

Apresentação resultados da análise

Leonardo de Mattos Galhardo e Victor Hugo Lopes Moreira

2023-04-11

Neste documento, apresentaremos o que foi desenvolvido e analisado, até o momento, dos dados dos fetos e de suas respectivas mães. Essa apresentação será dividida entre a análise das duas tabelas, em partes.

Antes de começar os pacotes utilizados foram:

```
library(ggplot2)
library(tidyverse)
library(readxl)
library(GGally)
library(ggpubr)
library(agricolae)
library(rstatix)
library(writexl)
```

Tabela “FETO_GERAL”

Nessa seção, analisamos algumas das variáveis dos fetos de camundongo

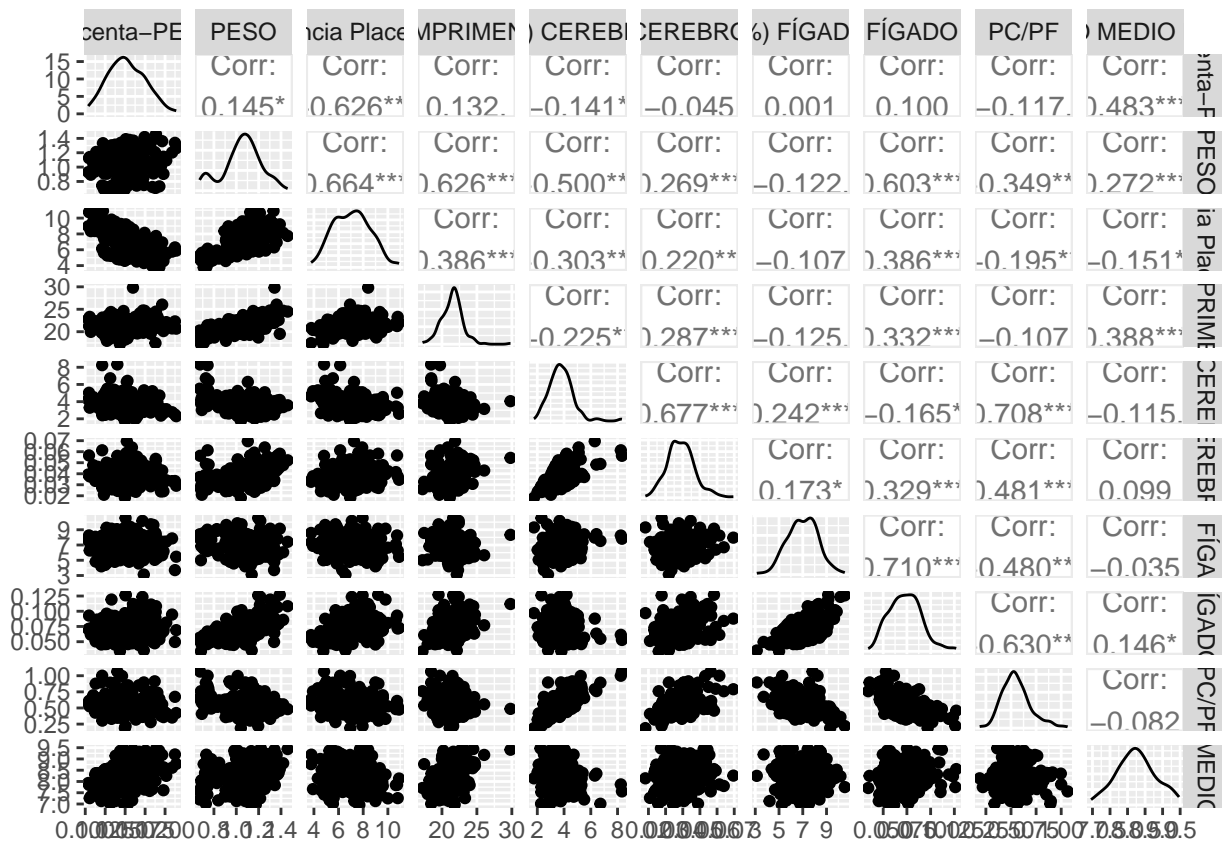
Carregando a tabela

```
dados_feto <- read_excel("D:/UFMG 2023.1/Lab 1/Rodada 1/Dados/RESULTADOS Corrigido 24-03.xlsx",
                        sheet = "FETO GERAL", col_types = c("numeric",
                                                            "text", "numeric", "numeric", "numeric",
                                                            "numeric", "numeric", "numeric",
                                                            "numeric", "numeric", "numeric",
                                                            "numeric"))
```

Gráfico de correlação dos dados

```
cor <- dados_feto %>% select(`Placenta-PESO`, PESO, `Eficiência Placentária`,
                           COMPRIMENTO, `(%) CEREBRO`, CEREBRO,
                           `(%) FÍGADO`, FÍGADO, `PC/PF`, `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`)

ggpairs(cor)
```

