

Segundo trabalho de Planejamento de Experimentos

Universidade Federal da Paraíba - CCEN

Gabriel de Jesus Pereira - 20200121424

5 de maio de 2024

Pacotes utilizados

```
library(tidyverse)
library(ggplot2)
library(nortest)
library(rstatix)
library(lmtest)
library(ggpubr)
library(ExpDes)
```

Quadrado latino

O modelo para um quadrado latino

O modelo para um quadrado latino é:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + \beta_k + \epsilon_{ijk}, \quad i, j, k = 1, \dots, p$$

Em que o y_{ijk} é a observação na i -th linha k -th coluna para o j -th tratamento, μ é a média geral, α_i é o efeito na i th linha, τ_j é o efeito do j th tratamento, β_k é o k th efeito na coluna e ϵ_{ijk} é o erro aleatório.

Por fim, chegamos a seguinte tabela de análise de variância:

Variacao	Soma dos quadrados	Gl	MSE	F_0
Tratamentos	$\frac{1}{p} \sum_{j=1}^p y_{.j}^2 - \frac{y_{..}^2}{N}$	$p - 1$	$\frac{SS_{Tratamentos}}{p-1}$	$\frac{MS_{Tratamentos}}{MS_E}$
Linhas	$\frac{1}{p} \sum_{i=1}^p y_{i..}^2 - \frac{y_{..}^2}{N}$	$p - 1$	$\frac{SS_{Linhas}}{p-1}$	$\frac{MS_{Linhas}}{MS_E}$
Colunas	$\frac{1}{p} \sum_{k=1}^p y_{..k}^2 - \frac{y_{..}^2}{N}$	$p - 1$	$\frac{SS_{Colunas}}{p-1}$	$\frac{MS_{Colunas}}{MS_E}$
Erro	$SS_E = SS_T - SS_{Linhas} - SS_{Colunas} - SS_{Tratamentos}$	$(p - 2)(p - 1)$	$\frac{SS_E}{(p-2)(p-1)}$	
Total	$\sum_i \sum_j \sum_k y_{ijk}^2 - \frac{y_{..}^2}{N}$	$p^2 - 1$		

Com essa tabela de análise de variância poderemos verificar o efeito entre as linhas, colunas e os tratamentos.

Os dados

The effect of five different ingredients (A, B, C, D, E) on the reaction time of a chemical process is being studied. Each batch of new material is only large enough to permit five runs to be made. Furthermore, each run requires approximately 12 hours, so only five runs can be made in one day. The exper imenter decides to run the experiment as a Latin square so that day and batch effects may be systematically controlled. She obtains the data that follow. Analyze the data from this experiment (use $\alpha 0.05$) and draw conclusions.

Os dados são do problema **4.22** do livro do Montgomery, e se trata do efeito de 5 ingredientes no tempo de reação de um processo químico que está sendo estudado.

Tabela 2: Chemical Process Latin Square

	Day 1	Day 2	Day 3	Day 4	Day 5
Batch 1	A=8	B=7	D=1	C=7	E=8
Batch 2	C=11	E=2	A=7	D=3	B=8
Batch 3	B=4	A=9	C=10	E=1	D=5
Batch 4	D=6	C=8	E=6	B=6	A=10
Batch 5	E=4	D=2	B=3	A=8	C=8

Aplicando o quadrado latino

Pelo resultado que se segue abaixo, podemos ver pelo p-valor dos tratamentos (0.00049) que, ao nível de 5% de significância, há um efeito significativo dos ingredientes nos tempos médios de reação dos produtos químicos. É possível ver também que não há um efeito significativo nem na coluna e nem nas linhas, com p-valor 0.347 e 0.455, respectivamente. Ou seja, o dia e o batch não tem um impacto significativo nas observações, ao nível de 5%.

```
Obs <- c(8,7,1,7,3,11,2,7,3,8,4,9,10,1,5,6,8,6,6,10,4,2,3,8,8)
Batch <- as.factor(rep(1:5, each = 5))
Day <- as.factor(rep(seq(1,5),5))
Ingredient <- as.factor(c(1,2,4,3,5,3,5,1,4,2,2,1,3,5,4,4,3,5,2,1,5,4,2,1,3))
dados1 <- data.frame(Obs, Batch, Day, Ingredient)

QuadradoLatino = latsd(
  treat = Ingredient,
  row = Batch,
  column = Day,
  resp = Obs,
  sigT = 0.05,
  sigF = 0.05
)
```

