

# SME0816 - Planejamento de Experimentos I

Trabalho 5 - Grupo 13

Beatrix Proença Carvalho 10408302      Francisco Rosa Dias de Miranda 4402962  
Heitor Carvalho Pinheiro 11833351

Maio 2022

# Contents

<b>Exercício 01</b>	<b>3</b>
Variável resposta e sua unidade . . . . .	4
Interpretação . . . . .	4
Índices de conversão maiores ou menores? . . . . .	4
Parcela utilizada . . . . .	4
Análise de variância . . . . .	4
Pressuposições básicas do modelo . . . . .	4
Existe efeito de tratamento? . . . . .	7
Desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos para um grupo de contrastes mutuamente ortogonais. . . . .	7
Contrastes utilizados . . . . .	8
Conclusões . . . . .	9

## Exercício 01

Foi realizado um experimento inteiramente casualizado com quatro tratamentos e 4 repetições, para estudar os efeitos de *Bacitracina de zinco (BDZ)* e *Anti-stress* no índice de conversão alimentar de frangos de corte, no período de 4 a 35 dias de idade, alimentados com rações à base de sorgo. Foram utilizados 540 pintos da raça “Cobb-100” da Granja Avisco - Mococa, SP., e os tratamentos empregados estão descritos na Tabela 01:

- Tratamentos:
  - A: Concentrado Comercial + Milho
  - B: Concentrado Comercial + Sorgo
  - C: Concentrado Comercial + Sorgo + BDZ
  - D: Concentrado Comercial + Sorgo + Anti-Stress

#Tabela 01

```
y <- c(2.10, 1.99, 2.02, 2.00, 2.35, 2.26, 2.18, 2.17, 2.02, 2.04, 2.03, 2.05, 2.05, 2.19, 2.11, 2.29, 2.30)

trat <- c(rep("A",4), rep("B",4), rep("C",4), rep("D",4))

trat <- as.factor(trat)

#creating a dataframe

df02 <- data.frame(trat,y)

#length of each treatment
n <- tapply(df02$y, df02$trat, length)

#mean of each treatment
means <- tapply(df02$y, df02$trat, mean)

#variances
sds <- tapply(df02$y, df02$trat, sd)

#summary dataframe

df02_ <- data.frame(n,means, round(sds,2))

df02 %>% group_by(trat) %>% summarise(n = n(),
                                             media = mean(y),
                                             variancia = var(y),
                                             desvio_padr = sd(y))

## # A tibble: 4 x 5
##   trat      n  media variancia desvio_padr
##   <fct> <int>   <dbl>     <dbl>       <dbl>
## 1 A        4    2.03    0.00249     0.0499
## 2 B        4    2.24    0.007      0.0837
## 3 C        4    2.04    0.000167    0.0129
## 4 D        4    2.22    0.00809    0.0900
```

Considere um nível de significância de 5%.

No estudo, em questão podemos considerar que os grupos (A,B) representam dois grupos controle distintos e (C,D) representariam o nosso grupo experimental.

## Variável resposta e sua unidade

A unidade resposta é a *conversão alimentar* uma medida da produtividade de rebanhos e criações. É definida como o consumo total de ração por um animal dividido pelo peso ganho pelo animal. Essa grandeza não possui unidade.

$$FCR = \frac{\text{Consumo total de alimento}}{\text{Ganho de massa corporal}}$$

O Índice de Conversão Alimentar (FCR) é adimensional, pois é razão das mesmas unidades de medida. (Em geral, kg)

## Interpretação

Quanto menor o *FeedConversionrate(FCR)* maior a produtividade e eficiência do animal.

## Índices de conversão maiores ou menores?

São desejáveis índices menores, que indicam uma maior conversão da respectiva dieta no peso das aves.