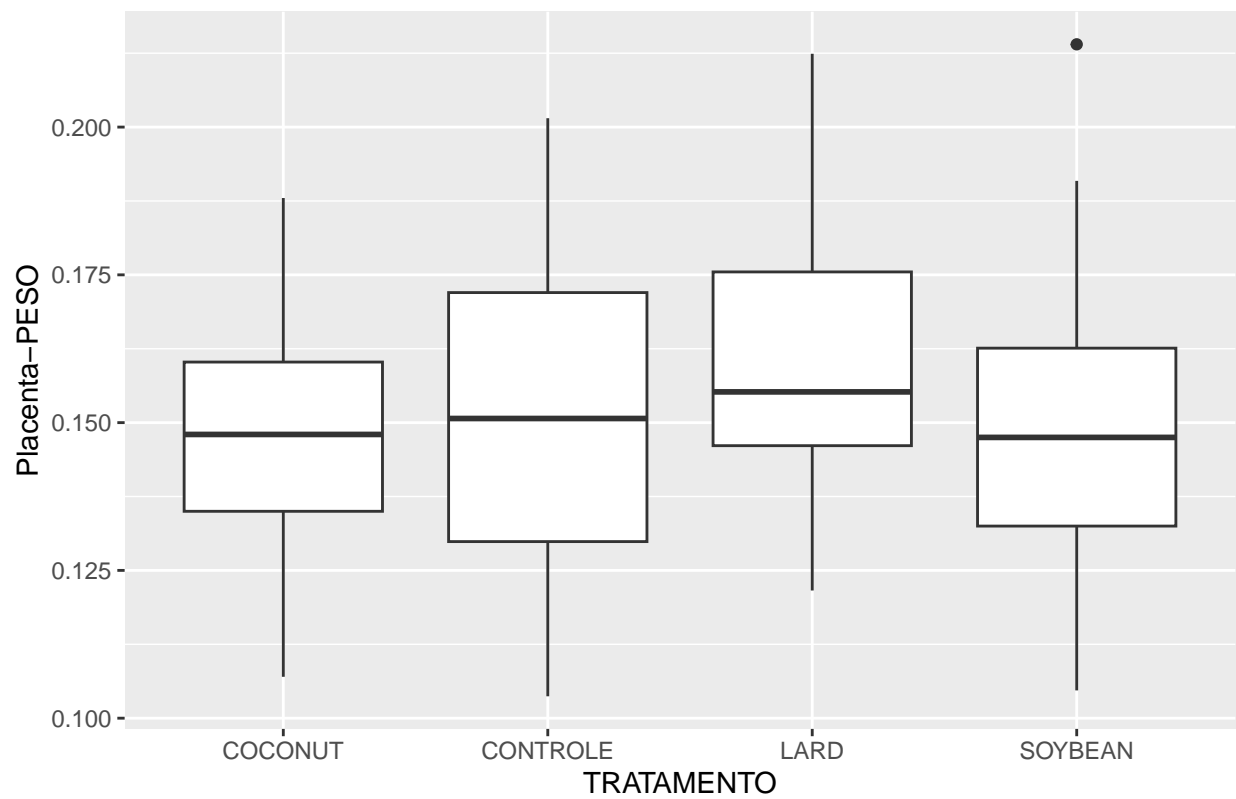


Pelo gráfico de correlações podemos visualizar um pouco melhor como as variáveis da tabela se relacionam entre si, além de como os dados das variáveis se distribuem. Algumas dessas correlações positivas são óbvias, como “(%) FÍGADO” e “FÍGADO” ou “(%) CEREBO” e “CEREBO”, que são variáveis que são medidas diferentes para a mesma coisa.

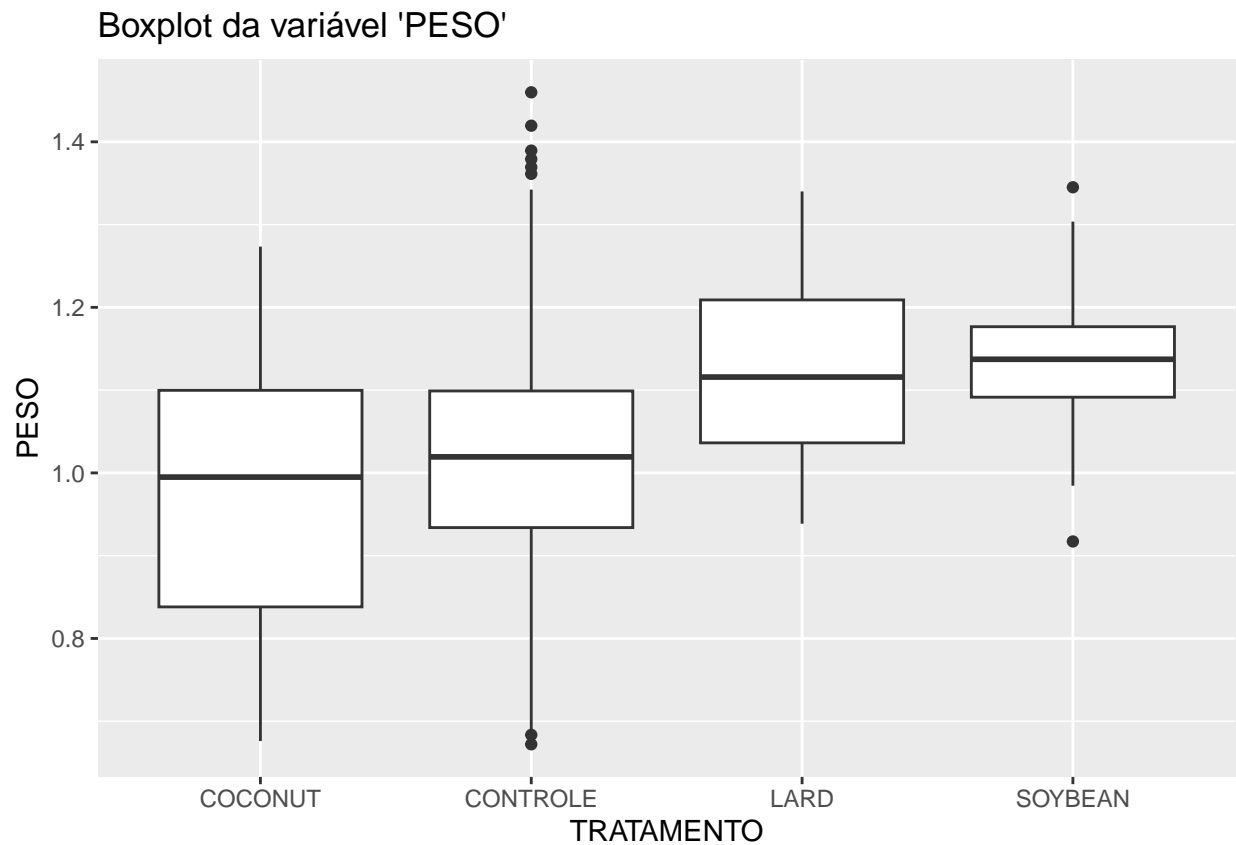
Boxplots

```
# Boxplot Placenta-Peso por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Placenta-Peso`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável 'Placenta-Peso'")
```

