Package 'cursoR'

July 7, 2018

Type Package

Title Curso R do grupo Experimentagco da UFSM-SM

Version 1.0.1

Date 2018-07-05

Author Tiago Olivoto

Maintainer Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

Description Pacote criado para o curso R realizado pelo grupo Experimentação da UFSM-SM. As funções utilizadas no curso são disponibilizadas.

Depends R (>= 3.5.0)

License GPL (>=3)

 ${\bf URL}\ {\tt https://github.com/TiagoOlivoto/cursoR}$

Encoding ISO-8859-1

LazyData true

Imports corrplot, ggplot2, GGally, MASS, FWDselect, diagram, factoextra, ade4, fpc, pvclust, StatMatch, dplyr, plyr, psych, stability, plotly, reshape, plot3D, hydroGOF

RoxygenNote 6.0.1

RemoteType github

RemoteHost https://api.github.com

RemoteRepo cursoR

RemoteUsername TiagoOlivoto

RemoteRef master

RemoteSha b1e5264be8d753f6392e4a187d0dec2599753950

GithubRepo cursoR

GithubUsername TiagoOlivoto

GithubRef master

GithubSHA1 b1e5264be8d753f6392e4a187d0dec2599753950

2 CIcorr.mat

R topics documented:

CIco		Intervalo de confiança não paramétrico do coeficiente de correla de Pearson	ção
Index			23
	supresp_cor		. 22
	<u> </u>		
	•		
	-		
	1		
	•		
	•		
	*		
	•		
	C -		
	*		

Description

Calcula a semi-amplitude do intervalo de confiança (p<0.05) do coeficiente de correlação com base em um arquivo de variáveis.

Usage

CIcorr.mat(data)

Arguments

data

O conjunto de dados (somente variáveis)

Details

Esta função calcula a semi-amplitude do intervalo de confiança do coeficiente de correlação de Pearson utilizando o modelo proposto por *Olivoto et al. (2018)*. A saída retorna o coeficiente de correlação de todas as combinações possíveis com seus respectivos intervalos de confiança e limites (inferior e superior)

Author(s)

CIcorr.val 3

References

Olivoto et al. Confidence Interval Width for Pearson's Correlation Coefficient: A Gaussian-Independent Estimator Based on Sample Size and Strength of Association. Agronomy Journal, v. 110, n. 1, p. 1-8, 2018.

CIcorr.val Intervalo de confiança não paramétrico do coeficiente de correlação de Pearson

Description

Calcula a semi-amplitude do intervalo de confiança (p<0.05) do coeficiente de correlação com base na magnitude do r e tamanho de amostra declarados.

Usage

```
CIcorr.val(r, n)
```

Arguments

r A magnitude do coeficiente de correlação, em valor absoluto.

n O tamanho da amostra utilizado para calcular o coeficiente de correlação.

Details

Esta função calcula a semi-amplitude do intervalo de confiança do coeficiente de correlação de Pearson utilizando o modelo proposto por *Olivoto et al. (2018)*, com base na magnitude da correlação e o tamanho da amostra declarados.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

References

Olivoto et al. Confidence Interval Width for Pearson's Correlation Coefficient: A Gaussian-Independent Estimator Based on Sample Size and Strength of Association. Agronomy Journal, v. 110, n. 1, p. 1-8, 2018.

4 corr.plot

corr.plot	Coeficiente de correlação gáfico-numérico	

Description

Plota o coeficiente de correlação em uma visualização gráfico-numérica

Usage

```
corr.plot(Dataset, prob = 0.05, export = FALSE, file.type = "pdf",
    file.name = NULL, width = 8, height = 7, resolution = 300,
    sizepoint = 0.5, minsize = 2, maxsize = 3, smooth = FALSE,
    signcol = "green", alpha = 0.15, diagcol = "gray",
    col.up.panel = "gray", col.lw.panel = "gray",
    col.dia.panel = "black", pan.spacing = 0.15)
```

Arguments

Dataset	O conjunto de dados (somente variáveis)
prob	A probabilidade de erro assumida para significância do coeficiente de correlação. Padrão é 0.05
export	Argumento lógico para exportação do gráfico. Padrão é FALSE.
file.type	O tipo de arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T TRUE. Padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff".
file.name	O nome do arquivo para exportação. Padrão é NULL, ou seja, o arquivo é nomeado automaticamente.
width	A largura em "inch" do gráfico. Padrão é 8.
height	A algura em "inch" do gráfico. Padrão é 7.
resolution	A resolução da imagem. Argumento válido se file. type = "tiff" é declarado. Padrão é 300 (300 dpi)
sizepoint	O tamanho do ponto que representa as ditribuições das variáveis. Padrão é 0.5
minsize	O tamanho da letra para representar o menor coeficiente de correlação.
maxsize	O tamanho da letra para representar o maior coeficiente de correlação.
smooth	Argumento lógico para declarar se uma reta de relação linear é exibida. Padrão é FALSE
signcol	Cor para indicar as correlações significantes. Padrão é "green"
alpha	Valor para indicar a transparência da cor informada no argumento sign $col.\ 0 = totalmente transparente;\ 1 = cor completa. Padrão é 0.15$
diagcol	Cor para representar a distribuição da variável (diagonal). Padrão é "gray"
col.up.panel,	col.lw.panel, col.dia.panel
	A cor da borda dos painéis da diagonal superior, inferior e da diagonal, respectivamente. Os padrões são, respectivamente "gray", "gray" e "black".
pan.spacing	O espaçamento entre os painéis. Padrão é 0.15. Valores maiores aumentam a distância entre os painéis. Se o valor for 0, não há espaço entre os painéis.

