



Ex. 11 - Experimentos Fatoriais II

Exercício 01. Planeje um experimento, na sua área de atuação, em qualquer delineamento experimental, com fator qualitativo e quantitativo no esquema fatorial. Apresente para esse experimento o delineamento experimental, o croqui e o esquema da análise de variância (causas de variação e graus de liberdade).

EXERCÍCIO 01

- **Áreas de atuação:**

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

- **Título do experimento:**

- Uso da radiação gama como promotora de mutagenese sobre os parâmetros produtivos de genótipos comerciais de alho.

- **Hipóteses testadas:**

1. Primeira hipótese:
 - H0: Não há efeito significativo para a combinação entre doses de radiação e os genótipos;
 - Ha: Há efeito significativo para a combinação entre doses de radiação e os genótipos;
- Segunda hipótese:
 - H0: A radiação não promove alterações no desempenho produtivo dos genótipos;
 - Ha: A radiação promove alterações no desempenho produtivo dos genótipos;
- Terceira hipótese:
 - H0: Os genótipos não possuem diferenças no desempenho produtivo;
 - Ha: Os genótipos possuem diferenças no desempenho produtivo;

- **Objetivos:**

- Verificar o potencial uso de mutagenese por radiação gama sobre dentes de alho na obtenção de novas cultivares a partir de cultivares comerciais.

- **Fatores e níveis:**

- Primeiro fator → Intensidade de radiação gama (Gy):
 - 0 Gy;
 - 2,5 Gy;
 - 5,0 Gy;
- Segundo fator → Genótipos comerciais de alho:
 - a. Caçador;
 - b. Chonan;
 - c. Itto;
 - d. Peruano;

- **Variável resposta:**

- Peso médio, em gramas, dos bulbos;
- Diâmetro médio, em milímetros, dos bulbos;
- Número de bulbilhos por bulbo;

- **Design Experimental:**

- Delineamento Inteiramente Casualizado em Esquema Fatorial;
- J = 4 repetições;
- IxK → 3 x 4 = 12 Tratamentos Experimentais;

```

# Seed para aleatorizações
set.seed(2001)

# Aleatorização das parcelas experimentais
sFatDICg <- FatDICg[sample(nrow(FatDICg)), ]

# Cria um dataframe com linhas (n = x) e (n = y) colunas associarmos ao FatDICg
Linha <- rep(1:6, each = 8)
Coluna <- rep(1:8, times = 6)
Arranjo <- data.frame(row = Linha, col = Coluna)
sFatDICg <- cbind(sFatDICg, Arranjo)

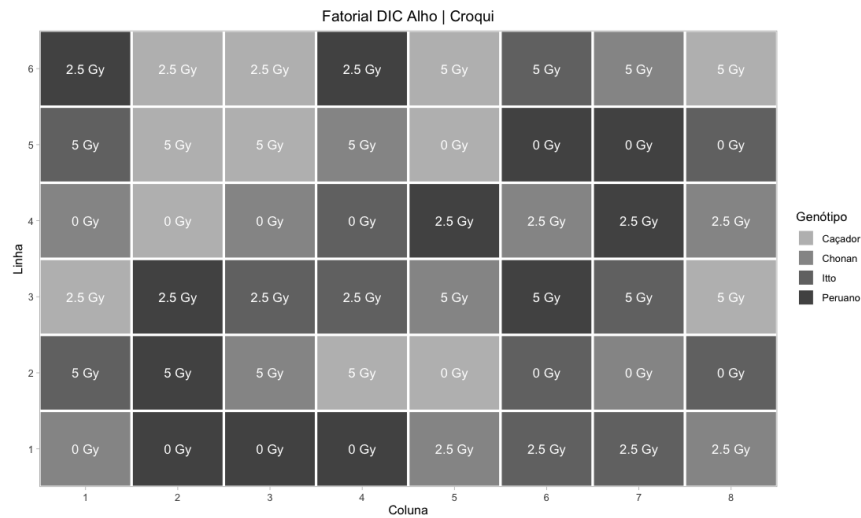
# Transforma as fontes de variação em fator
sFatDICg$Genotype <- as.factor(sFatDICg$Genotype)
sFatDICg$Dose <- as.factor(sFatDICg$Dose)

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

# Cria uma nova coluna para servir como a label da var. Dose
sFatDICg$DoseName <- paste(FatDICg$Dose, "Gy", sep = " ")

# Plota o croqui da área
croquiFat <- ggplot(sFatDICg, aes(x = col, y = row, fill = Genotype)) +
  geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
  geom_text(aes(label = DoseName), color = "white", size = 4) +
  scale_fill_manual(values = paleta) +
  scale_x_continuous(breaks = unique(sFatDICg$col), labels = unique(sFatDICg$col),
    expand = c(0, 0)) +
  scale_y_continuous(breaks = unique(sFatDICg$row), labels = unique(sFatDICg$row),
    expand = c(0, 0)) +
  labs(
    x = "Coluna",
    y = "Linha",
    title = "Fatorial DIC Alho | Croqui",
    fill = "Genótipo") +
  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(croquiFat)

```



A coloração do croqui foi realizada em função dos diferentes genótipos, enquanto que a identificação nas parcelas representam a intensidade de exposição do alho à radiação Gama.

▼ ANOVA | Análise de variância

- O quadro geral da análise de variância seria:

Fonte de Variação	Graus de Liberdade
Genótipo	$[I - 1] = 3$
Dose	$[K - 1] = 2$
Genótipo x Dose	$[(I - 1) \times (K - 1)] = 6$
Tratamentos	$[IK - 1] = 11$
Resíduo	$[IK(J - 1)] = 36$
Total	$[IKJ - 1] = 47$

- Supondo uma interação significativa, em que ocorram desdobramentos para ambas os fatores, teríamos:

1. Dose dentro de genótipo:

Fonte de Variação	Graus de Liberdade
Genótipo	$[I - 1] = 3$
Dose dentro do G1 (Caçador)	$[K - 1] = 2$
Dose dentro do G2 (Caçador)	$[K - 1] = 2$
Dose dentro do G3 (Caçador)	$[K - 1] = 2$
Dose dentro do G4 (Caçador)	$[K - 1] = 2$
Resíduo	$[IK(J - 1)] = 36$
Total	$[IKJ - 1] = 47$

2. Genótipo dentro de dose:

Fonte de Variação	Graus de Liberdade
Dose	$[K - 1] = 2$
Genótipo dentro da D1 (0 Gy)	$[I - 1] = 3$
Genótipo dentro da D1 (2,5 Gy)	$[I - 1] = 3$
Genótipo dentro da D1 (5,0 Gy)	$[I - 1] = 3$
Resíduo	$[IK(J - 1)] = 36$
Total	$[IKJ - 1] = 47$