Boxplot da variável 'Placenta-Peso'

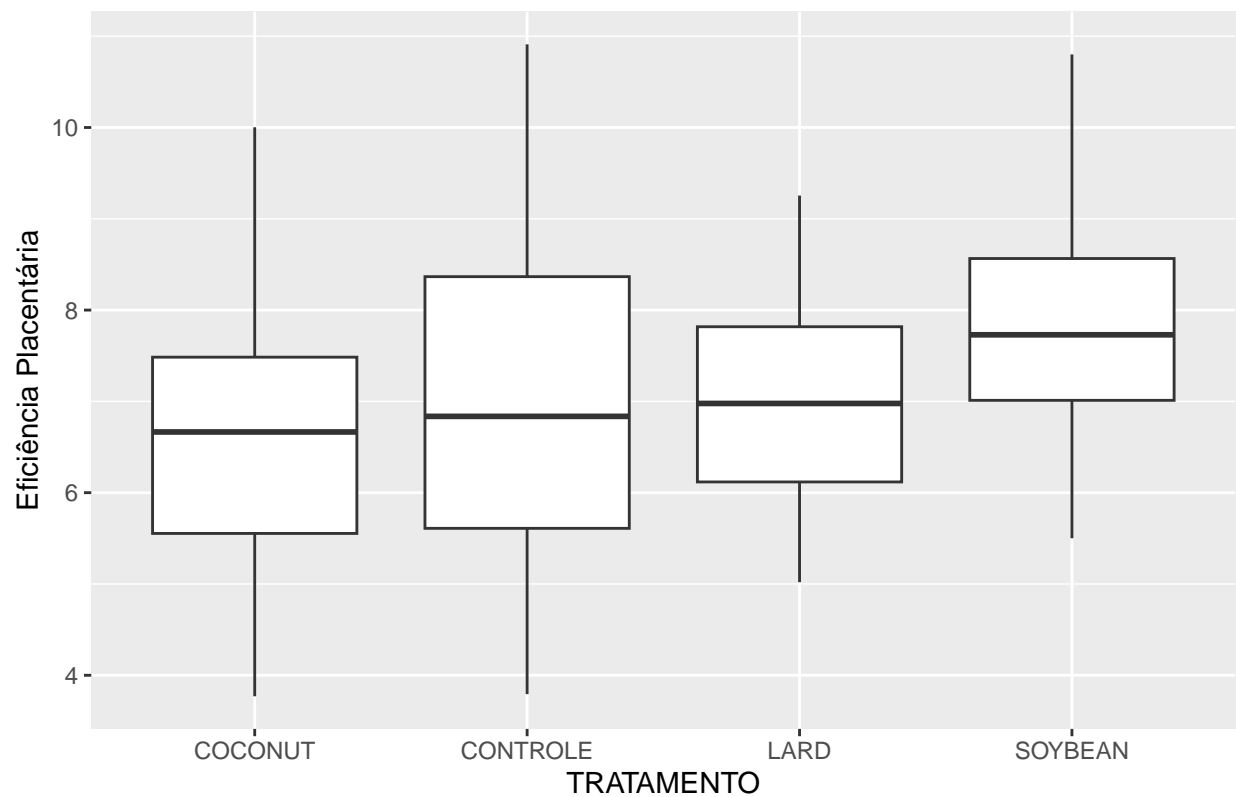


```
# Boxplot PESO por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = PESO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável 'PESO'")
```