Author(s)

corr.SS 5

corr.SS	Planejamento do tamanho amostral para o coeficiente de correlação de Pearson

Description

Calcula o tamanho da amostra necessário para a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson

Usage

```
corr.SS(r, CI)
```

Arguments

r A magnitude do coeficiente de correlação, em valor absoluto.

CI A semi-amplitude do intervalo de confianaça desejado.

Details

Esta função calcula o tamanho da amostra requerido para estimar o coeficiente de correlação de Pearson com uma semi-amplitude do intervalo de confiança pré-definido. A estimativa é baseada no método não paramétrico proposto por *Olivoto et al.* (2018)

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

References

Olivoto et al. Confidence Interval Width for Pearson's Correlation Coefficient: A Gaussian-Independent Estimator Based on Sample Size and Strength of Association. Agronomy Journal, v. 110, n. 1, p. 1-8, 2018.

distdend	Análise de agrupamento com estimativas de distâncias, seleção de
	variáveis e confecção de dendrogramas

Description

Função para estimativa de distâncias em uma matriz de dupla entrada (genótipos e variáveis) com diversas opções, incluindo um algorítimo para seleção de variáveis e ferramentas para confecção de dendrogramas personalizados.

Usage

```
distdend(data, scale = FALSE, selvar = FALSE, results = TRUE,
dendrogram = TRUE, pvclust = FALSE, verbose = TRUE,
nboot = 1000, alpha = 0.95, distmethod = "euclidean",
clustmethod = "average", type = "rectangle", nclust = NULL, ...)
```

6 distdend

Arguments

data O conjunto de dados. Variáveis e indivíduos como nome da linha. scale Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, as variáveis não são padronizadas pelo desvio padrão selvar Argumento lógico, padrão FALSE. Se TRUE, (válido quando scale = FALSE) um algorítimo de seleção de variáveis (p) é executado e p-1 modelos são calculados. results Argumento lógico, padrão TRUE. Os resultados numéricos da análise são retornados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado. dendrogram Argumento lógico, padrão TRUE. O dendrograma é confeccionado. Se FALSE, apenas os resultados são gerados. pvclust Argumento lógico, padrão false. Se TRUE um procedimento de reamostragem bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.		
pelo desvio padrão selvar Argumento lógico, padrão FALSE. Se TRUE, (válido quando scale = FALSE) um algorítimo de seleção de variáveis (p) é executado e p-1 modelos são calculados. results Argumento lógico, padrão TRUE. Os resultados numéricos da análise são retornados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado. dendrogram Argumento lógico, padrão TRUE. O dendrograma é confeccionado. Se FALSE, apenas os resultados são gerados. pvclust Argumento lógico, padrão false. Se TRUE um procedimento de reamostragem bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mequitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	data	O conjunto de dados. Variáveis e indivíduos como nome da linha.
algorítimo de seleção de variáveis (p) é executado e p-1 modelos são calculados. results Argumento lógico, padrão TRUE. Os resultados numéricos da análise são retornados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado. dendrogram Argumento lógico, padrão TRUE. O dendrograma é confeccionado. Se FALSE, apenas os resultados são gerados. pvclust Argumento lógico, padrão false. Se TRUE um procedimento de reamostragem bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	scale	
nados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado. dendrogram Argumento lógico, padrão TRUE. O dendrograma é confeccionado. Se FALSE, apenas os resultados são gerados. pvclust Argumento lógico, padrão false. Se TRUE um procedimento de reamostragem bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	selvar	
apenas os resultados são gerados. pvclust Argumento lógico, padrão false. Se TRUE um procedimento de reamostragem bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	results	
bootstrap é utilizado para calcular p-valores para os agrupamentos hierárquicos. verbose Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, o progresso da computação não é mostrado. Nboot O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	dendrogram	
mostrado. O número de reamostragens bootstrap a ser realizada. Argumento válido se pvclust = TRUE. alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	pvclust	
alpha O nível de significancia para o agrupamento. Padrão é 0.95. Assim, grupos com p-valor > 0.95 são considerados significativos. distmethod O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	verbose	
p-valor > 0.95 são considerados significativos. O método de distância a ser utilizado. Padrão é "euclidean". Outros métodos válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". Clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	nboot	
válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "canberra", "binary", "minkowski" ou "gower". Clustmethod O método de agrupamento a ser utilizado. Padrão é "average" (= UPGMA). Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	alpha	
Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) ou "centroid" (= UPGMC). type O tipo de dendrograma a ser gerado. Os argumentos válidos são: "rectangle", "triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	distmethod	válidos são: "pearson", "kendall", "spearman", "maximum", "manhattan", "can-
"triangle", "circular", "phylogenic". nclust O número de clusters a ser mostrado no dendrograma. Padrão é NULL, ou seja, nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	clustmethod	Outros métodos válidos são: "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "mc-
nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters são diferenciados por diferentes cores.	type	
Outros argumentos importados da função fyiz dend() do paçote factoextra	nclust	nenhum cluster é mostrado. Se um valor maior que 2 é declarado, os clusters
datas informació da rangas i vizzacia () do paroto raccocker a.		Outros argumentos importados da função fviz_dend() do pacote factoextra.

