

# PibicFinal

AUTHOR  
Leo Alec

PUBLISHED  
August 1, 2025

pré requisitos:

▼ Code

```
library("dplyr")
```

Anexando pacote: 'dplyr'

Os seguintes objetos são mascarados por 'package:stats':

filter, lag

Os seguintes objetos são mascarados por 'package:base':

intersect, setdiff, setequal, union

▼ Code

```
library("multcomp")
```

Carregando pacotes exigidos: mvtnorm

Carregando pacotes exigidos: survival

Carregando pacotes exigidos: TH.data

Carregando pacotes exigidos: MASS

Anexando pacote: 'MASS'

O seguinte objeto é mascarado por 'package:dplyr':

select

Anexando pacote: 'TH.data'

O seguinte objeto é mascarado por 'package:MASS':

geyser

## 1. Introdução e Preparação dos Dados

▼ Code

```

dados <- data.frame(
  Sobrenadante = rep(c("Lactobacillus crispatus", "Lactobacillus crispatus", "Lactobacillus rh",
  Duplicata = rep(c("1", "2"), times = 2, each = 15),
  Data = rep(as.Date(c("2025-04-24", "2025-04-30", "2025-05-16")), each = 5, times = 4),
  Tratamento = rep(c("Controle", "Veículo", "1,25%", "10%", "25%"), times = 12),
  Vivas = c(
    188, 110, 91, 134, 45, 137, 59, 85, 74, 73, 224, 165, 181, 139, 102,
    108, 122, 91, 95, 62, 63, 59, 97, 102, 79, 128, 129, 145, 144, 49,
    188, 110, 65, 66, 29, 137, 59, 103, 47, 12, 224, 165, 139, 82, 40,
    108, 122, 137, 42, 47, 63, 59, 70, 68, 14, 128, 129, 188, 104, 23
  ),
  Mortas = c(
    38, 38, 27, 42, 55, 45, 23, 52, 53, 59, 54, 39, 58, 82, 137,
    22, 35, 38, 46, 68, 31, 23, 44, 55, 41, 31, 51, 76, 80, 80,
    38, 38, 45, 57, 30, 45, 23, 50, 44, 35, 54, 39, 82, 121, 79,
    22, 35, 65, 27, 69, 31, 23, 59, 64, 64, 31, 51, 76, 80, 54
  )
)

```

▼ Code

```

library(dplyr)

df_preparado <- dados %>%
  mutate(
    # Garante que não haja divisão por zero se Vivas + Mortas for 0
    Total = Vivas + Mortas,

    # Calcula a proporção de células vivas (valor entre 0 e 1)
    Proporcao_Vivas = ifelse(Total == 0, 0, Vivas / Total),

    # Aplica a transformação Arco-Seno da Raiz Quadrada na proporção
    # Assim como muitas transformações, essa foi feita para aproximar os dados de uma distribui
    Proporcao_Transformada = asin(sqrt(Proporcao_Vivas)),

    # Garante que as variáveis categóricas sejam "fatores"
    # E define "Controle" como o nível de referência para comparações
    Sobrenadante = as.factor(Sobrenadante),
    Tratamento = factor(Tratamento, levels = c("Controle", "Veículo", "1,25%", "10%", "25%"))
  )

print(head(df_preparado))

```

	Sobrenadante	Duplicata	Data	Tratamento	Vivas	Mortas	Total
1	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-24	Controle	188	38	226
2	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-24	Veículo	110	38	148
3	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-24	1,25%	91	27	118
4	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-24	10%	134	42	176
5	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-24	25%	45	55	100
6	Lactobacillus crispatus	1	2025-04-30	Controle	137	45	182
	Proporcao_Vivas			Proporcao_Transformada			
1	0.8318584			1.1482867			

2	0.7432432	1.0394300
3	0.7711864	1.0720276
4	0.7613636	1.0604216
5	0.4500000	0.7353145
6	0.7527473	1.0503757

