



## Ex. 10 - Experimentos Fatoriais I

**Exercício 01.** *Planeje um experimento na sua área de atuação em qualquer delineamento experimental e com os tratamentos no esquema fatorial.*

**Exercício 02.** *Faça a análise de um conjunto de dados da sua área, coletado de um experimento com os tratamentos no esquema fatorial.*

### EXERCÍCIO 01

- **Áreas de atuação:**

1. *Genética Quantitativa;*
2. *Melhoramento de Plantas;*
3. *Hortaliças;*

- **Título do experimento:**

- **Desempenho produtivo de acessos de tomate enxertados com porta-enxertos comerciais em cultivo protegido.**

- **Hipóteses testadas:**

1. Primeira hipótese:
  - H0: Não há interação significativa para a combinação entre porta-enxerto com os acessos testados;
  - Ha: Há a interação para as combinações de porta-enxerto e acessos testados;
- Segunda hipótese:
  - H0: O porta-enxerto não promove alterações no desempenho produtivo dos acessos;
  - Ha: O porta-enxerto promove alterações no desempenho produtivo dos acessos;
- Terceira hipótese:
  - H0: Os acessos não possuem diferenças no desempenho produtivo;
  - Ha: Os acessos possuem diferenças no desempenho produtivo;

- **Objetivos:**

- Verificar a compatibilidade entre porta-enxertos e acessos de tomate sob condições de cultivo protegido;

- **Fatores e níveis:**

- Primeiro fator → Porta-enxertos comerciais:
  - Beaufort;
  - Emperador;
  - Multifort;
  - Robusta;
- Segundo fator → Acessos de tomate:
  - a. SL-31;
  - b. SL-57;
  - c. SL-60;
  - d. SL-62;
  - e. SL-98;
  - f. SL-112;

- **Variável resposta:**

- Diâmetro médio, em milímetros, dos frutos comerciais colhidos;

- **Design Experimental:**

- Delineamento em Blocos Casualizado em Esquema Fatorial;

- ```
# Aleatorização das parcelas experimentais
set.seed(1704)
sFatDBct <- FatDBct[sample(nrow(FatDBct)), ]

# Para que cada bloco contenha um número igual de colunas, esse foi colocado em ordem mas os genótipos
sFatDBct <- sFatDBct[order(sFatDBct$Repetition), ]

# Assim, criamos um dataframe com as colunas para associarmos ao fatDBct
Coluna <- rep(1:24, times = 4)
Arranjo <- data.frame(col = Coluna)
sFatDBct <- cbind(sFatDBct, Arranjo)

# Transforma o  em um fator
sFatDBct$Genotype <- as.factor(sFatDBct$Genotype)

# Paleta do RColorBrewer
paleta <- brewer.pal(9, "Reds")[2:5]
display.brewer.all()

# Plota o croqui da área
croquiDBctomato <- ggplot(sFatDBct, aes(x = col, y = 1, fill = Rootstock)) +
  geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
  facet_grid(Repetition ~ ., switch = "y", labeller = labeller(
    Repetition = c("1" = "Bloco 01", "2" = "Bloco 02", "3" = "Bloco 03", "4" = "Bloco 04"))) +
  geom_text(aes(label = Genotype), color = "black", size = 4, angle = 90) +
  scale_fill_manual(values = paleta) +
  scale_x_continuous(breaks = unique(sFatDBct$col), labels = unique(sFatDBct$col),
    expand = c(0, 0)) +
  scale_y_continuous(breaks = unique(sFatDBct$row), labels = unique(sFatDBct$row),
    expand = c(0, 0)) +
  labs(
    x = NULL,
    y = NULL,
    title = "Fatorial DBC Tomate | Croqui",
    fill = "Porta-Enxerto") +
  theme_light() +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 0, vjust = 0.5, hjust = 0.5),
    panel.grid = element_blank(),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5)
  )
print(croquiDBctomato)
```



## EXERCÍCIO 02



Para esse exercício, será utilizada a variável **diâmetro médio de frutos**.