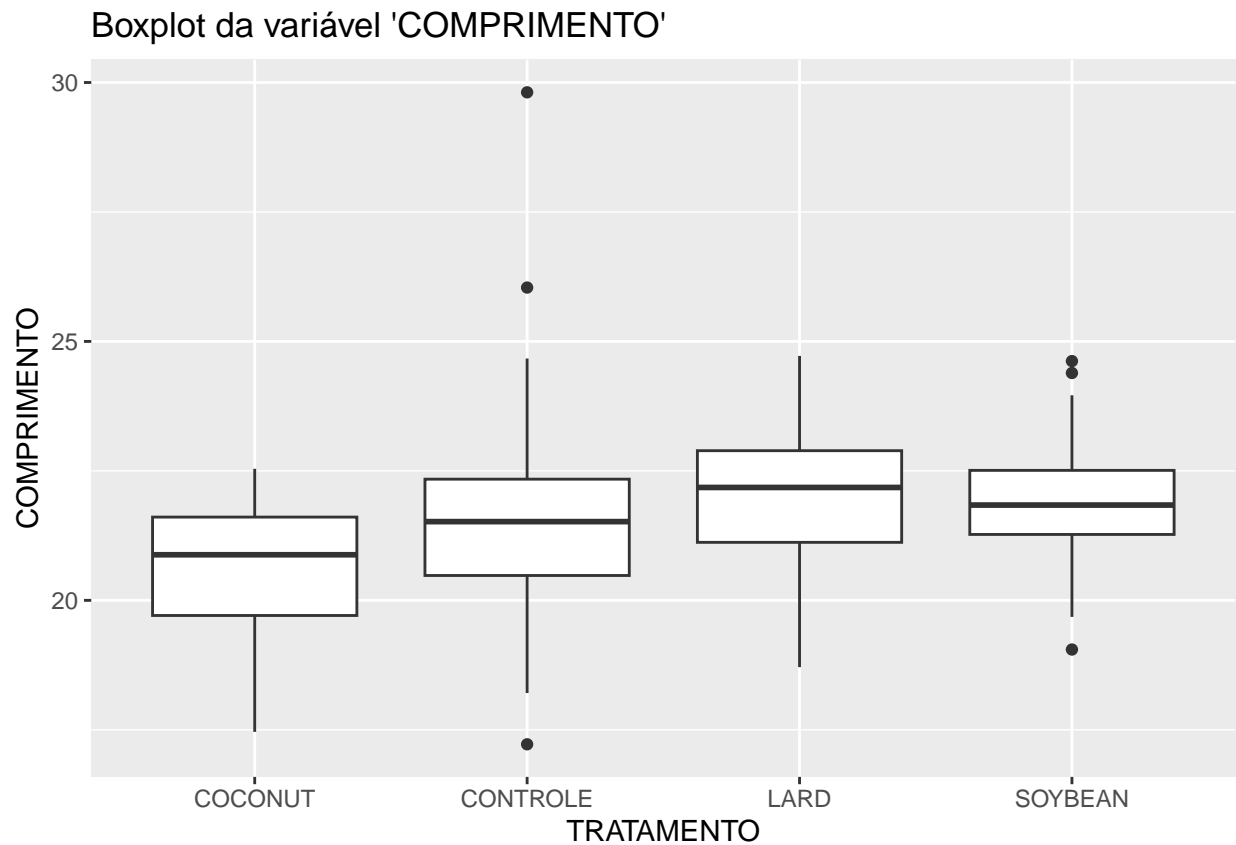


```
# Boxplot Eficiência Placentária por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Eficiência Placentária`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável 'Eficiência Placentária'")
```