Details

Quando selvar = TRUE um algorítimo de seleção de variáveis é executado. O objetivo é selecionar um grupo de variáveis que mais contribuam para explicar a variabilidade dos dados originais. A seleção das variáveis é baseada na análise da no componete do autovetor com maior peso no último autovalor. A computação inicia com todas as variáveis e a cada passo, uma variável é excluída. Em cada etapa, a matriz de distância e a matriz cofenética são calculadas dependendo dos argumentos informados. O coeficiente de correlação entre estas matrizes é estimado. Além disso, um teste de mantel é realizado para comparar a matriz de distâncias obtida em cada passo, com a matriz de distâncias inicial (com todas as variáveis). Os seguintes objetos são retornados: statistics = um data.frame com o resumo de todos os modelos; models = uma lista com todos os modelos ajustados. Em cada modelo são apresentados o número e nome das variávies utilizadas, a variável excluída, a matriz de distâncias obtida e a correlação de mantel com a matriz de distâncias inicial. Ao final do procedimento, um gráfico com os valores do coeficiente de correlação cofenética (cofgrap) é confeccionado. As variáveis incluídas no modelo com maior coeficiente de correlação cofenética são utilizadas na estimação da matriz de distâncias (distances) e o dendrograma (graphic).

ge_stats 7

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

ge_stats	Computa diversas ambiente	estatisticas	relacionadas	a interação	genotipo	vs

Description

Retorna diversas informações baseadas em um conjunto de dados com a estrutura GEN, AMB, REP, tais como as médias e efeitos da interação GxE, bem como algumas estatisticas de estabilidade.

Usage

```
ge_stats(data, resp, gen, env, rep)
```

Arguments

data	O conjunto de dados. Deve conter os seguintes fatores: Ambiente, Genótipo, Bloco e variável(is) resposta.
resp	A variável resposta a ser analizada, por exemplo resP = "RG"
gen	O nome atribuído a coluna que contém os genótipos, por exemplo, gen = "HIBRIDO"
env	O nome atribuído a coluna que contém os ambientes, por exemplo, env = "AMBIENTES"
rep	O nome atribuído a coluna que contém as repetições/blocos, por exemplo, rep = "BLOCO"

Value

lue	
individual	Uma lista com os resultados da análise de variância individual de cada ambiente. No dataframe individual são são calculados os seguintes valores: ENV, , o código do ambiente, Mean, a média do ambiente, MSblock, o quadrado médio do bloco, MSgen, o quadrado médio do genótipo, MSres, o quadrado médio do erro, Fcal(Blo) e Fcal(Gen) são o F faculado para o bloco e genótipo, com as respectivas probabilidades [Pr>F(Blo) e Fcal(Gen)], CV é o coeficiente de variação, h2 é a herdabilidade média, AS é a acurácia seletiva e R2 é o coeficiente de determinação
ge_means	Uma lista com os seguintes data frames: ge_means, contendo as médias dos genótipos nos ambientes; ge_effects, os efeitos da interação genótipo vs ambiente e gge_effects, os efeitos dos genótipos + interação genótipo vs ambiente
anovaconj	A análise de variância conjunta considerando o delineamento de blocos completos casualizados
ER	A análise de estabilidade pelo método de Eberhart e Russell (1966)
stab_meas	Uma lista contendo os seguintes data frames: StabMeasures, MeanVarPlot, MeanEcovPlot e MeanShuklaVarPlot
stab_reg	Uma lista com o data frame StabIndvReg, contendo a regressão individual dos genótipos nos ambientes e MeanSlopePlot que é um gráfico com os valores do slope e da média dos genótipos

Author(s)

8 k_means

inst.pack.cursoR

Instala diversos pacotes em um único procedimento

Description

Instala diversos pacotes em um único procedimento

Usage

```
inst.pack.cursoR(pkg)
```

Arguments

pkg

Um vetor de pacotes a serem instalados

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

Examples

```
inst.pack.cursoR(c("ggplo2", "ExpDes"))
```

k_means

Realiza análise de agrupamento k-means em uma matriz de dados

Description

Computa análise de componetes principais com base em uma tabela dupla entrada. Diversas opções gráficas estão disponíveis.

Usage

Arguments

data	O conjunto de dados. Variáveis e indivíduos como nome da linha.
scale	Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, as variáveis não são padronizadas pelo desvio padrão
results	Argumento lógico, padrão TRUE. Os resultados numéricos da análise são retornados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado.
nclust	O número de clusters a ser a ser formado no resultado final
arrow	Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE setas não são plotadas do centróide até o escore dos genótipos.

partial.corr 9

geom	um texto especificando a geometria a ser usada para o gráfico. Use "point" (para mostrar apenas pontos); "text" para mostrar apenas rótulos; ou c("point", "text") para mostrar os dois tipos.
theme	O tema do gráfico gerado. Padrão é "journal". Outros temas válidos importados do pacote ggplot2 são: "bw", "classic", "dark", "gray", "light", "minimal", e "void".
ellipse.type	Caractere especificando o tipo de quadro. Os valores possíveis são 'convex', 'confidence' ou tipos suportados por stat_ellipse, incluindo "t", "norm", "euclid"
ellipse	Argumento lógico, padrão TRUE. Uma elipse é adicionada para indicar a região de confiança dos grupos.
colours	o padrão de cores para os cluster. Padrão é "jco". Outros argumentos suportados são uma paleta de cores com o número de cores igual ao número de clusters.
title	O título principal do gráfico. Padrão é "", ou seja, sem título.
	Outros argumentos importados das funções fviz_cluster(), do pacote factoextra.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

|--|

Description

Estima os coeficientes de correlação parcial baseado em um arquivo de variáveis ou uma matriz de correlação.

