

MAE0327 - Planejamento e Pesquisa II - Lista 1

Bruno de Castro Paul Schultze¹

Guilherme Tamborra²

Gustavo de Oliveira Kanno³

Rodrigo Marcel Araujo Oliveira⁴

Rubens Santos Andrade Filho⁵

Setembro de 2020

Sumário

Questão 1	2
a) T6	3
b) T12	5
c) T18	7
d) Simulação	8
d)	12
Questão 2	15

¹Número USP: 10736862

²Número USP: 10736816

³Número USP: 9795810

⁴Número USP: 9299208

⁵Número USP: 10370336

Questão 1

Consideramos os dados de consumo de oxigênio (O2cons) avaliado em três tipos de células (T6, T12 e T18) submetidas a um Tratamento (Placebo x Virum), na presença (=1) ou ausência (=0) de um Vírus.

```
# Carrega os dados
dados <- read.csv('O2cons.csv', stringsAsFactors = T)
dados <- dados %>%
  mutate(Virus = factor(Virus, 0:1, c("Ausente", "Presente")))
attach(dados)

# Tamanho dos grupos
table(Grup) %>% kable(caption='caption')
```

Tabela 1: caption

Grup	Freq
1	12
2	12
3	12
4	12

```
# Médias por grupo
dados %>% group_by(Grup) %>%
  summarise(across(T6:T18, mean, .names = 'Média {col}')) %>%
  kable(caption='caption')
```

```
## `summarise()` ungrouping output (override with `.groups` argument)
```

Tabela 2: caption

Grup	Média T6	Média T12	Média T18
1	1,618	2,434	3,527
2	1,322	2,430	3,425
3	1,656	2,799	4,029
4	1,394	2,570	3,677

Os dados estão estruturados da seguinte forma:

- Dois fatores de efeito considerados de efeito fixo:
 - fator Tratamento com 2 níveis - Placebo, Virum;
 - fator Virus com 2 níveis - Ausente, Presente;
- 12 réplicas em cada grupo formado pela combinação dos fatores Tratamento e Virus.
- A resposta é multivariada contínua ($p=3$) - consumo de oxigênio (O2cons) cada uma dos três tipos de células T6, T12 e T18. Entretanto faremos uma análise para cada resposta de forma separada.

Com o objetivo de avaliar se o consumo de oxigênio é afetado pelo Tratamento e pela exposição ao Vírus, propomos uma Análise de Variância para os dados de cada tipo celular. Na análise consideramos o modelo estrutural e distribucional adotado, análise de diagnóstico das suposições do modelo, tabela da ANOVA com as correspondentes fontes de variação, possíveis comparações múltiplas entre médias e conclusão da análise.

Consideramos que foi feito um Delineamento Completamente Aleatorizado (DAC) com tratamentos compostos pela combinação dos níveis dos dois fatores de efeitos fixos com dois níveis cada. Dessa forma, supomos que os tratamentos foram aplicados às unidades experimentais de modo aleatório e independente. E assim, o modelo estrutural é (utilizando a parametrização Casela de Referência):

$$y_{ijk} = \begin{cases} \mu_{11} + \epsilon_{ijk}, & i = 1, \dots, 12, j = k = 1 \\ \mu_{11} + \tau_j + \beta_k + \gamma_{jk} + \epsilon_{ijk}, & i = 1, \dots, 12, j = k = 2 \end{cases}$$

Onde:

- y_{ij} : é o consumo de oxigênio da unidade i submetida aos níveis j de Tratamento e k de Exposição ao vírus;
- μ_{11} : é o valor esperado da resposta para o nível Placebo do fator Tratamento e o nível Ausente do fator Vírus (casela de referência);
- τ_j : é o desvio em relação a μ_{11} devido ao efeito principal do nível j do fator Tratamento;
- β_k : é o desvio em relação a μ_{11} devido ao efeito principal do nível k do fator Vírus;
- γ_{jk} : é o efeito de interação entre os fatores. É o desvio do efeito aditivo dos fatores;
- ϵ_{ijk} : é um erro aleatório não controlado.

O erro não controlado é suposto suposto normal, independente e homocedástico. Dessa forma modelo distribucional é

$$\epsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2) \Rightarrow y_{ij} \sim N(\mu_{ij}, \sigma^2)$$

E sob as suposições de normalidade, independência e homocedasticidade, queremos testar:

$$H_0 : \mu_{ij} = \mu_{kl}, \forall (i, j) \neq (k, l) \text{ vs } H_1 : \text{ existe pelo menos uma diferença entre as médias.}$$

dsfjadsjfldsjfldsfdfjlsadkfjlsdafj

a) T6

```
o2 = read.csv("02cons.csv", header = TRUE)
o2$Trat = as.factor(o2$Trat)
o2$Virus = as.factor(o2$Virus)
```

Agora, vamos separar cada tipo de célula, e também retirar a variável “Grup”, já que não será utilizada.

```
t6 = o2[c("Trat", "Virus", "T6")]
t12 = o2[c("Trat", "Virus", "T12")]
t18 = o2[c("Trat", "Virus", "T18")]
```

Faremos então a análise de variância ANOVA (vamos considerar que suas pressuposições são satisfeitas) para as células T6. Utilizaremos, para todos os tipos de célula, o seguinte modelo:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_{tratamento} + \beta_{virus} + (\tau\beta)_{tratamento:virus} + e_{ij}$$

Assim, estamos considerando não somente os diferentes Tratamentos e a presença ou ausência do Vírus, mas também a interação entre tais fatores. Além disso, y_{ijk} é a i -ésima observação submetida ao j -ésimo tratamento ($j \in \{Placebo, Virum\}$) e à k -ésima presença de vírus ($k \in \{Presente, Ausente\}$). Utilizaremos, como de costume, caselas de referência.

