

Laboratório 03 - Planejamento e Análise de Experimentos (MAE0316)

Caio M. de Almeida - 15444560 Eduardo Yukio G. Ishihara - 15449012
Gustavo S. Garone - 15458155 Ian B. Loures - 15459667
João Victor G. de Sousa - 15463912

26 de novembro de 2025

Neste laboratório, usaremos “.” como separador decimal, quatro dígitos decimais e a *seed* 123.

Exercício 1

Item a

A unidade experimental são as folhas, enquanto a unidade observacional são seus quadrantes.

Item b

Um DCA (Delineamento Completamente Aleatorizado) realiza a alocação aleatoriamente dos tratamentos às unidades experimentais, enquanto um DABC (Delineamento Aleatorizado em Blocos Completos) designa para cada bloco pelo menos uma repetição de cada tratamento.

Tabela 1: ANOVA para o modelo DCA

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Trat	2	941.4	470.7000	5.2914	0.0115
Residuals	27	2401.8	88.9556	NA	NA

Tabela 2: ANOVA para o modelo DABC

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Planta	4	1403.2	350.8000	8.0797	3e-04
Trat	2	941.4	470.7000	10.8413	5e-04
Residuals	23	998.6	43.4174	NA	NA

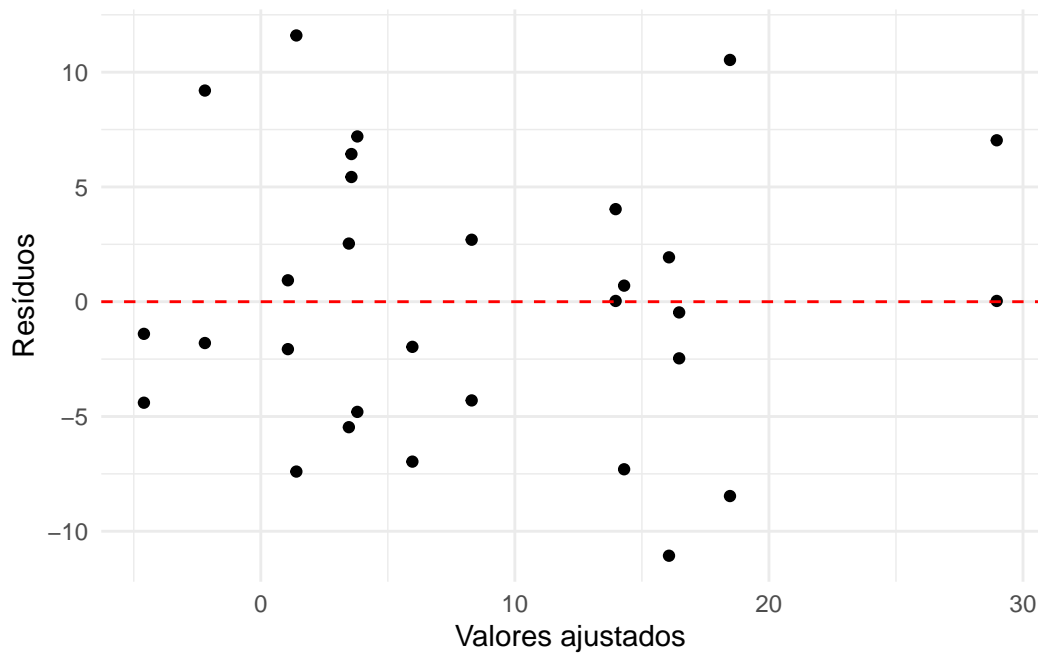
Vemos efeito significativo dos tratamentos em ambos modelos, como indica a Tabela 2 e a Tabela 1.

Porém, o modelo DABC efeito significativo para o fator Planta, o que indica que o modelo DABC é mais adequado para esses dados.

