisson.Q1	-34.300	76.900	-294.00	225.000
Desso.R1-Frisson.R1	-0.701	0.287	-1.67	0.268

Punto Crítico 3.3744

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Desso.A1-Gloton.A1	-88.30	48.600	-251.00	74.400
Desso.B1-Gloton.B1	-7.49	1.390	-12.20	-2.820 ****
Desso.G1-Gloton.G1	-168.00	64.400	-383.00	48.000
Desso.H1-Gloton.H1	-3.12	0.737	-5.59	-0.655 ****
Desso.I1-Gloton.I1	7.22	-28.200	-102.00	87.300
Desso.J1-Gloton.J1	-13.90	2.650	-22.80	-5.050 ****
Desso.K1-Gloton.K1	-56.00	31.900	-163.00	51.100
Desso.M1-Gloton.M1	-67.20	50.000	-235.00	100.000
Desso.N1-Gloton.N1	-4.02	1.100	-7.71	-0.328 ****
Desso.Q1-Gloton.Q1	-101.00	73.700	-348.00	146.000
Desso.R1-Gloton.R1	-2.10	0.270	-3.01	-1.200 ****

Punto Crítico 3.3512

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Desso.A1-HR-1.A1	-93.20000	55.900	-284.00	97.7000
Desso.B1-HR-1.B1	-1.91000	1.640	-7.51	3.6900
Desso.G1-HR-1.G1	-161.00000	74.900	-417.00	94.6000
Desso.H1-HR-1.H1	-0.46100	0.850	-3.36	2.4400
Desso.I1-HR-1.I1	-39.40000	32.500	-150.00	71.7000
Desso.J1-HR-1.J1	-8.27000	3.210	-19.20	2.6800
Desso.K1-HR-1.K1	-58.70000	37.000	-185.00	67.6000
Desso.M1-HR-1.M1	-72.20000	58.500	-272.00	127.0000
Desso.N1-HR-1.N1	-0.00138	1.290	-4.42	4.4100
Desso.Q1-HR-1.Q1	-19.50000	87.900	-320.00	281.0000
Desso.R1-HR-1.R1	-1.14000	0.326	-2.26	-0.0312 ****

Punto Crítico 3.414

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Desso.A1-Solara.A1	-196.000	54.300	-374.00	-17.400 ****
Desso.B1-Solara.B1	-1.260	1.600	-6.53	4.000
Desso.G1-Solara.G1	-191.000	68.800	-417.00	34.700
Desso.H1-Solara.H1	0.136	0.832	-2.60	2.870
Desso.I1-Solara.I1	-102.000	31.100	-205.00	-0.241 ****
Desso.J1-Solara.J1	-6.890	2.860	-16.30	2.500
Desso.K1-Solara.K1	-161.000	34.900	-275.00	-46.100 ****
Desso.M1-Solara.M1	-172.000	55.700	-355.00	10.600
Desso.N1-Solara.N1	0.401	1.300	-3.88	4.680
Desso.Q1-Solara.Q1	-41.800	81.900	-311.00	227.000
Desso.R1-Solara.R1	-0.923	0.380	-2.17	0.325

Punto Crítico 3.2844

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Esla.A1-First.A1	-147.000	52.400	-332.000	37.900
Esla.B1-First.B1	-6.490	1.380	-11.400	-1.610 ****
Esla.G1-First.G1	-232.000	68.500	-474.000	9.640
Esla.H1-First.H1	-1.270	0.543	-3.190	0.645
Esla.I1-First.I1	-29.300	32.700	-145.000	86.300
Esla.J1-First.J1	-15.200	3.180	-26.400	-3.950 ****
Esla.K1-First.K1	-95.500	43.100	-248.000	56.600
Esla.M1-First.M1	-175.000	59.700	-386.000	35.500
Esla.N1-First.N1	-4.790	0.871	-7.860	-1.710 ****
Esla.Q1-First.Q1	-388.000	74.400	-650.000	-125.000 ****
Esla.R1-First.R1	0.962	0.240	0.116	1.810 ****

Punto Crítico 3.531

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Esla.A1-Frisson.A1	42.600	32.000	-58.400	144.000
Esla.B1-Frisson.B1	-2.070	1.090	-5.490	1.36
Esla.G1-Frisson.G1	43.700	38.400	-77.500	165.000
Esla.H1-Frisson.H1	-0.527	0.563	-2.300	1.25
Esla.I1-Frisson.I1	60.200	17.800	4.150	116.00 ****
Esla.J1-Frisson.J1	-3.090	1.870	-8.980	2.80
Esla.K1-Frisson.K1	69.300	25.200	-10.100	149.000
Esla.M1-Frisson.M1	49.400	35.800	-63.500	162.000
Esla.N1-Frisson.N1	-1.440	0.860	-4.150	1.28
Esla.Q1-Frisson.Q1	-32.100	51.400	-194.000	130.000
Esla.R1-Frisson.R1	0.830	0.224	0.124	1.53 ****

Punto Crítico 3.1542

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Esla.A1-Gloton.A1	-43.800	29.400	-141.000	53.4000
Esla.B1-Gloton.B1	-3.500	0.979	-6.75	-0.2590 ****
Esla.G1-Gloton.G1	-72.600	33.800	-185.000	39.4000
Esla.H1-Gloton.H1	-1.460	0.461	-2.99	0.0612
Esla.I1-Gloton.I1	-2.550	19.700	-67.80	62.7000
Esla.J1-Gloton.J1	-7.010	1.720	-12.70	-1.3200 ****
Esla.K1-Gloton.K1	-8.310	25.400	-92.40	75.7000
Esla.M1-Gloton.M1	-38.200	32.300	-145.00	68.8000 ****
Esla.N1-Gloton.N1	-2.760	0.698	-5.07	-0.4500
Esla.Q1-Gloton.Q1	-99.000	46.400	-253.00	54.8000
Esla.R1-Gloton.R1	-0.572	0.201	-1.24	0.0944