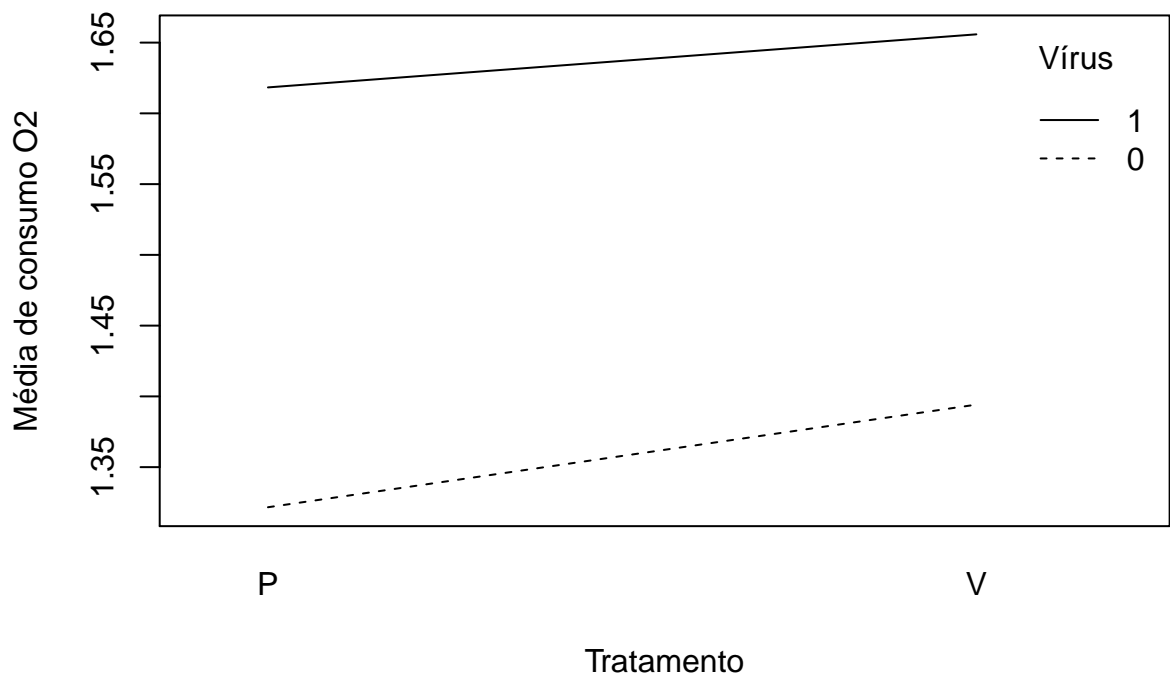
```
t6.aov = aov(T6 ~ Trat * Virus, data = t6)
summary(t6.aov)
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat          1  0.0363   0.0363    0.955    0.334
## Virus         1  0.9352   0.9352   24.597 1.1e-05 ***
## Trat:Virus    1  0.0037   0.0037    0.097    0.757
## Residuals    44  1.6729   0.0380
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Podemos observar, então, que a um nível de 5% somente a variável *Vírus* se mostra significativa, então a hipótese que mudanças no tratamento não interferem na média do consumo de oxigênio é mantida. Além disso, uma possível interação entre *Tratamento* e *Vírus* não é significativa para explicar variações no consumo de oxigênio.

Como um adendo, o gráfico abaixo mostra que a interação entre *Vírus* e *Tratamento* é de fato muito baixa, visto que as retas são quase paralelas entre si.

```
interaction.plot(t6$Trat, t6$Virus, t6$T6, xlab = "Tratamento", ylab = "Média de consumo O2", trace.lab
```



b) T12

Agora vamos fazer a mesma coisa que na questão anterior, só que para células do tipo T12.

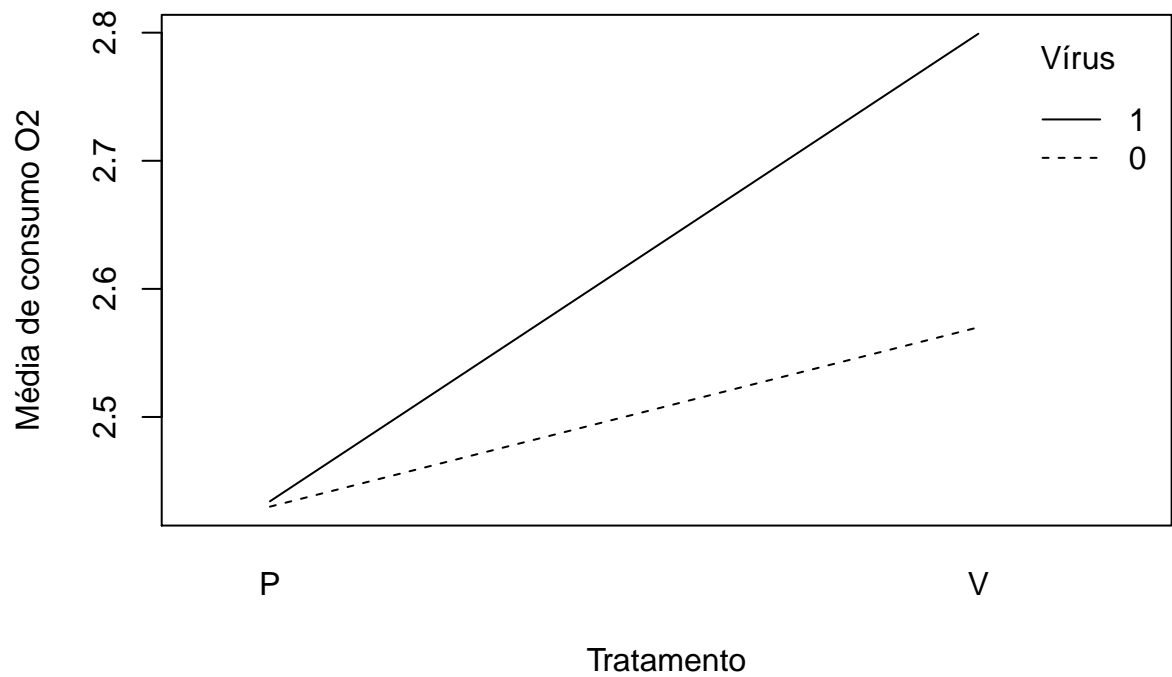
```
t12.aov = aov(T12 ~ Trat * Virus, data = t12)
summary(t12.aov)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat         1  0.765   0.7651    9.196 0.00406 **
## Virus         1  0.163   0.1633     1.963 0.16819
## Trat:Virus    1  0.152   0.1519     1.825 0.18358
## Residuals    44  3.661   0.0832
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Podemos observar, então, que a um nível de 5% somente a variável *Tratamento* se mostra significativa, então a hipótese que mudanças no tratamento não interferem na média do consumo de oxigênio é rejeitada.