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
Treatment	4	141.44	35.360	11.3092	0.00049
Row	4	15.44	3.860	1.2345	0.34762
Column	4	12.24	3.060	0.9787	0.45501
Residuals	12	37.52	3.127		
Total	24	206.64			

CV = 30.07 %

Shapiro-Wilk normality test

p-value: 0.5476372

According to Shapiro-Wilk normality test at 5% of significance, residuals can be considered normal.

Tukey's test

Groups Treatments Means

a	3	8.8
a	1	8.4
ab	2	5.6
b	4	3.4
b	5	3.2

Verificando normalidade

Considerando um nível de significância de 5% foram realizados 3 testes para verificar normalidade dos resíduos: Shapiro-Wilk, Lilliefors e Anderson-Darling. Os três testes confirmam a suposição de normalidade dos resíduos.

```
shapiro.test(QuadradoLatino$residuals)
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data: QuadradoLatino$residuals  
W = 0.96606, p-value = 0.5476
```

```
lillie.test(QuadradoLatino$residuals)
```

Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

```
data: QuadradoLatino$residuals  
D = 0.11934, p-value = 0.4746
```

```
ad.test(QuadradoLatino$residuals)
```

Anderson-Darling normality test

```
data: QuadradoLatino$residuals  
A = 0.34711, p-value = 0.4515
```

Verificando homogeneidade

Agora considerando o teste de Levene e o de Bartlett e um nível de 5% de confiança para testar a homogeneidade das variâncias, vemos que pelos dois testes de hipóteses é indicado a homogeneidade das variâncias.

```
dados1 |>
  levene_test(Obs ~ Ingredient)
```

```
# A tibble: 1 x 4
   df1  df2 statistic      p
<int> <int>    <dbl> <dbl>
1     4    20    0.444 0.775
```

```
bartlett.test(Obs ~ Ingredient, data = dados1)
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: Obs by Ingredient

Bartlett's K-squared = 1.5544, df = 4, p-value = 0.817

Anova com medidas repetidas

Sobre medidas repetidas

O modelo para uma análise de variância com medidas repetidas é:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

Em que y_{ij} representa a resposta do sujeito j ao tratamento i . Em que τ_i é o efeito do i th tratamento e β_j é um parâmetro associado com o j th sujeito.

Assim, chegamos a seguinte tabela de análise de variância:

Variação	Soma dos quadrados	Gl	MSE	F_0
Dentre sujeitos	$\sum_{j=1}^n \frac{y_{.j}^2}{a} - \frac{y_{..}^2}{an}$	$n - 1$		$\frac{MS_{Tratamentos}}{MS_E}$
Intra sujeitos	$\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^n y_{ij}^2 - \sum_{j=1}^n \frac{y_{.j}^2}{a}$	$n(a - 1)$		$\frac{MS_{Linhas}}{MS_E}$
Tratamentos	$\sum_{i=1}^a \frac{y_{i.}^2}{n} - \frac{y_{..}^2}{an}$	$a - 1$	$\frac{SS_{Tratamentos}}{a-1}$	$\frac{MS_{Colunas}}{MS_E}$
Erro	(2) - (3)	$(a - 1)(n - 1)$	$\frac{SS_E}{(a-1)(n-1)}$	
Total	$\sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^n y_{ij}^2 - \frac{y_{..}^2}{an}$	$an - 1$		

Os dados

15.21. Three different Pinot Noir wines were evaluated by a panel of eight judges. The judges are considered a random panel of all possible judges. The wines are evaluated on a 100 point scale. The wines were presented in random order to each judge, and the following results obtained.

Analyze the data from this experiment. Is there a difference in wine quality? Analyze the residuals and comment on model adequacy.

Os dados para a Anova com medidas repetidas foi retirado do livro do Montgomery, exercício **15.21**. O que o enunciado da questão nos pede é para testar se há diferença na qualidade do vinho que foi pontuado pelos jurados.