Verificação das suposições

Primeiramente, verificaremos as suposições do modelo com blocos (DABC)

Figura 1: Gráfico Resíduos x Ajustados para modelo DABC

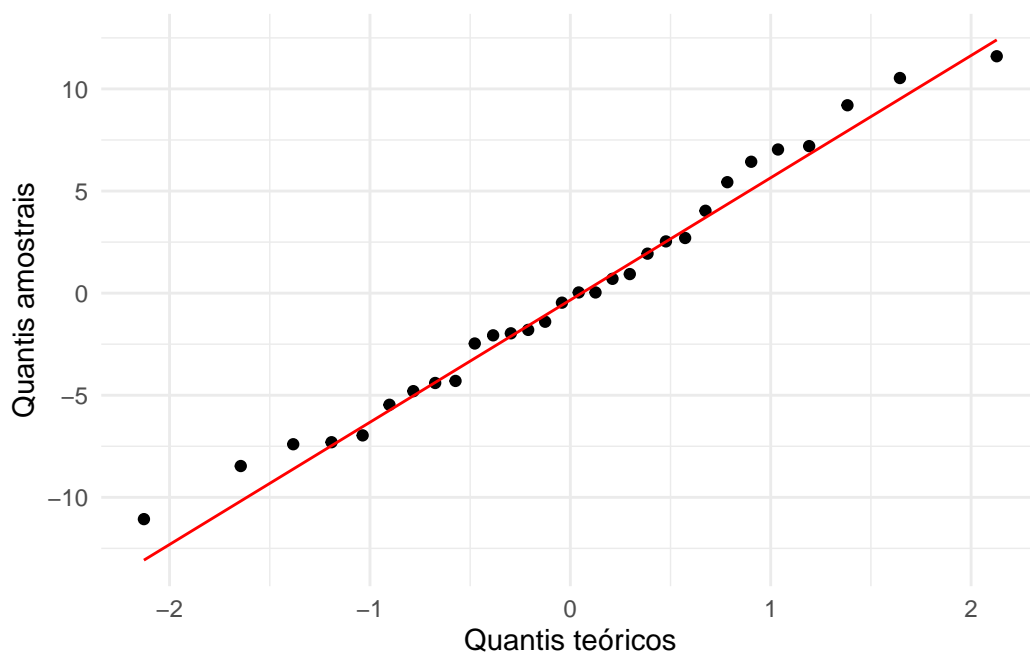


O gráfico de resíduos vs ajustados na Figura 1 não apresenta padrões evidentes, sugerindo homocedasticidade dos resíduos. Prosseguiremos com o teste de Shapiro-Wilk para normalidade dos resíduos, com resultados na Tabela 3, e um QQ-plot para visualização, na Figura 2.

Tabela 3: Teste de Shapiro-Wilk para os resíduos do modelo DABC

Estatística	Valor-p
0.9799	0.8235

Figura 2: QQ-Plot dos resíduos do modelo DABC



Finalmente, com normalidade não rejeitada, aplicamos o teste de Bartlett para verificar homocedasticidade, com resultados na Tabela 4.

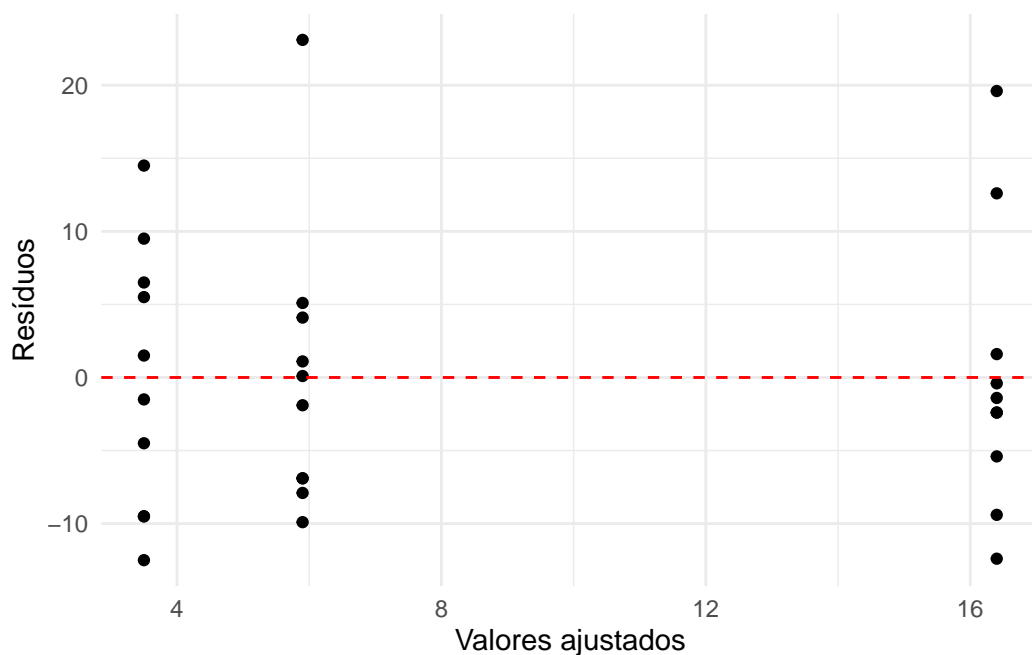
Tabela 4: Teste de Bartlett para os resíduos do modelo DABC

