

Lista 1 - Planejamento e Análise de Experimentos

Bruno Mesquita dos Santo

2024-02-26

3) O conjunto de dados seguintes é proveniente de um experimento conduzido para caracterização de quatro variedades de pêra (A, B, C e D) com relação ao peso por fruto, medido em gramas. Foi colhida uma amostra aleatória de cinco frutos para cada variedade. Os valores obtidos foram:

Repetições = 5 Tratamentos = 4

```
tratA <- c(78, 88, 72, 74, 98)
tratB <- c(79, 56, 71, 96, 55)
tratC <- c(63, 68, 58, 79, 59)
tratD <- c(60, 65, 59, 54, 58)
X <- c(tratA, tratB, tratC, tratD)
Y <- rep(c("A", "B", "C", "D"), each = 5)
dados <- data.frame(Resp=X, Trat=Y)
dados
```

##	Resp	Trat
## 1	78	A
## 2	88	A
## 3	72	A
## 4	74	A
## 5	98	A
## 6	79	B
## 7	56	B
## 8	71	B
## 9	96	B
## 10	55	B
## 11	63	C
## 12	68	C
## 13	58	C
## 14	79	C
## 15	59	C
## 16	60	D
## 17	65	D
## 18	59	D
## 19	54	D
## 20	58	D

```
var(tratA)
```

a) Testar a homogeneidade de variâncias utilizando o Teste de Hartley.

```
## [1] 118
```

```
var(tratB)
```

```
## [1] 292.3
```

```
var(tratC)
```

```
## [1] 73.3
```

```
var(tratD)
```

```
## [1] 15.7
```

$H_{cal} = S^2_{max}/S^2_{min}$

```
Hcal <- 292.3/15.7  
Hcal
```

```
## [1] 18.61783
```

Htab há 4 tratamento e (5-1)repetições por tratamento, a 5% de significância

```
qmaxFratio(0.95,4,4)
```

```
## [1] 20.55922
```

Como $H_c < H_{tab}$, rejeita-se a hipótese de heterogeneidade de variância dos grupos

b) Se o teste na letra a) não for significativo então obtenha a tabela de análise de variância, aplique o teste F e comente o resultado.

```
modelo <- aov(Resp~Trat, data = dados)  
anova(modelo)
```

```
## Analysis of Variance Table
```

```
##
```

```
## Response: Resp
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
```

```
## Trat       3 1413.8   471.27   3.7754 0.03188 *
```

```
## Residuals 16 1997.2   124.83
```

```
## ---
```

```
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Hipótese:

$$\begin{cases} H0 : \beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = \beta_4 = 0 \\ H1 : \text{pelo menos um } \beta \text{ difere de zero} \end{cases}$$

Dado que nosso modelo possui p-value: < 0.03188 , podemos concluir que há 5% nível de significância ele rejeita H_0 , logo o modelo é significativo.

c) Aplique os testes: Teste t de Student, Teste de Tukey, Teste de Duncan, Teste de S-N-K, Teste de Dunnett (considerando o tratamento controle sendo A) e o Teste de Scheffé. Teste t de Student:

$$\begin{cases} H0 : Y = 0 \\ H1 : Y \neq 0 \end{cases}$$

```
t.test(tratA, tratB)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  tratA and tratB
## t = 1.1701, df = 6.777, p-value = 0.2814
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -10.96414  32.16414
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      82.0      71.4
```

Aceita h_0 , logo a diferença das médias não é estatisticamente significativa.

```
t.test(tratA, tratC)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  tratA and tratC
## t = 2.6837, df = 7.5858, p-value = 0.02913
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  2.199586 31.000414
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      82.0      65.4
```

Rejeita h_0 , logo a diferença das médias é estatisticamente significativa.

```
t.test(tratA, tratD)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  tratA and tratD
## t = 4.4091, df = 5.0459, p-value = 0.006815
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  9.543613 36.056387
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      82.0      59.2
```

Rejeita h_0 , logo a diferença das médias é estatisticamente significativa.

```
t.test(tratB, tratC)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  tratB and tratC
## t = 0.70167, df = 5.8875, p-value = 0.5097
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -15.02093 27.02093
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      71.4      65.4
```

Aceita h_0 , logo a diferença das médias não é estatisticamente significativa.

```
t.test(tratB, tratD)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data:  tratB and tratD
## t = 1.5544, df = 4.4285, p-value = 0.1882
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -8.784296 33.184296
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      71.4      59.2
```

Aceita h_0 , logo a diferença das médias não é estatisticamente significativa.