▼ Code

```
df_crispatus <- df_preparado %>%
  filter(Sobrenadante == "Lactobacillus crispatus")

df_rhamnosus <- df_preparado %>%
  filter(Sobrenadante == "Lactobacillus rhamnosus")
```

Para realizar uma análise estatística robusta, os dados brutos precisam ser processados. A simples contagem de células vivas pode ser enganosa, pois não leva em conta o número total de células em cada amostra. Por isso, seguimos de dois passos:

- Cálculo da Proporção: Convertemos os dados para a proporção de células vivas (Proporcao\_Vivas), que é uma métrica normalizada e justa para comparação.
- Transformação Arco-Seno: Dados de proporção frequentemente não seguem uma distribuição normal e não possuem variâncias homogêneas, violando premissas de testes como a ANOVA. A transformação Arco-Seno da Raiz Quadrada ( $\text{asin}(\sqrt{x})$ ) corrige essas características, estabilizando a variância e aproximando os dados da normalidade.

## 2. Análise para *Lactobacillus crispatus*

### 2.1 Premissas da ANOVA

#### 2.1.1 Homogeneidade das variâncias - Teste de Bartlett

Uma das premissas da ANOVA

Antes de aplicar a ANOVA, precisamos verificar uma de suas principais premissas: a de que as variâncias dos diferentes grupos de tratamento são homogêneas. O Teste de Bartlett é usado para isso. A hipótese nula  $H_0$  é que todas as variâncias são iguais.

- $H_0$  : As variâncias são iguais entre os grupos de tratamento.
- $H_1$  : Pelo menos um grupo tem variância diferente.

▼ Code

```
cat("1. Teste de Bartlett para Homogeneidade de Variâncias:\n")
```

1. Teste de Bartlett para Homogeneidade de Variâncias:

▼ Code

```
teste_bartlett_crispatus <- bartlett.test(Proporcao_Transformada ~ Tratamento, data = df_crispatus)
print(teste_bartlett_crispatus)
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: Proporcao\_Transformada by Tratamento

Bartlett's K-squared = 3.2238, df = 4, p-value = 0.5211

p-valor = 0.5211 |  $\alpha = 0.05$ : não rejeitamos a hipótese nula. Isso significa que não há evidências para sugerir que as variâncias dos grupos sejam diferentes. Portanto, a premissa de homogeneidade da ANOVA foi atendida.

## 2.1.2. Teste de Normalidade dos Resíduos - Shapiro-Wilk

Agora, ajustamos o modelo ANOVA para extrair seus resíduos e verificar se eles seguem uma distribuição normal. A hipótese nula ( $H_0$ ) é que os dados são normalmente distribuídos. Usamos o teste de Shapiro-Wilk para uma avaliação estatística e um gráfico Q-Q para uma inspeção visual.

### ▼ Code

```
# Instanciando o modelo para captura dos residuos
modelo_anova_crispatus <- aov(Proporcao_Transformada ~ Tratamento, data = df_crispatus)
residuos_crispatus <- residuals(modelo_anova_crispatus)

# Shapiro-Wilk
cat("Teste de Shapiro-Wilk para Normalidade dos Resíduos:\n")
```

Teste de Shapiro-Wilk para Normalidade dos Resíduos:

### ▼ Code