Estatística	Valor-p
2.6201	0.2698

Deste diagnóstico, concluímos que o modelo DABC satisfaz as suposições de normalidade e homocedasticidade dos resíduos. Dessa forma, por incluir **Planta** no modelo, o DABC é um modelo mais completo para esses dados. Sendo assim, poderíamos parar nossa análise por aqui, mas seguiremos com diagnóstico do modelo DCA.

Agora, verificaremos as suposições do modelo sem blocos (DCA)

Figura 3: Gráfico Resíduos x Ajustados para modelo DCA

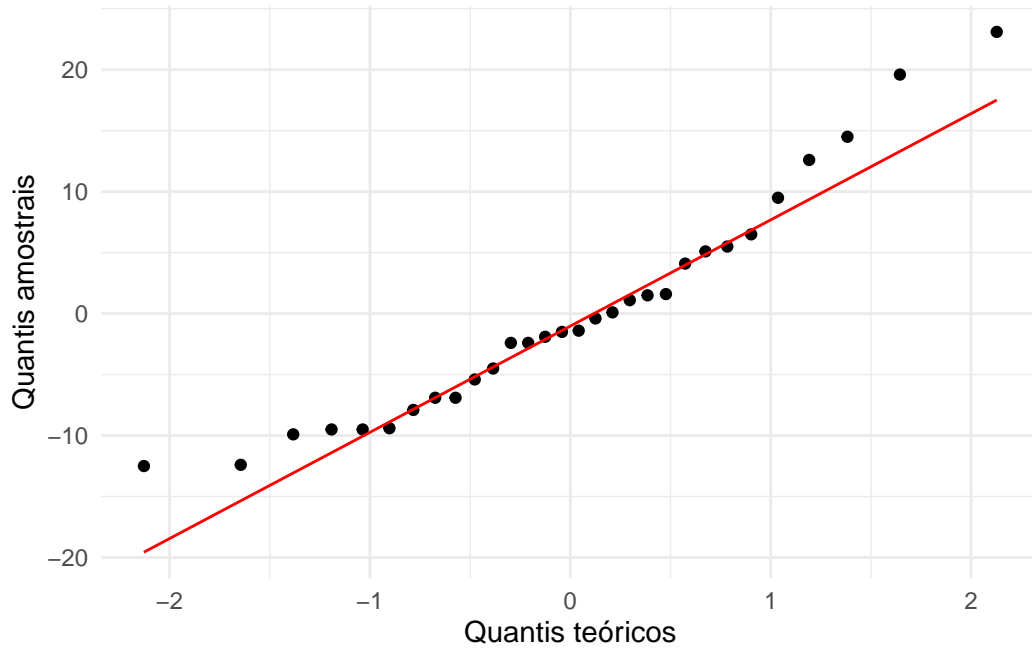


O gráfico de resíduos vs ajustados na Figura 3 pode indicar heterocedasticidade dos resíduos. Prosseguiremos com o teste de Shapiro-Wilk para normalidade dos resíduos, com resultados na Tabela 5, e um QQ-plot para visualização, na Figura 4.

Tabela 5: Teste de Shapiro-Wilk para os resíduos do modelo DCA

Estatística	Valor-p
0.9366	0.0738

Figura 4: QQ-Plot dos resíduos do modelo DCA



O QQ-plot na Figura 4 sugere que os resíduos podem não seguir uma distribuição normal, além disso, o teste de Shapiro-Wilk na Tabela 5 apresentou um **valor-p** bem mais baixo que do modelo DABC, indicando uma maior evidência contra a normalidade dos resíduos. Ainda assim, não rejeitou a normalidade ao nível de 5%.

Com desconfiança da normalidade, usaremos o teste de Levene para verificar homocedasticidade, com resultados na Tabela 6.

Tabela 6: Teste de Levene para os resíduos do modelo DCA

Estatística	Valor-p
0.0852	0.9186

O teste de Levene na Tabela 6 não rejeita a homocedasticidade dos resíduos. Ainda assim, o modelo DCA apresenta mais indícios de violação da normalidade do que o modelo DABC, que também modela melhor os dados. Desta forma, escolheríamos o modelo DABC para descrever esses dados. Por curiosidade, verificamos também os R^2 ajustados dos dois modelos, na Tabela 7.