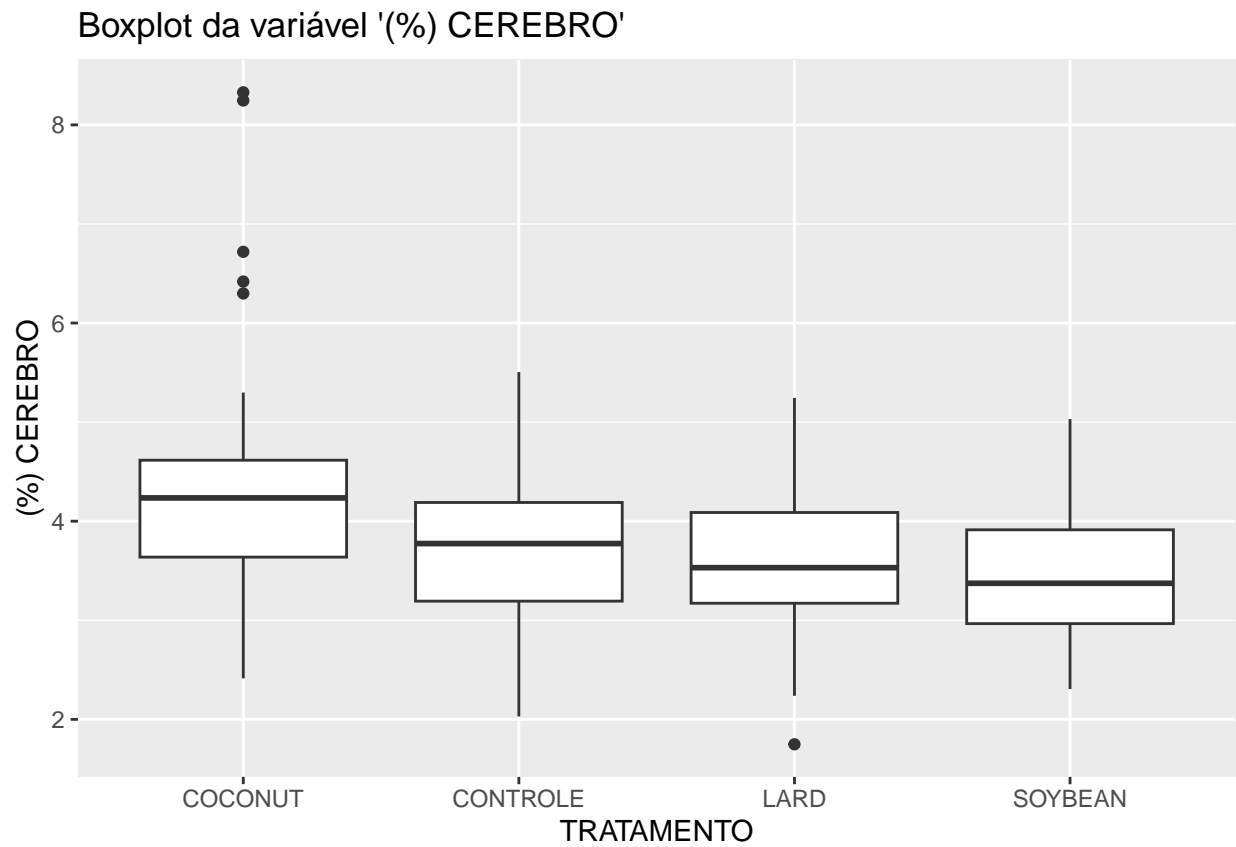
Boxplot da variável 'Eficiência Placentária'



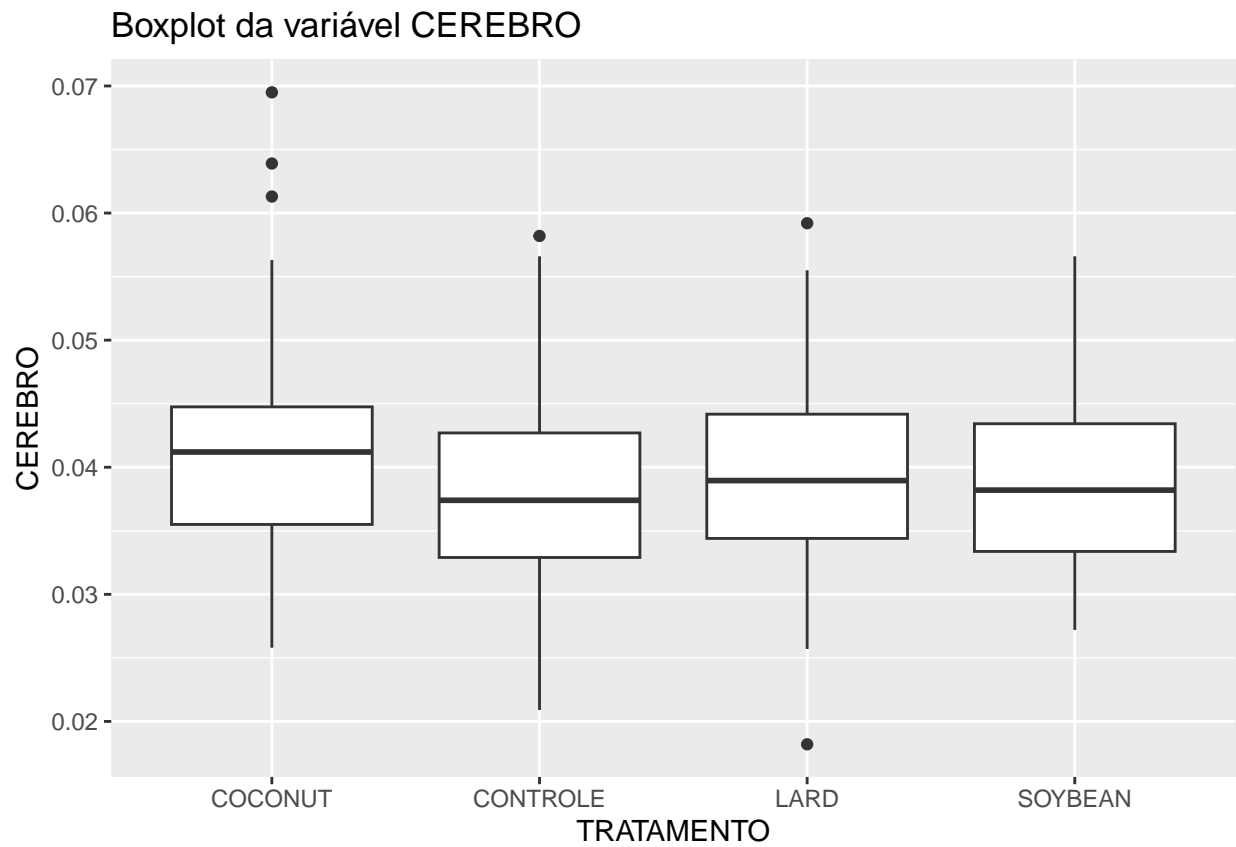
```
# Boxplot COMPRIMENTO por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = COMPRIMENTO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável 'COMPRIMENTO'")
```



```
# Boxplot '(% CERE BRO)' por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `(% CERE BRO)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável '(% CERE BRO)'")
```

