

Banco sem tratamento “none”

Itens a, b e c.

Abaixo, um sumário da ANOVA para o modelo simples (I) (considerando apenas o tratamento)

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Treatment	3	10769	3590	17.39	4.27e-09 ***
Residuals	96	19817	206		

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

e seus coeficientes:

(Intercept)	Treatment1 virgin	Treatment8 pregnant	Treatment8 virgin
64.80	-8.04	-1.44	-26.08

Agora, para o modelo com interação (II)

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Type	1	6675	6675	32.335	1.4e-07 ***
Partners	1	2372	2372	11.489	0.00102 **
Type:Partners	1	1722	1722	8.343	0.00479 **
Residuals	96	19817	206		

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

e seus coeficientes:

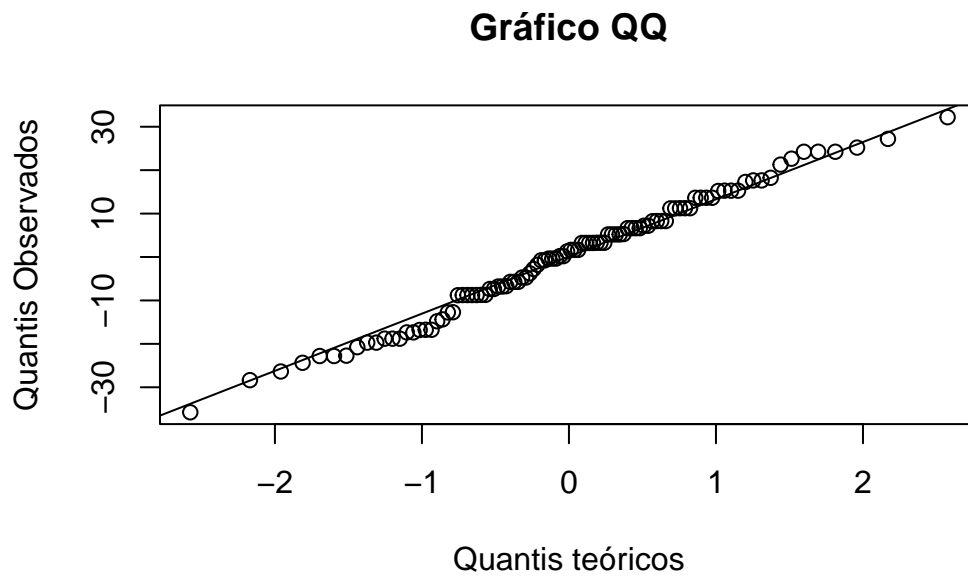
(Intercept)	Typevirgem	Partners8
64.80	-8.04	-1.44
Typevirgem:Partners8		
-16.60		

Notamos semelhanças no resultado do teste de hipótese (evidências de efeito do tratamento), nos valores de alguns coeficientes e na soma de quadrados dos resíduos. Notamos que o modelo com interação apresenta individualmente os resultados para os fatores, ao invés de agrupar tudo como tratamento, o que pode ser benéfico na análise.

Da tabela ANOVA com modelo com interações, concluímos que os parceiros, os tipos, e a interação entre parceiro e tipo são estatisticamente significantes para o modelo a $\alpha = 5\%$ de significância.