```
dados2 <- tibble(
  juiz = as.factor(rep(1:8, each = 3)),
  vinho = as.factor(rep(1:3, 8)),
```

```
obs = c(
  85, 88, 93,
  90, 89, 94,
  88, 90, 98,
  91, 93, 96,
  92, 92, 95,
  89, 90, 95,
  90, 91, 97,
  91, 89, 98
)
```

Suposições

Normalidade

Para a suposição de normalidade foram realizados 3 testes: Shapiro-Wilk, Lilliefors e Anderson-Darling. Todos os testes escolhidos não rejeitaram a suposição de normalidade, ao nível de 5% de significância.

```
modelo2 <- aov(obs ~ Error(juiz) + vinho, data = dados2)
```

```
dados2 |>
  group_by(vinho) |>
  do(tidy(shapiro.test($.obs))) |>
  knitr::kable()
```

vinho	statistic	p.value	method
1	0.9009201	0.2945123	Shapiro-Wilk normality test
2	0.9590109	0.8006264	Shapiro-Wilk normality test
3	0.9388881	0.6001739	Shapiro-Wilk normality test

```
dados2 |>
  group_by(vinho) |>
  do(tidy(lillie.test($.obs))) |>
  knitr::kable()
```

vinho	statistic	p.value	method
1	0.2147381	0.3406769	Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
2	0.1845333	0.5846848	Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
3	0.1588522	0.7990819	Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

```
dados2 |>
  group_by(vinho) |>
  do(tidy(ad.test(. $obs))) |>
  knitr::kable()
```

vinho	statistic	p.value	method
1	0.3950347	0.2822387	Anderson-Darling normality test
2	0.2245596	0.7331001	Anderson-Darling normality test
3	0.2377478	0.6831905	Anderson-Darling normality test

Homogeneidade

Para a suposição de homogeneidade, ao nível de 5% de significância, foram realizados dois testes de hipóteses: Levene e Bartlett. Os dois testes não rejeitam a hipótese de homogeneidade entre as variâncias. O p-valro do teste de Bartlett foi de 0.764 e o de Levene foi de 0.895.

```
dados2 |>
  levene_test(obs ~ vinho)
```

```
# A tibble: 1 x 4
   df1  df2 statistic      p
<int> <int>   <dbl> <dbl>
1     2    21    0.111 0.895
```

```
bartlett.test(obs ~ vinho, data = dados2)
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: obs by vinho
Bartlett's K-squared = 0.53844, df = 2, p-value = 0.764

Cronbach's Alpha

O código abaixo calcula o Cronbach's Alpha. Podemos ver que chegamos num alpha de 69.8%, o que indica uma medida de confiabilidade razoável. Dessa forma, a consistência interna dessa pesquisa de vinhos é razoável.

```
conb_data <- dados2 |>
  pivot_wider(names_from = vinho, values_from = obs)
ltm::cronbach.alpha(conb_data[2:4], CI = TRUE, standardized = FALSE, B = 1000)
```

Cronbach's alpha for the 'conb_data[2:4]' data-set

Items: 3
Sample units: 8
alpha: 0.698

Bootstrap 95% CI based on 1000 samples
2.5% 97.5%
-0.880 0.904

Resultado do modelo de medidas repetidas

Dessa forma, ao nível de 5% de significância, chegamos ao resultado de que a qualidade do vinho é significativamente diferente pela pontuação dada por cada juiz aos vinhos.

```
summary(modelo2)
```

Error: juiz

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Residuals	7	48	6.857		

Error: Within

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
vinho	2	186.3	93.17	44.98	8.04e-07 ***
Residuals	14	29.0	2.07		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Teste de Bonferroni