Usage

```
partial.corr(data, n = NULL, method = "pearson")
```

Arguments

data	O conjunto de dados ou uma matriz e correlação simétrica
n	O tamanho de amostra utilizado se o objeto data for uma matriz de correlação já estimada.
method	o método de correlação a ser computado, se o objeto data for um arquivo de variáveis. Argumentos válidos são "pearson" (default), "kendall", ou "spearman"

Details

Em certos casos, os coeficientes de correlação simples podem nos levar a equívocos na interpretação da associação entre duas variáveis, pois este não considera a influência das demais variáveis contidas no conjunto de dados. O coeficiente de correlação parcial é uma técnica baseada em operações matriciais que nos permite identificar a associação entre duas variáveis retirando-se os efeitos das demais variáveis presentes. Uma maneira generalizada para a estimativa do coeficiente de correlação parcial entre duas variáveis i e j é por meio da matriz de correlação simples que envolve 10 pass

estas duas variáveis e m outras variáveis das quais queremos retirar o efeito. Assim a estimativa é dada por:

$$r_{ij.m} = \frac{-a_{ij}}{\sqrt{a_{ii}a_{jj}}}$$

onde a_{ij} é o elemento da ordem ij da inversa da matriz de correlação simples. O teste de significancia do coeficiente de correlação parcial é dado por:

$$t = \frac{r_{ij.m}}{\sqrt{1 - r_{ij.m}^2}} \sqrt{n - v}$$

, associado a n - v graus de liberdade, sendo n o número de observações associado a cada par de correlação e v o número de variáveis.

Value

linear.mat A matriz de correlação linear simples

partial.mat A matriz de correlações parciais

results Um data frame contendo todas as combinações de correlação com seus respec-

tivos testes de hipótese

call O comando que foi executado

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

pass

Transforma uma variável ou um vetor de variávies em diferentes tipos

Description

Transforma uma variável ou um vetor de variáveis em novas variáveis. Por exemplo, transformar uma variável numérica para fator.

Usage

pass(data, var, type)

Arguments

data O conjunto de dados.

var A variável (var = "a"), ou um vetor de variáveis (var = c("a", "b")) a ser transfor-

mado.

type O tipo de variável desejado Ex. as.numerical, as.factor, as.logical.

Author(s)

path.coeff 11

Examples

```
x = as.factor(rnorm(30, 30, 2))
y = as.character(sample(LETTERS, 30, replace=TRUE))
z = as.numeric(sample(c(0,1), 30, replace = TRUE))
data = data.frame(cbind(x, y, z))

data2 = pass(data = data, var = "x", type = as.numeric)
```

path.coeff

Análise de trilha e seleção de variáveis para preditores com mínima multicolinearidade

Description

Estima os efeitos diretos e indiretos com base em um arquivo de dados contendo um conjunto de variáveis. Um algorítmo é implementado visando seleção de um conjunto de preditores com mínima multicolinearidade e alto poder explicativo.

Usage

Arguments

data	O conjunto de dados (somente variáveis)
resp	A variável resposta. Exemplo, resp = "RG"
pred	As variáveis preditoras. Padrão é NULL, ou seja, as variáveis preditoras são todas as outras variáveis do conjunto de dados, exceto 'resp', ou as variáveis selecionadas no procedimento stepwise (se stepwise = TRUE ou brutestepwise = TRUE)
exclude	Argumento lógico, padrão FALSE. Se exclude = TRUE, as variáveis declaradas em pred são desconsideradas e somente o restante das variáveis do banco de dados (exceto a variável resposta) serão utilizadas no modelo.
correction	Argumento lógico, padrão NULL. Um valor (k) a ser a adicionado na diagonal da matrix X'X visando reduzir o problema com a multicolinearidade.
stepwise	Argumento lógico, padrão FALSE. Se TRUE, um procedimento stepwise é realizado para a escolha das variáveis preditoras.
brutstepwise	Argumento lógico, padrão FALSE. Se TRUE, uma série de regressões stepwise são ajustados.

Details

Quando brutstepwise = TRUE, primeiramente, o algorítmo selecionará um conjunto de preditores com mínima multicolinearidade. A seleção é baseada no fator de inflação de variância (VIF). Um processo iterativo é realizado até que o máximo VIF observado seja menor que 10. As variáveis selecionadas neste processo são utilizadas em uma série de regressões stepwise. A primeira regressão stepwise é ajustada considerando p-1 variáveis preditoras selecionadas, sendo p o número de variáveis selecionadas no processo iterativo. O segundo modelo ajusta uma regressão considerando p-2

12 path.diagram

variávies selecionadas, e assim por diante até o último modelo, que considera apenas duas variáveis. Três objetos são criados. Summary, com o resumo do processo, Models, contendo os valores informados acima de todos os modelos ajustados; e Selectedpred, um vetor com o nome das variáveis selecionadas no processo iterativo.