## Parcela utilizada

```
length(trat)/16
```

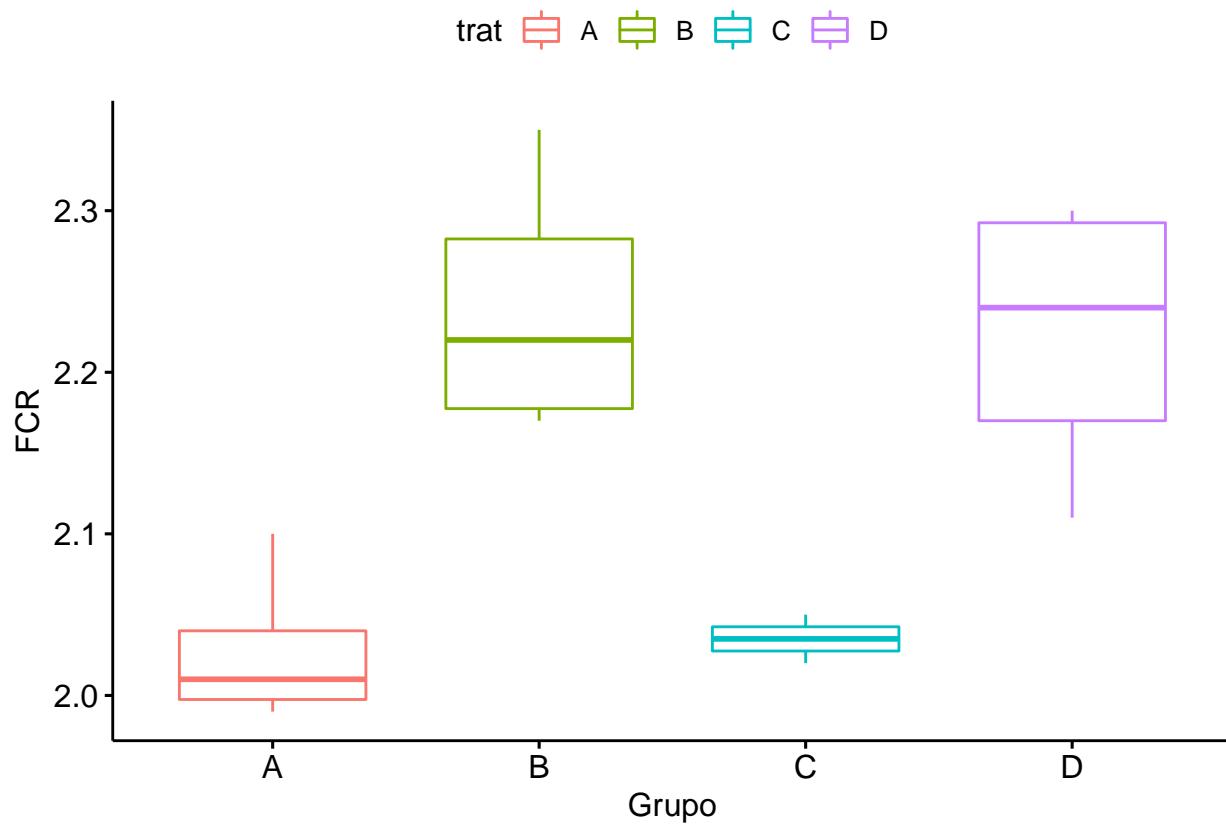
```
## [1] 1
```

A parcela utilizada possui tamanho 1.

## Análise de variância

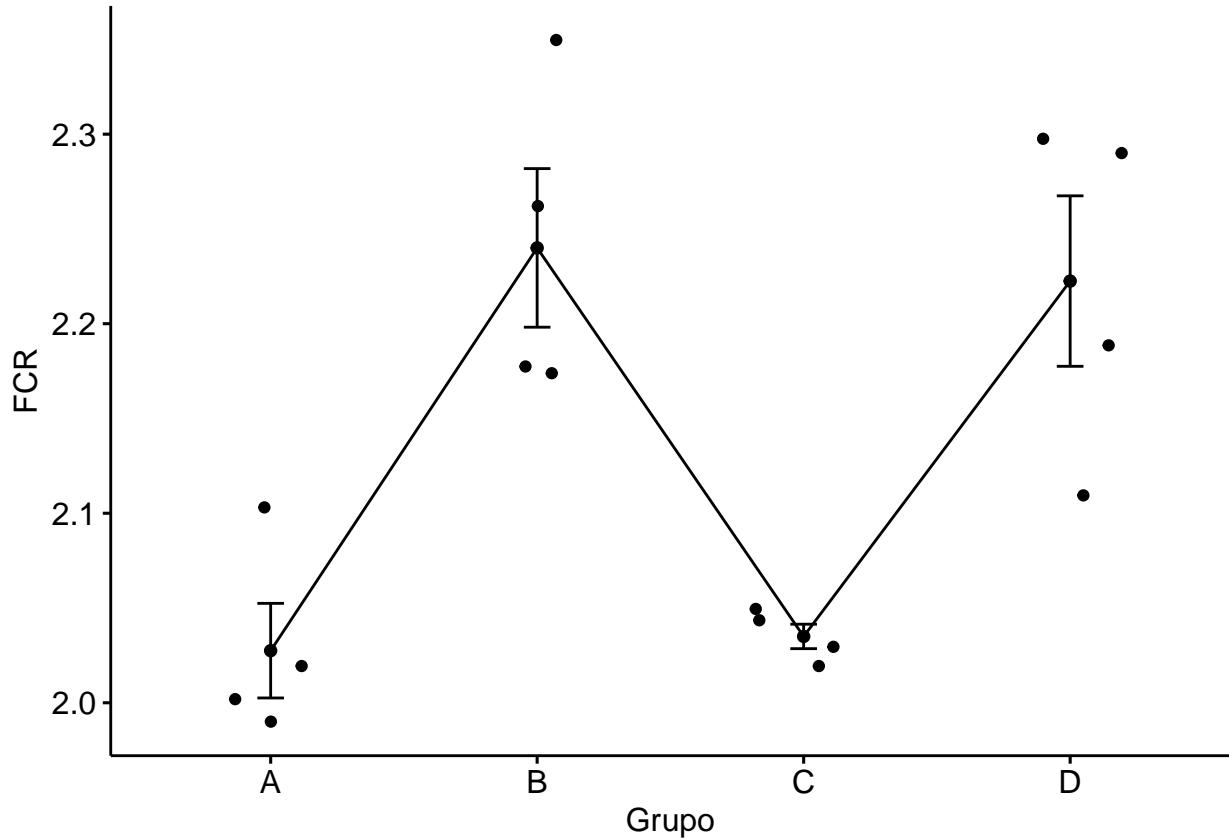
### Pressuposições básicas do modelo

```
#Verificando as pressuposições do para a ANOVA  
  
# Analise Exploratoria rapida  
ggboxplot(df02, x = "trat", y = "y",  
          color = "trat",  
          ylab = "FCR", xlab = "Grupo")
```



