



Ex. 09 - DQL

Exercício 01. Planeje um experimento na sua área de atuação no delineamento quadrado latino.

Exercício 02. Obtenha um conjunto de dados da sua área, coletado num experimento instalado no delineamento quadrado latino, faça a análise de variância e interprete os resultados.

EXERCÍCIO 01

- **Áreas de atuação:**
 1. Genética Quantitativa;
 2. Melhoramento de Plantas;
 3. Hortaliças;
- **Título do experimento:**
 - Desempenho produtivo de batatas obtidas por mutagênese via radiação gama.
- **Hipóteses testadas:**
 - H0: O desempenho produtivo de batatas não é afetado pela mutagênese;
 - Ha: O desempenho produtivo de batatas é afetado, em pelo menos um dos tratamentos com mutagênese;
- **Objetivos:**
 - Verificar o potencial uso de mutagênese por radiação gama sobre batatas sementes na obtenção de novas cultivares;
- **Fatores e níveis:**
 - Intensidade de radiação gama (Gy);
 - Níveis do tratamento:
 - a. 0,0 Gy;
 - b. 2,0 Gy;
 - c. 4,0 Gy;
 - d. 6,0 Gy;
 - e. 8,0 Gy;
- **Variável resposta:**
 - Peso, em quilogramas, de todos os tubérculos comerciais colhidos em uma parcela composta por 7 plantas;
- **Design Experimental:**
 - Delineamento em quadrado latino;
 - Justificativa:
 - Declividade e variação da textura do solo no sentido das colunas;
 - Presença de sombra parcial no sentido das linhas;

∴ Foi utilizado o quadrado latino para validar se há efeito da linha e/ou coluna no experimento;
 - O nº de repetições adotado deve ser equivalente ao número de níveis do tratamento ($n = 6$, ∴ $j = 6$);

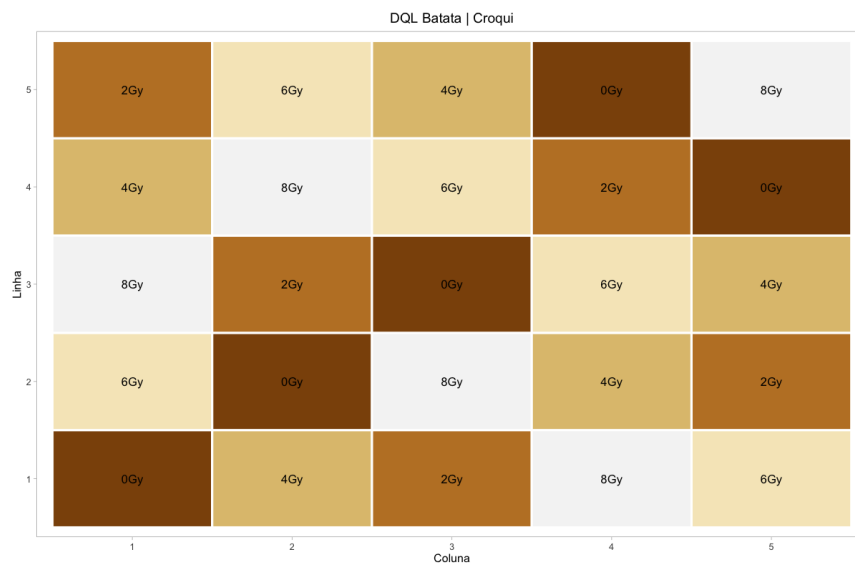
```
# Data Frame único para o agricolae gerar o croqui
Gama <- c("0Gy", "2Gy", "4Gy", "6Gy", "8Gy")

# Gera a matriz com o delineamento
croqui <- design.lsd(Gama, serie = 2, seed = 1704)
print(croqui)

# Armazena apenas a matriz do delineamento na variável plano
plano <- croqui$book
```

```
# Paleta do RColorBrewer
paleta <- brewer.pal(9, "BrBG")[1:5]

# Plota o croqui da área
croquiDQL <- ggplot(plano, aes(x = col, y = row, label = Gama, fill = Gama)) +
  geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
  geom_text(aes(label = Gama), color = "black", size = 4) +
  scale_fill_manual(values = paleta) +
  labs(
    x = "Coluna",
    y = "Linha",
    title = "DQL Batata | Croqui",
    fill = "Radiação") +
  theme_light() +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 0, vjust = 0.5, hjust = 0.5), # Ajustar a posição dos rótulos
    panel.grid = element_blank(),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5)
  )
print(croquiDQL)
```



Observe a distribuição em função do quadrado latino. Em cada linha e coluna há a distribuição de todas as doses exatamente 1 vez. O design final tem tamanho igual ao quadrado do número de tratamentos;

EXERCÍCIO 02



Para esse exercício, será utilizada a variável **peso de tubérculos comerciais**.

▼ Associação do croqui ao conjunto de dados:

```
plano <- plano[order(plano$Gama), ]
DQLpotato <- cbind(DQLpotato, plano)
DQLpotato <- subset(DQLpotato, select = -c(plots, Gama))
```

Ordena o croqui pela dose, pareando
Unifica a tabela com posições do
Remove colunas não necessárias

▼ Análise exploratória:

1. Gráfico de pontos:

```
ggplot(DQLpotato, aes(x = Dose, y = pTub)) +
  geom_point() +
  expand_limits(y = 0) +
  labs(
```

```
x = "Dose de radiação (Gy)",
y = "Peso de tubérculos comerciais (kg)",
title = "DQL Batata | Gráfico de Pontos" +
theme(
plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

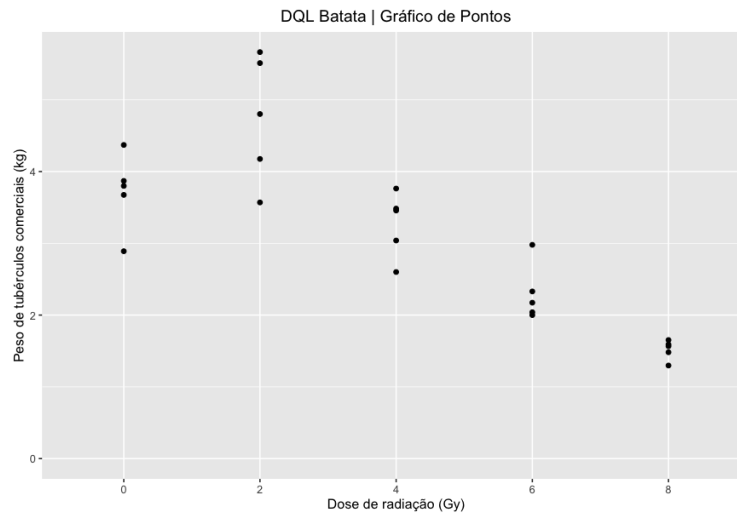


Gráfico de pontos para dados de peso de tubérculos comerciais para diferentes doses de radiação.

2. Gráfico BoxPlot:

```
ggplot(DQLpotato, aes(x = Dose, y = pTub)) +
geom_boxplot() +
expand_limits(y = 0) +
labs(
x = "Dose de radiação (Gy)",
y = "Peso de tubérculos comerciais (kg)",
title = "DQL Batata | BoxPlot" +
theme(
plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```

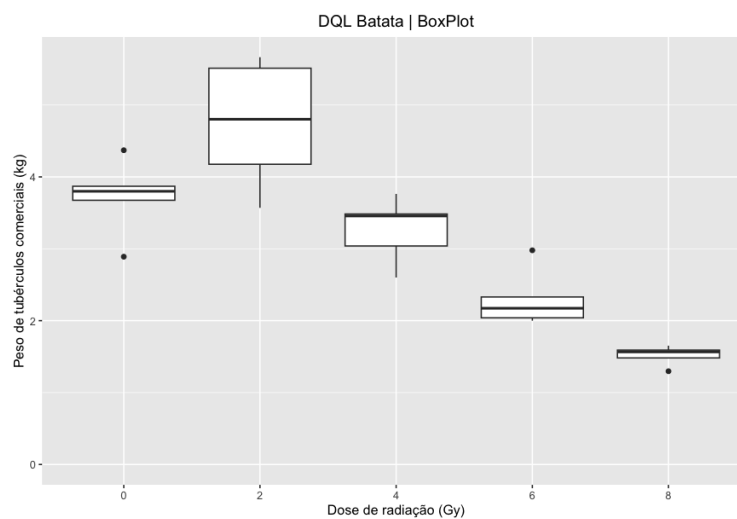


Gráfico de pontos para dados de peso de tubérculos comerciais para diferentes doses de radiação.

3. Gráfico de escala de produção por parcela:

```
ggplot(DQLpotato, aes(x = col, y = row, label = Name, fill = pTub)) +
geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
geom_text(aes(label = Name), color = "black", size = 4) +
scale_fill_gradient(low = "#F1E7C3", high = "#7D5119") +
```

```
geom_text() +
labs(
  x = "Linha",
  y = "Coluna",
  title = "DQL Batata | Produção",
  fill = "Produção (Kg)") +
theme_light() +
theme(
  axis.text.x = element_text(angle = 0, vjust = 0.5, hjust = 0.5), # Ajustar a posição dos rót
  panel.grid = element_blank(),
  plot.title = element_text(hjust = 0.5)
)
```

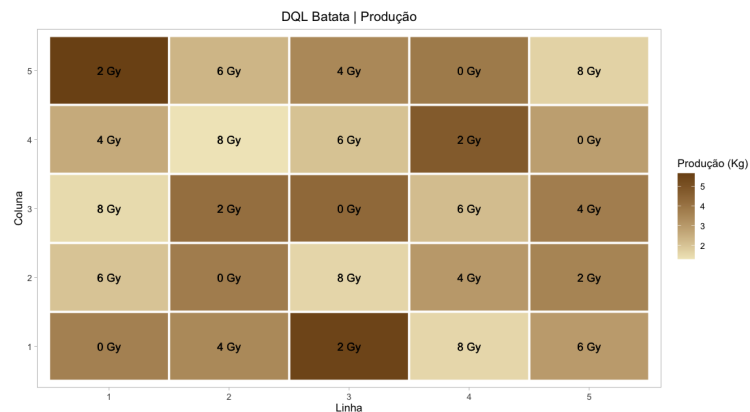


Gráfico do croqui experimental colorido em função da produção total da parcela.

▼ 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:**

```
mDQL = aov(pTub ~ row+col+Dose, DQLpotato)
resDQL <- residuals(mDQL) # Resíduos
resStudDQL <- rstandard(mDQL) # Resíduos studentizados
```

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

```
shapiro.test(resStudDQL)
```

Resultado:

```
data: resStudDQL
W = 0.97415, p-value = 0.7506
```

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(mDQL)
```

Resultado:

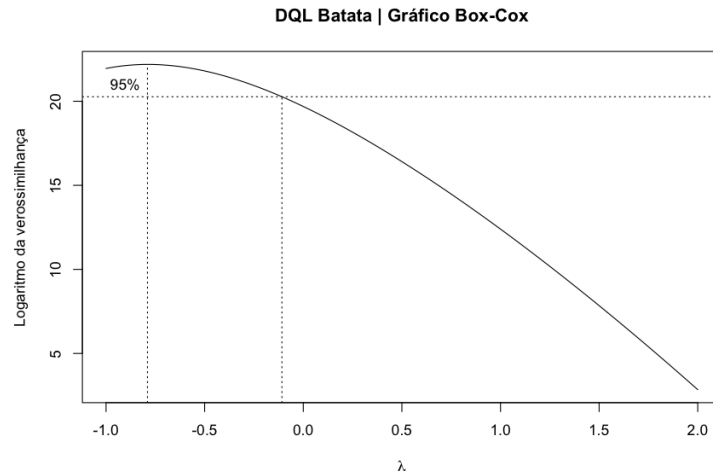
```
data: mDQL
BP = 16.674, df = 12, p-value = 0.1623
```

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(mDQL,
  lambda = seq(-1, 2, 0.01),
```

```
ylab = "Logaritmo da verossimilhança")
title(main = "DQL Batata | Gráfico Box-Cox")
```



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

- **Transformação de dados:**

Portanto → Com λ próximo à -1, aplica-se a transformação $y' = \frac{1}{y+0,5}$ para a variável peso total de tubérculos.

```
DQLpotato$pTubT <- 1 / (DQLpotato$pTub + 0.5)
```

- **Ajuste do modelo linear para dados transformados:**

```
mDQLt = aov(pTubT ~ row+col+Dose, DQLpotato)
resDQLt <- residuals(mDQLt)           # Resíduos
resStudDQLt <- rstandard(mDQLt)      # Resíduos studentizados
```

- **Shapiro-Wilk** | Teste de normalidade dos resíduos para dados transformados

```
shapiro.test(resStudDQLt)
```

Resultado:

```
data: resStudDQLt
W = 0.94373, p-value = 0.1804
```

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 para dados transformados

```
bptest(mDQLt)
```

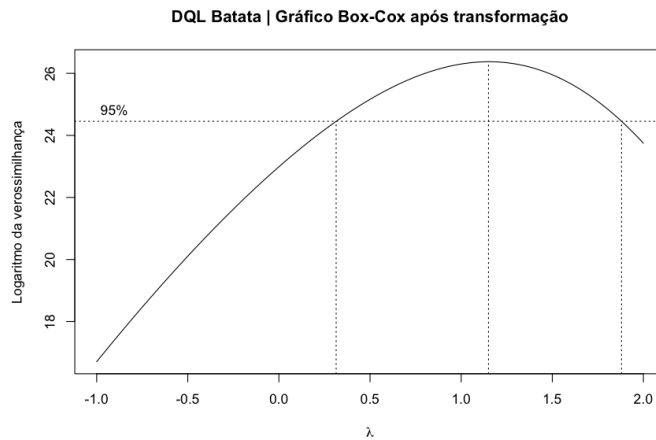
Resultado:

```
data: mDQLt
BP = 14.664, df = 12, p-value = 0.2603
```

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 λ para dados transformados

```
tBoxCox <- boxcox(mDQLt,
  lambda = seq(-1, 2, 0.01),
  ylab = "Logaritmo da verossimilhança")
title(main = "DQL Batata | Gráfico Box-Cox após transformação")
```



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 | Análise de variância

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

```
# Code:
DQLpotato$Dose <- as.numeric(as.character(DQLpotato$Dose))
with(DQLpotato,
     dql(Dose,
         row,
         col,
         pTubT,
         quali = F,
         sigF = 0.05,
         sigT = 0.05))
```

- Resultado:

```
# ANOVA:
-----
Quadro da analise de variancia
-----
              GL      SQ      QM      Fc      Pr>Fc
Tratamento  4 0.287694 0.071923 81.951 0.00000
Linha        4 0.014470 0.003617  4.122 0.02499
Coluna       4 0.002487 0.000622  0.708 0.60157
Residuo     12 0.010532 0.000878
Total       24 0.315182
-----
CV = 9.47 %
```

- Interpretações:
 - Foi observado efeito para a linha a 5% de probabilidade de erro.
 - Não foi observado efeito para a coluna a 5% de probabilidade de erro.
 - A hipótese nula é rejeitada, aceitando-se a hipótese alternativa de que há diferenças significativas a 5% de probabilidade de erro entre, pelo menos, dois tratamentos.
 - O coeficiente de variação está dentro do adequado.

▼ Regressão Polinomial

- Para realizar a regressão, os regressores foram estimados por meio da função “dic” presente no pacote já mencionado, o [ExpDes.pt](#):

```
# Code:
DQLpotato$Dose <- as.numeric(as.character(DQLpotato$Dose))
```

```
with(DQLpotato,
      dql(Dose,
          row,
          col,
          pTubT,
          quali = F,
          sigF = 0.05,
          sigT = 0.05))
```

Resultado

```
[...]
Ajuste de modelos polinomiais de regressao
-----

Modelo Linear
=====
      Estimativa Erro.padrao   tc   valor.p
-----
b0    0.1765      0.0103    17.1989    0
b1    0.0341      0.0021    16.2552    0
-----

R2 do modelo linear
-----
0.806063
-----

Analise de variancia do modelo linear
=====
              GL   SQ    QM    Fc   valor.p
-----
Efeito linear      1  0.2319 0.2319 264.23    0
Desvios de Regressao 3  0.0558 0.0186 21.19  4e-05
Residuos           12 0.0105 0.0009
-----

Modelo quadratico
=====
      Estimativa Erro.padrao   tc   valor.p
-----
b0    0.2310      0.0125    18.5230    0
b1   -0.0204      0.0074    -2.7628  0.0172
b2    0.0068      0.0009     7.6894  0.00001
-----

R2 do modelo quadratico
-----
0.986437
-----

Analise de variancia do modelo quadratico
=====
              GL   SQ    QM    Fc   valor.p
-----
Efeito linear      1  0.2319 0.2319 264.23    0
Efeito quadratico  1  0.0519 0.0519 59.13  1e-05
Desvios de Regressao 2  0.0039 0.0019  2.22  0.15091
Residuos           12 0.0105 0.0009
-----

Modelo cubico
```

```
=====
      Estimativa Erro.padrao   tc   valor.p
-----
b0    0.2385      0.0132    18.1320    0
b1   -0.0474      0.0167   -2.8358  0.0150
b2    0.0162      0.0053    3.0577  0.0099
b3   -0.0008      0.0004   -1.8013  0.0968
-----

R2 do modelo cubico
-----
0.996335
-----

Analise de variancia do modelo cubico
=====
              GL    SQ      QM      Fc   valor.p
-----
Efeito linear      1  0.2319  0.2319 264.23      0
Efeito quadratico  1  0.0519  0.0519 59.13   1e-05
Efeito cubico      1  0.0029  0.0029  3.24   0.09682
Desvios de Regressao 1  0.0010  0.0010  1.2    0.29455
Residuos           12  0.0105  0.0009
-----
```

Com base nos resultados obtidos, é possível concluir que:

- O modelo com melhor ajuste é o cúbico, com R^2 de 99.63%, no entanto o efeito cúbico não foi significativo. Logo, estuda-se o ajuste de um polinômio de grau menor.
- O modelo com ajuste de todos os regressores estimados é o quadrático, com R^2 de 98.64%;
 - Efeito linear foi significativo;
 - Efeito quadrático foi significativo;
- A equação geral:

$$f(x) = 0.2310 + 0.0204 \times x - 0.0068 \times x^2$$

- A equação encontrada reflete a variável resposta **transformada**. Portanto a equação final encontrada seria:

$$f(x) = \frac{1}{(0.2310 + 0.0204 \times x - 0.0068 \times x^2) + 0.5}$$

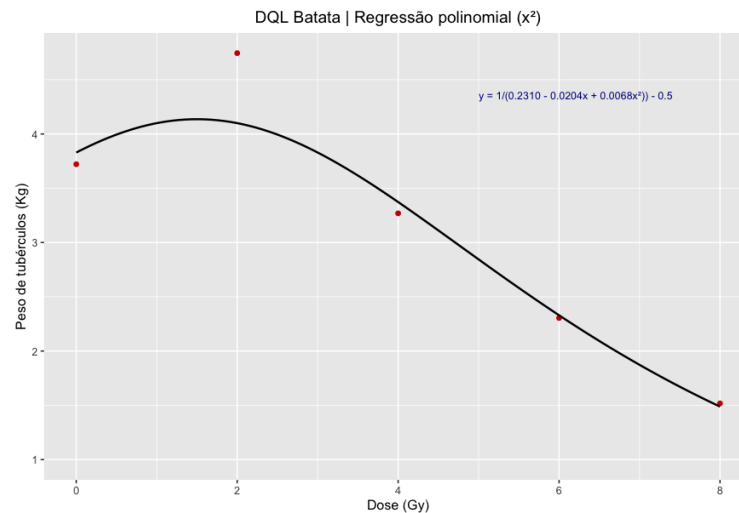
▼ Representação gráfica dos dados

- Criação da função que armazena a equação encontrada:

```
functionDQL <- function(x){
  (1/(0.2310 - 0.0204*x + 0.0068*x^2) + 0.5)
}
```

- Gráfico de pontos associado à regressão quadrática:

```
ggplot(DQLpotato, aes(x=Dose, y = pTub)) +
  stat_summary(fun = mean, geom = "point", color = "red3") +
  stat_function(fun = functionDQL, color = "black", size = 0.8) +
  expand_limits(y = 1) +
  scale_x_continuous(breaks = seq(min(DQLpotato$Dose), max(DQLpotato$Dose), by = 2)) +
  labs(
    x = "Dose (Gy)",
    y = "Peso de tubérculos (Kg)",
    title = "DQL Batata | Regressão polinomial (x²)" ) +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5)) +
  annotate("text", x = 5, y = 4.6, label = "y = 1/(0.2310 - 0.0204x + 0.0068x²) - 0.5",
    color = "blue4", size = 3, hjust = 0, vjust = 4)
```

Regressão cúbica aplicada aos dados de altura de plantas de alho, aos 42 DAP, sob diferentes doses de irradiação gama.

CONCLUSÕES

- Delineamento adotado:
 - Há efeito da linha nos dados coletados para esse experimento.
 - Não há efeito da coluna nos dados coletados para esse experimento.

∴ Não seria “necessário” adotar o delineamento em quadrado latino, pois os efeitos ocorreram em apenas um dos sentidos.
- ANOVA e regressão polinomial:
 - Há diferenças entre, pelo menos duas doses testados para a variável produção de tubérculos com padrão comercial por parcela. Portanto, foi realizada uma regressão a fim de estudar o comportamento das doses sobre a variável resposta.
 - A regressão polinomial foi bem sucedida e conseguiu determinar regressores com bom ajuste ao conjunto de dados.
 - A mutagênese por meio de radiação gama promove um incremento leve sob doses menores, seguido por uma queda em doses seguintes, efeito conhecido como **Hormese**. Logo, a dose imediatamente superior a testemunha, de 2,0 Gy promoveu ganhos para a variável peso de tubérculos comerciais, no entanto, doses maiores são seguidas por quedas progressivas no vigor das plantas.