Value

Corr. x A matrix de correlação das variáveis explicativas

Corr. y O vetor de correlações de cada variável explicativa com a variável dependente

Coefficients A matriz dos coeficientes de trilha. Os efeitos diretos são apresentados na diag-

onal e os indiretos, fora da diagonal (na coluna).

Eigen Contém os autovalores e os autovetores da matrix de correlação das variáveis

explicativas.

VIF Um vetor com os valores dos fatores de inflação de variância (VIF).

plot Um gráfico com os valores dos efeitos diretos em diferentes valores de k. O

gráfico não é gerado se um valor de correção é adicionado.

Predictors As variáveis preditoras utilizadas no modelo.

CN O número de condição.

Det O determinante da matriz de correlação das variáveis explicativas.

R2 O coeficiente de determinação do modelo.

Residual O efeito residual do modelo.

Response A variável resposta utilizada no modelo.

Pesovar Ordem das variáveis com os maiores pesos (componentes do autovetor) associ-

adas ao autovalor de menor magnitude.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

path.diagram	Diagrama de trilha com efeitos diretos e indiretos
pa ciii a ragi aiii	Biagrama de tritita com ejenos diretos e mairetos

Description

Confecciona um diagrama de trilha dos efeitos diretos e indiretos com base em um modelo ajustado pela função "path.coef", ou qualquer matrix quadrada (simétrica ou não simétrica).

Usage

```
path.diagram(x, digits = 3, symetrical = TRUE, curve = 0, pos = NULL,
    diag = TRUE,relsize = 1, dtext = 0.15, lwd = 1, lcol = "black",
    box.lwd = 0.5, cex.txt = 0.8, box.type = "hexa", box.size = 0.08,
    box.prop = 0.5, box.col = "gray90", arr.type = "curved", arr.pos = 0.4,
    arr.lwd = 1, arr.col = NULL, arr.length = 0.4, arr.width = 0.2,
    export = FALSE, file.type = "pdf", file.name = NULL, width = 8,
    height = 7, resolution = 300, ...)
```

path.diagram 13

Arguments

x	O objeto Coeff criado pela função path.coeff, ou qualquer matrix quadrada
digits	O número de dígitos significativos a ser plotado.
symetrical	Argumento lógico, padrão TRUE. Válido quando o diagrama é confeccionado com base em uma matriz externa. Se FALSE, os valores das duas diagonais (superior e inferior) são plotados
curve	Um valor, ou matriz da mesma dimensão de Coeff especificando a curvatura das setas. Padrão é 0 , sem curvatura.
pos	Um vetor especificando o número de elementos em cada linha do gráfico.
diag	Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, os efeitos diretos não são plotados.
relsize	Tamanho relativo do gráfico. Parão é 1.
dtext	controla a posição do texto da seta em relação à ponta da seta. Padrão é 0.15.
lwd	Largura da linha para as setas e caixas.
lcol	Cor da linha para setas e caixas.
box.lwd	largura da linha da caixa, um valor ou um vetor com dimens \tilde{a} o = número de linhas de Coeff.
cex.txt	tamanho relativo do texto da seta, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões de Coeff
box.type	Forma da caixa (rect, ellipse, diamond, round, hexa, multi), um valor ou um vector com dimensão = número de linhas de Coeff.
box.size	Tamanho da caixa, um valor ou um vetor com dimensão = número de linhas de Coeff.
box.prop	relação comprimento / largura da caixa, um valor ou um vetor com dimensão = número de linhas de Coeff.
box.col	Cor da caixa. Um valor ou um vetor com dimesão = número de linhas de Coeff.
arr.type	tipo de ponta da seta, um de ("curved", "triangle", "circle", "ellipse", "T", "simple"), um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões de Coeff.
arr.pos	posição relativa da ponta da seta no segmento / curva da seta, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões que Coeff.
arr.lwd	largura da linha da seta, conectando dois pontos diferentes, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões que Coeff.
arr.col	cor da ponta da seta, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões que $Coeff.$
arr.length	comprimento da seta, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões que $Coeff.$
arr.width	largura da seta, um valor ou uma matriz com as mesmas dimensões que Coeff.
export	Argumento lógico para exportação do gráfico. Padrão é FALSE.
file.type	O tipo de arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T TRUE. Padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff".
file.name	O nome do arquivo para exportação. Padrão é NULL, ou seja, o arquivo é nomeado automaticamente.
width	A largura em "inch" do gráfico. Padrão é 8.

14 pca

height A algura em "inch" do gráfico. Padrão é 7.

resolution A resolução da imagem. Argumento válido se file. type = "tiff" é declarado.

Padrão é 300 (300 dpi)

... Outros argumentos importados das funções plotmat() do pacote diagram.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

pca Principal Component Analysis with graphical options

Description

Computa análise de componetes principais com base em uma tabela dupla entrada. Diversas opções gráficas estão disponíveis.