```
shapiro_test_crispatus <- shapiro.test(residuos_crispatus)
print(shapiro_test_crispatus)
```

Shapiro-Wilk normality test

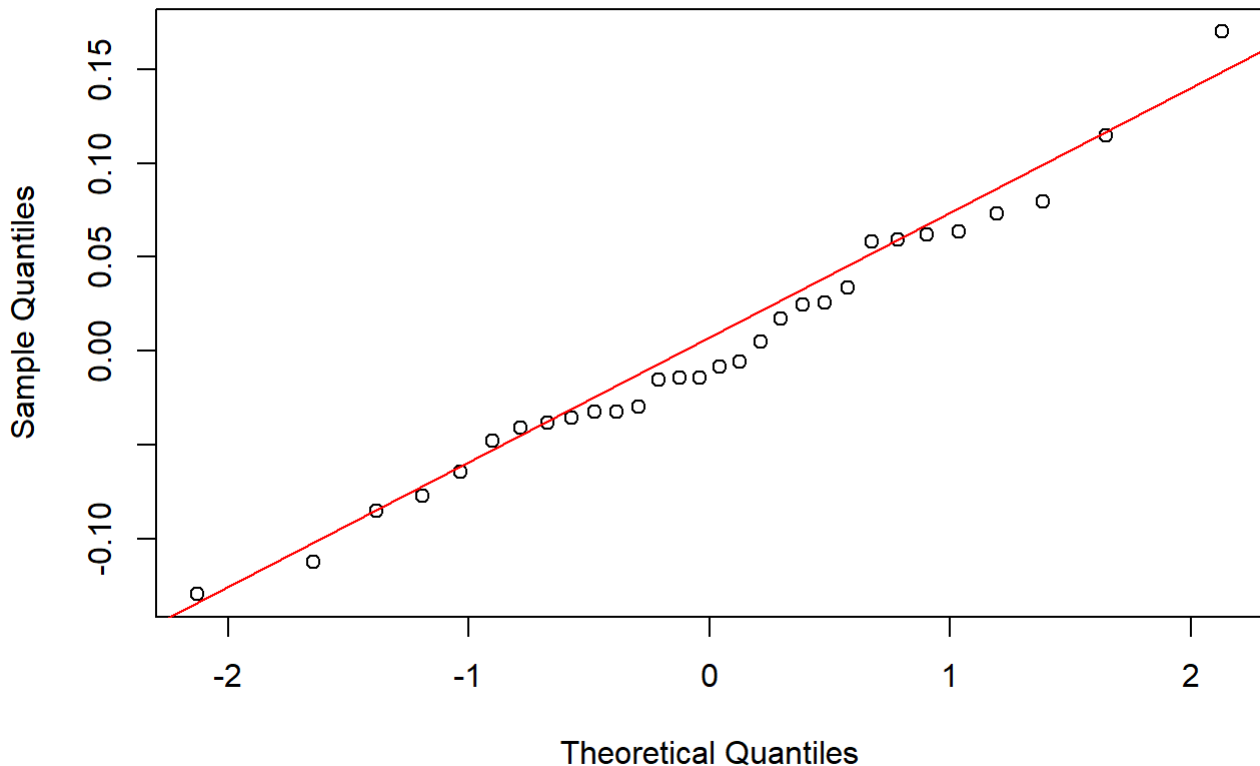
data: residuos\_crispatus

W = 0.98156, p-value = 0.8654

### ▼ Code

```
qqnorm(residuos_crispatus, main = "L. crispatus - Gráfico Q-Q dos Resíduos")
qqline(residuos_crispatus, col = "red", lwd = 1)
```

## L. crispatus - Gráfico Q-Q dos Resíduos



O que é o Gráfico Q-Q?

Ao invés de plotarmos uma distribuição comum, utilizamos esse gráfico para comparar os quantis dos seus dados (dados observados) com os quantis de uma distribuição teórica perfeita, geralmente a Distribuição Normal. Quanto mais os dados seguirem a linha destacada, mais adequados estão a uma distribuição.

- Eixo X: Os quantis teóricos. (Onde os pontos deveriam estar se seus dados seguissem perfeitamente uma distribuição normal).
- Eixo Y: Os quantis da sua amostra de dados. (Onde seus pontos de dados realmente estão).

*Interpretação:*

O teste de Shapiro-Wilk resultou em um p-valor de 0.8654. Como  $p > 0.05$ , *não rejeitamos a hipótese nula*, indicando que os resíduos do modelo são consistentes com uma distribuição normal. O gráfico Q-Q corrobora essa conclusão, pois os pontos se alinham bem ao longo da linha teórica vermelha.

PREMISSAS VALIDADAS

## 2.2 ANOVA

Este teste nos dirá se existe alguma diferença estatisticamente significativa entre as médias de pelo menos dois dos grupos de tratamento. A hipótese nula  $H_0$  é que as médias de todos os grupos são iguais.

- $H_0$  : A média da proporção transformada é a mesma para todos os tratamentos
- $H_1$  : A média de pelo menos um tratamento é diferente.

#### ▼ Code