### ▼ Análise exploratória:

#### 1. Gráfico de pontos:

```
# Cria uma coluna que concatena o nome das duas fontes de variação para criar o nome do tratamento
FatDBct <- FatDBct %>%
  mutate(Treatment = paste(Rootstock, Genotype, sep = "-"))

# Calcula a média de dFruto
meanDF <- mean(FatDBct$dFruto)

# Gráfico de pontos
ggplot(FatDBct, aes(x = Treatment, y = dFruto)) +
  geom_point() +
  geom_hline(yintercept = meanDF, color = "red", linetype = "dashed") +
  expand_limits(y = 0) +
  scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 20)) +
  coord_cartesian(ylim = c(100, 270)) +
  labs(
    x = "Genótipo",
    y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
    title = "Fatorial DBC Tomate | Gráfico de Pontos") +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

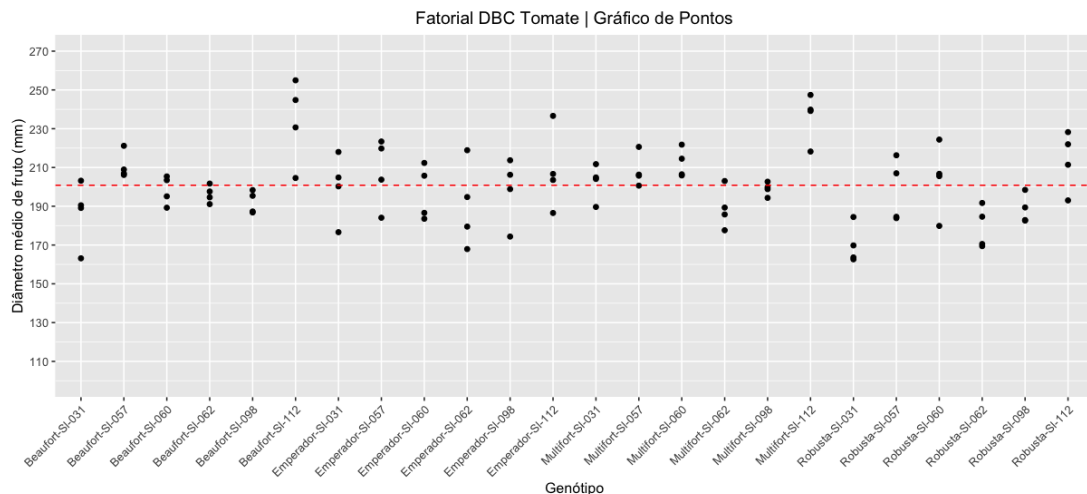


Gráfico de pontos para dados de diâmetro de frutos comerciais para diferentes combinações de genótipos e porta-enxertos. A linha vermelha representa a média de todas as observações.

#### 2. Gráfico BoxPlot:

```
ggplot(FatDBct, aes(x = Treatment, y = dFruto)) +
  geom_boxplot() +
  geom_hline(yintercept = meanDF, color = "red", linetype = "dashed") +
  expand_limits(y = 0) +
  scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 20)) +
  coord_cartesian(ylim = c(100, 270)) +
  labs(
    x = "Genótipo",
    y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
```

