

## Lista 2 - Planejamento de Experimentos

Camila Braz Soares

19 de maio de 2021

##

checking for file 'C:\Users\Camila Braz\AppData\Local\Temp\Rtmp4i6zbG\file1fd842837be\DESCRIPTION' .

checking for file 'C:\Users\Camila Braz\AppData\Local\Temp\Rtmp4i6zbG\file1fd842837be\DESCRIPTION' .

v checking for file 'C:\Users\Camila Braz\AppData\Local\Temp\Rtmp4i6zbG\file1fd842837be\DESCRIPTION' (  
##

- preparing 'labestData': (31.5s)

## checking DESCRIPTION meta-information ...

checking DESCRIPTION meta-information ...

v checking DESCRIPTION meta-information

##

- checking for LF line-endings in source and make files and shell scripts (12.9s)

##

- checking for empty or unneeded directories (783ms)

##

- building 'labestData\_0.0-17.458.tar.gz' (1.4s)

##

##

## Questão 4

### LETRA A

O conjunto de dados *PimentelEg5.2* refere-se ao experimento de competição de variedades de batatinha feito pelo Engenheiro Agrônomo Oscar A. Garay em Balcare, Argentina. O experimento foi realizado em blocos casualizados. O conjunto de dados possui 32 observações e 3 variáveis, são elas: o bloco, a variedade e a produção.

FORMATO:

Um *data.frame* com 32 observações e 3 variáveis, em que:

- BLOCO

Fator de 4 níveis qualitativos, usado para controle local.

- VARIEDADE

Fator de 8 níveis qualitativos que são as variedades de batatinha.

- PRODUÇÃO

Produção de batatinha, em  $\text{ton ha}^{-1}$ , nas unidades experimentais.

### LETRA B

**\*\* Hipóteses para os tratamentos:\*\***

$H_0 : \tau_1 = \tau_2 = \tau_3 = \tau_4$   $H_1$  : pelo menos dois tratamentos possuem médias diferentes.

**\*\* Hipóteses para os blocos:\*\***

$H_0 : B_1 = B_2 = B_3 = B_4$   $H_1$  : pelo menos um dos blocos possuem médias diferentes.

### LETRA C

#### Erros para os tratamentos

**Erro tipo I:** Afirar que existem pelo menos dois tratamentos com efeitos diferentes, quando na realidade, todos os tratamentos possuem o mesmo efeito.

**Erro tipo II:** Afirar que todos os tratamentos são iguais, quando na realidade existem pelo menos dois tratamentos diferentes.

#### Erros para os blocos

**Erro tipo I:** Afirar que existem pelo menos dois blocos com efeitos diferentes, quando na realidade, todos os blocos possuem o mesmo efeito.

**Erro tipo II:** Afirar que todos os blocos são iguais, quando na realidade existem pelo menos dois blocos diferentes.

### LETRA D

Fonte de variação	g.l.	Soma Quad.	Média Quad.	F	P-valor
Tratamento	7	919,72	131,389	15,3744	5,723e-07
Bloco	3	50,53	16,843	1,9709	0,1493
Resíduos	21	179,46	8,546		
Total	31	1.149,71			

Como o p-valor do tratamento é muito pequeno ( $p\text{-valor} < 0,01$ ), temos evidências para rejeitar a hipótese nula ao nível de 1%, portanto, podemos afirmar que existem pelo menos dois tratamentos com efeitos diferentes.

Para os blocos, temos que  $p\text{-valor} = 0,1493 > 0,10$ , não temos evidências para rejeitar a hipótese nula, portanto, podemos afirmar que os efeitos dos blocos são iguais.