Punto Crítico 3.3122

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Esla.A1-Solara.A1	-151.0000	38.000	-280.000	-22.60 ****
Esla.B1-Solara.B1	2.7200	1.260	-1.530	6.98
Esla.G1-Solara.G1	-96.1000	41.600	-237.000	44.40
Esla.H1-Solara.H1	1.8000	0.601	-0.234	3.83
Esla.I1-Solara.I1	-97.7000	23.700	-178.000	-17.80 ****
Esla.J1-Solara.J1	0.0233	2.030	-6.830	6.88
Esla.K1-Solara.K1	-113.0000	29.000	-211.000	-15.10 ****
Esla.M1-Solara.M1	-143.0000	40.600	-280.000	-6.22 ****
Esla.N1-Solara.N1	1.6600	0.987	-1.680	4.99
Esla.Q1-Solara.Q1	-39.6000	58.700	-238.000	158.000
Esla.R1-Solara.R1	0.6080	0.335	-0.522	1.74

Punto Crítico 3.3771

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
First.A1-Frisson.A1	190.000	55.900	2.2400	377.000 ****
First.B1-Frisson.B1	4.420	1.290	0.0948	8.740 ****
First.G1-Frisson.G1	276.000	74.000	27.7000	524.000 ****
First.H1-Frisson.H1	0.745	0.565	-1.1500	2.640
First.I1-Frisson.I1	89.500	32.600	-19.8000	199.000
First.J1-Frisson.J1	12.100	3.340	0.8850	23.300 ****
First.K1-Frisson.K1	165.000	44.200	16.5000	433.000 ****
First.M1-Frisson.M1	225.000	62.300	15.8000	-6.22 ****
First.N1-Frisson.N1	3.350	0.901	0.3250	6.370 ****
First.Q1-Frisson.Q1	356.000	74.600	105.0000	606.000 ****
First.R1-Frisson.R1	-0.132	0.218	-0.8640	0.599

Punto Crítico 3.3544

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
First.A1-Gloton.A1	103.000	54.400	-72.500	279.000
First.B1-Gloton.B1	2.980	1.200	-0.899	6.870
First.G1-Gloton.G1	160.000	71.700	-72.100	392.000
First.H1-Gloton.H1	-0.193	0.463	-1.690	1.300
First.I1-Gloton.I1	26.800	33.700	-82.100	136.000
First.J1-Gloton.J1	8.190	3.260	-2.360	18.700
First.K1-Gloton.K1	87.200	44.300	-56.000	230.000
First.M1-Gloton.M1	137.000	60.300	-57.900	332.000
First.N1-Gloton.N1	2.020	0.748	-0.392	4.440
First.Q1-Gloton.Q1	289.000	71.300	58.200	519.000 ****
First.R1-Gloton.R1	-1.530	0.195	-2.160	-0.904 ****

Punto Crítico 3.2316

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
First.A1-HR-1.A1	98.300	61.000	-99.700	296.000
First.B1-HR-1.B1	8.560	1.480	3.750	13.400 ****
First.G1-HR-1.G1	166.000	81.400	-97.800	430.000
First.H1-HR-1.H1	2.470	0.627	0.436	4.510 ****
First.I1-HR-1.I1	-5.420	37.400	-127.000	116.000
First.J1-HR-1.J1	13.800	3.730	1.740	25.900 ****
First.K1-HR-1.K1	84.500	48.100	-71.500	240.000
First.M1-HR-1.M1	132.000	67.500	-87.100	351.000
First.N1-HR-1.N1	6.040	1.010	2.770	9.320 ****
First.Q1-HR-1.Q1	370.000	86.000	91.600	649.000 ****
First.R1-HR-1.R1	-0.576	0.267	-1.440	0.291

Punto Crítico 3.2433

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
First.A1-Solara.A1	4.030	-59.500	-198.00	190.000
First.B1-Solara.B1	9.210	1.440	4.53	13.900 ****
First.G1-Solara.G1	136.000	75.700	-110.00	382.000
First.H1-Solara.H1	3.070	0.603	1.11	5.030 ****
First.I1-Solara.I1	-68.400	36.100	-186.00	49.100
First.J1-Solara.J1	15.200	3.440	4.04	26.400 ****
First.K1-Solara.K1	-17.400	46.500	-169.00	134.000
First.M1-Solara.M1	32.000	65.100	-180.00	244.000
First.N1-Solara.N1	6.440	1.020	3.12	9.770 ****
First.Q1-Solara.Q1	348.000	79.800	88.50	608.000 ****
First.R1-Solara.R1	-0.354	0.331	-1.43	0.722

Punto Crítico 3.2521

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Frisson.A1-Gloton.A1	-86.400	35.200	-197.00	24.500
Frisson.B1-Gloton.B1	-1.440	0.845	-4.10	1.230
Frisson.G1-Gloton.G1	-116.000	43.900	-255.00	22.100
Frisson.H1-Gloton.H1	-0.938	0.487	-2.47	0.596
Frisson.I1-Gloton.I1	-62.800	19.500	-124.00	8.170
Frisson.J1-Gloton.J1	-3.910	2.000	-10.20	2.390
Frisson.K1-Gloton.K1	-77.600	27.200	-163.00	8.170
Frisson.M1-Gloton.M1	-87.600	36.900	-204.00	28.500
Frisson.N1-Gloton.N1	-1.320	0.736	-3.64	0.994
Frisson.Q1-Gloton.Q1	348.000	79.800	88.50	80.400
Frisson.R1-Gloton.R1	-1.400	0.175	-1.95	-0.850 ****

