

SME0816 - Planejamento de Experimentos I

Trabalho 5 - Grupo 13

Beatriz Proença Carvalho Francisco Rosa Dias de Miranda 4402962
Heitor Carvalho Pinheiro 11833351

Maio 2022

Contents

Exercício 01	3
Variável resposta e sua unidade	3
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	8

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, 2.19, 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))
```

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
```

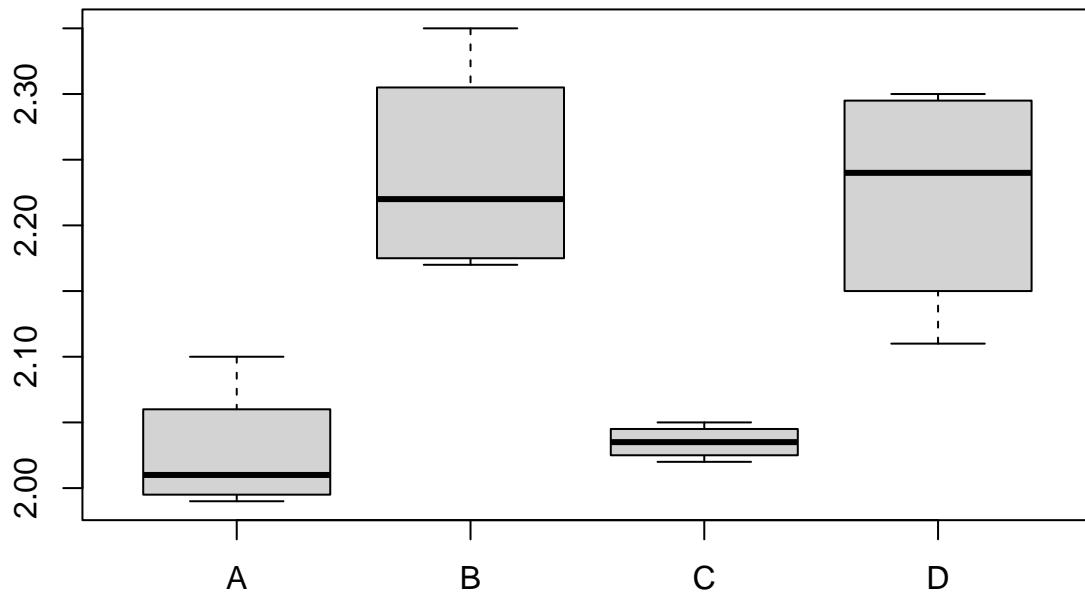
```
## [1] 1
```

A parcela utilizada possui tamanho 1.

Análise de variância

Pressuposições básicas do modelo

```
#Verificando as pressuposições do para a ANOVA  
# Analise Exploratoria rapida  
boxplot(split(df02$y, df02$trat))
```



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

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

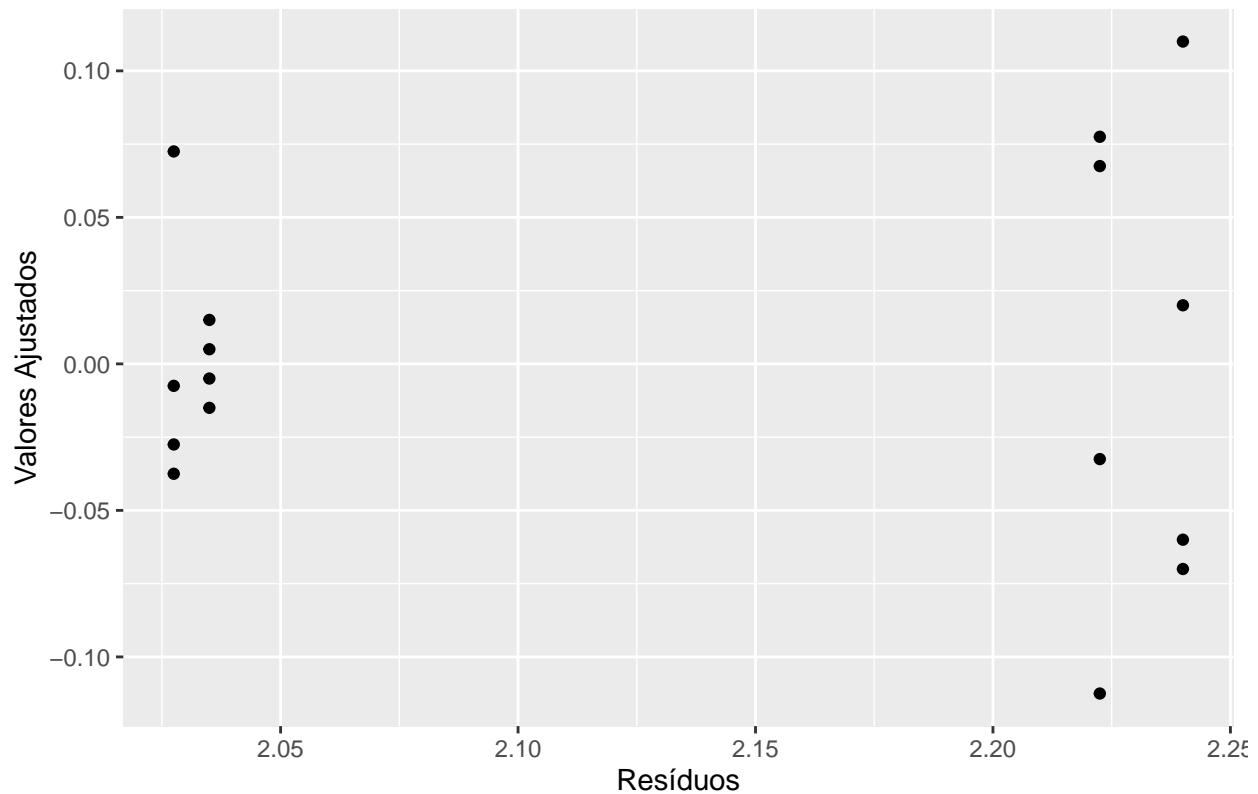
Faremos o ajuste do modelo ANOVA para verificar seus respectivos resíduos

```
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



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

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: fit$residuals  
## W = 0.97521, p-value = 0.9142
```

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%.

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

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: fit$residuals  
## W = 0.97521, p-value = 0.9142
```

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.