

Lista3Planejamento

Questão 1

```
#install.packages("FrF2")
library(FrF2)

planej = FrF2(nfactors = 2,
  nruns = 2^2,
  factor.names = c("B", "A"), # Invertendo a ordem para se adequar a tabela da questão
  replications = 3,
  randomize = FALSE)

rendimento = c(1.30,1.26,1.05,1.52,
               1.19,1.21,1.00,1.56,
               1.08,1.19,1.05,1.55)

planej = add.response(planej, rendimento)
knitr::kable(planej)
```

B	A	Blocks	rendimento
-1	-1	.1	1.30
1	-1	.1	1.26
-1	1	.1	1.05
1	1	.1	1.52
-1	-1	.2	1.19
1	-1	.2	1.21
-1	1	.2	1.00
1	1	.2	1.56
-1	-1	.3	1.08
1	-1	.3	1.19
-1	1	.3	1.05

B	A	Blocks	rendimento
1	1	.3	1.55

```
modelo <- lm(rendimento ~ A * B, data =
planej)
```

```
anova <- aov(modelo)
```

```
summary(anova)
```

```

              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
A              1  0.02083   0.02083    5.682 0.044292 *
B              1  0.21870   0.21870   59.645 5.62e-05 ***
A:B            1  0.17280   0.17280   47.127 0.000129 ***
Residuals      8  0.02933   0.00367
---
```

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

O teste ANOVA indica que os fatores A e B, juntamente com sua interação, tem um impacto significativo no ganho de peso.

Representação gráfica

```
library(ggplot2)
```

```
# Criando a combinação de cada fator três vezes
```

```
A <- rep(c("A0", "A1"), each = 6) # each: repete cada item
```

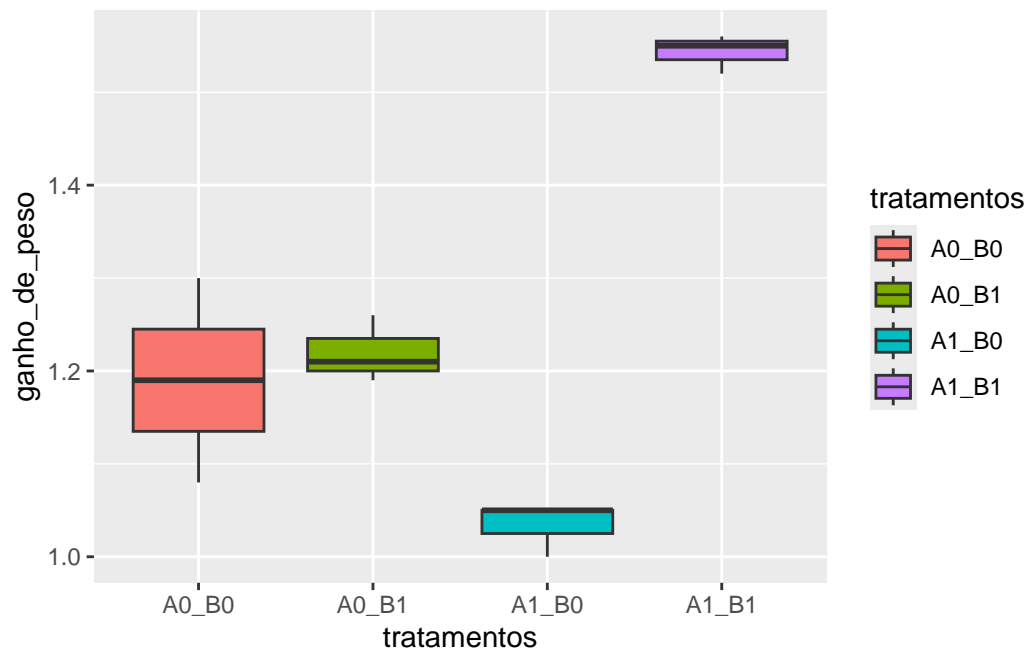
```
B <- rep(c("B0", "B1", "B0", "B1"), each = 3) # times: repete todo o vetor duas vezes
```

```
tratamentos <- paste0(A,"_", B)
```

```
ganho_de_peso <- c(1.30, 1.19, 1.08, # Primeira combinação
                  1.26, 1.21, 1.19, # Segunda combinação
                  1.05, 1.00, 1.05, # Terceira combinação
                  1.52, 1.56, 1.55 # Quarta combinação
                  )
```

```
dados <- data.frame(tratamentos, ganho_de_peso)
```

```
ggplot(dados, aes(x=tratamentos, y=ganho_de_peso, fill=tratamentos)) +  
  geom_boxplot()
```