Punto Crítico 3.1502

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Frisson.A1-HR-1.A1	-91.300	44.800	-234.000	51.10
Frisson.B1-HR-1.B1	4.140	1.210	0.289	7.99 ****
Frisson.G1-HR-1.G1	-110.000	58.300	-295.000	75.50
Frisson.H1-HR-1.H1	1.730	0.645	-0.324	3.78
Frisson.I1-HR-1.I1	-94.900	25.300	-175.000	-14.40 ****
Frisson.J1-HR-1.J1	1.740	2.700	-6.840	10.30
Frisson.K1-HR-1.K1	-80.300	33.000	-185.000	24.60
Frisson.M1-HR-1.M1	-92.600	47.800	-244.000	59.20
Frisson.N1-HR-1.N1	2.690	1.000	-0.487	5.87
Frisson.Q1-HR-1.Q1	14.800	67.000	-198.000	228.00
Frisson.R1-HR-1.R1	-0.444	0.253	-1.250	0.36

Punto Crítico 3.1778

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Frisson.A1-Solara.A1	-194.000	42.700	-328.0000	-59.60 ****
Frisson.B1-Solara.B1	4.790	1.160	1.1500	8.43 ****
Frisson.G1-Solara.G1	-140.000	50.200	-297.0000	17.60
Frisson.H1-Solara.H1	2.320	0.621	0.3730	4.27 ****
Frisson.I1-Solara.I1	-158.000	23.500	-232.0000	-84.30 ****
Frisson.J1-Solara.J1	3.110	2.270	-4.0200	10.30
Frisson.K1-Solara.K1	-182.000	30.600	-278.0000	-86.20 ****
Frisson.M1-Solara.M1	-193.000	44.300	-332.0000	-53.70 ****
Frisson.N1-Solara.N1	3.100	1.010	-0.0876	6.28
Frisson.Q1-Solara.Q1	-7.470	58.900	-192.0000	177.00
Frisson.R1-Solara.R1	-0.222	0.319	-1.2200	0.78

Punto Crítico 3.1377

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Gloton.A1-HR-1.A1	-4.900	43.000	-153.000	143.00
Gloton.B1-HR-1.B1	5.570	1.120	1.720	9.43 ****
Gloton.G1-HR-1.G1	6.420	55.400	-185.000	198.00
Gloton.H1-HR-1.H1	2.660	0.558	0.738	4.59 ****
Gloton.I1-HR-1.I1	-32.200	26.700	-124.000	60.10
Gloton.J1-HR-1.J1	5.650	2.600	-3.320	14.60
Gloton.K1-HR-1.K1	-2.760	33.200	-117.000	112.00
Gloton.M1-HR-1.M1	-5.040	45.200	-161.000	151.00
Gloton.N1-HR-1.N1	4.020	0.865	1.030	7.01
Gloton.Q1-HR-1.Q1	81.700	63.300	-137.000	300.00 ****
Gloton.R1-HR-1.R1	0.958	0.234	0.151	1.76 ****

Punto Crítico 3.4533

	Diferencia	Error Estándar	Lím. Inferior	Lím. Superior
Gloton.A1-Solara.A1	-107.00	40.800	-240.00000	25.70
Gloton.B1-Solara.B1	6.23	1.060	2.77000	9.69 ****
Gloton.G1-Solara.G1	-23.50	46.700	-176.00000	129.00
Gloton.H1-Solara.H1	3.26	0.530	1.53000	4.99 ****
Gloton.I1-Solara.I1	-95.20	25.000	-177.00000	-13.80 ****
Gloton.J1-Solara.J1	7.03	2.150	0.00741	14.10 ****
Gloton.K1-Solara.K1	-105.00	30.800	-205.00000	-4.32 ****
Gloton.M1-Solara.M1	-105.00	41.500	-241.00000	30.30
Gloton.N1-Solara.N1	4.42	0.881	1.55000	7.29 ****
Gloton.Q1-Solara.Q1	59.40	54.700	-119.00000	238.00
Gloton.R1-Solara.R1	1.18	0.304	0.18700	2.17 ****

Punto Crítico 3.2607

Anexo 5

Vectores de Medias Muestrales, Test de Kolgomorov Smirnov para Normalidad, Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 4

Vectores de Medias Muestrales

	A1	B1	G1	H1	I1	J1	K1
Bontiful	827.4407	30.13621	1139.6591	13.51114	546.2183	57.71150	694.9789
Desso	573.7561	28.81031	904.9619	13.11500	401.6723	47.26600	499.2915
Esla	628.5012	31.08238	937.6584	14.90800	414.5288	53.09046	524.8579
First	763.9985	38.03540	1178.1583	16.28533	461.5291	68.28447	630.2127
Frisson	592.8722	32.65237	887.6161	15.29226	356.5693	56.06716	469.6233
Gloton	661.9633	34.65929	995.1746	16.40386	405.0279	59.54057	537.3740
HR	676.9245	30.07815	961.0686	13.81362	460.8524	53.23700	577.9004
Solara	771.8910	29.39721	1049.3903	13.03457	513.2669	55.90593	644.1754

	M1	N1	Q1	R1	N	Priors
Bontiful	868.4506	22.92464	1428.999	5.534286	14	0.1217391
Desso	631.8451	22.95854	1276.758	3.996000	13	0.1130435
Esla	717.6141	24.97969	1305.042	5.490692	13	0.1130435
First	868.0999	28.99127	1652.742	4.721333	15	0.1304348
Frisson	709.5491	25.75495	1347.919	4.862526	19	0.1652174
Gloton	768.6715	27.29864	1388.736	6.175571	14	0.1217391
HR	771.3549	23.65085	1330.767	5.238769	13	0.1130435
Solara	863.9330	21.90714	1383.736	5.135286	14	0.1217391

Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

	Estadístico	Probabilidad
A1	0.0531947	0.9008303
B1	0.0507328	0.9286683
G1	0.0636266	0.7404321
H1	0.0671084	0.6783110
I1	0.0546033	0.8828116
J1	0.0759021	0.5216073
K1	0.0663382	0.6921873
M1	0.0394615	0.9939653
N1	0.0607283	0.7900934
Q1	0.0472400	0.9595712
R1	0.0485718	0.9490039

Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-Desso.A1	254.0000	68.200	29.100	478.00 ****
Bontiful.B1-Desso.B1	1.3300	1.590	-3.920	6.58
Bontiful.G1-Desso.G1	235.0000	85.400	-46.700	516.00
Bontiful.H1-Desso.H1	0.3960	0.778	-2.170	2.96
Bontiful.I1-Desso.I1	145.0000	37.800	20.100	269.00 ****
Bontiful.J1-Desso.J1	10.4000	3.410	-0.786	21.70
Bontiful.K1-Desso.K1	196.0000	53.100	20.700	371.00 ****
Bontiful.M1-Desso.M1	237.0000	60.300	38.200	435.00 ****
Bontiful.N1-Desso.N1	-0.0339	1.310	-4.350	4.28
Bontiful.Q1-Desso.Q1	152.0000	105.000	-194.000	498.00
Bontiful.R1-Desso.R1	1.5400	0.366	0.333	2.74 ****

Punto Crítico: 3.2932

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-Esla.A1	199.0000	55.400	17.30	381.000 ****
Bontiful.B1-Esla.B1	-0.9460	1.170	-4.79	2.900
Bontiful.G1-Esla.G1	202.0000	72.400	-35.50	439.000
Bontiful.H1-Esla.H1	-1.4000	0.545	-3.18	0.390
Bontiful.I1-Esla.I1	132.0000	31.600	28.00	235.000 ****
Bontiful.J1-Esla.J1	4.6200	3.060	-5.40	14.600
Bontiful.K1-Esla.K1	170.0000	40.700	36.70	303.000 ****
Bontiful.M1-Esla.M1	151.0000	52.100	-19.90	322.000
Bontiful.N1-Esla.N1	-2.0600	0.794	-4.66	0.547
Bontiful.Q1-Esla.Q1	124.0000	80.300	-139.00	387.000
Bontiful.R1-Esla.R1	0.0436	0.338	-1.07	1.150

Punto Crítico: 3.2791

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-First.A1	63.400	71.200	-166.000	293.000
Bontiful.B1-First.B1	-7.900	1.240	-11.900	-3.920 ****
Bontiful.G1-First.G1	-38.500	92.900	-337.000	260.000
Bontiful.H1-First.H1	-2.770	0.559	-4.570	-0.976 ****
Bontiful.I1-First.I1	84.700	39.700	-43.000	212.000
Bontiful.J1-First.J1	-10.600	4.150	-23.900	2.770
Bontiful.K1-First.K1	64.800	56.100	-116.000	245.000
Bontiful.M1-First.M1	0.351	71.200	-229.000	229.000
Bontiful.N1-First.N1	-6.070	0.843	-8.780	-3.350 ****
Bontiful.Q1-First.Q1	-224.000	101.000	-547.000	99.700
Bontiful.R1-First.R1	0.813	0.343	-0.289	1.920

Punto Crítico: 3.2175

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-Frisson.A1	235.000	55.900	52.100	417.00000 ****
Bontiful.B1-Frisson.B1	-2.520	1.150	-6.270	1.23000
Bontiful.G1-Frisson.G1	252.000	75.300	6.170	498.00000 ****
Bontiful.H1-Frisson.H1	-1.780	0.545	-3.560	-0.00197 ****
Bontiful.I1-Frisson.I1	190.000	31.400	87.200	292.00000 ****
Bontiful.J1-Frisson.J1	1.640	3.230	-8.900	12.20000
Bontiful.K1-Frisson.K1	225.000	42.700	85.900	365.00000 ****
Bontiful.M1-Frisson.M1	159.000	54.400	-18.800	337.00000
Bontiful.N1-Frisson.N1	-2.830	0.895	-5.750	0.09360
Bontiful.Q1-Frisson.Q1	81.100	82.400	-188.000	350.00000
Bontiful.R1-Frisson.R1	0.672	0.313	-0.351	1.69000

Punto Crítico: 3.2658

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-Gloton.A1	165.000	56.200	-16.60	348.000
Bontiful.B1-Gloton.B1	-4.520	0.939	-7.56	-1.480 ****
Bontiful.G1-Gloton.G1	144.000	72.900	-91.80	381.000
Bontiful.H1-Gloton.H1	-2.890	0.435	-4.30	-1.480 ****
Bontiful.I1-Gloton.I1	141.000	31.900	37.80	245.000 ****
Bontiful.J1-Gloton.J1	-1.830	3.070	-11.80	8.120
Bontiful.K1-Gloton.K1	158.000	41.700	22.50	293.000 ****
Bontiful.M1-Gloton.M1	99.800	53.900	-74.80	274.000
Bontiful.N1-Gloton.N1	-4.370	0.660	-6.51	-2.240 ****
Bontiful.Q1-Gloton.Q1	40.300	77.800	-212.00	292.000
Bontiful.R1-Gloton.R1	-0.641	0.301	-1.62	0.333

Punto Crítico: 3.241

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Bontiful.A1-HR.A1	151.0000	62.200	-53.10	354.00
Bontiful.B1-HR.B1	0.0581	1.340	-4.31	4.43
Bontiful.G1-HR.G1	179.0000	80.800	-85.90	443.00
Bontiful.H1-HR.H1	-0.3020	0.613	-2.31	1.70
Bontiful.I1-HR.I1	85.4000	36.700	-34.70	205.00
Bontiful.J1-HR.J1	4.4700	3.500	-6.98	15.90
Bontiful.K1-HR.K1	117.0000	48.100	-40.40	275.00
Bontiful.M1-HR.M1	97.1000	61.700	-105.00	299.00
Bontiful.N1-HR.N1	-0.7260	0.911	-3.71	2.26
Bontiful.Q1-HR.Q1	98.2000	90.800	-199.00	396.00
Bontiful.R1-HR.R1	0.2960	0.350	-0.85	1.44