```
cat("Análise de Variância - ANOVA:\n")
```

Análise de Variância - ANOVA:

#### ▼ Code

```
print(summary(modelo_anova_crispatus))
```

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
Tratamento    4  0.3499   0.08747      17 7.5e-07 ***
Residuals     25  0.1287   0.00515
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

*Interpretação:*

p-valor = 7.5e-07 ou 0.00000075 |  $\alpha = 0.05$ : rejeitamos a hipótese nula. Esta é uma forte evidência de que existe uma diferença significativa na viabilidade celular entre os grupos de tratamento para *Lactobacillus crispatus*.

## 2.3 Post-hoc

O Teste Post-Hoc de Dunnett foi aplicado para identificar quais tratamentos específicos tiveram um efeito diferente do grupo Controle.

#### ▼ Code

```
cat("Teste Post-Hoc de Dunnett (Comparações com o Controle):\n")
```

Teste Post-Hoc de Dunnett (Comparações com o Controle):

#### ▼ Code

```
teste_dunnett_crispatus <- glht(modelo_anova_crispatus, linfct = mcp(Tratamento = "Dunnett"))
print(summary(teste_dunnett_crispatus))
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Dunnett Contrasts

Fit: aov(formula = Proporcao\_Transformada ~ Tratamento, data = df\_crispatus)

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
Veículo - Controle == 0	-0.04348	0.04142	-1.050	0.6804
1,25% - Controle == 0	-0.09639	0.04142	-2.327	0.0898 .
10% - Controle == 0	-0.14286	0.04142	-3.449	0.0069 **

```
25% - Controle == 0      -0.31230      0.04142      -7.540      <0.001 ***
```

```
---
```

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

```
(Adjusted p values reported -- single-step method)
```

*Interpretação:*

- Veículo vs. Controle (p = 0.681): Não há diferença estatisticamente significativa.
- 1,25% vs. Controle (p = 0.090): Não há diferença estatisticamente significativa no nível de  $\alpha=0.05$ .
- 10% vs. Controle (p = 0.007): Há uma redução estatisticamente significativa na viabilidade celular (p < 0.01).
- 25% vs. Controle (p < 0.001): Há uma redução altamente significativa na viabilidade celular.

Os tratamentos nas concentrações de 10% e 25% foram eficazes em reduzir a viabilidade de *Lactobacillus crispatus* de forma significativa quando comparados ao grupo Controle. A concentração de 1,25% e o Veículo não apresentaram efeito citotóxico. A coluna Estimate mostra valores negativos para todos, indicando que os tratamentos tenderam a reduzir a viabilidade, mas essa redução só foi estatisticamente relevante para os grupos de 10% e 25%.

## 3. Lactobacillus rhamnosus

### 3.1 Premissas da ANOVA

#### 3.1.1 Homogeneidade das variâncias - Teste de Bartlett

Primeiro, verificamos a homogeneidade das variâncias para os grupos de *L. rhamnosus*.

▼ Code

```
# 5.1. Teste de Homogeneidade de Variâncias (Bartlett)
cat("Teste de Bartlett para Homogeneidade de Variâncias:\n")
```

Teste de Bartlett para Homogeneidade de Variâncias:

▼ Code

```
teste_bartlett_rhamnosus <- bartlett.test(Proporcao_Transformada ~ Tratamento, data = df_rhamn
print(teste_bartlett_rhamnosus)
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: Proporcao\_Transformada by Tratamento

Bartlett's K-squared = 4.786, df = 4, p-value = 0.31

*Interpretação:*

O Teste de Bartlett para os dados de *Lactobacillus rhamnosus* resultou em um p-valor de 0.31. Como este valor é consideravelmente maior que o nível de significância padrão ( $\alpha=0.05$ ), não há evidências para rejeitar a hipótese nula ( $H_0$ ).

Isso significa que podemos assumir que as variâncias dos diferentes grupos de tratamento são homogêneas (estatisticamente iguais).

### 3.1.2 Teste de Normalidade dos Resíduos - Shapiro-Wilk

#### ▼ Code