Usage

```
pca(data, scale = TRUE, type = "biplot",
    results = TRUE, theme = "journal", ...)
```

Arguments

data	O conjunto de dados. Variáveis e indivíduos como nome da linha.
scale	Argumento lógico, padrão TRUE. Se FALSE, as variáveis não são padronizadas pelo desvio padrão
type	O tipo do gráfico a ser gerado. Padrão é 'biplot', ou seja, os escores das linhas e colunas são plotados. Outros argumentos possíveis são: 'ind' e 'var', para plotagem dos escores das linhas e colunas, respectivamente.
results	Argumento lógico, padrão TRUE. Os resultados numéricos da análise são retornados. Se FALSE, apenas o gráfico é mostrado.
theme	O tema do gráfico gerado. Padrão é "journal". Outros temas válidos importados do pacote ggplot2 são: "bw", "classic", "dark", "gray", "light", "minimal", e "void".

e fviz_pca_biplot(), do pacote factoextra.

Outros argumentos importados das funções fviz_eig(), fviz_pca_ind(), fviz_pca_var()

Author(s)

plot_fatcurves 15

plot_fatcurves Gráfico para ajuste de curvas em experimentos bifatoriais
--

Description

Confecciona gráficos personalizados para plotagem de curvas em experimentos fatoriais quando um fator é quantitatito e outro é qualitativo.

Usage

Arguments

grid

8	
data	O conjunto de dados. Deve conter os níveis dos fatores qualitativos, quantitativos, as repetições e a(s) variável(is) resposta.
х	A coluna com os níveis do fator quantitativo.
у	A variável resposta.
group	A coluna com os níveis do fator qualitativo.
fit	Um número ou vetor numérico de comprimento = número de níveis do fator qualitativo. O número representa o grau do polinômio a ser ajustado, assim, 1 = linear, 2 = quadratico, 3 = cúbico e 4 = quarto grau. Este último é o maior grau ajustado. Se for um vetor, uma regressão de grau correspondente a cada valor informado será ajustada. Se numérico, uma única regressão é ajustada, de acordo com o grau informado
level	O nível de significância para a banda de confiança, padrão é 0.95.
xlab	O título do eixo x.
ylab	O título do eixo y.
export	Argumento lógico. Se TRUE, o gráfico é exportado para o diretório.
file.type	O tipo do arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T TRUE. O padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff".
file.name	O nome do arquivo a ser exportado. Padrão NULL, ou seja, o gráfico é automaticamente nomeado.
width	A largura "inch" do gráfico. Padrão é 6.
height	A altura "inch" do gráfico. Padrão é 6.
resolution	A resolução do gráfico. Válido se o argumento file.type = "tiff" é utilizado. Padrão é 300 (300 dpi)
legend.positio	n
	A posição da legenda.

nível do fator qualitativo

Agumento lógico. Se TRUE, um painel é criado, cada um representando um

plot_fatmeans

col	Argumento lógico. Se FALSE, cores não são utilizadas. Para diferenciação dos níveis, diferentes tipos de formas e linhas são automaticamente utilizadas.
alpha	Um valor de 0 (totalmente transparente) a 1 (cor sólida) para a cor da banda e confiança
size.shape	O tamanho das formas.
size.line	O tamanho das linhas.
cex	O tamanho das letras do gráfico.

fontfam A família de fonte.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

plot_fatmeans	Gráficos de barras em experimentos bifatoriais	

Description

Confecciona gráficos de barra personalizados para plotagem para plotagem das médias em experimentos do tipo bifatoriais. Barras de erro também podem ser incluidas.

Usage

```
plot_fatmeans(data, measurevar, groupvars = NULL, errorbar = TRUE,
    stat.erbar = "se", width.erbar = 0.3, level = 0.95, invert = FALSE,
    col = TRUE, palette = "Spectral", width.bar = 0.9, cex.angle = 0,
    cex.hjust = 0.5, xlab = NULL, ylab = NULL, export = FALSE, file.type = "pdf",
    file.name = NULL, width = 6, height = 6, resolution = 300,
    legend.position = "bottom", cex = 12, fontfam = "sans", na.rm=FALSE, verbose = FALSE)
```

Arguments

guments	
data	O conjunto de dados. O conjunto de dados. Deve conter os níveis dos fatores qualitativos, quantitativos, as repetições e a(s) variável(is) resposta.
measurevar	A variável resposta.
groupvars	Um vetor contendo o nome dos fatores. Por exemplo groupvars = c("HIBRIDO", "FONTEN")
errorbar	Argumento lógico. Se errorbar = FALSE as barras de erro não são exibidas.
stat.erbar	A estatistica a ser mostrada na barra de erro. Padrão é se, o erro padrão da média. Os outros argumentos válidos são sd, o desvio padrão e ci, o intervalo de confiança, calculado baseado no nível de confiança informado no argumento level.
width.erbar	O tamanho da barra de erros. Padrão é 0.3
level	O nível de significancia utilizado para a estimativa do intervalo de confianca

level O nível de significancia utilizado para a estimativa do intervalo de confiança.

padrão é 0.95.

invert Argumento lógico. Se TRUE, a ordem dos fatores informados no argumento

groupvars é alterada no gráfico.

col Argumento lógico. Se FALSE, uma escala de cinza é utilizada.