Punto Crítico: 3.2737

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-Esla.A1	-54.70	49.000	-217.00	107.000
Desso.B1-Esla.B1	-2.27	1.620	-7.64	3.090
Desso.G1-Esla.G1	-32.70	58.500	-226.00	161.000
Desso.H1-Esla.H1	-1.79	0.799	-4.44	0.851
Desso.I1-Esla.I1	-12.90	29.400	-110.00	84.400
Desso.J1-Esla.J1	-5.82	2.230	-13.20	1.540
Desso.K1-Esla.K1	-25.60	40.300	-159.00	108.000
Desso.M1-Esla.M1	-85.80	40.700	-220.00	48.700
Desso.N1-Esla.N1	-2.02	1.310	-6.37	2.330
Desso.Q1-Esla.Q1	-28.30	84.000	-306.00	250.000
Desso.R1-Esla.R1	-1.49	0.304	-2.50	-0.491 ****

Punto Crítico: 3.3079

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-First.A1	-190.000	66.400	-406.00	25.300
Desso.B1-First.B1	-9.230	1.670	-14.60	-3.800 ****
Desso.G1-First.G1	-273.000	82.500	-541.00	-5.230 ****
Desso.H1-First.H1	-3.170	0.809	-5.80	-0.544 ****
Desso.I1-First.I1	-59.900	38.000	-183.00	63.400
Desso.J1-First.J1	-21.000	3.580	-32.60	-9.400
Desso.K1-First.K1	-131.000	55.800	-312.00	50.200 ****
Desso.M1-First.M1	-236.000	63.400	-442.00	-30.500 ****
Desso.N1-First.N1	-6.030	1.340	-10.40	-1.670 ****
Desso.Q1-First.Q1	-376.000	104.000	-712.00	-39.800
Desso.R1-First.R1	-0.725	0.308	-1.73	0.276

Punto Crítico: 3.2472

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-Frisson.A1	-19.100	49.500	-177.00	139.0000
Desso.B1-Frisson.B1	-3.840	1.600	-8.97	1.2800
Desso.G1-Frisson.G1	17.300	62.000	-181.00	215.0000
Desso.H1-Frisson.H1	-2.180	0.799	-4.73	0.3760
Desso.I1-Frisson.I1	45.100	29.100	-48.00	138.0000
Desso.J1-Frisson.J1	-8.800	2.460	-16.60	-0.9540 ****
Desso.K1-Frisson.K1	29.700	42.400	-106.00	165.0000
Desso.M1-Frisson.M1	-77.700	43.600	-217.00	61.7000
Desso.N1-Frisson.N1	-2.800	1.380	-7.20	1.6000
Desso.Q1-Frisson.Q1	-71.200	86.100	-346.00	204.0000
Desso.R1-Frisson.R1	-0.867	0.275	-1.75	0.0126

Punto Crítico: 3.1939

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-Gloton.A1	-88.20	49.900	-252.00	75.500
Desso.B1-Gloton.B1	-5.85	1.460	-10.60	-1.050 ****
Desso.G1-Gloton.G1	-90.20	59.100	-284.00	104.000
Desso.H1-Gloton.H1	-3.29	0.729	-5.68	-0.897 ****
Desso.I1-Gloton.I1	-3.36	29.700	-101.00	94.100
Desso.J1-Gloton.J1	-12.30	2.250	-19.60	-4.900 ****
Desso.K1-Gloton.K1	-38.10	41.300	-174.00	97.600
Desso.M1-Gloton.M1	-137.00	43.000	-278.00	4.190
Desso.N1-Gloton.N1	-4.34	1.240	-8.40	-0.278 ****
Desso.Q1-Gloton.Q1	-112.00	81.600	-380.00	156.000
Desso.R1-Gloton.R1	-2.18	0.261	-3.04	-1.320 ****

Punto Crítico: 3.2817

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-HR.A1	-103.000	56.600	-291.00	84.900
Desso.B1-HR.B1	-1.270	1.740	-7.06	4.530
Desso.G1-HR.G1	-56.100	68.600	-284.00	172.000
Desso.H1-HR.H1	-0.699	0.847	-3.52	2.120
Desso.I1-HR.I1	-59.200	34.800	-175.00	56.500
Desso.J1-HR.J1	-5.970	2.810	-15.30	3.360
Desso.K1-HR.K1	-78.600	47.800	-238.00	80.300
Desso.M1-HR.M1	-140.000	52.500	-314.00	35.000
Desso.N1-HR.N1	-0.692	1.390	-5.31	3.920
Desso.Q1-HR.Q1	-54.000	94.100	-367.00	259.000
Desso.R1-HR.R1	-1.240	0.316	-2.29	-0.191 ****

Punto Crítico: 3.3255

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Desso.A1-Solara.A1	-198.0000	53.300	-377.00	-19.600 ****
Desso.B1-Solara.B1	-0.5870	1.620	-6.01	4.830
Desso.G1-Solara.G1	-144.0000	62.000	-352.00	63.200
Desso.H1-Solara.H1	0.0804	0.831	-2.70	2.860
Desso.I1-Solara.I1	-112.0000	34.400	-227.00	3.550
Desso.J1-Solara.J1	-8.6400	2.140	-15.80	-1.480 ****
Desso.K1-Solara.K1	-145.0000	47.400	-304.00	13.800
Desso.M1-Solara.M1	-232.0000	49.400	-398.00	-66.600 ****
Desso.N1-Solara.N1	1.0500	1.410	-3.67	5.780
Desso.Q1-Solara.Q1	-107.0000	89.000	-405.00	191.000
Desso.R1-Solara.R1	-1.1400	0.400	-2.48	0.201