```
# Ajusta o modelo para obter os resíduos
modelo_anova_rhamnosus <- aov(Proporcao_Transformada ~ Tratamento, data = df_rhamnosus)
residuos_rhamnosus <- residuals(modelo_anova_rhamnosus)

# Teste de Shapiro-Wilk
cat("Teste de Shapiro-Wilk para Normalidade dos Resíduos:\n")
```

Teste de Shapiro-Wilk para Normalidade dos Resíduos:

#### ▼ Code

```
shapiro_test_rhamnosus <- shapiro.test(residuos_rhamnosus)
print(shapiro_test_rhamnosus)
```

Shapiro-Wilk normality test

data: residuos\_rhamnosus

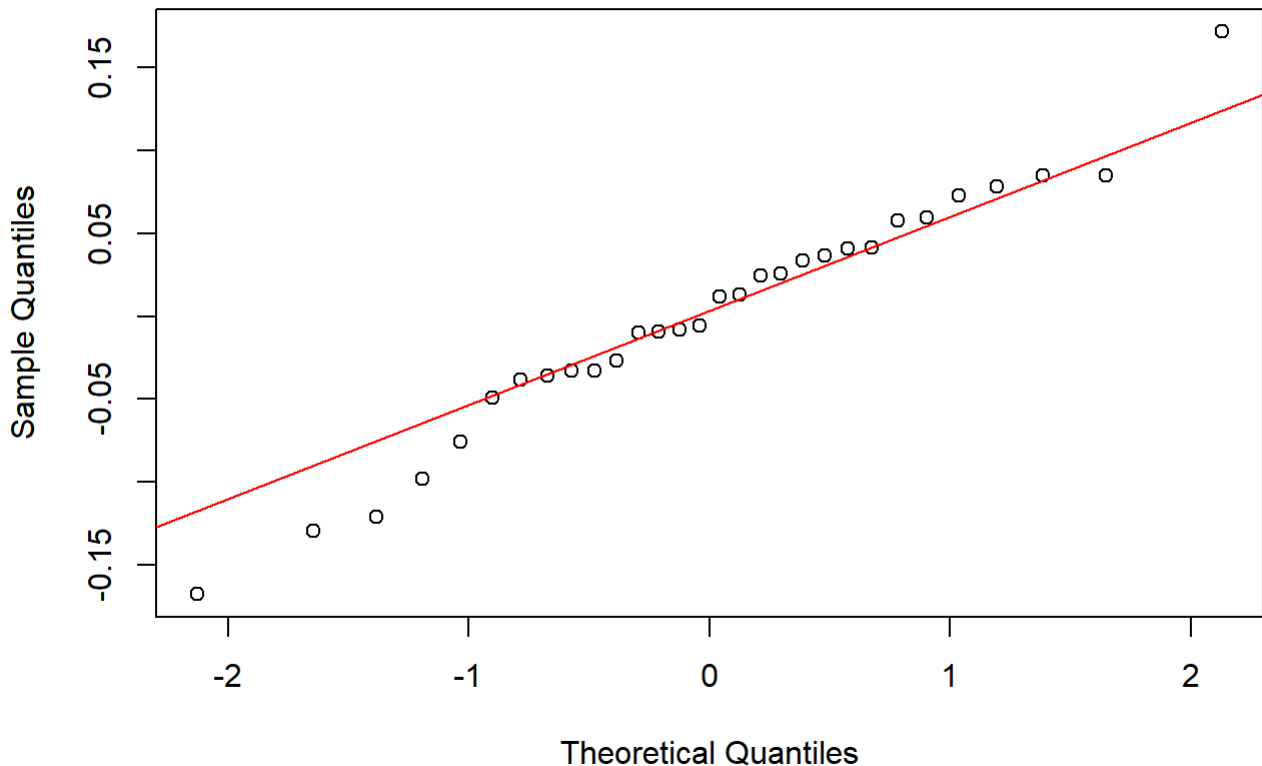
W = 0.97745, p-value = 0.7546

#### ▼ Code