Pelo teste de Bonferroni, podemos ver que o grupo 1 e 2 são os únicos grupos não significativamente diferentes.

```
dados2 |>
  pairwise_t_test(
    obs ~ vinho, paired = TRUE,
    p.adjust.method = "bonferroni"
  )
```

A tibble: 3 x 10

	.y.	group1	group2	n1	n2	statistic	df	p	p.adj	p.adj.signif
*	<chr>	<chr>	<chr>	<int>	<int>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<chr>
1	obs	1	2	8	8	-1.27	7	0.244	0.732	ns
2	obs	1	3	8	8	-7.85	7	0.000103	0.000309	***
3	obs	2	3	8	8	-7.28	7	0.000166	0.000498	***

Experimento Fatorial 2²

```
dadosexp2 <- tibble(  
  A = c(  
    rep("A0", 4), rep("A1", 4),  
    rep("A0", 4), rep("A1", 4)  
  ),  
  B = c(  
    rep("B0", 4), rep("B0", 4),  
    rep("B1", 4), rep("B1", 4)  
  ),  
  Y = c(5.12, 4.89, 4.98, 5,  
        6.65, 6.24, 5.49, 5.55,  
        4.95, 4.37, 4.27, 4.25,  
        5.28, 4.91, 4.75, 4.71  
  )  
  ) |>  
  mutate(across(c(A, B), as.factor))  
  
fat2.crd(  
  dadosexp2$A, dadosexp2$B, dadosexp2$Y,  
  quali = c(TRUE, TRUE),  
  mcomp = "tukey",  
  fac.names = c("A", "B"),  
  sigT = 0.05,  
  sigF = 0.05)
```

Legend:

FACTOR 1: A

FACTOR 2: B

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
A	1	2.0664	4	16.5398	0.001562
B	1	2.5841	5	20.6831	0.000669
A*B	1	0.2836	3	2.2696	0.157796
Residuals	12	1.4992	2		

Total 15 6.4332 1

CV = 6.95 %

Shapiro-Wilk normality test

p-value: 0.5128596

According to Shapiro-Wilk normality test at 5% of significance, residuals can be considered normal.

No significant interaction: analyzing the simple effect

A

Tukey's test

Groups Treatments Means

a A1 5.4475

b A0 4.72875

B

Tukey's test

Groups Treatments Means

a B0 5.49

b B1 4.68625

Experimento fatorial 2³

```
dadosexp3 <- tibble(  
  A = c(  
    rep("A0", 3), rep("A1", 3),  
    rep("A0", 3), rep("A1", 3),  
    rep("A0", 3), rep("A1", 3),  
    rep("A0", 3), rep("A1", 3)  
  ),  
  B = c(  
    rep("B0", 6), rep("B1", 6),  
    rep("B0", 6), rep("B1", 6)  
  ),  
  C = c(  
    rep("C0", 12), rep("C1", 12)  
  ),  
  Y = c(22, 31, 25,  
        32, 43, 29,  
        35, 34, 50,  
        55, 47, 46,  
        44, 45, 38,  
        40, 37, 36,  
        60, 50, 54,  
        39, 41, 47)  
  ) |>  
  mutate(across(-Y, as.factor))  
  
fat3.crd(dadosexp3$A, dadosexp3$B, dadosexp3$C, dadosexp3$Y)
```

Legend:

FACTOR 1: F1

FACTOR 2: F2

FACTOR 3: F3

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
F1	1	0.66667	0.66667	0.0221	0.8837

F2	1	770.66667	770.66667	25.547	1e-04
F3	1	280.16667	280.16667	9.2873	0.0077
F1*F2	1	16.66667	16.66667	0.5525	0.4681
F1*F3	1	468.16667	468.16667	15.5193	0.0012
F2*F3	1	48.16667	48.16667	1.5967	0.2245
F1*F2*F3	1	28.16667	28.16667	0.9337	0.3483
Residuals	16	482.66667	30.16667		
Total	23	2095.33333			

CV = 13.45 %

Shapiro-Wilk normality test

p-value: 0.06165629

According to Shapiro-Wilk normality test at 5% of significance, residuals can be considered normal.