```
t.test(tratC, tratD)
```

```
##
## Welch Two Sample t-test
##
## data: tratC and tratD
## t = 1.4695, df = 5.6383, p-value = 0.1952
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
## -4.28619 16.68619
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##      65.4      59.2
```

Aceita H_0 , logo a diferença das médias não é estatisticamente significativa.

Utilizaremos o TratA por ter a maior média.

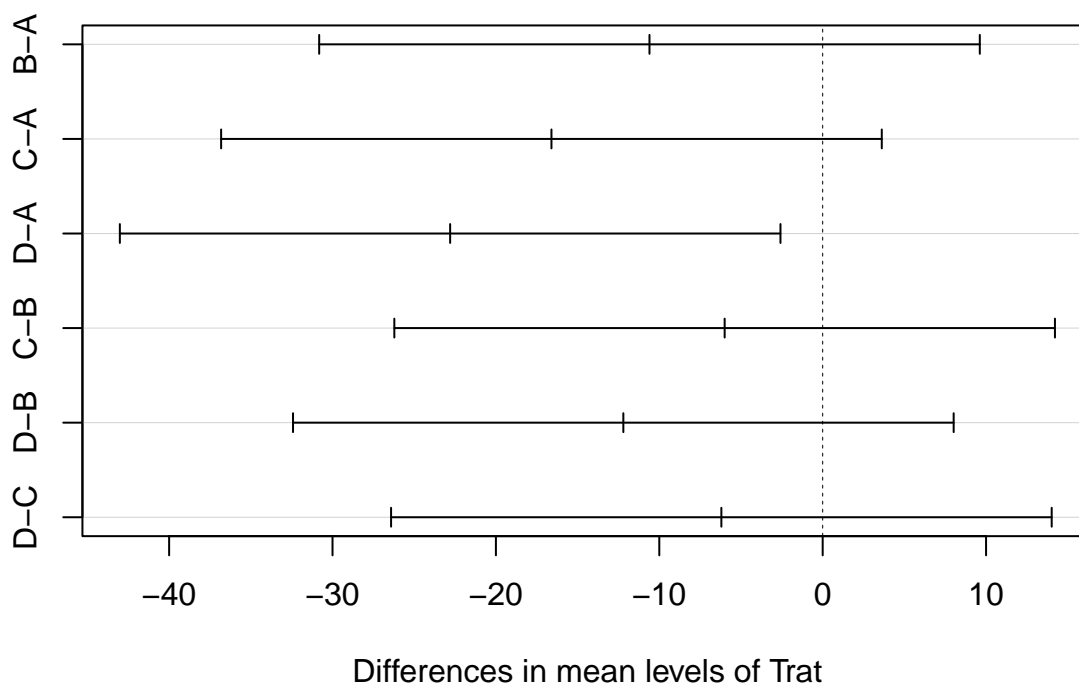
Teste de Tukey:

```
TukeyHSD(modelo)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = Resp ~ Trat, data = dados)
##
## $Trat
##      diff      lwr      upr    p adj
## B-A -10.6 -30.8163  9.616299 0.4602137
## C-A -16.6 -36.8163  3.616299 0.1281553
## D-A -22.8 -43.0163 -2.583701 0.0244592
## C-B  -6.0 -26.2163 14.216299 0.8303280
## D-B -12.2 -32.4163  8.016299 0.3429223
## D-C  -6.2 -26.4163 14.016299 0.8163995
```

```
plot(TukeyHSD(modelo))
```

95% family-wise confidence level



Somente D e A são diferentes entre si, como trat A tem maior média, ele será usado

Teste de Duncan:

```
resultado_duncan <- duncan.test(modelo, "Trat")
print(resultado_duncan)
```

```
## $statistics
##   MSError Df Mean      CV
##   124.825 16 69.5 16.07556
##
## $parameters
##   test name.t ntr alpha
##   Duncan  Trat   4  0.05
##
## $duncan
##   Table CriticalRange
## 2 2.997999      14.97950
## 3 3.143802      15.70801
## 4 3.234945      16.16340
##
## $means
##   Resp      std r      se Min Max Q25 Q50 Q75
```

```
## A 82.0 10.862780 5 4.996499 72 98 74 78 88
## B 71.4 17.096783 5 4.996499 55 96 56 71 79
## C 65.4 8.561542 5 4.996499 58 79 59 63 68
## D 59.2 3.962323 5 4.996499 54 65 58 59 60
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
## Resp groups
## A 82.0 a
## B 71.4 ab
## C 65.4 b
## D 59.2 b
##
## attr("class")
## [1] "group"
```

Diferença apenas entre o TratA - TratC e TratA - TratD.

SNK

$W1 = q(s/\sqrt{r})$

q = o valor na tabela de Tukey (nº de médias abrangidas pelo contraste, nº de g.l.Resíduo) $s = \sqrt{q_{merro}}$
r = numero de repetições