Avaliação dos pressupostos do modelo

Hipótese de normalidade:

H_0 : os dados seguem uma distribuição normal

H_1 : os dados não seguem uma distribuição normal

```
shapiro.test(modelo$residuals)
```

Shapiro-Wilk normality test

data: modelo\$residuals

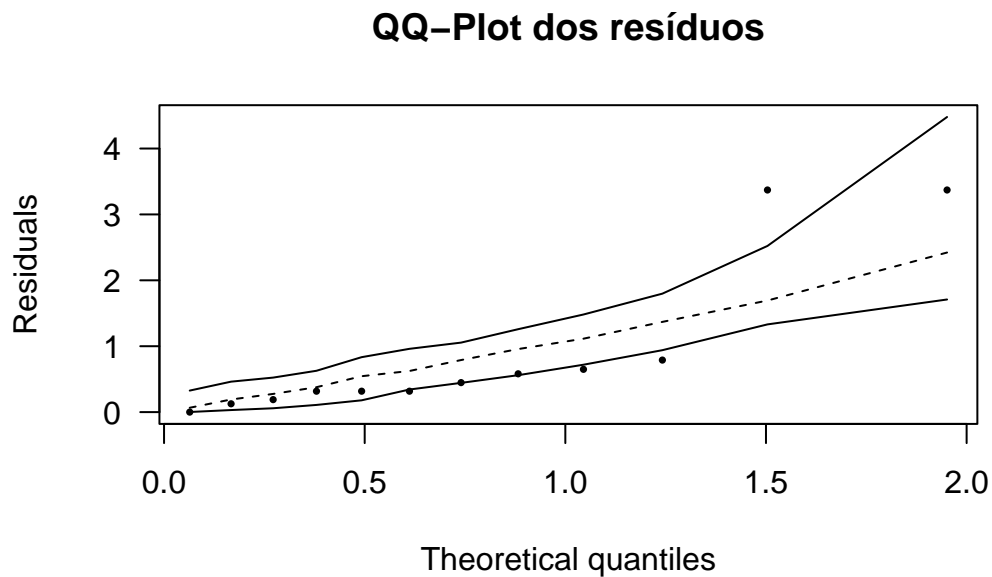
W = 0.92577, p-value = 0.3375

Como p-valor do teste de Shapiro foi de 0.337, ou seja, maior que o nível de 5% de significância não rejeitamos a hipótese nula, portanto temos indícios para acreditar que os dados seguem uma distribuição normal.

Gráfico de normalidade

```
library(hnp)
hnp::hnp(anova, las=1, pch=16, main="QQ-Plot dos resíduos")
```

Gaussian model (aov object)



Hipótese de homocedasticidade:

H_0 : A variância é constante (homocedasticidade)

H_1 : A variância não é constante (heterocedasticidade)

```
with(planej, bartlett.test(anova$residuals~A))
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: anova\$residuals by A
Bartlett's K-squared = 5.2419, df = 1, p-value = 0.02205