```
# Gráfico Q-Q para inspeção visual
qqnorm(residuos_rhamnosus, main = "Gráfico Q-Q dos Resíduos - L. rhamnosus")
qqline(residuos_rhamnosus, col = "red", lwd = 1)
```



## Gráfico Q-Q dos Resíduos - L. rhamnosus



### Interpretação:

O teste de Shapiro-Wilk resultou em um p-valor de 0.7546. Como  $p > 0.05$ , não rejeitamos a hipótese nula, indicando que os resíduos do modelo são consistentes com uma distribuição normal. O gráfico Q-Q corrobora essa conclusão, pois os pontos se alinham bem ao longo da linha teórica vermelha. Ambas as premissas da ANOVA foram atendidas.

PREMISSAS VALIDADAS

## 3.2 ANOVA

### ▼ Code

```
# 5.2. Modelo ANOVA
cat("Análise de Variância (ANOVA):\n")
```

Análise de Variância (ANOVA):

### ▼ Code

```
modelo_anova_rhamnosus <- aov(Proporcao_Transformada ~ Tratamento, data = df_rhamnosus)
print(summary(modelo_anova_rhamnosus))
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Tratamento	4	0.9141	0.22851	37.34	3.35e-10 ***
Residuals	25	0.1530	0.00612		

---

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

*Interpretação:*

A Análise de Variância (ANOVA) resultou em um p-valor de 3.35e-10 (ou 0.000000000335). Este valor é extraordinariamente menor que o nosso nível de significância( $\alpha$ ) de 0.05. Portanto, rejeitamos a hipótese nula de que as médias são iguais. A conclusão é que há uma evidência estatística muito forte de que o tipo de tratamento tem um efeito significativo na viabilidade celular de *Lactobacillus rhamnosus*.

## 3.3 Post-hoc

Finalmente, identificamos quais tratamentos específicos diferem do Controle para esta espécie.

▼ Code

```
cat("Post-Hoc (Comparações com o Controle):\n")
```

Post-Hoc (Comparações com o Controle):

▼ Code

```
teste_dunnett_rhamnosus <- glht(modelo_anova_rhamnosus, linfct = mcp(Tratamento = "Dunnett"))
print(summary(teste_dunnett_rhamnosus))
```

Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses

Multiple Comparisons of Means: Dunnett Contrasts

Fit: aov(formula = Proportao\_Transformada ~ Tratamento, data = df\_rhamnosus)

Linear Hypotheses:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
Veículo - Controle == 0	-0.04348	0.04517	-0.963	0.73897
1,25% - Controle == 0	-0.16289	0.04517	-3.607	0.00498 **
10% - Controle == 0	-0.27891	0.04517	-6.175	< 0.001 ***
25% - Controle == 0	-0.48361	0.04517	-10.707	< 0.001 ***

---

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

▼ Code

```
cat("\n")
```

*Interpretação:*

- Veículo vs. Controle (p = 0.739): Nenhuma diferença significativa. O veículo não afetou a viabilidade celular.

- 1,25% vs. Controle ( $p = 0.005$ ): Há uma diferença estatisticamente significativa ( $p < 0.01$ ). Mesmo na menor concentração, o tratamento já reduziu a viabilidade.
- 10% vs. Controle ( $p < 0.001$ ): Há uma diferença altamente significativa.
- 25% vs. Controle ( $p < 0.001$ ): Há uma diferença altamente significativa, mostrando o efeito mais forte.

Para *L. rhamnosus*, todas as concentrações do tratamento (1,25%, 10% e 25%) foram eficazes em reduzir significativamente a viabilidade celular em comparação ao Controle. O efeito foi dose-dependente, tornando-se mais pronunciado à medida que a concentração aumentava, como pode ser visto pelo aumento do valor de  $t$  e pela diminuição do  $p$ -valor.