```
q <- qtkey(0.95, 4, 16)
s <- sqrt(124.83)
r <- 5
print(q*(s/sqrt(r)))
```

```
## [1] 20.2167
```

```
mean(tratA)-mean(tratD)
```

```
## [1] 22.8
```

```
mean(tratA)-mean(tratC)
```

```
## [1] 16.6
```

Como Yestimado>(contraste de duas médias) então rejeita-se H0. logo MA != MD, mas H0 é aceito entre MA, MB e MC

DUNNET

```
DunnettTest(list(tratA, tratB, tratC, tratD))
```

```
##
##   Dunnett's test for comparing several treatments with a control :
##     95% family-wise confidence level
##
## $'1'
##      diff      lwr.ci      upr.ci    pval
## 2-1 -10.6 -28.91969   7.719687 0.3361
## 3-1 -16.6 -34.91969   1.719687 0.0798 .
## 4-1 -22.8 -41.11969 -4.480313 0.0140 *
##
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

A média do tratD é significativamente diferente da média tratA, mas as médias do TratB e C não diferem significativamente.

```
A <- c(22, 25, 23, 26)
B <- c( 24, 27, 25, 29)
C <- c( 20, 22, 23, 21)
D <- c( 26, 28, 30, 29)
E <- c(26, 23, 21, 23)

X<- c(A,B,C,D,E)
Y <- rep(c("A", "B", "C", "D", "E"), each = 4)
dados <- data.frame(Resp=X,Trat=Y)
dados
```

4) Para avaliar a condição de fertilidade do solo de uma propriedade rural foram coletadas quatro amostras de cada um dos cinco tipos de solos. Os valores obtidos para o teor de carbono orgânico, em g.kg-1, em cada solo, foram:

```
##      Resp Trat
## 1      22    A
## 2      25    A
## 3      23    A
## 4      26    A
## 5      24    B
## 6      27    B
## 7      25    B
## 8      29    B
## 9      20    C
## 10     22    C
## 11     23    C
## 12     21    C
## 13     26    D
## 14     28    D
## 15     30    D
## 16     29    D
```



```
## 17 26 E
## 18 23 E
## 19 21 E
## 20 23 E
```

```
shapiro.test(dados$Resp)
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: dados$Resp
## W = 0.95566, p-value = 0.4612
```

pvalor maior que 0.05, dados estão normais(H0)

```
bartlett.test(Resp~Trat, data=dados)
```

```
##
## Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: Resp by Trat
## Bartlett's K-squared = 0.84319, df = 4, p-value = 0.9326
```

pvalor maior que 0.05, dados tem homogeneidade(H0)

```
modelo <- aov(Resp~Trat, data = dados)
anova(modelo)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Resp
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat      4 111.30  27.8250   8.1439 0.001067 **
## Residuals 15   51.25   3.4167
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Fcalc<- 27.8250/3.4167 #8.143823 qf(0.95,4,15) #3.055568 Como Fcalc>Ftab, rejeita-se H0, logo, pelo menos, um tratamento difere dos outros

```
AD <- c(7, 9, 10, 9)
AA <- c(18, 20, 17, 17)
LC <- c(15, 14, 15, 13)
AAR <- c(9, 7, 10, 8)
LCR <- c(9, 8, 10, 10)
```

5) Um experimento foi conduzido para avaliar diferentes métodos de conservação das espiguetas de mini milho com a finalidade de proporcionar um produto com qualidade. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições, sendo as parcelas constituídas por três embalagens, contendo cada uma, 15 espiguetas. A variável medida foi o teor de vitamina C. Os tratamentos e os valores de vitamina C, em mg/100g, obtidos foram:

a) **Elabore um conjunto de contrastes ortogonais úteis para o pesquisador:** $Y = 4m_1 - m_2 - m_3 - m_4 - m_5$ $h_0 = y = 0 \Leftrightarrow m_1 = (m_2 + m_3 + m_4 + m_5)/4$

$Y_2 = m_1 - m_2$ $h_0 = y_2 = 0 \Leftrightarrow m_1 = m_2$

b) **Explique o significado de cada contraste:** O contraste Y verifica ser a media do tratamento 1 é igual a média dos tratamentos restantes. Já o Y2 verifica a igualdade da média de dois tratamentos.