## LETRA E

```
dados = PimentelEg5.2
names(dados) = c("bloco", "trat", "resposta")

modelo.aov = aov(resposta~trat+bloco, data = dados)
TukeyC(modelo.aov)
```

```
## Results
##           Means G1 G2 G3
## S. Rafalela 25.45  a
## Huinkul     25.05  a
## B 72-53 A   22.80  a  b
## B 116-51    22.50  a  b
## B 1-52      22.27  a  b
## B 25-50 E   16.50    b  c
## Buena Vista 12.42    c
## Kennebec    10.70    c
##
## Sig.level
## 0.05
##
## Diff_Prob
##           S. Rafalela Huinkul B 72-53 A B 116-51 B 1-52 B 25-50 E Buena Vista
## S. Rafalela      0.000  0.400   2.650   2.950  3.175   8.950   13.025
## Huinkul          1.000  0.000   2.250   2.550  2.775   8.550   12.625
## B 72-53 A        0.896  0.952   0.000   0.300  0.525   6.300   10.375
## B 116-51         0.835  0.912   1.000   0.000  0.225   6.000   10.075
## B 1-52           0.780  0.872   1.000   1.000  0.000   5.775   9.850
## B 25-50 E        0.006  0.009   0.093   0.122  0.150   0.000   4.075
## Buena Vista      0.000  0.000   0.001   0.002  0.002   0.522   0.000
## Kennebec         0.000  0.000   0.000   0.000  0.000   0.146   0.989
##
##           Kennebec
## S. Rafalela   14.750
## Huinkul       14.350
## B 72-53 A     12.100
## B 116-51      11.800
## B 1-52        11.575
## B 25-50 E     5.800
## Buena Vista   1.725
## Kennebec      0.000
##
## MSD
##           S. Rafalela Huinkul B 72-53 A B 116-51 B 1-52 B 25-50 E Buena Vista
## S. Rafalela      0.000  6.933   6.933   6.933  6.933   6.933   6.933
## Huinkul          6.933  0.000   6.933   6.933  6.933   6.933   6.933
## B 72-53 A        6.933  6.933   0.000   6.933  6.933   6.933   6.933
```

## B 116-51	6.933	6.933	6.933	0.000	6.933	6.933	6.933
## B 1-52	6.933	6.933	6.933	6.933	0.000	6.933	6.933
## B 25-50 E	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933	0.000	6.933
## Buena Vista	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933	0.000
## Kennebec	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933	6.933
##	Kennebec						
## S. Rafalela	6.933						
## Huinkul	6.933						
## B 72-53 A	6.933						
## B 116-51	6.933						
## B 1-52	6.933						
## B 25-50 E	6.933						
## Buena Vista	6.933						
## Kennebec	0.000						

De acordo com o Teste de Tukey temos que os melhores testes são o S. Rafalela e o Huinkul ao nível de 5%.

## LETRA F

### Teste de Normalidade

Para testar se os resíduos possuem distribuição Normal, vamos utilizar os teste de Shapiro-Wilks, cujas hipóteses são:

$H_0$  : Os dados seguem uma distribuição Normal.

$H_1$  : Os dados não seguem uma distribuição Normal.

```
modelo = lm(resposta~trat+bloco, data = dados)
```

```
shapiro.test(rstandard(modelo))
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  rstandard(modelo)
## W = 0.96895, p-value = 0.471
```

Como p-valor = 0,471 > 0,05, não temos evidências para rejeitar a hipótese de normalidade, portanto podemos afirmar que os resíduos seguem uma distribuição Normal.

### Teste de homocedasticidade

Agora vamos testar se os resíduos possuem homocedasticidade utilizando o teste de Breusch-Pagan, cujas hipóteses são:

$H_0$  : Os dados são homocedásticos.

$H_1$  : Os dados não são homocedásticos.

```
bptest(modelo)
```

```
##
## studentized Breusch-Pagan test
##
## data:  modelo
## BP = 11.955, df = 10, p-value = 0.2881
```

A partir do teste de Breusch-Pagan obtemos um p-valor = 0,2881 > 0,05, portanto, não temos evidências para rejeitar a hipótese de homocedasticidade, portanto, podemos afirmar ao nível de 5% de significância os resíduos são homocedásticos.