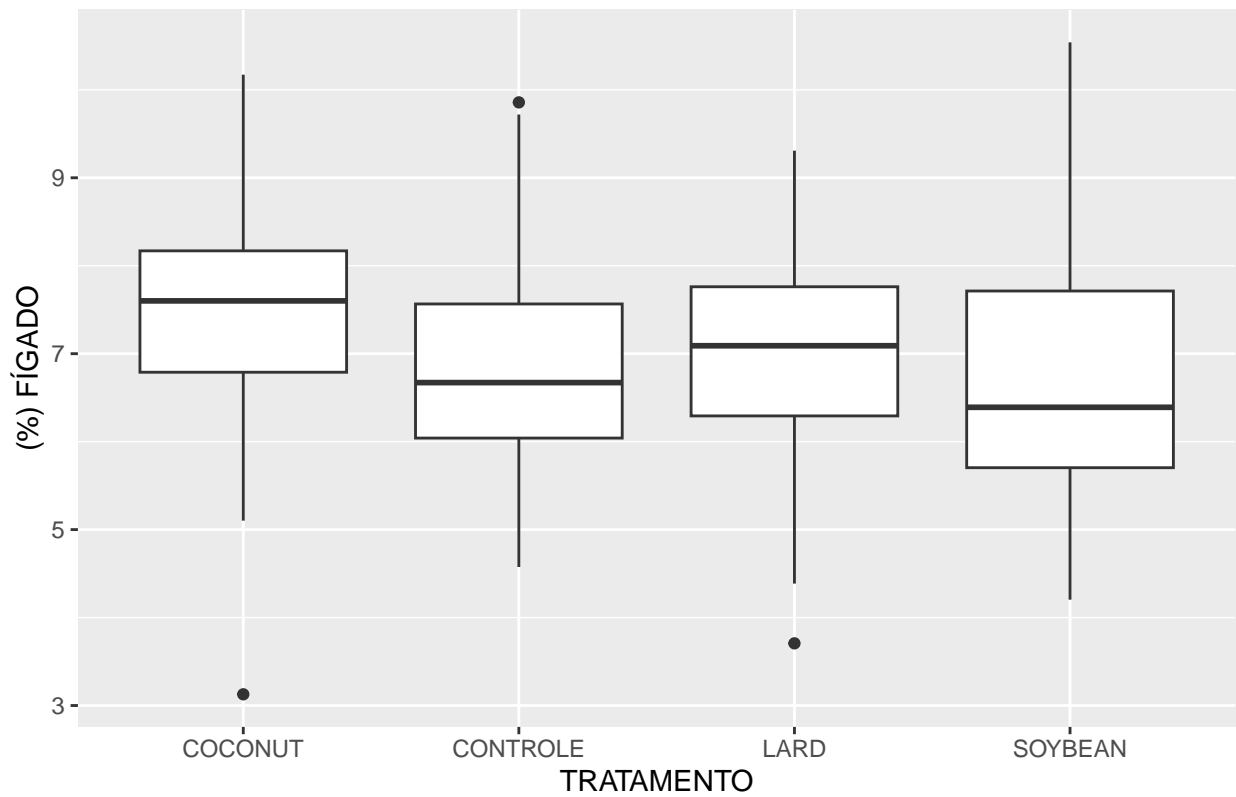


```
# Boxplot CEREBRO por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = CEREBRO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável CEREBRO")
```