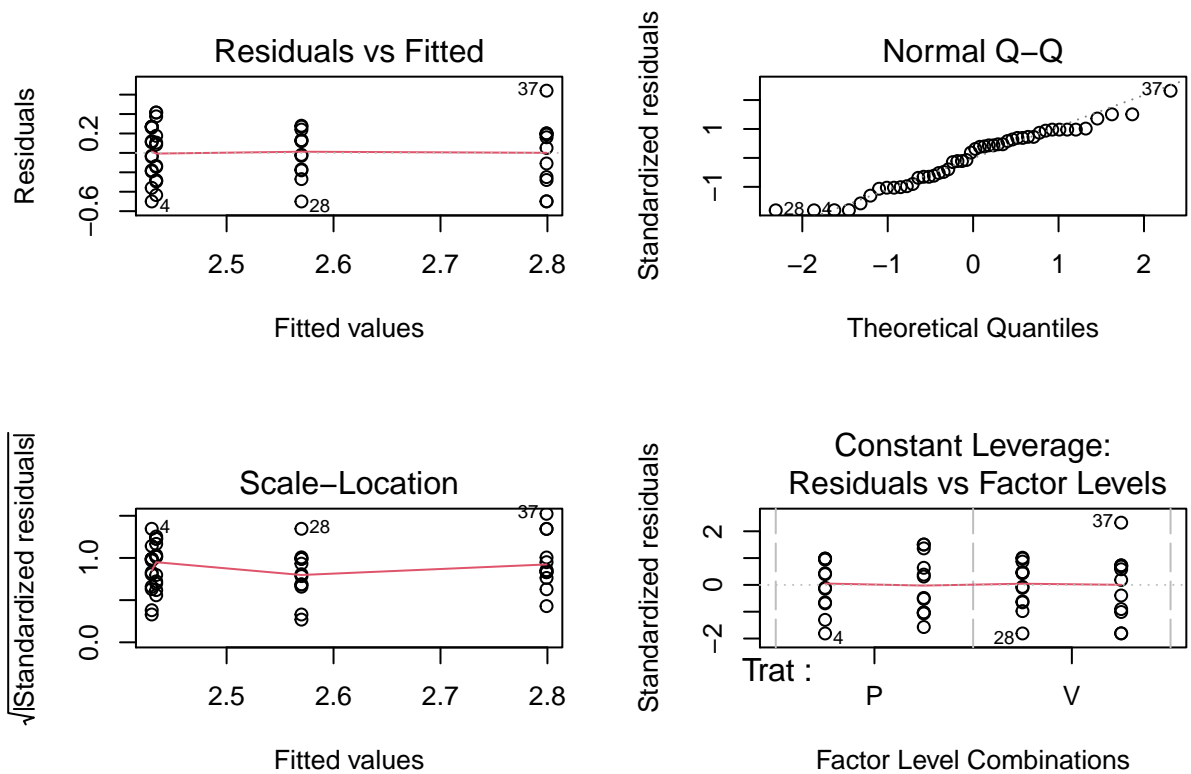
É interessante notar que o algoritmo não mostra significância da interação entre *Tratamento* e *Vírus*, mas o gráfico de interação abaixo mostra que ela existe. Então, vamos investigar um pouco mais a fundo se tal interação é realmente não-significativa ou se seu efeito está sendo mascarado por algum ponto.

```
interaction.plot(t12$Trat, t12$Virus, t12$T12, xlab = "Tratamento", ylab = "Média de consumo O2", trace
```



Vamos então procurar pontos influentes.

```
par(mfrow = c(2,2))  
plot(t12.aov)
```



Observemos então que os pontos 28, 37 e 4 se destacam. Vamos retirá-los e refazer a análise de variância.

```
t12.aov2 = aov(T12 ~ Trat * Virus, data = t12[-c(37, 28, 4),])
summary(t12.aov2)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Trat       1  0.5656   0.5656   8.693 0.00525 **
## Virus      1  0.0183   0.0183   0.281 0.59910
## Trat:Virus  1  0.0781   0.0781   1.200 0.27966
## Residuals 41  2.6673   0.0651
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Vemos então que não, os pontos influentes não estavam mascarando um possível efeito significativo da interação entre *Vírus* e *Tratamento*, tal interação existe mas não é significativa.

c) T18

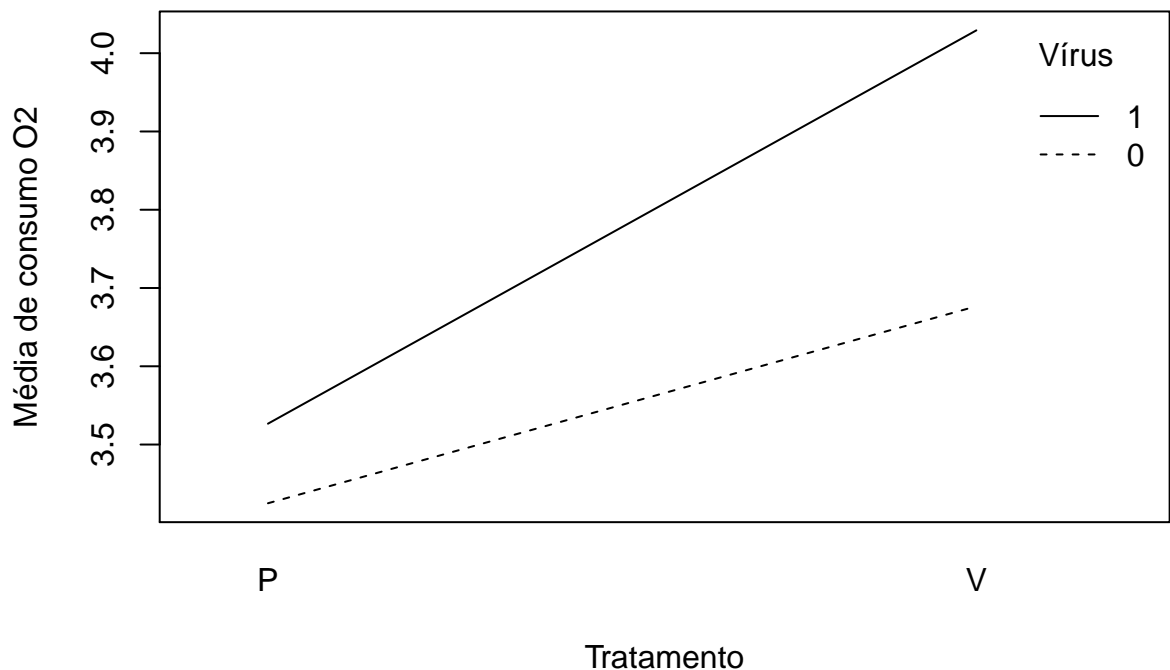
Faremos então o mesmo que nas questões anteriores, mas para células do tipo T18.

```
t18.aov = aov(T18 ~ Trat * Virus, data = t18)
summary(t18.aov)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## Trat       1  1.706   1.7063   18.083 0.000109 ***
## Virus      1  0.619   0.6188    6.558 0.013950 *
## Trat:Virus  1  0.189   0.1888    2.000 0.164306
## Residuals 44  4.152   0.0944
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Para esse tipo de célula tanto *Tratamento* quanto *Vírus* são significativas para explicar a variação do consumo médio de oxigênio a um nível de 5%. Novamente, a interação entre as duas não parece significativa.

```
interaction.plot(t18$Trat, t18$Virus, t18$T18, xlab = "Tratamento", ylab = "Média de consumo O2", trace
```



Notemos, novamente, que até existe certa interação, mas graficamente ela também não parece significativa.

d) Simulação

Agora o objetivo é construir um novo tipo de célula a partir de uma simulação. Construiremos então uma experimento DCA Fatorial 2x2 com Efeito de Interação, além disso o modelo estrutural é o

mesmo utilizado anteriormente, a saber:

$$y_{ijk} = \mu + \tau_{tratamento} + \beta_{virus} + (\tau\beta)_{tratamento:virus} + e_{ij}$$

Estamos considerando também que as observações tem distribuição Normal. Agora, vamos definir as variáveis arbitrariamente, para construir as simulações e conseguir o efeito desejado de interação.

```
set.seed(42)
mu = 10
tau = -5
beta = -5
inter11 = 11
inter01 = -3
inter10 = -3
n = 12
sigma = 2
```