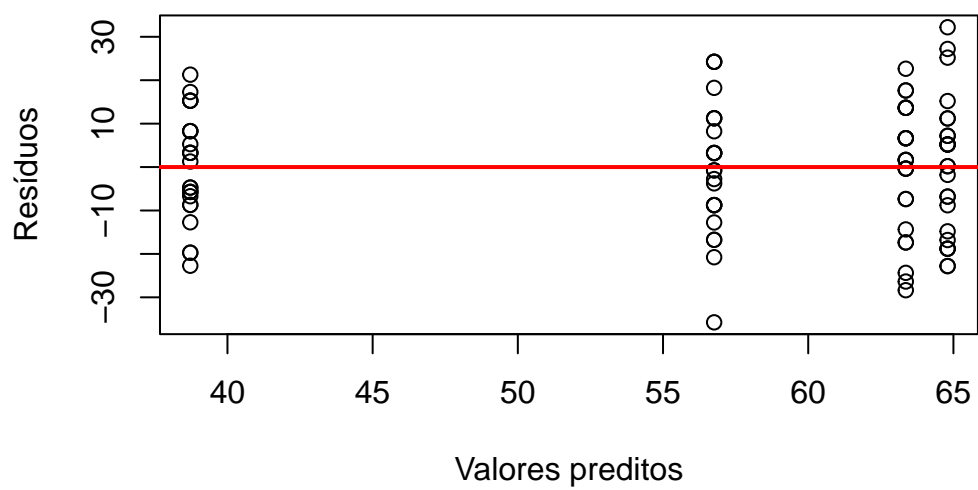
Item d

Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

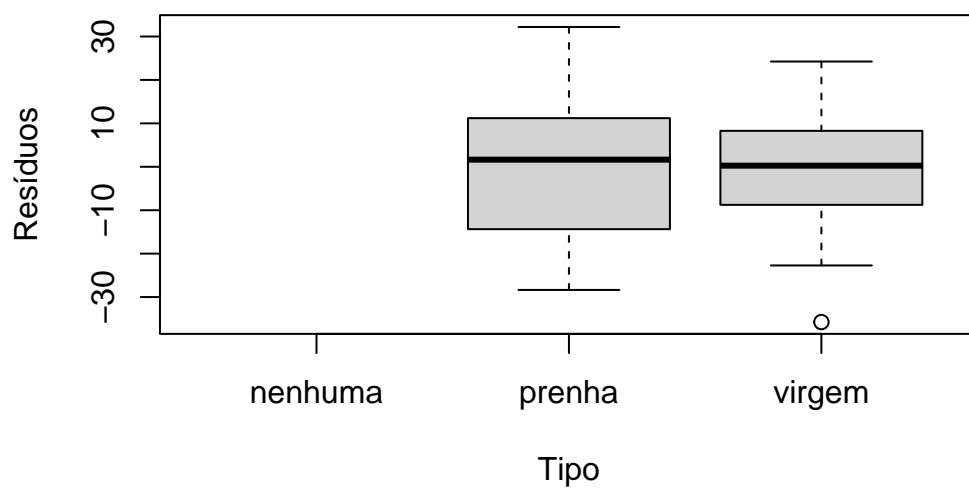


e comparação dos resíduos vs. ajustados

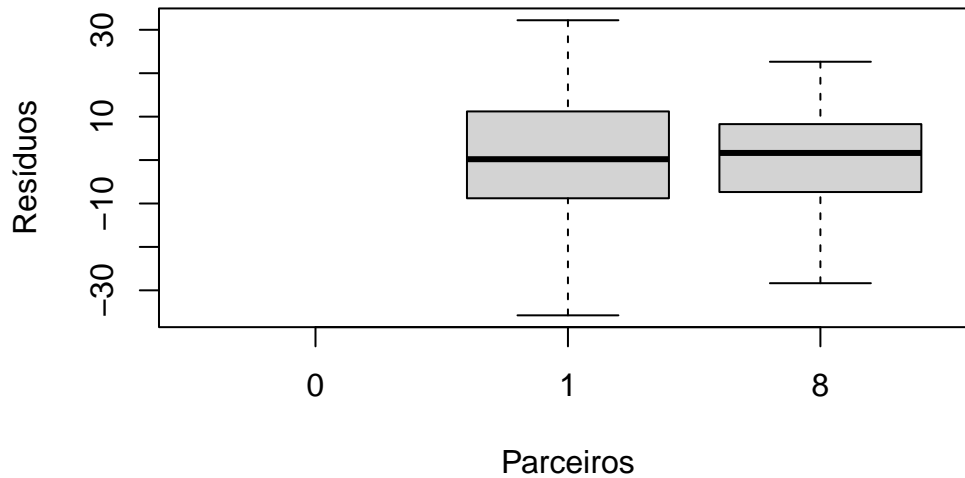
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wald:

Shapiro-Wilk normality test

```
data:  residuos
W = 0.98972, p-value = 0.6419
```

Para o teste de Levene:

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group 3  0.4027 0.7514
      96
```

Para o teste de Bartlett

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: Longevity by Type
Bartlett's K-squared = 0.32431, df = 1, p-value = 0.569
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: Longevity by Partners
Bartlett's K-squared = 1.0564, df = 1, p-value = 0.304
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: Longevity by interaction(Type, Partners)
Bartlett's K-squared = 1.6876, df = 3, p-value = 0.6397
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal. Conferimos um sumário do modelo:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Type * Partners, data = dat2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	1.46	9.01	32.20

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	64.800	2.874	22.551	< 2e-16 ***
Typevirgem	-8.040	4.064	-1.978	0.05074 .
Partners8	-1.440	4.064	-0.354	0.72386
Typevirgem:Partners8	-16.600	5.747	-2.888	0.00479 **

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

Residual standard error: 14.37 on 96 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.3521, Adjusted R-squared: 0.3318

F-statistic: 17.39 on 3 and 96 DF, p-value: 4.273e-09

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Item e

Temos um modelo cega de referência:

$$L_{ijk} = \tau_i + \beta_j + (\tau\beta)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

Esse modelo descreve a longevidade como combinação do efeito do tipo τ , dos parceiros β e sua interação $\tau\beta$. Como concluímos que todos os parâmetros são estatisticamente significantes nesse modelo, podemos dizer que tanto o número de parceiros como seu tipo afetam a longevidade das moscas. Também, como observamos na análise da interação dos fatores, há evidências para afirmar que existe efeito sobre a longevidade da mosca quando fica com números diferentes de parceiros do mesmo tipo. Por exemplo, quando fica com várias parceiras virgens. Como a interação é significativa, notamos também que se trata de um modelo não aditivo.

Item f

Faremos a ANOVA para o modelo de dois fatores, mas sem interação

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Type           1    6675     6675    30.06 3.32e-07 ***
Partners       1    2372     2372    10.68  0.0015 **
Residuals     97   21540         222
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

e seus coeficientes:

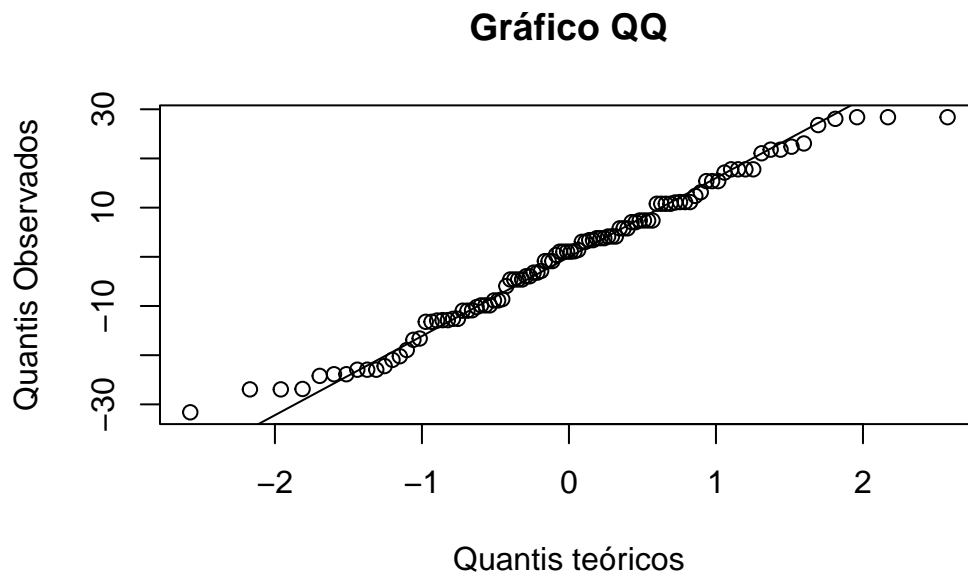
```
(Intercept)  Typevirgem  Partners8
        68.95       -16.34        -9.74
```

Notamos semelhanças no resultado do teste de hipótese (evidências de efeito do tratamento), nos valores de alguns coeficientes e na soma de quadrados dos resíduos. Notamos que o modelo com interação apresenta individualmente os resultados para os fatores, ao invés de agrupar tudo como tratamento, o que pode ser benéfico na análise.

Da tabela ANOVA com modelo com interações, concluímos que os parceiros, os tipos, e a interação entre parceiro e tipo são estatisticamente significantes para o modelo a $\alpha = 5\%$ de significância.

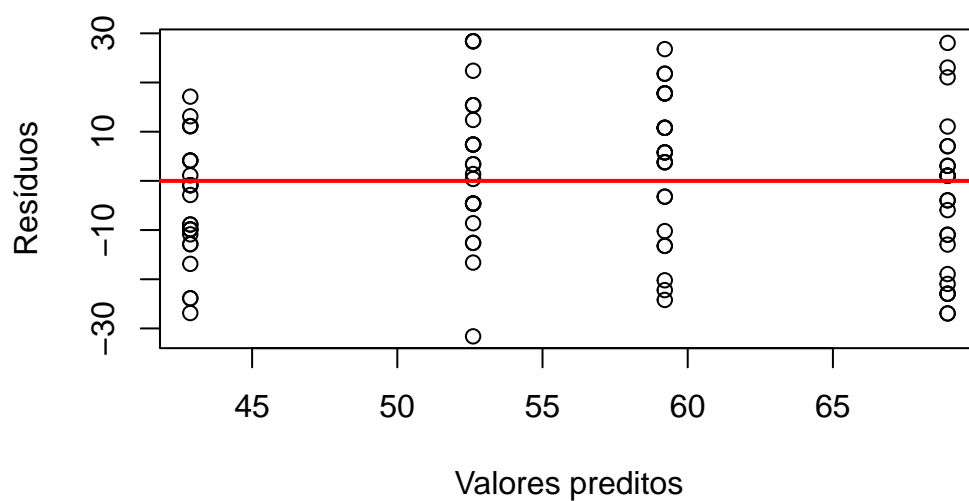
Item g

Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

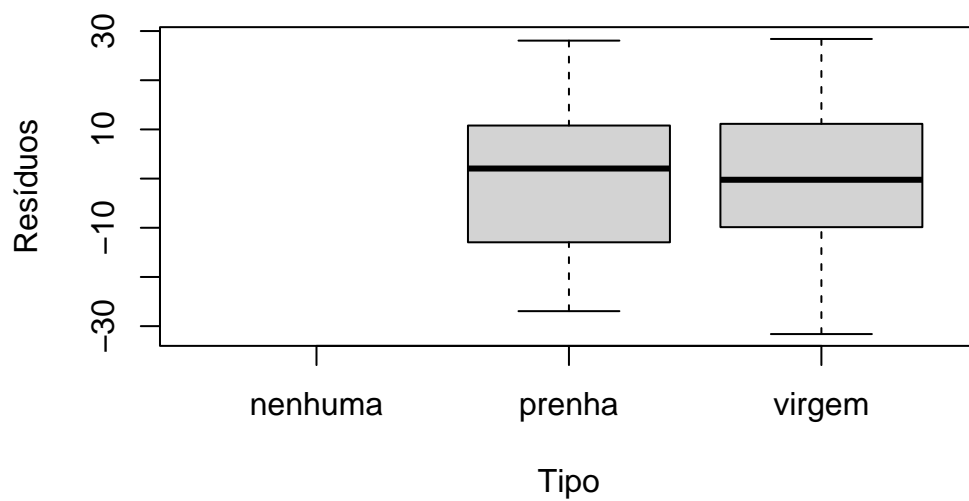


e comparação dos resíduos vs. ajustados

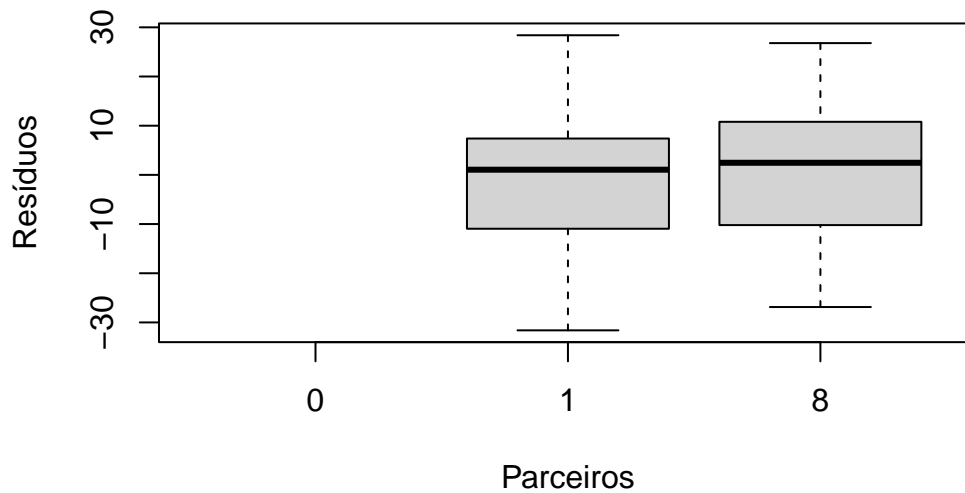
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wald:

Shapiro-Wilk normality test