```
with(planej, bartlett.test(anova$residuals~B))
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: anova\$residuals by B
Bartlett's K-squared = 3.9773, df = 1, p-value = 0.04612

```
tratamentos<-rep(c(paste("T",1:4)),e=3)  
with(planej, bartlett.test(anova$residuals~tratamentos))
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: anova\$residuals by tratamentos
Bartlett's K-squared = 4.2451, df = 3, p-value = 0.2362

Para os fatores A e B, os p-valores (0.02205 e 0.04612, respectivamente) são inferiores a 0.05, indicando que há evidências para rejeitar a hipótese nula de homogeneidade de variâncias, ou seja, as variâncias não são homogêneas entre os grupos desses fatores.

Já para o fator tratamentos, o p-valor (0.2362) é superior a 0.05, indicando que não há evidências suficientes para rejeitar a hipótese nula, sugerindo que as variâncias entre os grupos desse fator são homogêneas.

Independências das amostras::

H_0 : Não há autocorrelação positiva nos resíduos

H_1 : Existe autocorrelação positiva nos resíduos

```
lmtest::dwtest(anova)
```

Durbin-Watson test

```
data: anova
DW = 1.2087, p-value = 0.1707
alternative hypothesis: true autocorrelation is greater than 0
```

O p-valor ser igual a 0.1707 indica que não há evidências estatísticas suficientes para rejeitar a hipótese nula de ausência de autocorrelação nos resíduos.

Teste de comparações

```
library(ExpDes.pt)

with(planej, fat2.dic(A,B, rendimento,
                     mcomp="tukey",
                     fac.names = c("B","A")))
```

Legenda:

FATOR 1: B

FATOR 2: A

Quadro da análise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
B	1	0.02083	3	5.682	0.044292
A	1	0.21870	5	59.645	0.000056
B*A	1	0.17280	4	47.127	0.000129
Residuo	8	0.02933	2		
Total	11	0.44167	1		

CV = 4.86 %

Teste de normalidade dos residuos (Shapiro-Wilk)

valor-p: 0.3374582

De acordo com o teste de Shapiro-Wilk a 5% de significancia, os residuos podem ser considerados normais.

Interacao significativa: desdobrando a interacao

Desdobrando B dentro de cada nivel de A

Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
A	1	0.21870	0.21870	59.6455	1e-04
B:A -1	1	0.03682	0.03682	10.0409	0.0132
B:A 1	1	0.15682	0.15682	42.7682	2e-04
Residuo	8	0.02933	0.00367		
Total	11	0.44167	0.04015		

B dentro do nivel -1 de A

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	1	1.19
b	2	1.033333

B dentro do nivel 1 de A

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	2	1.543333
b	1	1.22

CI SO OM Ec Pr Ec

Níveis Médias

Teste de Tukey

a 2 1.543333

8

Questão 2

```
#install.packages("rsm")
library(rsm)

dados <- data.frame(
  x1 = c(-1, -1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0),
  x2 = c(-1, 1, -1, 1, 0, 0, 0, 0, 0),
  Y = c(76.5, 77.0, 78.0, 79.5, 79.9, 80.3, 80.0, 79.7, 79.8)
)

modelo <- rsm(Y ~ F0(x1,x2) + TWI(x1,x2), data = dados)
summary(modelo)
```

Call:

```
rsm(formula = Y ~ F0(x1, x2) + TWI(x1, x2), data = dados)
```

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	78.96667	0.49148	160.6702	1.772e-10 ***
x1	1.00000	0.73722	1.3564	0.2330
x2	0.50000	0.73722	0.6782	0.5277
x1:x2	0.25000	0.73722	0.3391	0.7483

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

Multiple R-squared: 0.3257, Adjusted R-squared: -0.07891

F-statistic: 0.805 on 3 and 5 DF, p-value: 0.5426

Analysis of Variance Table

Response: Y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
F0(x1, x2)	2	5.000	2.500	1.150	0.3882680
TWI(x1, x2)	1	0.250	0.250	0.115	0.7483056
Residuals	5	10.870	2.174		
Lack of fit	1	10.658	10.658	201.094	0.0001436
Pure error	4	0.212	0.053		

Stationary point of response surface:

x1 x2

-2 -4

Eigenanalysis:

eigen() decomposition

\$values

[1] 0.125 -0.125

\$vectors

 [,1] [,2]

x1 0.7071068 -0.7071068

x2 0.7071068 0.7071068