Definimos as variáveis arbitrárias, agora vamos de fato simular as observações.

```
y.00 = rnorm(n, mu, sigma)
y.00 = as.data.frame(y.00)
y.00 = cbind(y.00, rep(0,12), rep(0,12))
colnames(y.00) = c("TSim", "Trat", "Virus")
y.01 = rnorm(n, mu + beta + inter01, sigma)
y.01 = as.data.frame(y.01)
y.01 = cbind(y.01, rep(0,12), rep(1,12))
colnames(y.01) = c("TSim", "Trat", "Virus")
y.10 = rnorm(n, mu + tau + inter10)
y.10 = as.data.frame(y.10)
y.10 = cbind(y.10, rep(1,12), rep(0,12))
colnames(y.10) = c("TSim", "Trat", "Virus")
y.11 = rnorm(n, mu + tau + beta + inter11, sigma)
y.11 = as.data.frame(y.11)
y.11 = cbind(y.11, rep(1,12), rep(1,12))
colnames(y.11) = c("TSim", "Trat", "Virus")

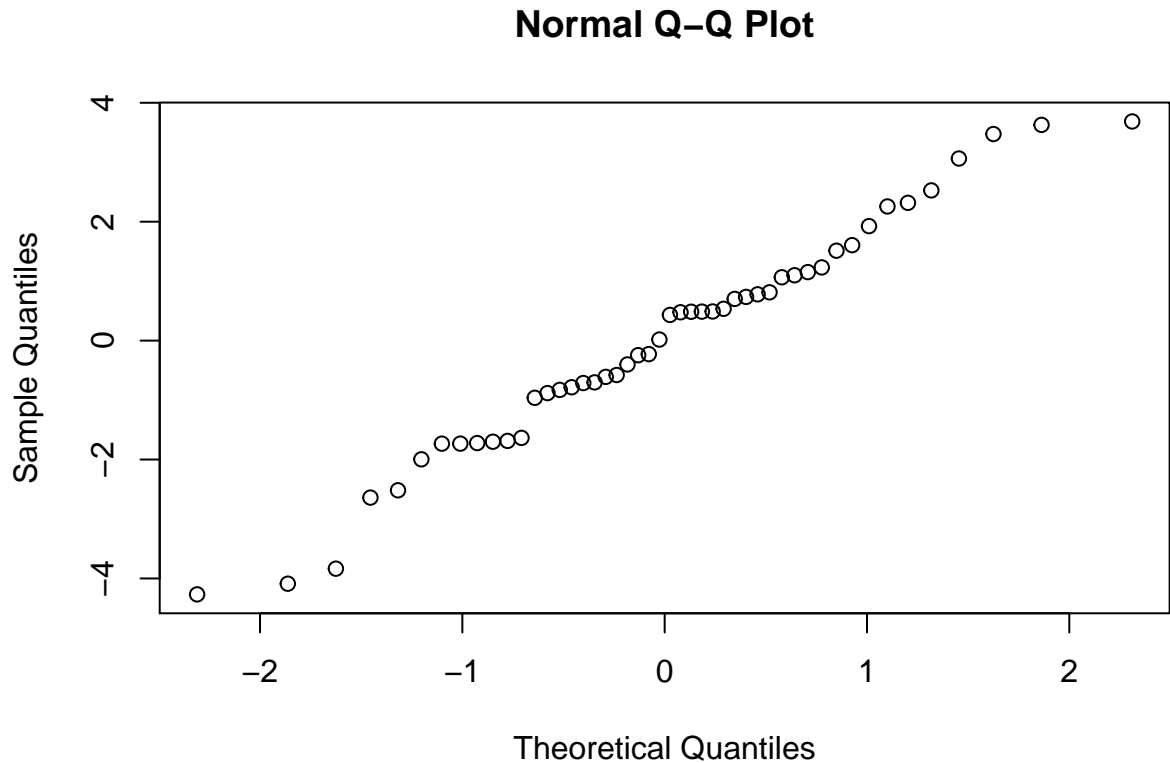
tsim = rbind(y.00, y.01, y.10, y.11)
tsim$Trat[tsim$Trat == 0] = "P"
tsim$Trat[tsim$Trat == 1] = "V"
tsim$Trat = as.factor(tsim$Trat)
tsim$Virus = as.factor(tsim$Virus)
rm(y.00, y.01, y.10, y.11)
```

Agora, com a simulação construída, vamos checar as suposições da ANOVA.

Normalidade dos Resíduos

Para essa checagem, vamos usar duas abordagens. Primeiro um gráfico QQ comparando com a Distribuição Normal, e também o Teste de Shapiro Wilk.

```
tsim.aov = aov(TSim ~ Trat * Virus, data = tsim)
qqnorm(tsim.aov$residuals)
```



A distribuição parece de fato se adequar à normalidade, mas de qualquer forma utilizaremos o Teste de Shapiro Wilk para confirmar.

```
shapiro.test(tsim.aov$residuals)
```

```
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  tsim.aov$residuals
## W = 0.9801, p-value = 0.5828
```

Como o p-valor é bem maior que 5%, não rejeitamos a hipótese de normalidade a um nível de 5%, então podemos continuar a análise.

Homogeneidade da Variância

Para isso utilizaremos o Teste de Levene

```
leveneTest(TSim ~ Trat * Virus, data = tsim)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##      Df F value Pr(>F)
## group 3  1.4563 0.2395
##      44
```

Pelo p-valor não rejeitamos a hipótese de homogeneidade da variância.

Independência entre Observações

Pela forma que a simulação foi construída, as observações são de fato independentes entre sim.

ANOVA

Agora que comprovamos que as suposições da ANOVA estão satisfeitas pela simulação, vamos aplicá-la.