plot_supresp 17

palette A paleta de cores a ser utilizada. Para maiores detalhes, veja ?scale_colour_brewer. width.bar A largura das barras no gráfico. Padrão é 0.9 possíveis valores [0-1]. cex.angle O angulo do texto da legenda. Padrão é 0. cex.hjust O ajuste horizontal do texto da legenda. Padrão é 0.5. Utilize este argumento para ajustar o texto quando o angulo do texto é diferente de 0. xlab O título do eixo x. ylab O título do eixo y. export Argumento lógico. Se TRUE, o gráfico é exportado para o diretório. file.type O tipo do arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T|TRUE. O padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff". file.name O nome do arquivo a ser exportado. Padrão NULL, ou seja, o gráfico é automaticamente nomeado. width A largura "inch" do gráfico. Padrão é 6. A altura "inch" do gráfico. Padrão é 6. height resolution A resolução do gráfico. Válido se o argumento file. type = "tiff" é utilizado. Padrão é 300 (300 dpi) legend.position A posição da legenda. O tamanho das letras do gráfico. cex A família de fonte. Padrão é "sans" fontfam

Argumento lógico, Se verdadeiro, os valores ausentes são desconsiderados na

Argumento lógico, Se verdadeiro, As médias de cada combinação dos fatores,

juntamente com as estatisticas de dispersão são impressas no console.

Author(s)

na.rm

verbose

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

estimativa das estatísticas.

plot_supresp	Gráficos de superfície de resposta	

Description

Confeciona gráficos de superficie de resposta (contour plot e surface plot) tendo como base um objeto da função supresp.

Usage

```
plot_supresp(x, type, col = NULL, xlab = NULL, ylab = NULL,
    zlab = NULL, contour = TRUE, image = TRUE,
    theta = 45, d = 2, phi = 15, leg.position = "rigth",
    leg.width = 1, leg.length = 1, leg.dist = 0, leg.desl = 0,
    export = FALSE, file.type = "pdf", file.name = NULL, width = 7,
    height = 6, resolution = 300, ...)
```

18 $plot_supresp$

Arguments

6	
X	Um objeto da classe supresp.
type	O tipo do gráfico a ser gerado. Os possíveis valres são: "residuals", "contour" e "surface" (default).
col	Argumento lógico. Padrão NULL. Cores personalizadas podem ser criadas utilizando o argumento ramp.col. Por exemplo, se uma escala de cinza é desejada, basta indicar o argumento col = ramp.col(c("white", "black")). Peletas de cores automáticas também podem ser utilizadas. O padrão é jet.col. Outros possíveis argumentos são jet2.col, gg.col, gg2.col, ramp.col, e alpha.col. Para maiores detalhes, veja ?ramp.col
xlab	O título do eixo x. Por padrão é nomeado automaticamente.
ylab	O título do eixo y. Por padrão, é nomeado automaticamente.
zlab	O título do eixo z: somente é válido quando type = "surface". Por padrão, é nomeado automaticamente.
contour	Argumento lógico ou uma lista de argumentos. Se TRUE, um contorno indicando as curvas é adicionado .
image	Argumento lógico. Se TRUE, uma imagem é espelhada na superfície do gráfico, por padrão. Também é possível adicionar a imagem no topo do gráfico utilizando image = list(side = "zmax").
theta, phi, d	Os ângulos definindo a direção da visualização do gráfico. theta controla a direção azimutal e phi a colatitude. d pode ser usado para variar a força da transformação da perspectiva. Valores de d maiores que 1 diminuirão o efeito de perspectiva e valores menores e 1 irá apresentar uma perspectiva exagerada. Para maiores detalhes, veja ?persp.
leg.position	A posição da legenda de cores. Argumentos válidos são um dos seguintes: "top", "bootom", "left" e "rigth" (padrão) .
leg.width	A largura da legenda de cores. Padrão é 1.
leg.length	A altura da legenda de cores. Padrão é 1.
leg.dist	A distância da legenda até a borda do gráfico. Padrão é 0. Valores menores que 0 a aproximarão do gráfico; valores maiores que 0 a distanciarão.
leg.desl	O deslocamento da legenda (dependendo da posição). Padrão é 0.
export	Argumento lógico. Se TRUE, o gráfico é exportado para o diretório.
file.type	O tipo do arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T TRUE. O padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff".
file.name	O nome do arquivo a ser exportado. Padrão NULL, ou seja, o gráfico é automaticamente nomeado.
width	A largura "inch" do gráfico. Padrão é 7.
height	A altura "inch" do gráfico. Padrão é 6.
resolution	A resolução do gráfico. Válido se o argumento file.type = "tiff" é utilizado. Padrão é 300 (300 dpi)
	Outros argumentos passados das funções contour2D e persp3D do pacote plot3D

Author(s)

plot_uni 19

plot_uni	Gráfico para ajuste de curvas em experimentos unifatoriais
1	- ··,··· · · · · · · · · · · · · · · · ·

Description

Confecciona gráficos personalizados para plotagem de curvas em experimentos unifatoriais.