```

title = "Fatorial DBC Tomate | Gráfico de Pontos") +
theme(
  axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
  plot.title = element_text(hjust = 0.5))

```

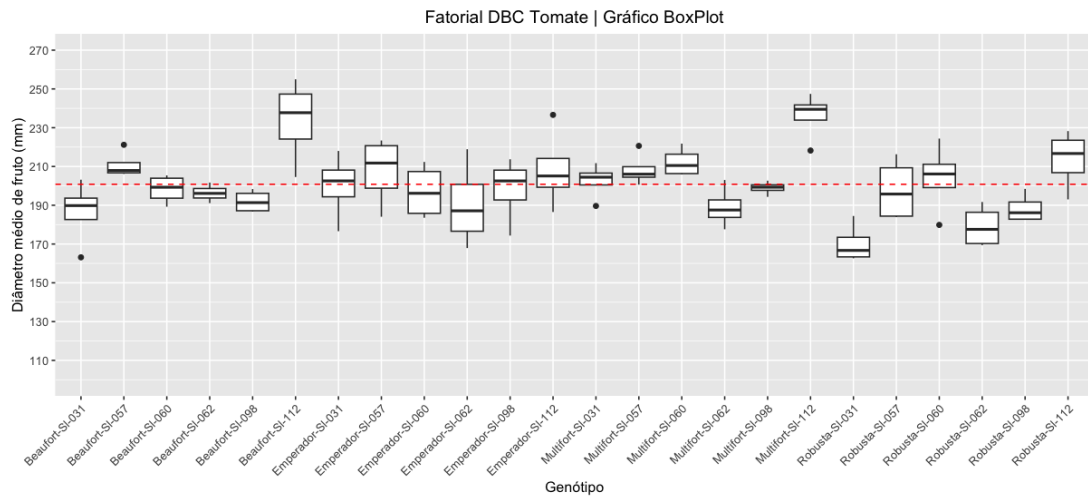


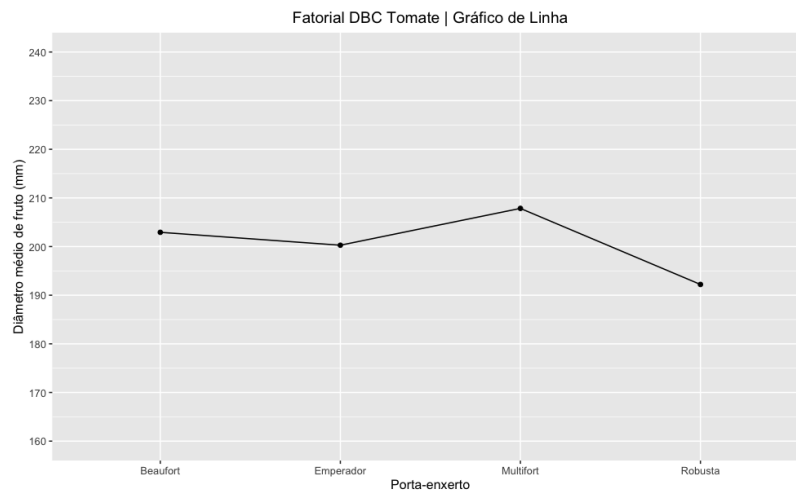
Gráfico BoxPlot para dados de diâmetro de frutos comerciais para diferentes combinações de genótipos e porta-enxertos. A linha vermelha representa a média de todas as observações.

### 3. Gráfico de linha - Média dos porta-enxertos:

```

ggplot(FatDBct, aes(x = Rootstock, y = dFruto)) +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "point") +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "line", aes(group = 1)) +
  scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 10)) +
  coord_cartesian(ylim = c(160, 240)) +
  labs(
    x = "Porta-enxerto",
    y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
    title = "Fatorial DBC Tomate | Gráfico de Linha") +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5))

```



Os pontos são as médias das observações para o porta-enxerto em todos os genótipos.

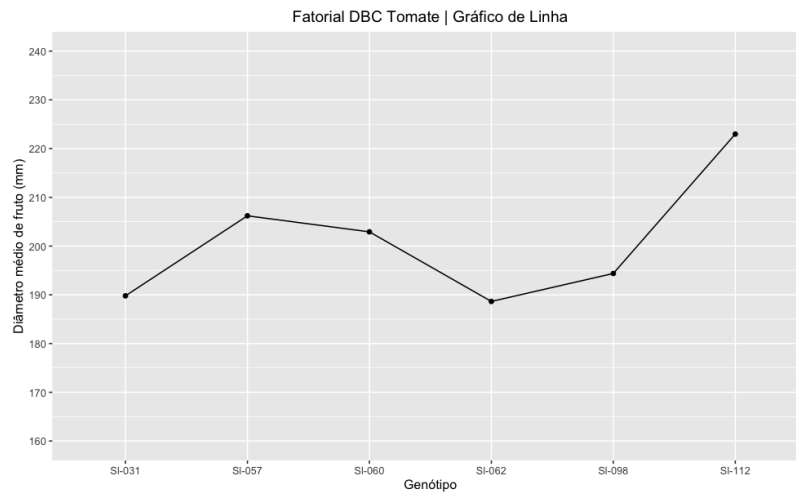
### 4. Gráfico de linha - Média dos genótipos:

```

ggplot(FatDBct, aes(x = Genotype, y = dFruto)) +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "point") +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "line", aes(group = 1)) +

```

```
scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 10)) +
coord_cartesian(ylim = c(160, 240)) +
labs(
  x = "Genótipo",
  y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
  title = "Fatorial DBC Tomate | Gráfico de Linha") +
theme(
  plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

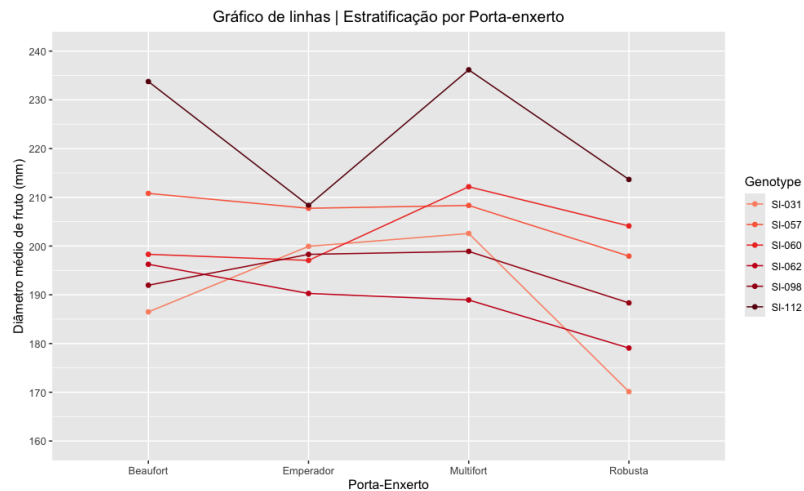


Os pontos amostrados são as médias das observações para o genótipo em todos os porta-enxertos.

##### 5. Gráfico de linhas sobrepostas | X = Porta-Enxerto:

```
# Paleta do RColorBrewer
paleta <- brewer.pal(9, "Reds")[4:9]

# Gráfico de linhas: Estratificação por Genótipo
ggplot(FatDBct, aes(x = Rootstock, y = dFruto, group = Genotype, color = Genotype)) +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "point") +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "line") +
  scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 10)) +
  coord_cartesian(ylim = c(160, 240)) +
  scale_color_manual(values = paleta) +
  labs(
    x = "Genótipo",
    y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
    title = "Gráfico de linhas | Estratificação por Porta-enxerto") +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

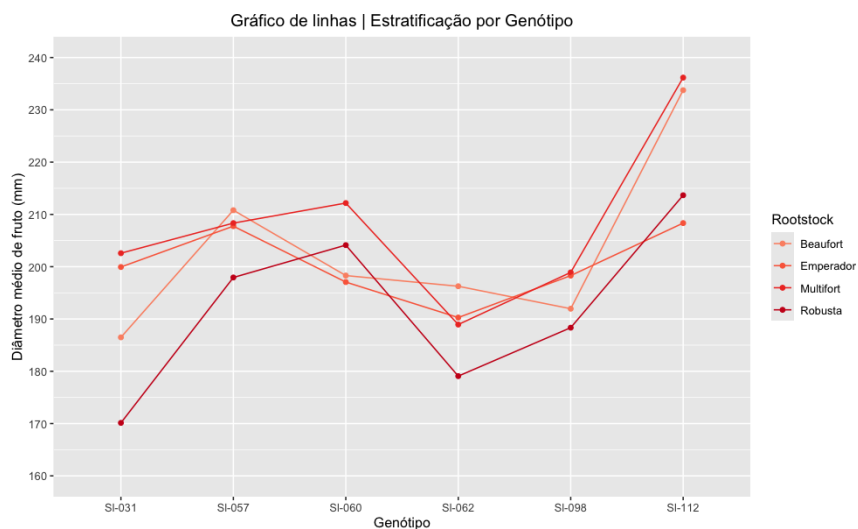


Comportamento dos genótipos em função dos diferentes porta-enxertos

#### 6. Gráfico de linhas sobrepostas | X = Genótipos:

```
# Paleta do RColorBrewer
paleta <- brewer.pal(9, "Reds")[4:7]

# Gráfico de linhas fragmentadas: Genótipo
ggplot(FatDBct, aes(x = Genotype, y = dFruto, group = Rootstock, color = Rootstock)) +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "point") +
  stat_summary(fun.y = mean, geom = "line") +
  scale_y_continuous(limits = c(110, 270), breaks = seq(110, 270, by = 10)) +
  coord_cartesian(ylim = c(160, 240)) +
  scale_color_manual(values = paleta) +
  labs(
    x = "Genótipo",
    y = "Diâmetro médio de fruto (mm)",
    title = "Gráfico de linhas | Estratificação por Genótipo"
  ) +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5)
  )
```



Comportamento dos porta-enxertos em função dos diferentes genótipos

#### ▼ Validação das pressuposições da ANOVA:

Para realizar a validação das pressuposições da ANOVA, primeiro é necessário criar um modelo de ajuste linear para o conjunto de dados e depois prosseguir com os testes de normalidade e homogeneidade.

- Ajuste do modelo linear:

```
mFatDBC = lm(dFruto ~ Repetition + Genotype*Rootstock, FatDBct)
resFatDBC <- residuals(mFatDBC) # Resíduos
resStudFatDBC <- rstandard(mFatDBC) # Resíduos studentizados
```

- **Shapiro-Wilk** | Teste de normalidade dos resíduos

```
shapiro.test(resStudFatDBC)
```

Resultado:

```
data: resStudFatDBC
W = 0.98732, p-value = 0.4893
```

**Portanto** → De acordo com o teste de Shapiro-Wilk a 5% de probabilidade de erro, os resíduos podem ser considerados normais.

- **Breusch-Pagan** | Teste de homogeneidade de variâncias

```
bptest(mFatDBC)
```

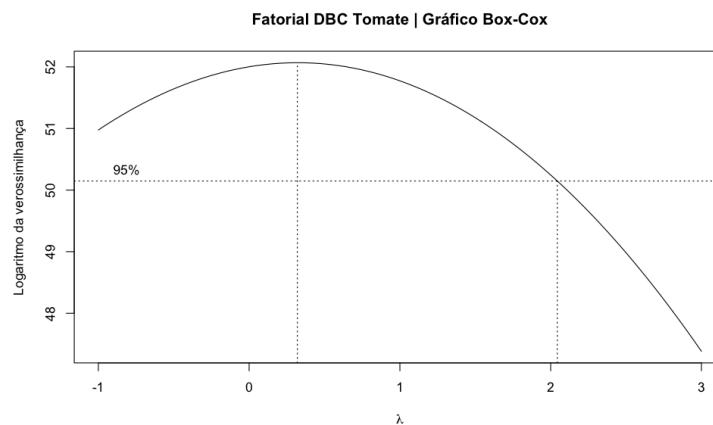
Resultado:

```
data: mFatDBC
BP = 31.758, df = 24, p-value = 0.1331
```

**Portanto** → De acordo com o teste de Breusch-Pagan a 5% de probabilidade de erro, as variâncias podem ser consideradas homogêneas.

- **Gráfico Box-Cox** | Verifica o lambda

```
BoxCox <- boxcox(mFatDBC,
  lambda = seq(-1, 3, 0.01),
  ylab = "Logaritmo da verossimilhança")
title(main = "Fatorial DBC Tomate | Gráfico Box-Cox")
```



O  $\lambda=1$  pertence ao intervalo de confiança do logaritmo da verossimilhança dos dados.



Visto que o conjunto de dados atendem as pressuposições da ANOVA, é possível seguir para a Análise de Variância.

#### ▼ ANOVA + TUKEY | Análise de variância e teste de comparações multiplas

- Uso do [ExpDes.pt](#) para realização da análise de variância e teste Tukey:

```
# Code:
FatDBct$Genotype <- as.character(FatDBct$Genotype)
FatDBct$Rootstock <- as.character(FatDBct$Rootstock)

with(FatDBct,
  fat2.dbc(Genotype,
    Rootstock,
```

```

Repetition,
dFruto,
quali = c(TRUE, TRUE),
fac.names = c("Genótipo", "Porta-Enxerto"),
sigF = 0.05,
sigT = 0.05))

```

• Resultado:

```

# ANOVA:
-----
Legenda:
FATOR 1:  Genótipo
FATOR 2:  Porta-Enxerto
-----

Quadro da análise de variancia
-----

```

|                        | GL | SQ    | QM | Fc      | Pr>Fc    |
|------------------------|----|-------|----|---------|----------|
| Bloco                  | 3  | 753   | 4  | 1.3389  | 0.268896 |
| Genótipo               | 5  | 13379 | 6  | 14.2773 | 0.000000 |
| Porta-Enxerto          | 3  | 3078  | 2  | 5.4746  | 0.001961 |
| Genótipo*Porta-Enxerto | 15 | 3820  | 5  | 1.3589  | 0.193060 |
| Resíduo                | 69 | 12931 | 3  |         |          |
| Total                  | 95 | 33961 | 1  |         |          |

```

-----
CV = 6.82 %

[...]

Interacao nao significativa: analisando os efeitos simples
-----
Genótipo
Teste de Tukey
-----
Grupos Tratamentos Medias
a      SL-112      222.9798
b      SL-057      206.2069
bc     SL-060      202.9165
bcd    SL-098      194.3769
cd     SL-031      189.7859
d      SL-062      188.6371
-----

Porta-Enxerto
Teste de Tukey
-----
Grupos Tratamentos Medias
a      Multifort   207.8488
a      Beaufort    202.9308
ab     Emperador   200.277
b      Robusta     192.2121
-----

```

• Interpretações:

- Foi observado efeito do bloco a 5% de probabilidade de erro.
- A hipótese de nulidade para efeito da interação entre os fatores genótipo e porta-enxerto é aceita a 5% de probabilidade de erro. Ou seja, a interação não é significativa, cabendo assim, verificar os efeitos individuais de cada fator.
- O fator Porta-Enxerto promove diferenças entre as variâncias dos dados amostrais a 5% de probabilidade de erro. Deve-se prosseguir para um teste de comparações múltiplas.
- O fator Genótipo promove diferenças entre as variâncias dos dados amostrais a 5% de probabilidade de erro. Deve-se prosseguir para um teste de comparações múltiplas.



- o Pelo **teste Tukey**, é possível inferir que, em relação ao diâmetro de frutos comerciais:
  - Para os porta-enxertos:
    - a. Multifort e Beaufort são superiores à Robusta.
    - b. Multifort, Beaufort e Emperador não se diferem estatisticamente a 5% de probabilidade de erro.
    - c. Robusta e Emperador não se diferem estatisticamente a 5% de probabilidade de erro.
  - Para os Genótipos:
    - a. SI-112 é superior aos demais genótipos.
    - b. SI-057, SI-060 e SI-098 não se diferem estatisticamente a 5% de probabilidade de erro.
    - c. SI-098, SI-031 e SI-062 não se diferem estatisticamente a 5% de probabilidade de erro.
    - d. SI-062 é o genótipo com pior desempenho e difere, estatisticamente a 5% de probabilidade de erro, de SI-112, SI-057 e SI-060.

#### ▼ Representação gráfica dos dados

##### 1. Teste Tukey para os **Porta-Enxertos**:

- Cálculo de médias observadas:

```
meanDFroot <- FatDBCt %>%
  group_by(Rootstock) %>%
  summarise(meanDF = mean(dFruto, na.rm = TRUE))
```

- Associação entre o resultado do Tukey e os porta-enxertos:

```
# Cria um dataframe com o resultado do teste Tukey;
TukeyRoot <- tibble(
  Rootstock = c("Beaufort", "Emperador", "Multifort", "Robusta"),
  tTest = c("a", "ab", "a", "b")
)

# Adiciona os grupos Tukey às médias
meanDFroot <- left_join(meanDFroot, TukeyRoot, by="Rootstock")
```

- Gráfico de barras com o resultado do Tukey:

```
# Paleta do RColorBrewer
pTukeyRoot <- brewer.pal(9, "Reds")[3:6]

# Gráfico de Barras
ggplot(meanDFroot, aes(x = Rootstock, y = meanDF, fill = Rootstock)) +
  geom_bar(stat = "identity", show.legend = FALSE, width = 0.6) +
  geom_text(
    aes(label = tTest), vjust = -0.5, color = "black") +
  scale_y_continuous(
    limits = c(0, 240), breaks = seq(150, 240, by = 10)) +
  coord_cartesian(ylim = c(160, 230)) +
  scale_fill_manual(values = pTukeyRoot) +
  theme_light() +
  labs(title = "Fat DBC Tomate | Tukey p/ Porta-Enxerto",
       x = "Porta-Enxerto",
       y = "Diâmetro médio de fruto (mm)") +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 14, face = "bold"))
```

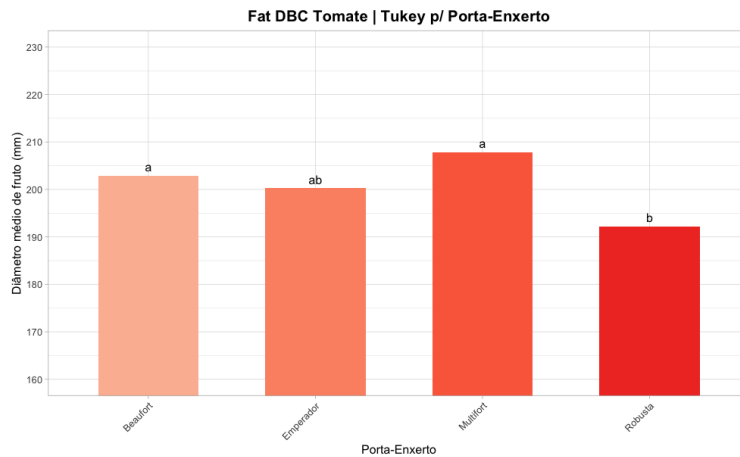


Gráfico de barras com as médias de diâmetro de frutos comerciais para cada porta-enxerto testado seguidas pelo resultado do teste Tukey.

## 2. Teste Tukey para os **Genótipos**:

- Cálculo de médias observadas:

```
meanDFgeno <- FatDBCT %>%
  group_by(Genotype) %>%
  summarise(meanDF = mean(dFruto, na.rm = TRUE))
```

- Associação entre o resultado do Tukey e os porta-enxertos:

```
# Cria um dataframe com o resultado do teste Tukey;
TukeyGeno <- tibble(
  Genotype = c("S1-031", "S1-057", "S1-060", "S1-062", "S1-098", "S1-112"),
  tTest = c("cd", "b", "bc", "d", "bcd", "a")
)

# Adiciona os grupos Tukey às médias
meanDFgeno <- left_join(meanDFgeno, TukeyGeno, by="Genotype")
```

- Gráfico de barras com o resultado do Tukey:

```
# Paleta do RColorBrewer
pTukeyGeno <- brewer.pal(9, "Reds")[4:9]

# Gráfico de Barras
ggplot(meanDFgeno, aes(x = Genotype, y = meanDF, fill = Genotype)) +
  geom_bar(stat = "identity", show.legend = FALSE, width = 0.6) +
  geom_text(
    aes(label = tTest), vjust = -0.5, color = "black") +
  scale_y_continuous(
    limits = c(0, 240), breaks = seq(150, 240, by = 10)) +
  coord_cartesian(ylim = c(160, 230)) +
  scale_fill_manual(values = pTukeyGeno) +
  theme_light() +
  labs(title = "Fat DBC Tomate | Tukey p/ Genótipo",
       x = "Genótipo",
       y = "Diâmetro médio de fruto (mm)") +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 14, face = "bold"))
```

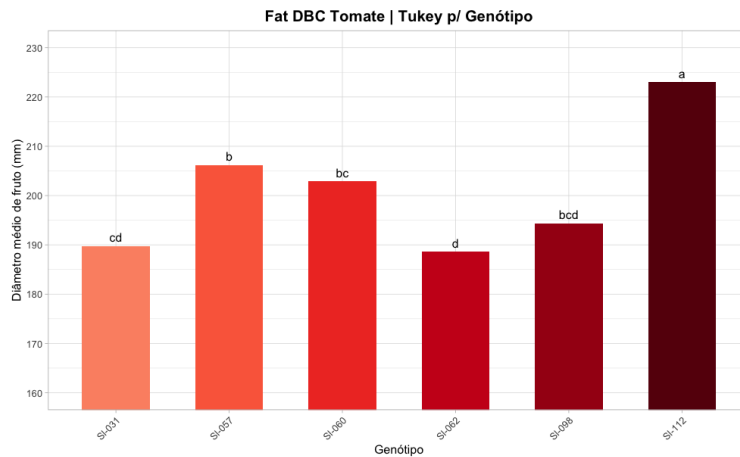


Gráfico de barras com as médias de diâmetro de frutos comerciais para cada genótipo testado seguidas pelo resultado do teste Tukey.

## CONCLUSÕES

- Delineamento e esquema adotado:
  - Não há efeito do bloco nos dados coletados para esse experimento.
  - ∴ O as variações ambientais no sentido perpendicular ao dos blocos, para esse experimento, não foram significativas.
- ANOVA e Tukey:
  - A interação entre os fatores testados não foram significativas.
  - Há diferença entre, pelo menos dois **porta-enxertos** testados, para a variável diâmetro de frutos comerciais. Portanto, foi realizado um teste de comparações múltiplas adequado para o conjunto de dados, a fim de estudar essas diferenças.
    - Multifort e Beaufort promovem melhor desempenho produtivo em comparação direta com o Robusta.
  - Há diferença entre, pelo menos dois **genótipos** testados, para a variável diâmetro de frutos comerciais. Portanto, foi realizado um teste de comparações múltiplas adequado para o conjunto de dados, a fim de estudar essas diferenças.
    - O genótipo SL-112 se demonstrou superior à todos os demais genótipos no comparativo para diâmetro de fruto.
    - O pior desempenho foi observado no genótipo SL-062.