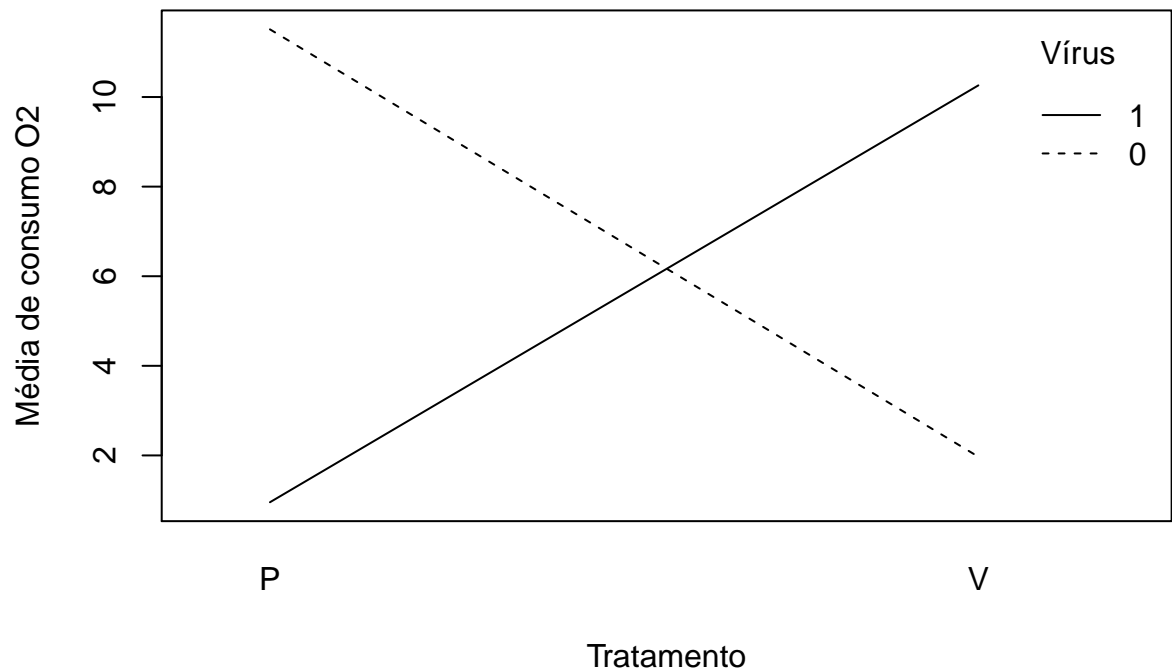
```
tsim.aov = aov(TSim ~ Trat * Virus, data = tsim)
summary(tsim.aov)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Trat       1    0.2      0.2    0.043 0.8373
## Virus      1   15.4     15.4    3.944 0.0533 .
## Trat:Virus  1 1065.5   1065.5  272.864 <2e-16 ***
## Residuals  44   171.8      3.9
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Podemos ver que, a um nível de 5%, somente a interação entre *Tratamento* e *Vírus* mostrou-se significativa para explicar a variância do consumo médio de oxigênio.

Agora vamos checar através do gráfico de interação se essa satisfaz a interação sugerida no enunciado da questão.

```
interaction.plot(tsim$Trat, tsim$Virus, tsim$TSim, xlab = "Tratamento", ylab = "Média de consumo O2", t
```



De fato satisfaz.

d)

Simulamos os dados de um novo tipo celular (digamos TSim) em que há efeito de interação entre Tratamento e exposição ao Virus. Propomos uma análise dos dados gerados.

```
#Simulando dados
#Experimento DCA Fatorial 2x2 com efeito de interação
#Modelo estrutural:  $y = \mu_i + \tau_{1j} + \tau_{2k} + \tau_{12jk} + e$ 
set.seed(1)
mi <- 4
tau1.1 <- (-1.8)
tau2.1 <- (-2)
tau12.11 <- 6
sigma <- 1
mi00 <- mi
mi01 <- mi + tau2.1
mi10 <- mi + tau1.1
mi11 <- mi + tau1.1 + tau2.1 + tau12.11
r <- 12
TSim <- round( c(mi00, mi01, mi10, mi11) + rnorm(4*r, 0, sigma) , 2)
f1 <- rep(0:1, each=2*r)
f2 <- rep(rep(0:1, each=r), 2)
```

```
f12<-rep(1:4,each=r)
datSim<-data.frame(cbind(factor(f1),factor(f2),f12,TSim))
# datSim %>% kable(caption='caption')
str(datSim)
```

```
## 'data.frame':  48 obs. of  4 variables:
## $ V1 : num  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ V2 : num  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ f12 : num  1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ TSim: num  3.37 2.18 1.36 7.8 4.33 1.18 2.69 6.94 4.58 1.69 ...
```

```
interaction.plot(f1, f2, TSim)
```

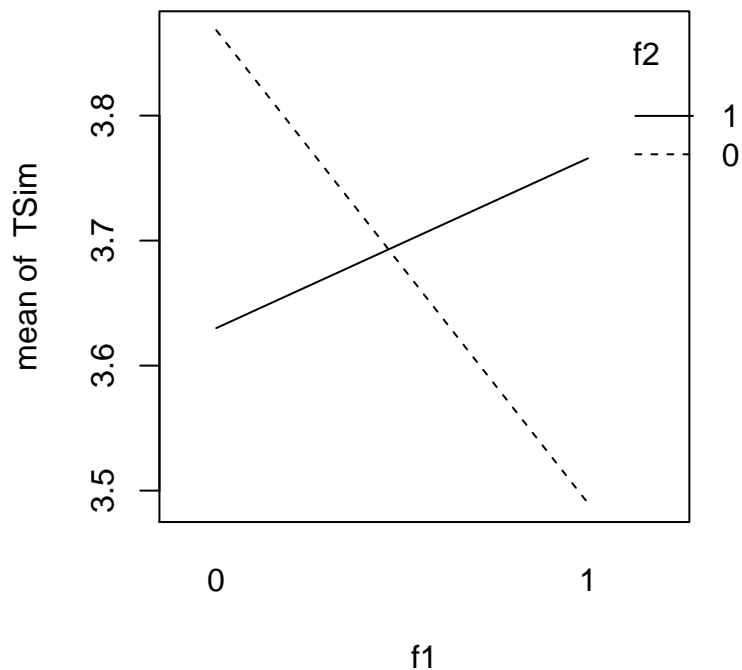


Figura 1: legenda

```
tapply(TSim,f12,mean) %>% t() %>% kable(caption="alguma legenda")
```

Tabela 3: alguma legenda

1	2	3	4
3,868	3,63	3,49	3,766

```
fitSim <- aov(TSim ~ f1*f2, datSim)
#Para fatorial 2x2 é equivalente usar "aov(TSim~factor(f1)*factor(f2))"
anova(fitSim) %>% kable(caption="fasdf")
```

Tabela 4: fasdf

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
f1	1	0,176	0,176	0,046	0,831
f2	1	0,004	0,004	0,001	0,974
f1:f2	1	0,793	0,793	0,206	0,652
Residuals	44	169,133	3,844	NA	NA

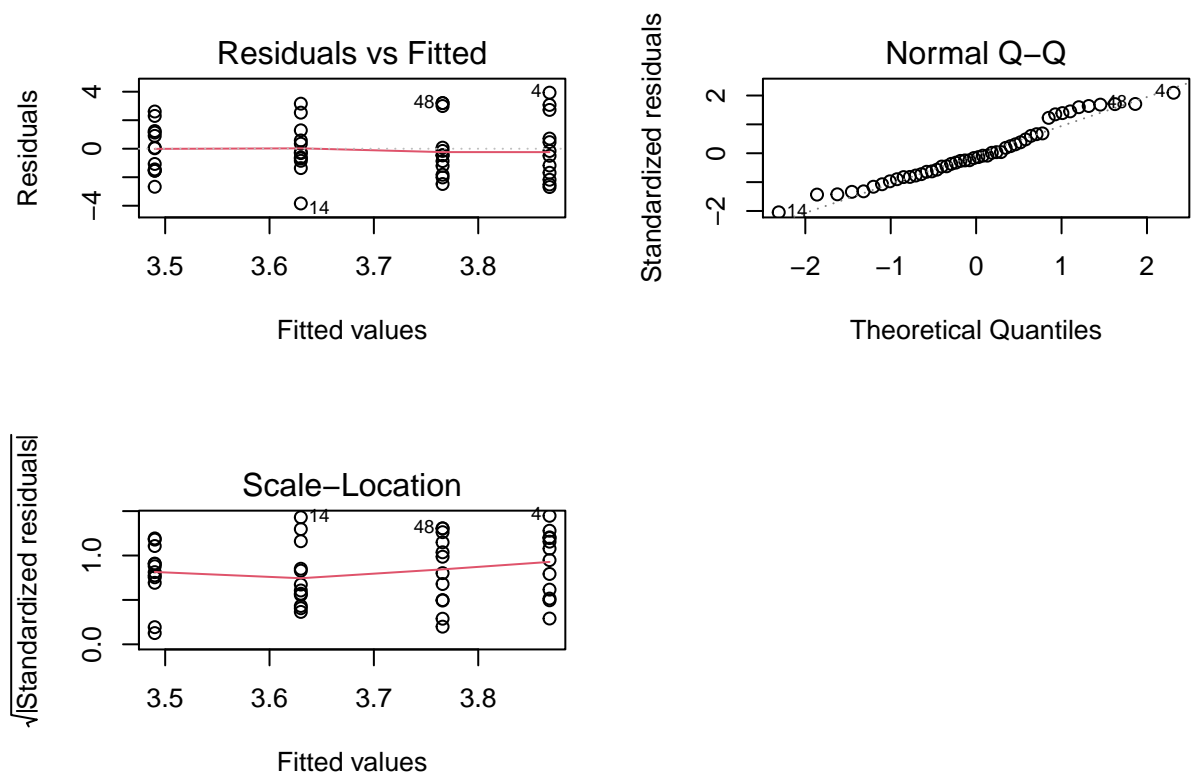
```
fitSim$coefficients %>% t() %>% kable(caption="Coeficientes")
```

Tabela 5: Coeficientes

(Intercept)	f1	f2	f1:f2
3,868	-0,378	-0,238	0,514