Significant F1*F3 interaction: analyzing the interaction

Analyzing F1 inside of each level of F3

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
F1:F3 C0	1	252.0833	252.08333	8.3564	0.0106
F1:F3 C1	1	216.7500	216.75000	7.1851	0.0164
Residuals	16	482.6667	30.16667		

F1 inside of the level C0 of F3

Tukey's test

Groups Treatments Means

a	A1	42
b	A0	32.83333

F1 inside of the level C1 of F3

Tukey's test

Groups Treatments Means

a	A0	48.5
b	A1	40

Analyzing F3 inside of each level of F1

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
F3:F1 A0	1	736.3333	736.33333	24.4088	1e-04
F3:F1 A1	1	12.0000	12.00000	0.3978	0.5371
Residuals	16	482.6667	30.16667		

F3 inside of the level A0 of F1

Tukey's test

Groups Treatments Means

a	C1	48.5
b	C0	32.83333

F3 inside of the level A1 of F1

According to the F test, the means of this factor are statistical equal.

Levels Means

1	C0	42
2	C1	40

Analizing the effect of the factor F2

F2

Tukey's test

Groups Treatments Means

a B1 46.5

b B0 35.16667

Bloco aleatório

```
dados_rbd <- tibble(
  distance = rep(c(4, 6, 8, 10), each = 5),
  subject = rep(1:5, times = 4),
  values = c(10, 6, 6, 6, 6,
             7, 6, 6, 1, 6,
             5, 3, 3, 2, 5,
             6, 4, 4, 2, 3)
)
rbd(dados_rbd$distance, dados_rbd$subject, dados_rbd$values, unfold = 0)
```

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
Treatment	3	32.95	10.983	8.6144	0.0025433
Block	4	36.30	9.075	7.1176	0.0035481
Residuals	12	15.30	1.275		
Total	19	84.55			

CV = 23.28 %

Shapiro-Wilk normality test

p-value: 0.3634343

According to Shapiro-Wilk normality test at 5% of significance, residuals can be considered normal.

Homogeneity of variances test

p-value: 0.2133568

According to the test of oneillmathews at 5% of significance, the variances can be considered homoceda

According to the F test, the means can not be considered distinct.

	Levels	Means
1	10	3.8
2	4	6.8
3	6	5.2
4	8	3.6

Efeito fixo

```
dados_fix <- tibble(  
  rodding = factor(rep(c(10, 15, 20, 25), each = 3)),  
  values = c(1530, 1530, 1440,  
             1610, 1650, 1500,  
             1560, 1730, 1530,  
             1500, 1490, 1510)  
)  
model <- lm(values ~ rodding, dados_fix)
```

Efeito aleatório

O experimentador está normalmente interessado em um fator que tem uma grande quantidade de possíveis níveis. Caso o experimentador selecione aleatoriamente a desses níveis da população de níveis do fator, então dizemos que o *fator* é aleatório. Dessa forma, como os níveis dos fatores foram selecionados aleatoriamente para o experimento, inferências são feitas sobre toda população de níveis do fator. Assumimos também que a população de níveis dos fatores possa ser de tamanho infinito ou é grande o suficiente para ser considerado infinito. Assim, temos o seguinte modelo:

$$y_{ij} = \mu + \tau_i + \epsilon_{ij} \begin{cases} i = 1, 2, \dots, a \\ j = 1, 2, \dots, n \end{cases}$$

Como τ_i , que são os efeitos dos tratamentos, é independente de ϵ_{ij} , a variância de qualquer observação é:

$$V(y_{ij}) = \sigma_\tau^2 + \sigma^2$$

Ainda, diferente do modelo de efeito fixo, no caso aleatório, as observações y_{ij} só são independentes se estiverem em diferentes níveis de fatores.