Punto Crítico: 3.3479

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Esla.A1-First.A1	-135.000	53.200	-316.000	44.900
Esla.B1-First.B1	-6.950	1.270	-11.300	-2.640 ****
Esla.G1-First.G1	-240.000	69.000	-474.000	-6.540 ****
Esla.H1-First.H1	-1.380	0.588	-3.370	0.619
Esla.I1-First.I1	-47.000	31.800	-155.000	61.000
Esla.J1-First.J1	-15.200	3.240	-26.200	-4.190 ****
Esla.K1-First.K1	-105.000	44.100	-255.000	44.300
Esla.M1-First.M1	-150.000	55.600	-339.000	38.200
Esla.N1-First.N1	-4.010	0.851	-6.900	-1.130 ****
Esla.Q1-First.Q1	-348.000	78.300	-613.000	-82.100 ****
Esla.R1-First.R1	0.769	0.275	-0.164	1.700

Punto Crítico: 3.3929

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Esla.A1-Frisson.A1	35.600	29.500	-58.80	130.00
Esla.B1-Frisson.B1	-1.570	1.190	-5.36	2.22
Esla.G1-Frisson.G1	50.000	42.300	-85.30	185.00
Esla.H1-Frisson.H1	-0.384	0.575	-2.22	1.45
Esla.I1-Frisson.I1	58.000	20.500	-7.65	124.00
Esla.J1-Frisson.J1	-2.980	1.940	-9.16	3.21
Esla.K1-Frisson.K1	55.200	25.000	-24.70	135.00
Esla.M1-Frisson.M1	8.070	31.400	-92.20	108.00
Esla.N1-Frisson.N1	-0.775	0.903	-3.66	2.11
Esla.Q1-Frisson.Q1	-42.900	53.100	-213.00	127.00
Esla.R1-Frisson.R1	0.628	0.237	-0.13	1.39

Punto Crítico: 3.1967

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Esla.A1-Gloton.A1	-33.500	30.100	-132.00	65.2000
Esla.B1-Gloton.B1	-3.580	0.984	-6.80	-0.3540 ****
Esla.G1-Gloton.G1	-57.500	37.900	-182.00	66.8000
Esla.H1-Gloton.H1	-1.500	0.473	-3.04	0.0526
Esla.I1-Gloton.I1	9.500	21.300	-60.30	79.3000
Esla.J1-Gloton.J1	-6.450	1.660	-11.90	-1.0100 ****
Esla.K1-Gloton.K1	-12.500	23.200	-88.70	63.6000
Esla.M1-Gloton.M1	-51.100	30.400	-151.00	48.6000
Esla.N1-Gloton.N1	-2.320	0.669	-4.51	-0.1250 ****
Esla.Q1-Gloton.Q1	-83.700	45.600	-233.00	65.6000
Esla.R1-Gloton.R1	-0.685	0.220	-1.41	0.0370

Punto Crítico: 3.2769

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Esla.A1-Solara.A1	-143.000	35.500	-261.0000	-25.70 ****
Esla.B1-Solara.B1	1.690	1.200	-2.3100	5.68
Esla.G1-Solara.G1	-112.000	42.300	-252.0000	28.60
Esla.H1-Solara.H1	1.870	0.618	-0.1760	3.92
Esla.I1-Solara.I1	-98.700	27.500	-190.0000	-7.69 ****
Esla.J1-Solara.J1	-2.820	1.510	-7.8300	2.20
Esla.K1-Solara.K1	-119.000	32.800	-228.0000	-10.50 ****
Esla.M1-Solara.M1	-146.000	39.000	-276.0000	-17.00 ****
Esla.N1-Solara.N1	3.070	0.953	-0.0846	6.23
Esla.Q1-Solara.Q1	-78.700	57.800	-270.0000	113.00
Esla.R1-Solara.R1	0.355	0.375	-0.8880	1.60

Punto Crítico: 3.3145

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
First.A1-Frisson.A1	171.000	53.600	1.810	340.000 ****
First.B1-Frisson.B1	5.380	1.250	1.440	9.330 ****
First.G1-Frisson.G1	291.000	72.000	63.400	518.000 ****
First.H1-Frisson.H1	0.993	0.588	-0.864	2.850
First.I1-Frisson.I1	105.000	31.600	5.270	205.000 ****
First.J1-Frisson.J1	12.200	3.400	1.470	23.000 ****
First.K1-Frisson.K1	161.000	46.000	15.500	306.000 ****
First.M1-Frisson.M1	159.000	57.800	-24.000	341.000
First.N1-Frisson.N1	3.240	0.946	0.250	6.220 ****
First.Q1-Frisson.Q1	305.000	80.500	50.800	559.000 ****
First.R1-Frisson.R1	-0.141	0.243	-0.909	0.627

Punto Crítico: 3.1559

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
First.A1-Gloton.A1	102.000	54.000	-77.600	282.000
First.B1-Gloton.B1	3.380	1.060	-0.157	6.910
First.G1-Gloton.G1	183.000	69.500	-48.200	414.000
First.H1-Gloton.H1	-0.119	0.489	-1.740	1.510
First.I1-Gloton.I1	56.500	32.100	-50.300	163.000
First.J1-Gloton.J1	8.740	3.260	-2.090	19.600
First.K1-Gloton.K1	92.800	45.000	-57.100	243.000
First.M1-Gloton.M1	99.400	57.300	-91.400	290.000
First.N1-Gloton.N1	1.690	0.727	-0.728	4.110
First.Q1-Gloton.Q1	264.000	75.700	11.900	516.000 ****
First.R1-Gloton.R1	-1.450	0.227	-2.210	-0.699 ****

Punto Crítico: 3.3282

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
First.A1-HR.A1	87.100	60.200	-109.00	283.000
First.B1-HR.B1	7.960	1.420	3.32	12.600 ****
First.G1-HR.G1	217.000	77.700	-35.80	470.000
First.H1-HR.H1	2.470	0.652	0.35	4.590 ****
First.I1-HR.I1	0.677	36.900	-119.00	121.000
First.J1-HR.J1	15.000	3.660	3.12	27.000 ****
First.K1-HR.K1	52.300	51.000	-114.00	218.000
First.M1-HR.M1	96.700	64.800	-114.00	308.000
First.N1-HR.N1	5.340	0.961	2.21	8.470 ****
First.Q1-HR.Q1	322.000	89.100	32.00	612.000 ****
First.R1-HR.R1	-0.517	0.289	-1.46	0.423