```
par(mfrow=c(2,2))
plot(fitSim)
```

```
## hat values (leverages) are all = 0.08333333
## and there are no factor predictors; no plot no. 5
```



Na simulação consideramos o seguinte padrão de variação das médias de O2cons:

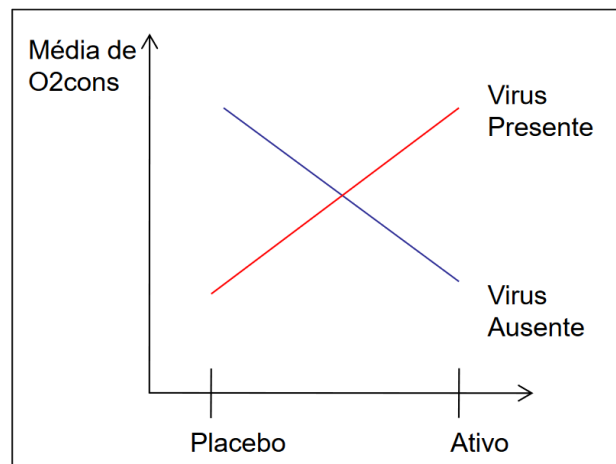


Figura 2: Padrão de variação das médias de O2cons.

Questão 2

```
##Q2
resp<-c(0.02,-0.01,-0.03,0.04,0.15,0.27,0.14,0.22,0.18,0.24,0.11,0.18,0.45,0.58,0.35,0.48)
resp
```

```
## [1] 0.02 -0.01 -0.03 0.04 0.15 0.27 0.14 0.22 0.18 0.24 0.11 0.18
## [13] 0.45 0.58 0.35 0.48
```

```
x<-rep(rep(c(0,1),each=4),2)
y<-rep(c(0,1),each=8)
fx<-rep(c(1,2,3,4),4)
trat<-rep(c(1,2,3,4),each=4)
dados<-data.frame(x,y,fx,trat,resp)
str(dados)
```

```
## 'data.frame': 16 obs. of 5 variables:
## $ x : num 0 0 0 0 1 1 1 1 0 0 ...
## $ y : num 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 ...
## $ fx : num 1 2 3 4 1 2 3 4 1 2 ...
## $ trat: num 1 1 1 1 2 2 2 2 3 3 ...
## $ resp: num 0.02 -0.01 -0.03 0.04 0.15 0.27 0.14 0.22 0.18 0.24 ...
```

```
fitxy<-aov(resp~factor(fx)+x*y, dados)
summary(fitxy)
```

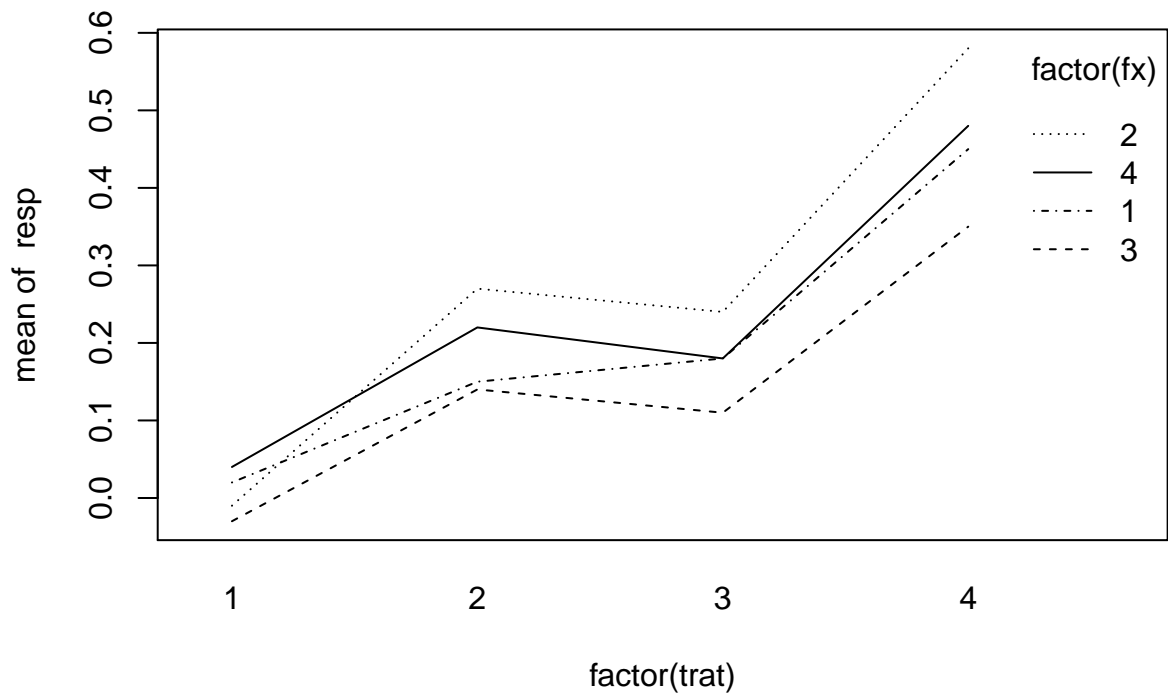
```
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## factor(fx) 3 0.03462 0.01154   6.944 0.0102 *
## x          1 0.22801 0.22801 137.204 9.46e-07 ***
## y          1 0.19581 0.19581 117.827 1.80e-06 ***
## x:y        1 0.00951 0.00951   5.720 0.0404 *
## Residuals  9 0.01496 0.00166
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
#Efeito de interação entre Tratamento e Fx (Bloco)
fitxy$coefficients
```