```
anova(modelo)
```

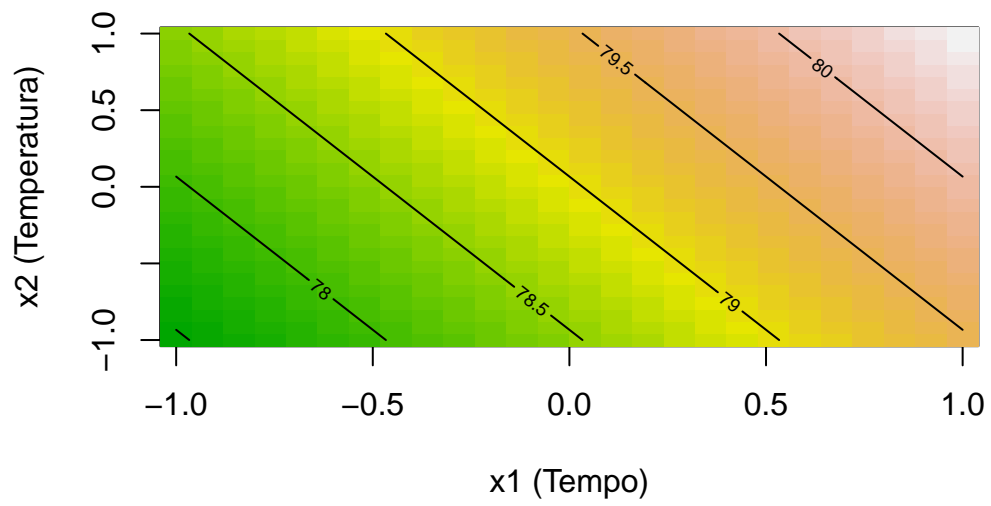
Analysis of Variance Table

Response: Y

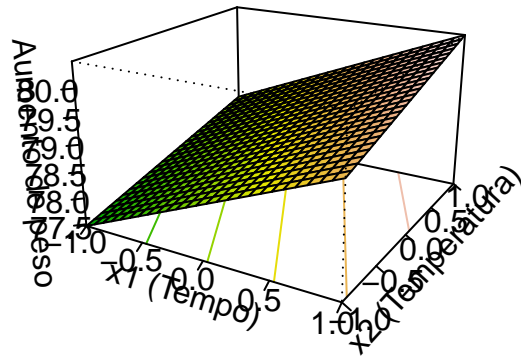
	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
FO(x1, x2)	2	5.00	2.500	1.150	0.3883
TWI(x1, x2)	1	0.25	0.250	0.115	0.7483
Residuals	5	10.87	2.174		

```
modelo1 <- rsm(Y ~ FO(x1,x2), data = dados)
```

```
contour(modelo1, ~x1 + x2,  
         image = TRUE,  
         xlabs = c("x1 (Tempo)", "x2 (Temperatura)"))
```



```
persp(modelo1, ~x1 + x2,
      theta = 30, phi = 20,
      expand = 0.6,
      col = terrain.colors(50), contours = "colors",
      zlab = "Aumento de peso", xlab = c("x1 (Tempo)", "x2 (Temperatura)"))
```



Questão 3

```
library(dplyr)

dados <- data.frame(
  Ordem = 1:16,
  Temperatura = c(-1, 1, -1, 1, -1, 1, -1, 1, -1, 1, -1, 1, -1, 1, -1, 1),
  Catalisador = c(-1, -1, 1, 1, -1, -1, 1, 1, -1, -1, 1, 1, -1, -1, 1, 1),
  Concentracao = c(-1, -1, -1, -1, 1, 1, 1, 1, -1, -1, -1, -1, 1, 1, 1, 1),
  Ph = c(-1, -1, -1, -1, -1, -1, -1, -1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1),
  Rendimento2 = c(54, 85, 49, 62, 64, 94, 56, 70, 52, 87, 49, 64, 64, 94, 58, 73)
)
```