Tabela 7: R^2 ajustado dos modelos DCA e DABC

Modelo	R^2 Ajustado
DCA	0.2284
DABC	0.6234

Tabela 8: ANOVA por permutação para o modelo DABC

Analysis of Variance Table

Response: Obser

	Df	R	Sum Sq	R	Mean Sq	Iter	Pr(Prob)
Planta	4		1403.2		350.80	5000	< 2.2e-16 ***
Trat	2		941.4		470.70	5000	< 2.2e-16 ***
Residuals	23		998.6		43.42		

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

Tabela 10: Teste de aleatorização com lmPerm

Item c

Realizaremos o teste de aleatorização para um modelo DABC, considerando que as suposições de normalidade e homocedasticidade foram satisfeitas.

De acordo com a Tabela 8, o teste de aleatorização também indica efeito significativo dos tratamentos. O valor-p do fator de tratamentos do teste de aleatorização global é 0 (menor que 0.0001).

Exercício 2

Conferimos os resultados obtidos pela geração de dados e implementação da aleatorização “Manual” no R

Tabela 9: Teste de aleatorização passo-a-passo

Comparacao	Dif_observada	p_raw	p_ajustado_Holm
A vs B	1.2962	0.0032	0.0096
A vs C	0.4258	0.3970	0.3970
B vs C	0.8704	0.0744	0.1488

Vamos comparar os resultados obtidos no passo-a-passo, na Tabela 9, com os obtidos pelo pacote lmPerm:

[1] "Settings: unique SS "

Analysis of Variance Table

Response: y

	Df	R	Sum Sq	R	Mean Sq	Iter	Pr(Prob)
bloco	5		0.4039		0.08078	5000	0.01 **
trat	2		5.2382		2.61912	5000	<2e-16 ***
Residuals	10		3.2218		0.32218		

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

Tabela 13: ANOVA por permutação para ‘EIF4’

```
[1] "Settings:  unique SS "
Analysis of Variance Table
```

```
Response: EIF4
```

```
      Df R Sum Sq R Mean Sq Iter Pr(Prob)
Fase    2    8.581    4.2906 1000    0.02 *
Residuals 69   72.954    1.0573
```

```
---
```

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

Exercício 3

Item a

Vamos comparar os grupos do gene **EIF4** e do miRNA **miR_150** primeiramente por medidas-resumos. Abaixo temos as tabelas com as estatísticas.

Tabela 11: Medidas-resumo para o gene ‘EIF4’

Gene	Grupo	Min	Med	Mean	Max	DP	EP
EIF4	CB (n = 14)	-0.3231	0.1326	0.6980	6.3798	1.8775	0.5018
EIF4	DS (n = 8)	-0.0639	0.0261	0.0640	0.3226	0.1242	0.0439
EIF4	FC (n = 50)	-0.3406	-0.3261	-0.1866	4.9320	0.7426	0.1050

Tabela 12: Medidas-resumo para o gene ‘miR_150’

Gene	Grupo	Min	Med	Mean	Max	DP	EP
miR_150	CB (n = 14)	-0.6604	-0.3949	0.2524	5.3202	1.5974	0.4269
miR_150	DS (n = 8)	-0.0337	0.9459	1.2883	3.9279	1.1818	0.4178
miR_150	FC (n = 50)	-0.6724	-0.4595	-0.2714	1.5428	0.5299	0.0749

Ao analisar a Tabela 11 e a Tabela 12, apesar do alto desvio-padrão, podemos perceber que tanto em **EIF4** e **miR_150**, as medidas quantílicas e a média amostral diferem entre si. Iremos testar a hipótese de que não há diferença entre os grupos usando um teste de permutação, com **maxIter** = 1000 para ser igual ao trabalho do CEA.

Como podemos perceber pelas tabelas, ao nível de significância de 0.05, há evidências para rejeitarmos ambas as hipóteses nulas iniciais, separadamente. Ou seja, há evidências para rejeitar que não há diferença entre os grupos para **EIF4** e **miR_150**.

Tabela 14: ANOVA por permutação para ‘miR_150’

```
[1] "Settings:  unique SS "  
Analysis of Variance Table
```

Response: miR_150

	Df	R	Sum Sq	R	Mean Sq	Iter	Pr(Prob)
Fase	2		17.852		8.9262	1000	< 2.2e-16 ***
Residuals	69		56.709		0.8219		

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