```
## (Intercept) factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          x          y
## -0.005625    0.070000   -0.057500    0.030000    0.190000    0.172500
##           x:y
##      0.097500
```

```
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(trat),factor(fx),resp,main="Gráfico de interação"))
```


Gráfico de interação



```
fxi<-rep(c(0,fitxy$coefficients[2:4]),4)
fxi
```

```
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2
##      0.0000      0.0700      -0.0575      0.0300      0.0000      0.0700
## factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##     -0.0575      0.0300      0.0000      0.0700     -0.0575      0.0300
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##      0.0000      0.0700      -0.0575      0.0300
```

```
xyi<-rep(c(0,fitxy$coefficients[5:7]),each=4)
xyi
```

```
##          x      x      x      x      y      y      y
## 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.1900 0.1900 0.1900 0.1900 0.1725 0.1725 0.1725
##      y      x:y      x:y      x:y      x:y
## 0.1725 0.0975 0.0975 0.0975 0.0975
```

```
fxyi<-fxi*xyi
fxyi
```

```
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2
## 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.00000000 0.01330000
```

```
## factor(fx)3 factor(fx)4          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
## -0.01092500  0.00570000  0.00000000  0.01207500 -0.00991875  0.00517500
##          factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4
##  0.00000000  0.00682500 -0.00560625  0.00292500
```

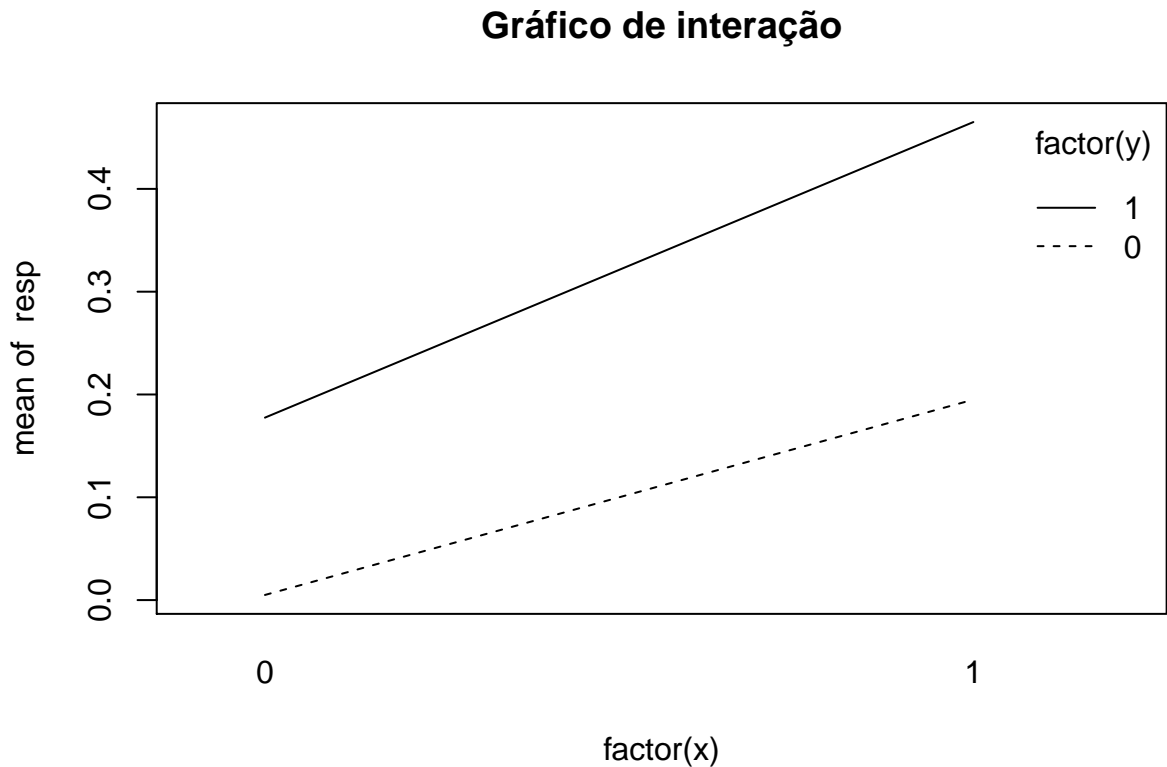
```
fititb<-aov(resp~factor(fx)+x*y+fxyi)
summary(fititb)
```

```
##          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## factor(fx)  3  0.03462  0.01154    7.301  0.0112 *
## x           1  0.22801  0.22801  144.252 2.13e-06 ***
## y           1  0.19581  0.19581  123.880 3.80e-06 ***
## fxyi        1  0.00077  0.00077    0.490  0.5038
## x:y         1  0.01104  0.01104    6.987  0.0296 *
## Residuals   8  0.01264  0.00158
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
#Não há efeito significativo de interação entre Tratamentos e Fx (Bloco)
```

```
#Gráfico de Perfis de Médias de Tratamentos (X e Y)
```

```
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(x),factor(y),resp,main="Gráfico de interação"))
```



*#Como o modelo é aditivo (entre Trat e Fx) o gráfico de interação é o mesmo com
#ou sem o ajuste por FX
#Contudo, somente no modelo ajustado por Fx é que o efeito de interação é significativo*
fitxy\$coefficients

```
## (Intercept) factor(fx)2 factor(fx)3 factor(fx)4          x          y
## -0.005625    0.070000   -0.057500    0.030000    0.190000    0.172500
##           x:y
##      0.097500
```