A análise de variância para o modelo de efeitos aleatórios

A identidade básica para a soma de quadrados da ANOVA ainda é válida, $SS_T = SS_{Treatments} + SS_E$. Testar hipóteses sobre o efeito individual dos tratamentos não é significativo pois estamos selecionando aleatoriamente e portanto, estamos mais interessados no comportamento populacional dos tratamentos. Assim, queremos fazer o seguinte teste:

$$H_0 : \sigma_\tau^2 = 0$$

$$H_1 : \sigma_\tau^2 > 0$$

Se $\sigma_\tau^2 = 0$, todos os tratamentos são idênticos; mas se $\sigma_\tau^2 > 0$, há variabilidade entre os tratamentos. Dessa forma, para testar a hipótese, temos a seguinte estatística:

$$F_0 = \frac{MS_{Tratamentos}}{MS_E}$$

em que a razão é uma variável aleatória F com $a - 1$ e $a(n - 1)$ graus de liberdade quando H_0 . A hipótese nula seria rejeitada a um nível de significância α se o valor calculado da

estatística de teste $f_0 > f_{\alpha, a-1, a(n-1)}$. Temos também que os cálculos e a construção da tabela ANOVA para os efeitos aleatórios são idênticos àqueles do efeito fixo. No entanto, a conclusão é diferente pois é aplicado a população inteira dos tratamentos.

Temos também que $MS_{Tratamentos} = \frac{SS_{Tratamentos}}{a-1}$ e $MS_E = \frac{SS_E}{a(n-1)}$

Ainda, para estimar σ^2 e σ_τ^2 , temos que:

$$\hat{\sigma}^2 = MS_E \qquad \hat{\sigma}_\tau^2 = \frac{MS_{Tratamentos} - MS_E}{n}$$

Assim, chegamos no seguinte intervalo de confiança para σ^2 e σ_τ^2 , respectivamente:

$$\frac{(N-a) MS_E}{\chi_{\alpha/2, N-a}^2} \leq \sigma^2 \leq \frac{(N-a) MS_E}{\chi_{1-\alpha/2, N-a}^2}$$

$$\frac{L}{1+L} \leq \frac{\sigma_\tau^2}{\sigma_\tau^2 + \sigma^2} \leq \frac{U}{1+U}$$

em que $L = \frac{1}{n} \left(\frac{MS_{Tratamentos}}{MS_E} \frac{1}{F_{\alpha/2, a-1, N-a}} - 1 \right)$

e $U = \frac{1}{n} \left(\frac{MS_{Tratamentos}}{MS_E} \frac{1}{F_{1-\alpha/2, a-1, N-a}} - 1 \right)$

O problema a ser resolvido 3.13

A manufacturer of television sets is interested in the effect on tube conductivity of four different types of coating for color picture tubes. A completely randomized experiment is conducted and the following conductivity data are obtained:

```
dados_ale <- tibble(
  coating = factor(rep(1:4, each = 4)),
  conductivity = c(143, 141, 150, 146,
                   152, 149, 137, 143,
                   134, 136, 132, 127,
                   129, 127, 132, 129)
)

modelo_ale <- aov(conductivity ~ coating, data = dados_ale)
```

Suposições do modelo

Primeiro começaremos analisando os resíduos do modelo.

Normalidade

Foram feitos 3 testes para checar a normalidade dos resíduos do modelo: Shapiro-Wilk, Lilliefors e Jarque-Bera. Nenhum dos testes que foram realizados rejeitam a suposição de normalidade dos resíduos, isto é, não rejeitam H_0 .

```
shapiro.test(rstandard(modelo_ale))
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data:  rstandard(modelo_ale)
W = 0.98422, p-value = 0.9882
```

```
nortest::lillie.test(rstandard(modelo_ale))
```

Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

```
data:  rstandard(modelo_ale)
D = 0.099886, p-value = 0.9396
```

```
moments::jarque.test(rstandard(modelo_ale))
```

Jarque-Bera Normality Test

```
data:  rstandard(modelo_ale)
JB = 0.31777, p-value = 0.8531
alternative hypothesis: greater
```