A partir do boxplot, verifica-se que existe alguma diferença entre os tratamentos. Precisamos saber se as diferenças nas médias são significativas.

```
ggline(df02, x = "trat", y = "y",
       add = c("mean_se", "jitter"),
       ylab = "FCR", xlab = "Grupo")
```



Assumiremos uma  $H_0$  de que não há diferença entre as médias dos tratamentos C e D.

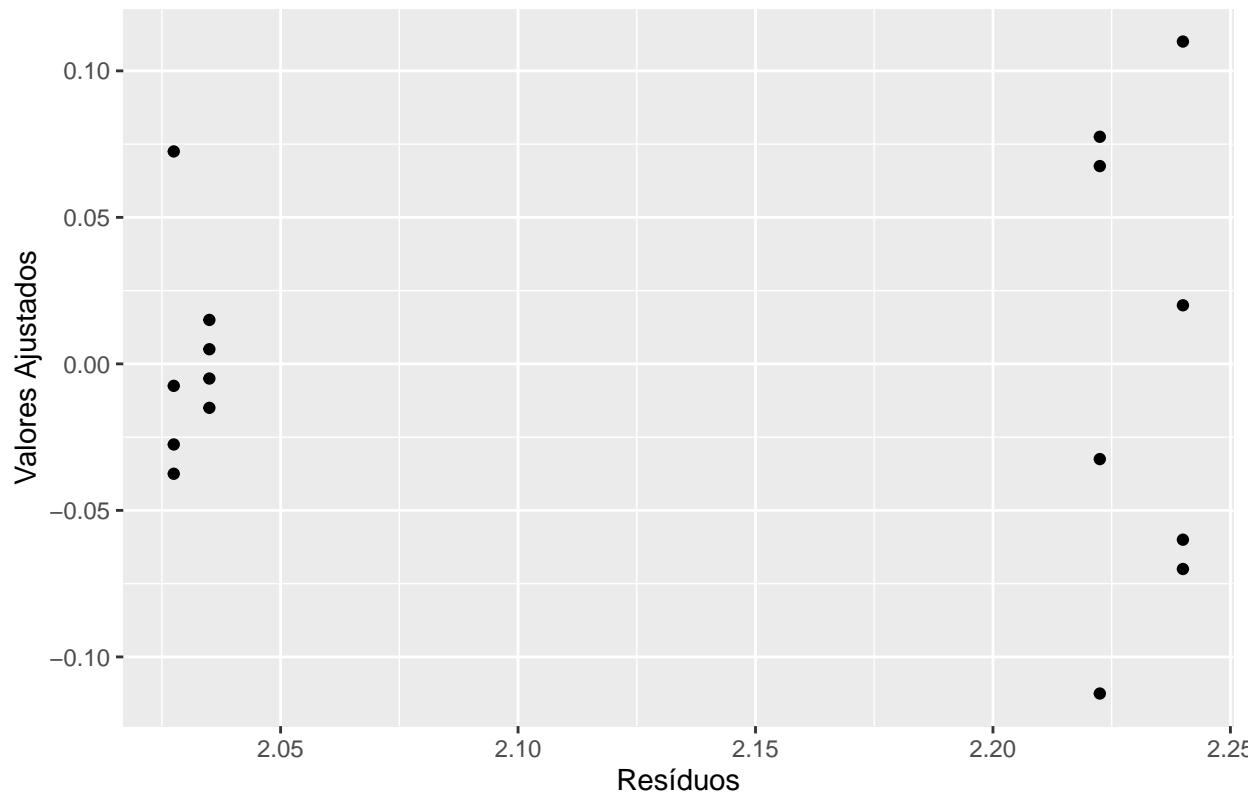
Faremos o ajuste do modelo ANOVA para verificar seus respectivos resíduos

```
fit <- df02 %>% aov(y ~ trat, data = .)
```

```
ggplot() +
  geom_point(aes(y = fit$residuals, x = fit$fitted.values)) +
  labs( x= "Resíduos",
        y = "Valores Ajustados",
        title = "Resíduos versus valores ajustados")
```