```
respi<-model.matrix(fitxy)%*%fitxy$coefficients[1:7]
respi
```

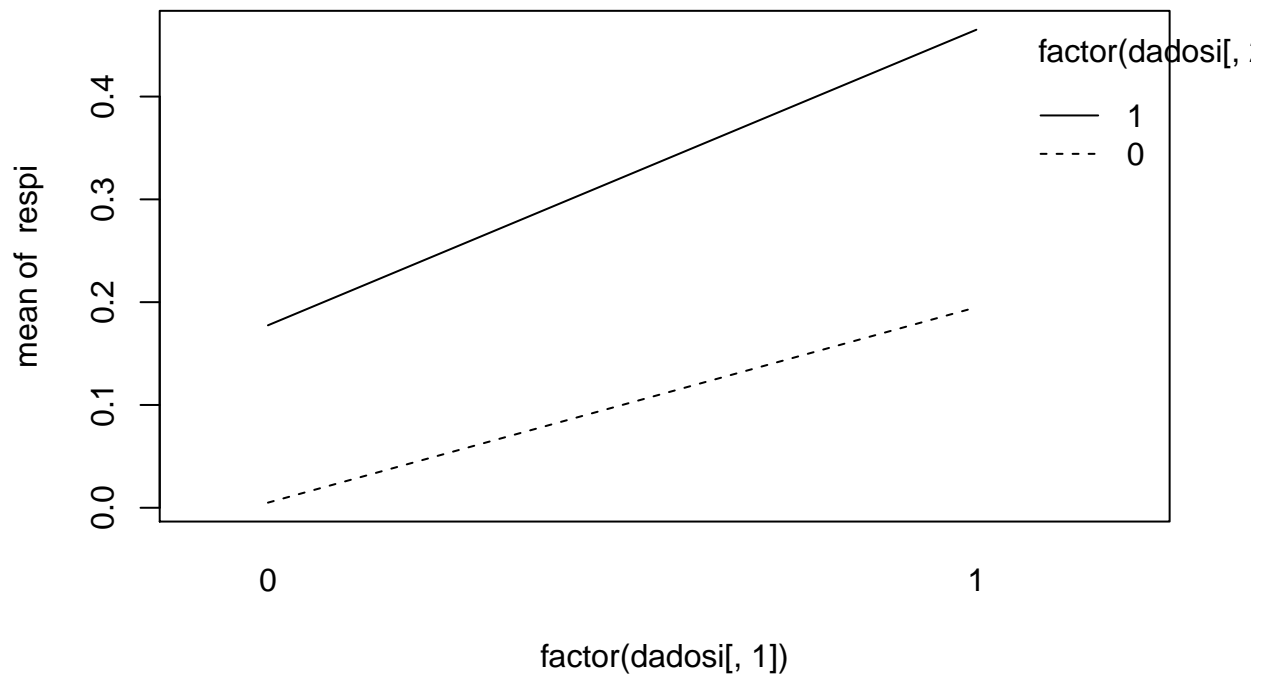
```
##           [,1]
## 1 -0.005625
## 2  0.064375
## 3 -0.063125
## 4  0.024375
## 5  0.184375
## 6  0.254375
## 7  0.126875
## 8  0.214375
## 9  0.166875
## 10 0.236875
## 11 0.109375
## 12 0.196875
## 13 0.454375
## 14 0.524375
## 15 0.396875
## 16 0.484375
```

```
dadosi<-cbind(dados[,1],dados[,2],respi)
dadosi
```

```
##           [,1] [,2]           [,3]
## 1      0      0 -0.005625
## 2      0      0  0.064375
## 3      0      0 -0.063125
## 4      0      0  0.024375
## 5      1      0  0.184375
## 6      1      0  0.254375
## 7      1      0  0.126875
## 8      1      0  0.214375
## 9      0      1  0.166875
## 10     0      1  0.236875
## 11     0      1  0.109375
## 12     0      1  0.196875
## 13     1      1  0.454375
## 14     1      1  0.524375
## 15     1      1  0.396875
## 16     1      1  0.484375
```

```
with(data.frame(dadosi), interaction.plot(factor(dadosi[,1]),factor(dadosi[,2]),respi,main="Gráfico de .
```

Gráfico de interação ajustado



```
par(mfrow=c(1,2))
with(data.frame(dados), interaction.plot(factor(x),factor(y),resp,main="Gráfico de interação"))
with(data.frame(dadosi), interaction.plot(factor(dadosi[,1]),factor(dadosi[,2]),respi,main="Gráfico de .
```

Gráfico de interação

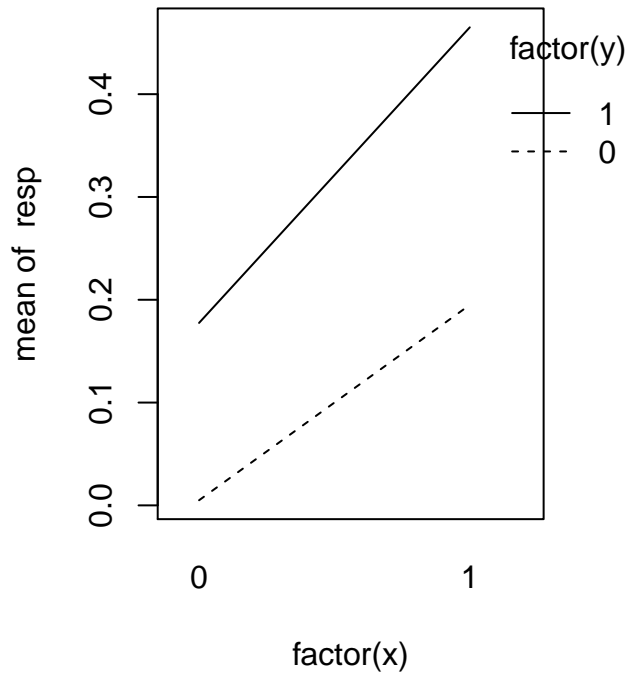
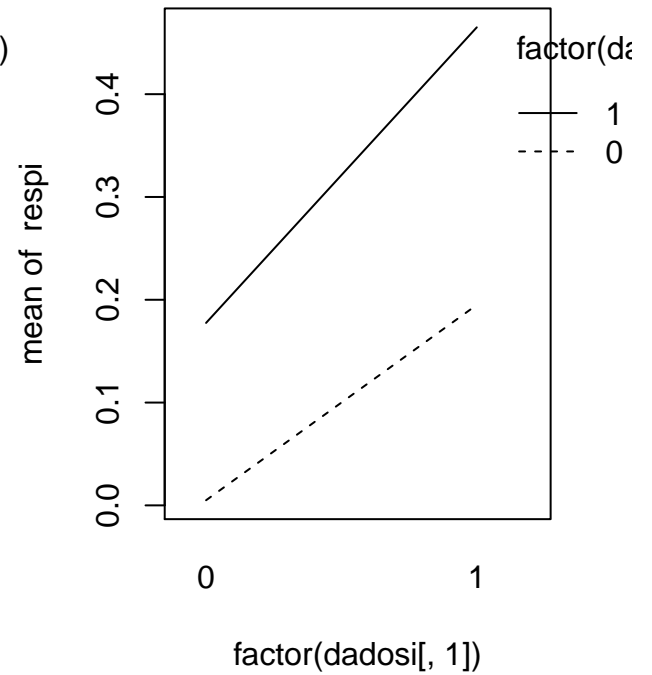


Gráfico de interação ajustado



```
plot(resp,respi)
cbind(resp,respi)
```

```
##      resp
## 1  0.02 -0.005625
## 2 -0.01  0.064375
## 3 -0.03 -0.063125
## 4  0.04  0.024375
## 5  0.15  0.184375
## 6  0.27  0.254375
## 7  0.14  0.126875
## 8  0.22  0.214375
## 9  0.18  0.166875
## 10 0.24  0.236875
## 11 0.11  0.109375
## 12 0.18  0.196875
## 13 0.45  0.454375
## 14 0.58  0.524375
## 15 0.35  0.396875
## 16 0.48  0.484375
```

```
tapply(resp,trat,mean)
```

```
##      1      2      3      4
## 0.0050 0.1950 0.1775 0.4650
```

```
tapply(respi, trat, mean)
```

```
##      1      2      3      4  
## 0.0050 0.1950 0.1775 0.4650
```