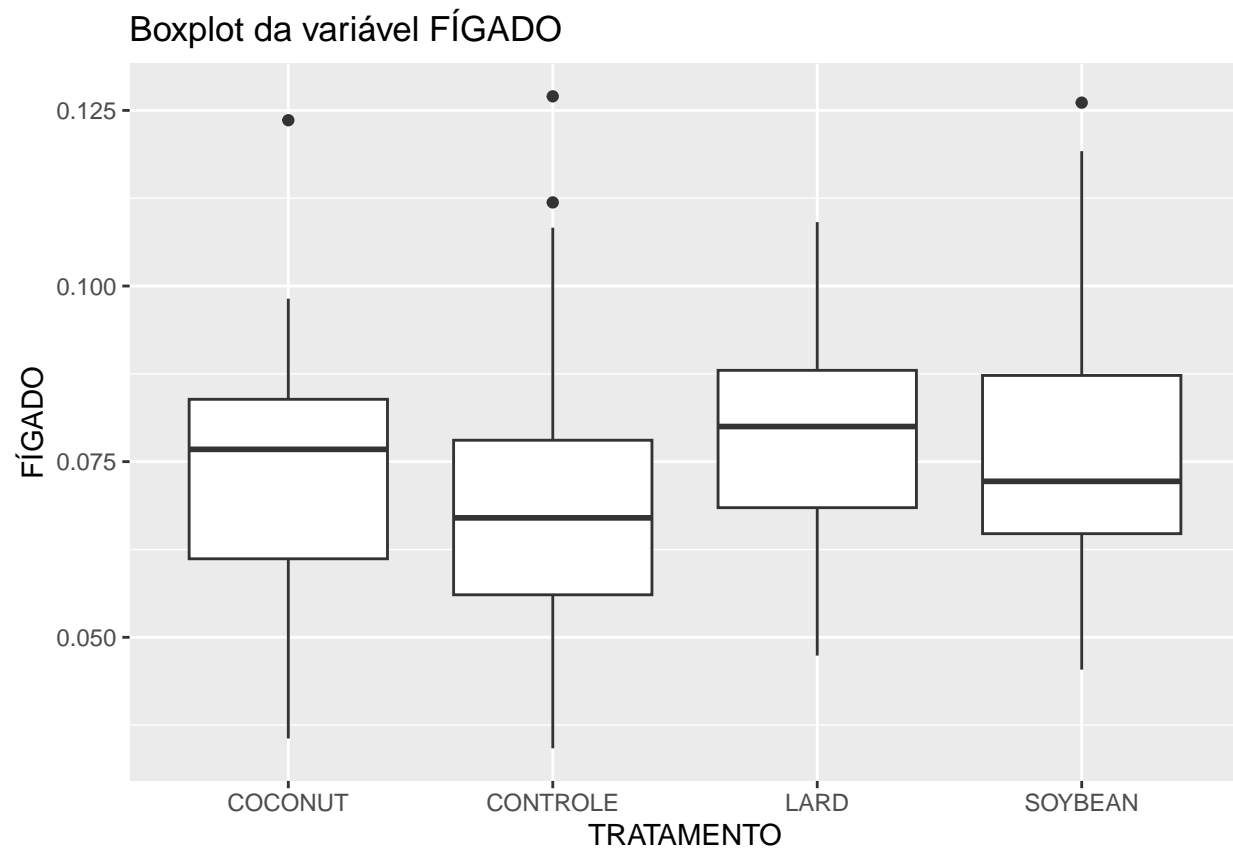


```
# Boxplot `(`%) FÍGADO` por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = TRATAMENTO, y = `(`%) FÍGADO`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `(`%) FÍGADO`")
```