## Normalidade dos resíduos

### Resíduos versus valores ajustados



Utilizando o teste de Shapiro-Wilk para testar a normalidade dos resídos, obtivemos um p-valor de 0,9142, o que não rejeita a hipótese nula, de normalidade dos dados, a um nível de significância de 5%.

**Existe efeito de tratamento?**

```
summary(fit)
```

```
##          Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## trat        3 0.16073 0.05358   12.07 0.000618 ***
## Residuals   12 0.05325 0.00444
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Como o p-valor é menor que nosso nível de significância, podemos concluir que existem diferenças significativas entre os grupos, ou seja, um nível de confiança de 95% nos faz concluir de que pelo menos uma das médias dos grupos diferem.

**Desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos para um grupo de contrastes mutuamente ortogonais.**

```

trat <- gl(4,4)

trat1 <- c(1,-1/3,-1/3,-1/3)
trat2 <- c(0,1,-1/2,-1/2)
trat3 <- c(0,0,1,-1)

contrasts(trat) <- cbind(trat1,
                           trat2,
                           trat3)

c1 <- rbind(trat1,
            trat2,
            trat3)

rownames(c1) <- paste("contr", 1:3, sep = "")
c1

##          [,1]      [,2]      [,3]      [,4]
## contr1    1 -0.3333333 -0.3333333 -0.3333333
## contr2    0  1.0000000 -0.5000000 -0.5000000
## contr3    0  0.0000000  1.0000000 -1.0000000

mod2 <- aov(y ~ trat, data = df02, contrast = list(trat = make.contrasts(c1)))
summary(mod2, split = list(trat = 1:3))

##           Df  Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## trat        3 0.16073 0.05358 12.073 0.000618 ***
##   trat: C1  1 0.05741 0.05741 12.937 0.003667 **
##   trat: C2  1 0.03300 0.03300  7.438 0.018362 *
##   trat: C3  1 0.07031 0.07031 15.845 0.001824 **
## Residuals 12 0.05325 0.00444
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

fit.contrast(mod2, "trat", c1)

##           Estimate Std. Error   t value   Pr(>|t|)
## tratcontr1 -0.1383333 0.03845994 -3.596817 0.003667273
## tratcontr2  0.1112500 0.04079292  2.727189 0.018361815
## tratcontr3 -0.1875000 0.04710361 -3.980587 0.001824359
## attr(".", "class")
## [1] "fit_contrast"

```

## Contrastes utilizados

```

c1

##          [,1]      [,2]      [,3]      [,4]
## contr1    1 -0.3333333 -0.3333333 -0.3333333
## contr2    0  1.0000000 -0.5000000 -0.5000000
## contr3    0  0.0000000  1.0000000 -1.0000000

```

## Conclusões

```
modelo <- lm(y~trat, data = df02)
summary(glht(modelo,linfct=mcp(trat=trat1)))

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = y ~ trat, data = df02)
##
## Linear Hypotheses:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 1 == 0 -0.13833    0.03846  -3.597  0.00367 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)

summary(glht(modelo,linfct=mcp(trat=trat2)))

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = y ~ trat, data = df02)
##
## Linear Hypotheses:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 1 == 0  0.11125    0.04079   2.727  0.0184 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)

summary(glht(modelo,linfct=mcp(trat=trat3)))

##
##   Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
##
## Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
##
##
## Fit: lm(formula = y ~ trat, data = df02)
##
## Linear Hypotheses:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## 1 == 0  -0.1875     0.0471  -3.981  0.00182 **
## ---
```

```
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## (Adjusted p values reported -- single-step method)
```

g) Verifique se, em média, o contraste formado pelos tratamentos (A, B) vs (C, D) é significativo.