Usage

Arguments

data	O conjunto de dados. Contendo.
x	A coluna com os níveis do fator quantitativo.
у	A variável resposta.
fit	Valor numérico. O número representa o grau do polinômio a ser ajustado, assim, 1 = linear, 2 = quadratico, 3 = cúbico e 4 = quarto grau. Este último é o maior grau ajustado.
level	O nível de significância para a banda de confiança, padrão é 0.95.
xlab	O título do eixo x.
ylab	O título do eixo y.
export	Argumento lógico. Se TRUE, o gráfico é exportado para o diretório.
file.type	O tipo do arquivo a ser exportado. Argumento válido se export = T TRUE. O padrão é "pdf". O gráfico também pode ser exportado em formato *.tiff declarando file.type = "tiff".
file.name	O nome do arquivo a ser exportado. Padrão NULL, ou seja, o gráfico é automaticamente nomeado.
width	A largura "inch" do gráfico. Padrão é 6.
height	A altura "inch" do gráfico. Padrão é 6.
resolution	A resolução do gráfico. Válido se o argumento file.type = "tiff" é utilizado. Padrão é 300 (300 dpi)
col	Argumento lógico. Se FALSE, cores não são utilizadas. Para diferenciação dos níveis, diferentes tipos de formas e linhas são automaticamente utilizadas.
alpha	Um valor de 0 (totalmente transparente) a 1 (cor sólida) para a cor da banda e confiança
size.shape	O tamanho das formas.
size.line	O tamanho das linhas.
cex	O tamanho das letras do gráfico.
fontfam	A família de fonte .

Author(s)

20 summary_ge_stats

|--|--|

Description

Summary the path. coeff object in two ways. By default, the results are shown in the R console. The results can also be exported to the directory.

Usage

```
## S3 method for class 'path.coeff'
summary(object, model = NULL, export = FALSE, file.name = "path_coeff", digits = 4, ...)
```

Arguments

object	The path.coeff object
model	The model to be summarized. Argument valid if the class of path.coeff object is "BRUTEPATH"
export	A logical argument. If TRUE T, a *.txt file is exported to the working directory
file.name	The name of the file if export = TRUE
digits	The number of significant digits to be shown.
	Other parameters.

Author(s)

Tiago Olivoto <tiagoolivoto@gmail.com>

```
summary_ge_stats Summary a ge_stats object
```

Description

Summary the ge_stats object in two ways. By default, the results are shown in the R console. The results can also be exported to the directory.

Usage

```
summary_ge_stats(x, export = FALSE, file.name = "ge_stats", digits = 4)
```

Arguments

X	The ge_stats object
export	A logical argument. If TRUE T, a *.txt file is exported to the working directory
file.name	The name of the file if export = TRUE
digits	The number of significant digits to be shown.

Author(s)

supresp 21

supresp	Análise de superfície de resposta	

Description

Análise de superfície de resposta considerando um modelo quadrático. Diversas estatisticas, tais como tais como pontos ótimos, autovalores são retornados.

Usage

```
supresp(data, factor1, factor2, block, resp, level = 0.95)
```

Arguments

data	O conjunto de dados contendo os fatores quantitativos, os blocos e a(as) variável(eis) resposta.
factor1	O nome da coluna com o primeiro fator quantitativo
factor2	O nome da coluna com o segundo fator quantitativo.
block	O nome da coluna que contem os blocos
resp	O nome da coluna que contém a variável resposta
level	O nível de significância. Padrão é 0.95.

Details

Considerando os dados de um experimento bifatorial com dois fatores quantitativos (A e D), conduzidos em delineamento de blocos completos casualizados, o seguinte modelo é ajustado aos dados: Y = m + bk + Ai + Dj + (AD)ij + eijk. Onde, Y é variável resposta predita, m é a média geral do experimento; bk é o efeito do k-ésimo bloco, Ai é o efeito do i-ésimo nível do fator A; Dj é o efeito do j-ésimo nível do fator D; ADij é o efeito da interação do i-ésimo nível do fator A com o j-ésimo nível do fator D e eijk é o erro aleatório. Quando a interação é significativa, o seguinte modelo é ajustado para a plotagem do gráfico de superfície de resposta. Y = b0 + b1*A + b2*D + b11*A^2 + b22*D^2 + b12*A*D

Value

results	Um dataframe com os resultados preditos e residuais para cada cobinação dos níveis dos fatores
gof	Um dataframe com diversas medidas de qualidade de ajuste. Para maiores detalhes, consulte ?gof
model	O modelo ajustado e que pode ser utilizado para a plotagem dos gráficos de superfície de resposta e análise de residual
equation	A equação de superfície de resposta ajustada

Author(s)

22 supresp_col

supresp_col	Cores personalizadas para gráficos de superfície de resposta

Description

Função para interpolação de cores. Permite criar um vetor de cores, úteis na confecção de gráficos de superfície de resposta.

Usage

```
supresp_col(col = c("grey", "black"), n = 100, alpha = 1)
```

Arguments

col O vetor de cores a serem interpoladas n O número de cores a serem geradas

alpha A transparência das cores. Varia de 0(totalmente transpararente) a 1 (totalmente

opaca).

Author(s)

Index

```
CIcorr.mat, 2
CIcorr.val, 3
corr.plot, 4
corr.SS, 5
distdend, 5
ge_stats, 7
inst.pack.cursoR, 8
k_{means, 8}
partial.corr, 9
pass, 10
\verb"path.coeff, 11"
\verb|path.diagram|, 12|\\
pca, 14
plot_fatcurves, 15
\verb|plot_fatmeans|, 16
plot_supresp, 17
plot_uni, 19
summary.path.coeff, 20
\verb|summary_ge_stats|, 20
supresp, 21
supresp_col, 22
```