```
X<- c(AD,AA,LC,AAR,LCR)
Y <- rep(c("A", "B", "C", "D", "E"), each = 4)
dados <- data.frame(Resp=X,Trat=Y)
dados
```

c) **Elabore a análise da variância, com interpretação dos resultados:**

```
##      Resp Trat
## 1      7    A
## 2      9    A
## 3     10    A
## 4      9    A
## 5     18    B
## 6     20    B
## 7     17    B
## 8     17    B
## 9     15    C
## 10     14    C
## 11     15    C
## 12     13    C
## 13      9    D
## 14      7    D
## 15     10    D
## 16      8    D
## 17      9    E
## 18      8    E
## 19     10    E
## 20     10    E
```

```
shapiro.test(dados$Resp)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados$Resp
## W = 0.88768, p-value = 0.02438
```

pvalor menor que 0.05, dados não estão normais(H_0)

```
bartlett.test(Resp~Trat, data=dados)
```

```
##
## Bartlett test of homogeneity of variances
##
## data: Resp by Trat
## Bartlett's K-squared = 0.66719, df = 4, p-value = 0.9553
```

pvalor maior que 0.05, dados tem homogeneidade(H_0)

```
modelo <- aov(Resp~Trat, data = dados)
anova(modelo)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Resp
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat       4  284.50   71.125   50.206 1.648e-08 ***
## Residuals  15   21.25    1.417
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Hipótese:

$$\begin{cases} H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = \beta_4 = 0 \\ H_1 : \text{pelo menos um } \beta \text{ difere de zero} \end{cases}$$

Dado que nosso modelo possui p-value: $1.648e-08 < 0.05$, podemos concluir que há 5% nível de significância ele rejeita H_0 , logo o modelo é significativo.

d) Aplique o teste de Tukey (5%) e o teste SNK (5%). Comente os resultados. Tukey:

```
TukeyHSD(modelo)
```

```
## Tukey multiple comparisons of means
## 95% family-wise confidence level
##
## Fit: aov(formula = Resp ~ Trat, data = dados)
##
## $Trat
##      diff      lwr      upr      p adj
## B-A  9.25  6.651124 11.848876 0.0000001
## C-A  5.50  2.901124  8.098876 0.0000799
## D-A -0.25 -2.848876  2.348876 0.9981018
## E-A  0.50 -2.098876  3.098876 0.9738847
## C-B -3.75 -6.348876 -1.151124 0.0036007
## D-B -9.50 -12.098876 -6.901124 0.0000001
## E-B -8.75 -11.348876 -6.151124 0.0000003
## D-C -5.75 -8.348876 -3.151124 0.0000483
## E-C -5.00 -7.598876 -2.401124 0.0002256
## E-D  0.75 -1.848876  3.348876 0.8957929
```

B-A, C-A, C-B, D-B, E-B, D-C, E-C são diferentes entre si/

SNK

$W1 = q(s/\sqrt{r})$

q = o valor na tabela de Tukey (nº de médias abrangidas pelo contraste, nº de g.l.Resíduo) s = sqrt(qmerro)
r = numero de repetições

```
q <- qtkey(0.95, 5, 15)
s <- sqrt(1.417)
r <- 4
print(q*(s/sqrt(r)))
```

```
## [1] 2.599181
```

```
mean(AD)
```

```
## [1] 8.75
```

```
mean(AA)
```

```
## [1] 18
```

```
mean(LC)
```

```
## [1] 14.25
```

```
mean(AAR)
```

```
## [1] 8.5
```

```
mean(LCR)
```

```
## [1] 9.25
```

```
mean(LCR)-mean(AAR)
```

```
## [1] 0.75
```

```
mean(LCR)-mean(AD)
```

```
## [1] 0.5
```

```
mean(AD)-mean(AAR)
```

```
## [1] 0.25
```

mean(AD) Como Yestimado>(contraste de duas médias) então rejeita-se H0. logo LC != AA, mas H0 é aceito entre LCR, AD e AAR

```

RC <- c( 4.6, 5.1, 5.8, 5.5)
RCE <- c( 6.0, 7.1, 7.2, 6.8)
RCEV <- c( 5.8, 7.2, 6.9, 6.7)
RCF <- c(5.6, 4.9, 5.9, 5.7)
RCFV <- c(1.0, 5.5, 5.1, 5.9)

X <-c(RC, RCE, RCEV, RCF, RCFV)
Y <- rep(c("A", "B", "C", "D", "E"), each = 4)
dados <- data.frame(Resp=X,Trat=Y)
dados