```
data:  residuos
W = 0.98076, p-value = 0.1522
```

Para o teste de Bartlett

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data:  Longevity by Type
Bartlett's K-squared = 0.32431, df = 1, p-value = 0.569
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data:  Longevity by Partners
Bartlett's K-squared = 1.0564, df = 1, p-value = 0.304
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal. Conferimos um sumário do modelo:

```
Call:
lm(formula = Longevity ~ Type + Partners, data = dat2)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-31.61 -10.89   1.05  10.79  28.39

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   68.950      2.581  26.714 < 2e-16 ***
Typevirgem   -16.340      2.980  -5.483 3.32e-07 ***
Partners8     -9.740      2.980  -3.268 0.0015 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.9 on 97 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.2958,    Adjusted R-squared:  0.2813
F-statistic: 20.37 on 2 and 97 DF,  p-value: 4.112e-08
```

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Item e

Temos um modelo cega de referência:

$$L_{ijk} = \tau_i + \beta_j + (\tau\beta)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

Esse modelo descreve a longevidade como combinação do efeito do tipo τ , dos parceiros β e sua interação $\tau\beta$. Como concluimos que todos os parâmetros são estatisticamente significantes nesse modelo, podemos dizer que tanto o número de parceiros como seu tipo afetam a longevidade das moscas. Também, como observamos na análise da interação dos fatores, há evidências para afirmar que existe efeito sobre a longevidade da mosca quando fica com números diferentes de parceiros do mesmo tipo. Por exemplo, quando fica com várias parceiras virgens. Como a interação é significativa, notamos também que se trata de um modelo não aditivo.