Punto Crítico: 3.2548

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
First.A1-Solara.A1	-7.890	57.200	-194.00	178.000
First.B1-Solara.B1	8.640	1.270	4.51	12.800 ****
First.G1-Solara.G1	129.000	72.000	-105.00	363.000
First.H1-Solara.H1	3.250	0.631	1.20	5.300 ****
First.I1-Solara.I1	-51.700	36.500	-170.00	67.000
First.J1-Solara.J1	12.400	3.180	2.02	22.700 ****
First.K1-Solara.K1	-14.000	50.700	-179.00	151.000
First.M1-Solara.M1	4.170	62.300	-199.00	207.000
First.N1-Solara.N1	7.080	0.994	3.85	10.300 ****
First.Q1-Solara.Q1	269.000	83.700	-3.19	541.000
First.R1-Solara.R1	-0.414	0.379	-1.65	0.819

Punto Crítico: 3.2536

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Frisson.A1-Gloton.A1	-69.10	30.900	-166.00	28.100
Frisson.B1-Gloton.B1	-2.01	0.955	-5.01	0.995
Frisson.G1-Gloton.G1	-108.00	43.200	-243.00	28.000
Frisson.H1-Gloton.H1	-1.11	0.472	-2.60	0.373
Frisson.I1-Gloton.I1	-48.50	20.900	-114.00	17.300
Frisson.J1-Gloton.J1	-3.47	1.960	-9.62	2.670
Frisson.K1-Gloton.K1	-67.80	26.600	-151.00	15.900
Frisson.M1-Gloton.M1	-59.10	34.300	-167.00	48.700
Frisson.N1-Gloton.N1	-1.54	0.787	-4.02	0.930
Frisson.Q1-Gloton.Q1	-40.80	49.300	-196.00	114.000
Frisson.R1-Gloton.R1	-1.31	0.179	-1.88	-0.750 ****

Punto Crítico: 3.1421

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Frisson.A1-HR.A1	-84.100	40.900	-213.000	45.400
Frisson.B1-HR.B1	2.570	1.350	-1.690	6.840
Frisson.G1-HR.G1	-73.500	55.400	-249.000	102.000
Frisson.H1-HR.H1	1.480	0.640	-0.548	3.500
Frisson.I1-HR.I1	-104.000	27.700	-192.000	-16.600 ****
Frisson.J1-HR.J1	2.830	2.580	-5.340	11.000
Frisson.K1-HR.K1	-108.000	35.800	-222.000	5.200
Frisson.M1-HR.M1	-61.800	45.700	-206.000	82.800
Frisson.N1-HR.N1	2.100	1.010	-1.090	5.290
Frisson.Q1-HR.Q1	17.200	68.000	-198.000	233.000
Frisson.R1-HR.R1	-0.376	0.253	-1.180	0.426

Punto Crítico: 3.1666

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Frisson.A1-Solara.A1	-179.000	36.200	-295.000	-63.100 ****
Frisson.B1-Solara.B1	3.260	1.180	-0.524	7.030
Frisson.G1-Solara.G1	-162.000	47.100	-312.000	-11.200 ****
Frisson.H1-Solara.H1	2.260	0.618	0.280	4.240 ****
Frisson.I1-Solara.I1	-157.000	27.200	-244.000	-69.700 ****
Frisson.J1-Solara.J1	0.161	1.830	-5.700	6.020
Frisson.K1-Solara.K1	-175.000	35.300	-287.000	-61.600 ****
Frisson.M1-Solara.M1	-154.000	42.100	-289.000	-19.700 ****
Frisson.N1-Solara.N1	3.850	1.040	0.525	7.170 ****
Frisson.Q1-Solara.Q1	-35.800	60.700	-230.000	158.000
Frisson.R1-Solara.R1	-0.273	0.353	-1.400	0.855

Punto Crítico: 3.1986

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Gloton.A1-HR.A1	-15.000	41.300	-157.000	127.00
Gloton.B1-HR.B1	4.580	1.170	0.544	8.62
Gloton.G1-HR.G1	34.100	52.100	-145.000	214.00
Gloton.H1-HR.H1	2.590	0.549	0.700	4.48 ****
Gloton.I1-HR.I1	-55.800	28.300	-153.000	41.40
Gloton.J1-HR.J1	6.300	2.380	-1.880	14.50
Gloton.K1-HR.K1	-40.500	34.600	-160.000	78.60
Gloton.M1-HR.M1	-2.680	45.000	-158.000	152.00 ****
Gloton.N1-HR.N1	3.650	0.805	0.877	6.42
Gloton.Q1-HR.Q1	58.000	62.300	-156.000	272.00
Gloton.R1-HR.R1	0.937	0.238	0.119	1.75 ****

Punto Crítico: 3.4405

	Diferencia	Error Estándar	Lim.Inferior	Lim. Superior
Gloton.A1-Solara.A1	-110.00	36.700	-235.000	15.60
Gloton.B1-Solara.B1	5.26	0.979	1.910	8.61 ****
Gloton.G1-Solara.G1	-54.20	43.200	-202.000	93.40
Gloton.H1-Solara.H1	3.37	0.524	1.580	5.16 ****
Gloton.I1-Solara.I1	-108.00	27.800	-203.000	-13.20 ****
Gloton.J1-Solara.J1	3.63	1.540	-1.630	8.90
Gloton.K1-Solara.K1	-107.00	34.100	-223.000	9.75
Gloton.M1-Solara.M1	-95.30	41.400	-237.000	46.40
Gloton.N1-Solara.N1	5.39	0.844	2.500	8.28 ****
Gloton.Q1-Solara.Q1	5.00	54.300	-181.000	191.00
Gloton.R1-Solara.R1	1.04	0.342	-0.128	2.21

Punto Crítico: 3.4203

Anexo 6

Test de Kolgomorov Smirnov para Normalidad, Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 5

Test de Kolgomorov-Smirnov para Normalidad

	Estadístico	Probabilidad
Comp.1	0.0718646	0.5925248
Comp.2	0.0554202	0.8717198

Intervalos Simultáneos de 95% de Confianza Usando el Método Sidak. Muestra 5

	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-Desso.Comp.1	424	63.8	270	578 ****
Bountifl.Comp.2-Desso.Comp.2	225	27.3	159	291 ****
Punto Crítico	2.4124			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-Esla.Comp.1	337	54.4	203	471 ****
Bountifl.Comp.2-Esla.Comp.2	185	25.2	123	247 ****
Punto Crítico	2.4632			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-First.Comp.1	-35.0	69.4	-199.00	129
Bountifl.Comp.2-First.Comp.2	62.3	30.4	-9.67	134
Punto Crítico	2.369			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-Frisson.Comp.1	389	57.8	248	529 ****
Bountifl.Comp.2-Frisson.Comp.2	234	26.4	170	298 ****
Punto Crítico	2.4308			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-Glton.Comp.1	251	56.0	114	387 ****
Bountifl.Comp.2-Glton.Comp.2	165	25.9	102	228 ****
Punto Crítico	2.4327			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Bountifl.Comp.1-HR.Comp.1	253	60.5	108.0	398 ****
Bountifl.Comp.2-HR.Comp.2	131	28.1	63.1	198 ****
Punto Crítico	2.4025			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Desso.Comp.1-First.Comp.1	-459	61.1	-604	-314 ****
Desso.Comp.2-First.Comp.2	-162	23.7	-219	-106 ****
Punto Crítico	2.3803			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Desso.Comp.1-Glton.Comp.1	-174.0	45.3	-282	-64.6 ****
Desso.Comp.2-Glton.Comp.2	-59.7	17.6	-102	-17.5 ****
Punto Crítico	2.4054			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Desso.Comp.1-HR.Comp.1	-171.0	50.7	-292	-50.2 ****
Desso.Comp.2-HR.Comp.2	-93.9	20.7	-143	-44.4 ****
Punto Crítico	2.3886			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Desso.Comp.1-Solara.Comp.1	-326	48.2	-441	-211 ****
Desso.Comp.2-Solara.Comp.2	-178	20.3	-227	-130 ****
Punto Crítico	2.3803			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Esla.Comp.1-First.Comp.1	-372	51.2	-497	-247.0 ****
Esla.Comp.2-First.Comp.2	-123	21.1	-174	-71.2 ****
Punto Crítico	2.4367			
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Esla.Comp.1-Frisson.Comp.1	51.7	33.9	-28.1	131.0
Esla.Comp.2-Frisson.Comp.2	49.3	14.8	14.5	84.2 ****
Punto Crítico	2.3553			

	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Esla.Comp.1-Gloton.Comp.1	-86.4	30.6	-160.0	-13.4 ****
Esla.Comp.2-Gloton.Comp.2	-20.1	14.0	-53.4	13.2
Punto Crítico 2.3846				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Esla.Comp.1-HR.Comp.1	-84.2	38.2	-177.0	8.64
Esla.Comp.2-HR.Comp.2	-54.2	17.8	-97.5	-11.00 ****
Punto Crítico 2.4301				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Esla.Comp.1-Solara.Comp.1	-239	34.8	-323	-155.0 ****
Esla.Comp.2-Solara.Comp.2	-139	17.3	-180	-97.2 ****
Punto Crítico 2.4058				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
First.Comp.1-Frisson.Comp.1	424	54.8	293	554 ****
First.Comp.2-Frisson.Comp.2	172	22.5	118	226 ****
Punto Crítico 2.3876				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
First.Comp.1-Gloton.Comp.1	286	52.8	158.0	413 ****
First.Comp.2-Gloton.Comp.2	103	22.0	49.6	156 ****
Punto Crítico 2.4139				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
First.Comp.1-HR.Comp.1	288.0	57.6	150.0	425 ****
First.Comp.2-HR.Comp.2	68.4	24.6	9.7	127 ****
Punto Crítico 2.3896				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
First.Comp.1-Solara.Comp.1	133.0	55.4	1.31	265.0 ****
First.Comp.2-Solara.Comp.2	-16.1	24.2	-73.80	41.5
Punto Crítico: 2.3784				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Frisson.Comp.1-Gloton.Comp.1	-138.0	36.4	-224	-52.7 ****
Frisson.Comp.2-Gloton.Comp.2	-69.4	16.0	-107	-31.9 ****
Punto Crítico: 2.3506				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Frisson.Comp.1-HR.Comp.1	-136	42.9	-239	-32.9 ****
Frisson.Comp.2-HR.Comp.2	-104	19.4	-150	- 57.0 ****
Punto Crítico: 2.3992				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Frisson.Comp.1-Solara.Comp.1	-291	39.9	-385	-196 ****
Frisson.Comp.2-Solara.Comp.2	-188	19.0	-233	-143 ****
Punto Crítico: 2.3742				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Gloton.Comp.1-HR.Comp.1	2.23	40.4	-94.8	99.3
Gloton.Comp.2-HR.Comp.2	-34.20	18.8	-79.3	10.9
Punto Crítico: 2.4016				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
Gloton.Comp.1-Solara.Comp.1	-152	37.2	-242	-63.4 ****
Gloton.Comp.2-Solara.Comp.2	-119	18.3	-163	-74.9 ****
Punto Crítico: 2.3927				
	Diferencia	Error Estándar	Lim. Inf.	Lim. Sup
HR.Comp.1-Solara.Comp.1	-155.0	43.7	-259	-50.7 ****
HR.Comp.2-Solara.Comp.2	-84.6	21.4	-136	-33.6 ****
Punto Crítico: 2.3824				