```

6) Um experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições, para o desenvolvimento de peixe tipo lambari quando tratados por diferentes rações. Os tratamentos e valores de comprimento dos peixes, em cm, foram:

```

##      Resp Trat
## 1    4.6    A
## 2    5.1    A
## 3    5.8    A
## 4    5.5    A
## 5    6.0    B
## 6    7.1    B
## 7    7.2    B
## 8    6.8    B
## 9    5.8    C
## 10   7.2    C
## 11   6.9    C
## 12   6.7    C
## 13   5.6    D
## 14   4.9    D
## 15   5.9    D
## 16   5.7    D
## 17   1.0    E
## 18   5.5    E
## 19   5.1    E
## 20   5.9    E

```

```

modelo <- aov(Resp~Trat, data = dados)
anova(modelo)

```

```

## Analysis of Variance Table
##
## Response: Resp
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat         4  16.183   4.0458   3.2173 0.04285 *
## Residuals   15  18.863   1.2575
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Dado que nosso modelo possui p-value: < 0.04285 , podemos concluir que há 5% nível de significância ele rejeita H_0 , logo o modelo é significativo.

```

a <- c(21,23,26,21,22)
b <- c(8,10,6,0,9)
c <- c(11,10,14,14,12)
d <- c(29,25,31,33,30)
e <- c(12,13,15,11,15)
t <- c(2,4,0,2,2)

X <-c(a, b, c, d, e, t)
Y <- rep(c("A", "B", "C","D", "E", "T"), each = 5)
dados <- data.frame(Resp=X,Trat=Y)
dados

```

7) Um experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições, para avaliar o efeito de cinco medicamentos na diminuição da pressão arterial de animais experimentais. Para isso, o pesquisador escolheu ao acaso 30 animais do mesmo tipo e dividiu ao acaso em seis grupos, sendo que em cada grupo os animais receberam o mesmo medicamento. Exceto pelos medicamentos (identificados por A, B, C, D, E e T), todos os animais tiveram o mesmo cuidado e mesma alimentação, sendo criados na mesma área experimental. Após o período de avaliação, os animais sorteados na área experimental bem como os tratamentos e os valores da pressão arterial foram:

##	Resp	Trat
## 1	21	A
## 2	23	A
## 3	26	A
## 4	21	A
## 5	22	A
## 6	8	B
## 7	10	B
## 8	6	B
## 9	0	B
## 10	9	B
## 11	11	C
## 12	10	C
## 13	14	C
## 14	14	C
## 15	12	C
## 16	29	D
## 17	25	D
## 18	31	D
## 19	33	D
## 20	30	D
## 21	12	E
## 22	13	E
## 23	15	E
## 24	11	E
## 25	15	E
## 26	2	T
## 27	4	T
## 28	0	T
## 29	2	T
## 30	2	T

```
shapiro.test(dados$Resp)
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados$Resp  
## W = 0.94745, p-value = 0.1444
```

pvalor maior que 0.05, dados estão normais(H_0)

```
bartlett.test(Resp~Trat, data=dados)
```

```
##  
## Bartlett test of homogeneity of variances  
##  
## data: Resp by Trat  
## Bartlett's K-squared = 5.6527, df = 5, p-value = 0.3415
```

pvalor maior que 0.05, dados tem homogeneidade(H_0)

```
modelo <- aov(Resp~Trat, data = dados)  
anova(modelo)
```

```
## Analysis of Variance Table  
##  
## Response: Resp  
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)  
## Trat         5 2595.8   519.15    83.51 2.232e-14 ***  
## Residuals    24  149.2     6.22  
## ---  
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Dado que nosso modelo possui p-value: $2.232e-14 < 0.05$, podemos concluir que há 5% nível de significância ele rejeita H_0 , logo o modelo é significativo.

```
SC <- c( 2.9, 3.2, 2.4)  
CM <- c( 8.0, 10.6, 9.8)  
HA_5 <- c(5.6, 6.0, 6.7)  
HB_1 <- c( 7.7, 8.8, 7.9)  
HB_5 <- c( 4.3, 6.5, 5.6)  
HB_1 <- c( 5.5, 5.1, 6.9)
```

8) Um experimento foi conduzido no delineamento em blocos casualizado, com três repetições, para estudar diferentes métodos de controle de plantas daninhas sobre a produção de grãos de milho. Os tratamentos e valores de produção de grãos (t/ha) foram: