



Ex. 07 - Pressuposições do Modelo

Exercício. Para os seus conjuntos de dados dos exercícios das aulas anteriores, coletados de experimentos instalados no delineamento inteiramente casualizado, verifique as pressuposições do modelo e interprete os resultados.

DIC - Batata



Dados utilizados nos exercícios 03 - DIC e 05 - Comparações Múltiplas II.

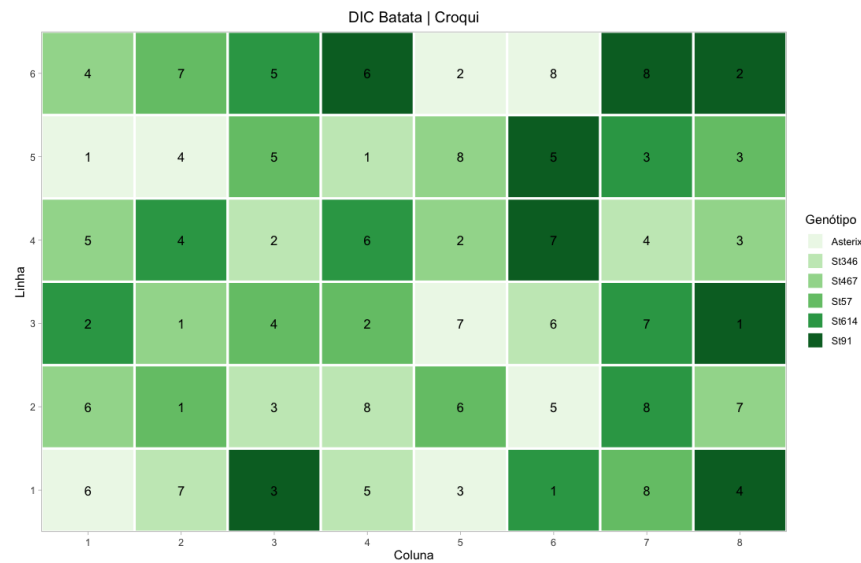
- **Título do experimento:**
 - Capacidade de multiplicação de diferentes acessos de *Solanum tuberosum* sob condições de cultivo protegido.
- **Hipóteses testadas:**
 - H0: Os acessos não se diferem quanto a capacidade de tuberizar e gerar batatas sementes para multiplicação;
 - Ha: Há, entre pelo menos dois acessos, diferenças entre o número de batatas sementes produzidas;
- **Objetivos:**
 - Verificar o potencial propagativo de acessos de *Solanum tuberosum* como métrica para o planejamento do *pipeline* do programa de melhoramento de hortaliças da Esalq-USP.
- **Fatores e níveis:**
 - Acessos de batata utilizados nos experimentos com clones avançados;
 - Níveis do tratamento:
 - a. Asterix - Funciona como testemunha;
 - b. St57
 - c. St91
 - d. St346
 - e. St467
 - f. St614
- **Variável resposta:**
 - Número de tubérculos viáveis produzidos após dessecação aos 110 dias após plantio;

▼ Design Experimental:

```
# Plota o croqui da área
croquiDICp <- ggplot(SampleDICp, aes(x = LINHA, y = COLUNA, fill = Genotype)) +
  geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
  geom_text(aes(label = Repetition), color = "black", size = 4) +
  scale_fill_manual(values = paleta) +
  scale_x_continuous(breaks = unique(SampleDICp$LINHA), labels = unique(SampleDICp$LINHA),
                    expand = c(0, 0)) +
  scale_y_continuous(breaks = unique(SampleDICp$COLUNA), labels = unique(SampleDICp$COLUNA),
                    expand = c(0, 0)) +

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

```
)  
print(croquiDICp)
```



▼ Validação das pressuposições da ANOVA:

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

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

```
# Modelo linear  
lmDICp = lm(nTub~Genotype, DICpotato)  
resDICp <- residuals(lmDICp)           # Resíduos  
resStudDICp <- rstandard(lmDICp)      # Resíduos studentizados  
  
shapiro.test(resStudDICp)
```

Resultado:

```
data:  resStudDICp  
W = 0.98719, p-value = 0.8741
```

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

- **Levene** | Teste de homogeneidade de variâncias

```
with(DICpotato,  
      levene.test(nTub, Genotype, location = "mean"))
```

Resultado:

```
data:  nTub  
Test Statistic = 2.1659, p-value = 0.07615
```

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

CONCLUSÕES

- Visto que o conjunto de dados atendem as pressuposições da ANOVA, não há necessidade de realizar uma transformação de dados e é possível seguir para a Análise de Variância.

DIC - Alho



- **Título do experimento:**

- **Uso de radiação gama na obtenção de mutantes de alho**

- **Hipóteses testadas:**

- H0: O desenvolvimento vegetativo de plantas de alho não é afetado pela mutagênese;
- Ha: O desenvolvimento vegetativo de plantas de alho são afetados em, pelo menos, um dos tratamentos mutantes;

- **Objetivos:**

- Verificar o potencial uso de mutagênese por radiação gama sobre dentes de alho na obtenção de novas cultivares.

- **Fatores e níveis:**

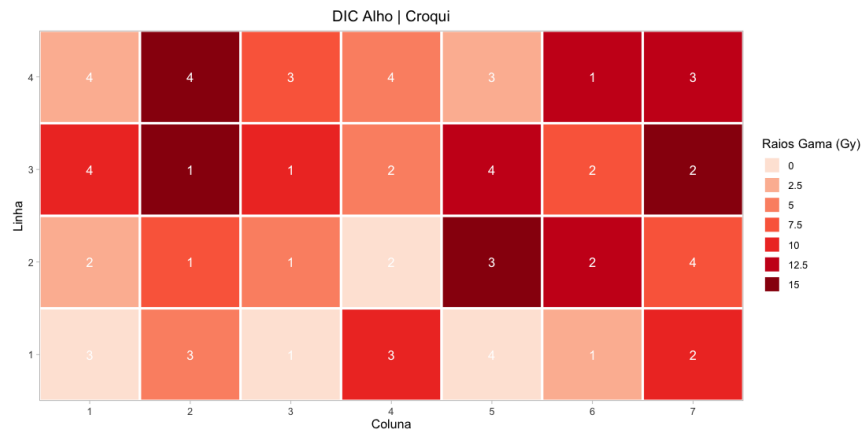
- Intensidade de radiação gama (Gy);
- Níveis do tratamento:
 - a. 2,5 Gy
 - b. 5,0 Gy
 - c. 7,5 Gy
 - d. 10,0 Gy
 - e. 12,5 Gy
 - f. 15,0 Gy
 - g. Testemunha (0,0 Gy)

- **Variável resposta:**

- Altura de plantas aos 42 dias após o plantio;

- ▼ **Design Experimental:**

```
# Plota o croqui da área
croquiDIC <- ggplot(SampleDIC, aes(x = LINHA, y = COLUNA, fill = DOSE)) +
  geom_tile(color = "white", lwd = 1) +
  geom_text(aes(label = REPETIÇÃO), color = "white", size = 4) +
  scale_color_continuous() +
  scale_x_continuous(breaks = unique(SampleDIC$LINHA), labels = unique(SampleDIC$LINHA),
                     expand = c(0, 0)) +
  scale_y_continuous(breaks = unique(SampleDIC$COLUNA), labels = unique(SampleDIC$COLUNA),
                     expand = c(0, 0)) +
  labs(
    x = "Coluna",
    y = "Linha",
    title = "DIC Alho | Croqui",
    fill = "Raios Gama (Gy)") +
  theme_light() +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 0, vjust = 0.5, hjust = 0.5),
    axis.text.y = element_text(angle = 0, vjust = 0.5, hjust = 0.5),
    panel.grid = element_blank(),
    plot.title = element_text(hjust = 0.5)
  )
print(croquiDIC)
```



▼ Validação das pressuposições da ANOVA:

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

```
# Modelo linear
lmDIC = lm(ALTURA~DOSE, DICgarlic)
resDIC <- residuals(lmDIC)           # Resíduos
resStudDIC <- rstandard(lmDIC)       # Resíduos studentizados

shapiro.test(resStudDIC)
```

Resultado:

```
data:  resStudDIC
W = 0.95789, p-value = 0.3104
```

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

- **Levene** | Teste de homogeneidade de variâncias

```
with(DICgarlic,
  levene.test(ALTURA, DOSE, location = "mean"))
```

Resultado:

```
data:  ALTURA
Test Statistic = 3.742, p-value = 0.0109
```

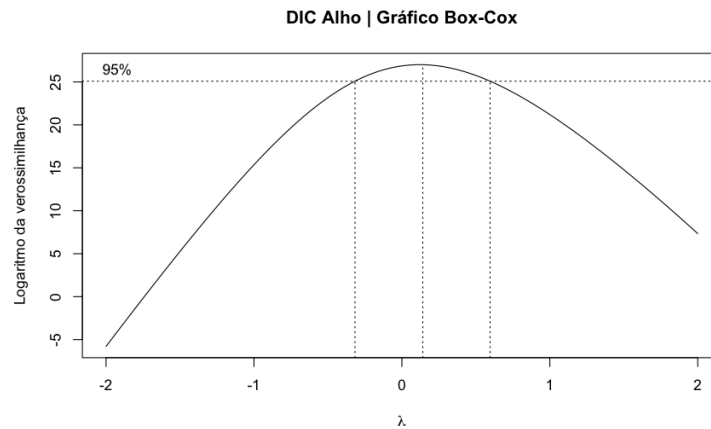
Portanto → De acordo com o teste de Levene a 5% de probabilidade de erro, **as variâncias não podem ser consideradas homogêneas**.



Visto que o conjunto de dados não atende as pressuposições da ANOVA, deverá ser realizada uma transformação de dados. Para isso, será utilizada a análise do gráfico Box-Cox para a obtenção de um lambda aproximado que defina a transformação adequada.

- **Gráfico Box-Cox**

```
with(DICgarlic, {
  plot_boxcox <- boxcox(ALTURA ~ DOSE,
                        ylab = "Logaritmo da verossimilhança")
  title(main = "DIC Alho | Gráfico Box-Cox")
  print(plot_boxcox)
})
```



- **Transformação de dados**

Portanto → Com λ próximo a 0, aplica-se a transformação $\log(y + 0,5)$ para a variável altura de planta.

```
DICgarlic$ALTURat <- log(DICgarlic$ALTURA)
```

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

```
# Modelo linear após transformação
lmDICT = lm(ALTURat~DOSE, DICgarlic)
resDICT <- residuals(lmDICT)          # Resíduos
resStudDICT <- rstandard(lmDICT)      # Resíduos studentizados

shapiro.test(resStudDICT)
```

Resultado:

```
data:  resStudDICT
W = 0.97689, p-value = 0.7706
```

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

- **Levene** | Teste de homogeneidade de variâncias

```
with(DICgarlic,
      levene.test(ALTURat, DOSE, location = "mean"))
```

Resultado:

```
data:  ALTURat
Test Statistic = 1.8169, p-value = 0.1443
```

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

CONCLUSÕES

- As pressuposições da ANOVA não foram atendidas para os dados de altura. A partir do teste de Levene foi possível verificar que as variâncias não eram homogêneas a 5% de probabilidade de erro ($p_{value} = 0.0109$), o que torna evidente a necessidade de realizar uma transformação dos dados.
- Para a transformação, foi plotado o gráfico Box-Cox para identificar o λ que melhor se encaixava ao intervalo de confiança, estabelecendo assim $\lambda = 0$.
- Com $\lambda = 0$, a transformação segue a equação $y_t = \log(y)$, e foram obtidas novos valores para a altura, como é observável na tabela abaixo. Os dados transformados foram submetidos aos testes de Levene e Shapiro-Wilk, e atenderam as pressuposições, permitindo prosseguir para a Análise de Variância.

Dose	Repetição	Altura	Altura transformada
0	1	50.3	3,92
0	2	53.7	3,98
0	3	55.5	4,02

Dose	Repetição	Altura	Altura transformada
0	4	58.6	4,07
2.5	1	54.25	3,99
2.5	2	54.3	3,99
2.5	3	56.6	4,04
2.5	4	54	3,99
5	1	44.9	3,80
5	2	40.8	3,71
5	3	36.9	3,61
5	4	47.4	3,86
7.5	1	28.4	3,35
7.5	2	26.5	3,28
7.5	3	31	3,43
7.5	4	34.6	3,54
10	1	14.6	2,68
10	2	15.4	2,73
10	3	16.7	2,82
10	4	16.1	2,78
12.5	1	12.1	2,49
12.5	2	12	2,48
12.5	3	10	2,30
12.5	4	10.6	2,36
15	1	10.5	2,35
15	2	9.5	2,25
15	3	10.875	2,39
15	4	12	2,48