Homocedasticidade

Para a verificação da homocedasticidade, foram utilizados 3 testes: Breusch-Pagan, Goldfeld-Quandt e Harrison-McCabe. Assim como no caso da normalidade, não rejeitamos a suposição de homocedasticidade. Dessa forma, a variância dos resíduos é constante.

```
lmtest::bptest(modelo_ale)
```

studentized Breusch-Pagan test

```
data:  modelo_ale  
BP = 5.8987, df = 3, p-value = 0.1166
```

```
lmtest::gqtest(modelo_ale)
```

Goldfeld-Quandt test

```
data:  modelo_ale  
GQ = 0.32168, df1 = 4, df2 = 4, p-value = 0.8511  
alternative hypothesis: variance increases from segment 1 to 2
```

```
lmtest::hmcetest(modelo_ale)
```

Harrison-McCabe test

```
data:  modelo_ale  
HMC = 0.75661, p-value = 0.938
```

Homogeneidade

Os dois testes escolhidos para testar a homogeneidade foram os testes de Bartlete, Levene e Flingner-Killeen. Ao nível de 5% de significância, não rejeitamos a hipótese nula. Assim, a variância é igual entre os grupos. Isso indica que a variância do modelo é constante para todos os valores estimados da variável resposta.

```
bartlett.test(conductivity ~ coating, data = dados_ale)
```

Bartlett test of homogeneity of variances

data: conductivity by coating

Bartlett's K-squared = 3.2944, df = 3, p-value = 0.3484

```
car::leveneTest(conductivity ~ coating, data = dados_ale)
```

Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)

	Df	F value	Pr(>F)
group	3	2.2068	0.1401
	12		

```
fligner.test(conductivity ~ coating, data = dados_ale)
```

Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data: conductivity by coating

Fligner-Killeen:med chi-squared = 5.2315, df = 3, p-value = 0.1556

Resultados do experimento de efeito aleatório

```
teste = crd(dados_ale$coating, dados_ale$conductivity, quali = TRUE, unfold = NULL)
```

Analysis of Variance Table

	DF	SS	MS	Fc	Pr>Fc
Treatment	3	844.69	281.562	14.302	0.00028812
Residuals	12	236.25	19.688		
Total	15	1080.94			

CV = 3.22 %


```
-----  
Shapiro-Wilk normality test
```

```
p-value: 0.9882357
```

```
According to Shapiro-Wilk normality test at 5% of significance, residuals can be considered normal.  
-----
```

```
-----  
Homogeneity of variances test
```

```
p-value: 0.3484224
```

```
According to the test of bartlett at 5% of significance, residuals can be considered homocedastic.  
-----
```

```
Tukey's test
```

```
-----  
Groups Treatments Means
```

```
a    2    145.25
```

```
a    1    145
```

```
  b    3    132.25
```

```
  b    4    129.25  
-----
```

Pelo resultado do teste F , ao nível de 5% de significância, as médias não podem ser consideradas distintas. Dessa forma, há uma diferença na condutividade média entre os diferentes tipos de revestimento.

Comparações múltiplas

```
TukeyHSD(modelo_ale, conf.level=.95)
```

```
Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = conductivity ~ coating, data = dados_ale)
```

```
$coating  
      diff      lwr      upr    p adj  
2-1    0.25 -9.064853  9.564853 0.9998078  
3-1 -12.75 -22.064853 -3.435147 0.0073964  
4-1 -15.75 -25.064853 -6.435147 0.0014707  
3-2 -13.00 -22.314853 -3.685147 0.0064441
```

```
4-2 -16.00 -25.314853 -6.685147 0.0012913
4-3 -3.00 -12.314853 6.314853 0.7759360
```

Intervalo de confiança

```
confint(modelo_ale) |>
  as_tibble()
```

```
# A tibble: 4 x 2
  `2.5 %` `97.5 %`
  <dbl>   <dbl>
1  140.    150.
2   -6.59    7.09
3  -19.6   -5.91
4  -22.6   -8.91
```