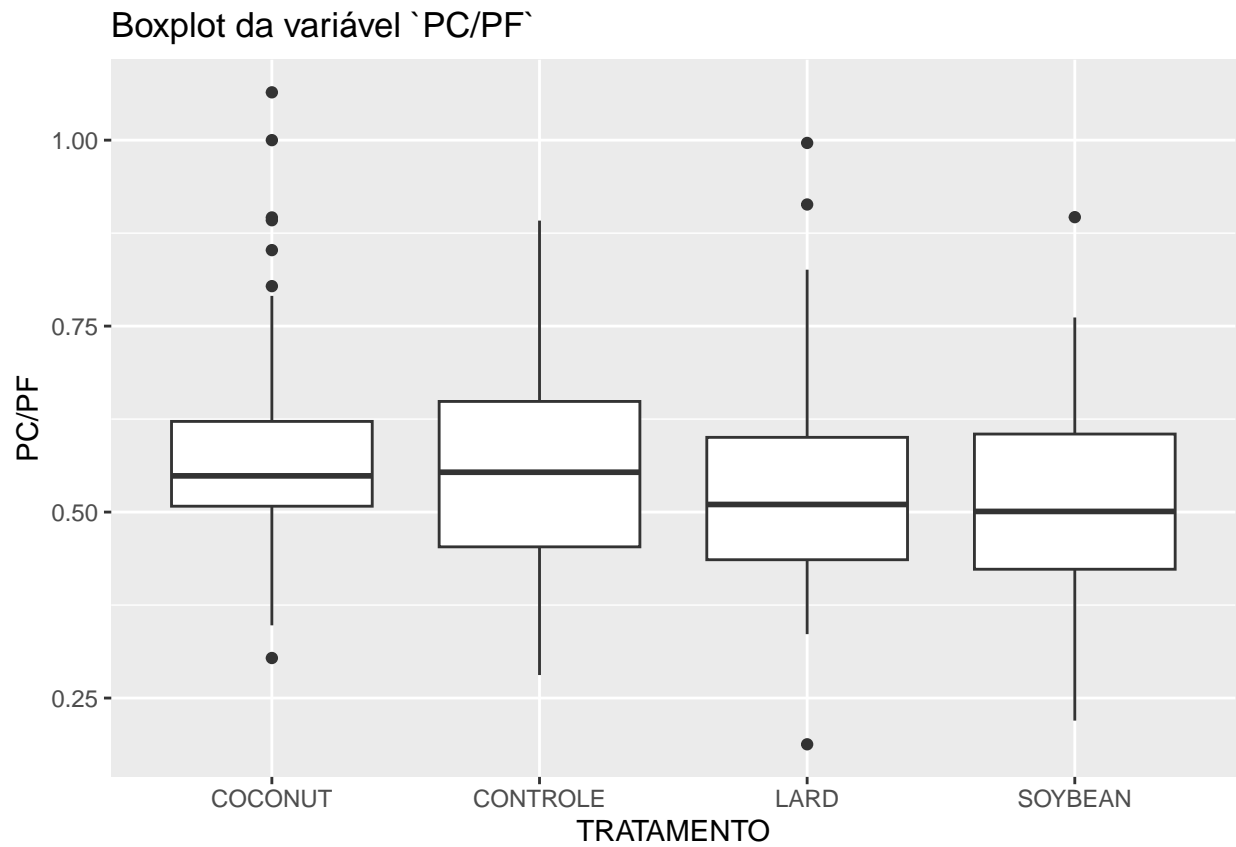

Boxplot da variável `(`%) FÍGADO`



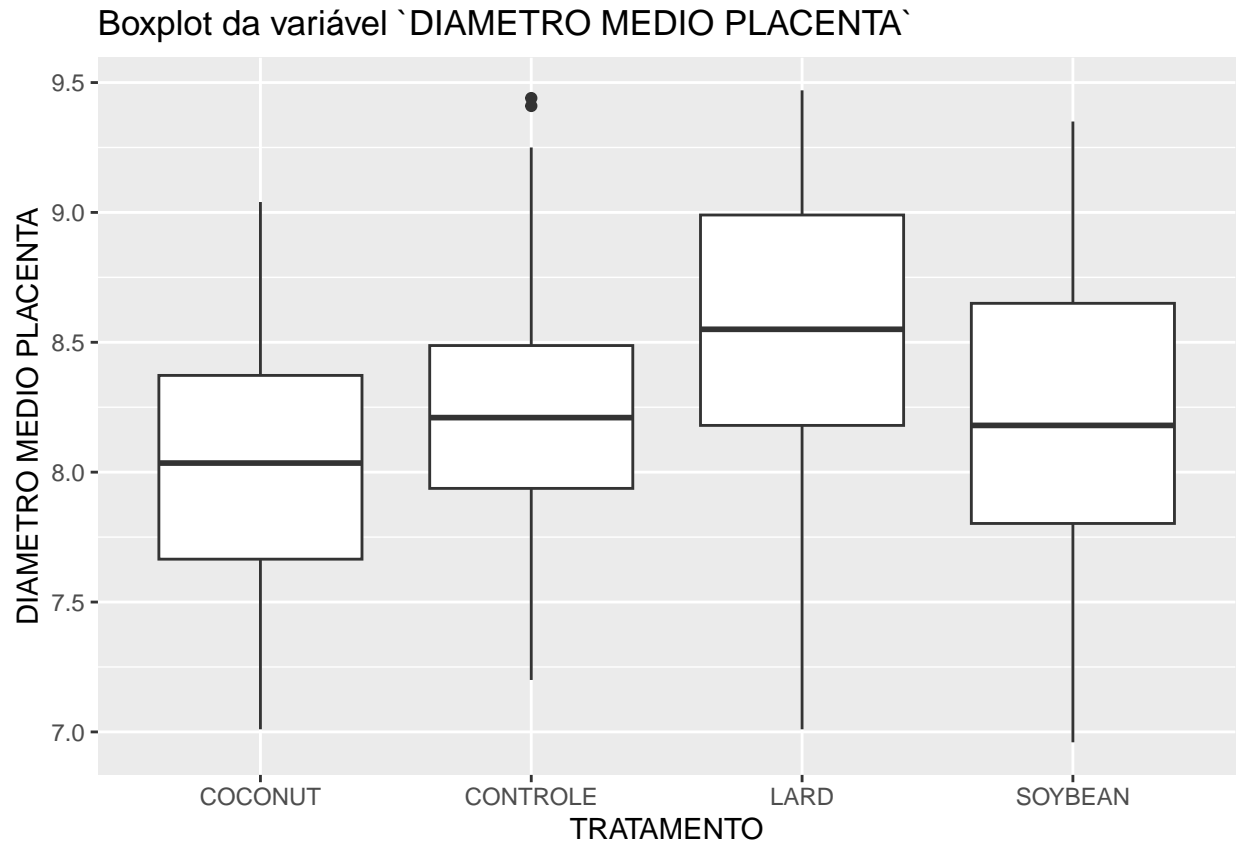
```
# Boxplot FÍGADO` por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = TRATAMENTO, y = FÍGADO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável FÍGADO")
```



```
# Boxplot `PC/PF` por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = TRATAMENTO, y = `PC/PF`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `PC/PF`")
```



```
# Boxplot `DIAMETRO MEDIO PLACENTA` por tipo de tratamento
ggplot(data = dados_feto, mapping = aes(x = TRATAMENTO, y = `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`")
```



Pela análise dos Boxplots, podemos perceber que, alguns chamam mais atenção quanto às diferenças entre grupos de tratamento. Sendo assim, vale maior atenção nas comparações múltiplas entre os diferentes tratamentos das variáveis: “DIAMETRO MEDIO PLACENTA”, “FIGADO”, “(%) CERE BRO”, “COMPRIMENTO” e “PESO”.

Gráfico de barras de erros

```
# Gráfico de barras de erro para Placenta-PESO por tipo de tratamento

ggplot(data = dados_feto) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Placenta-PESO`),
               stat = "summary",
               fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Placenta-PESO`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

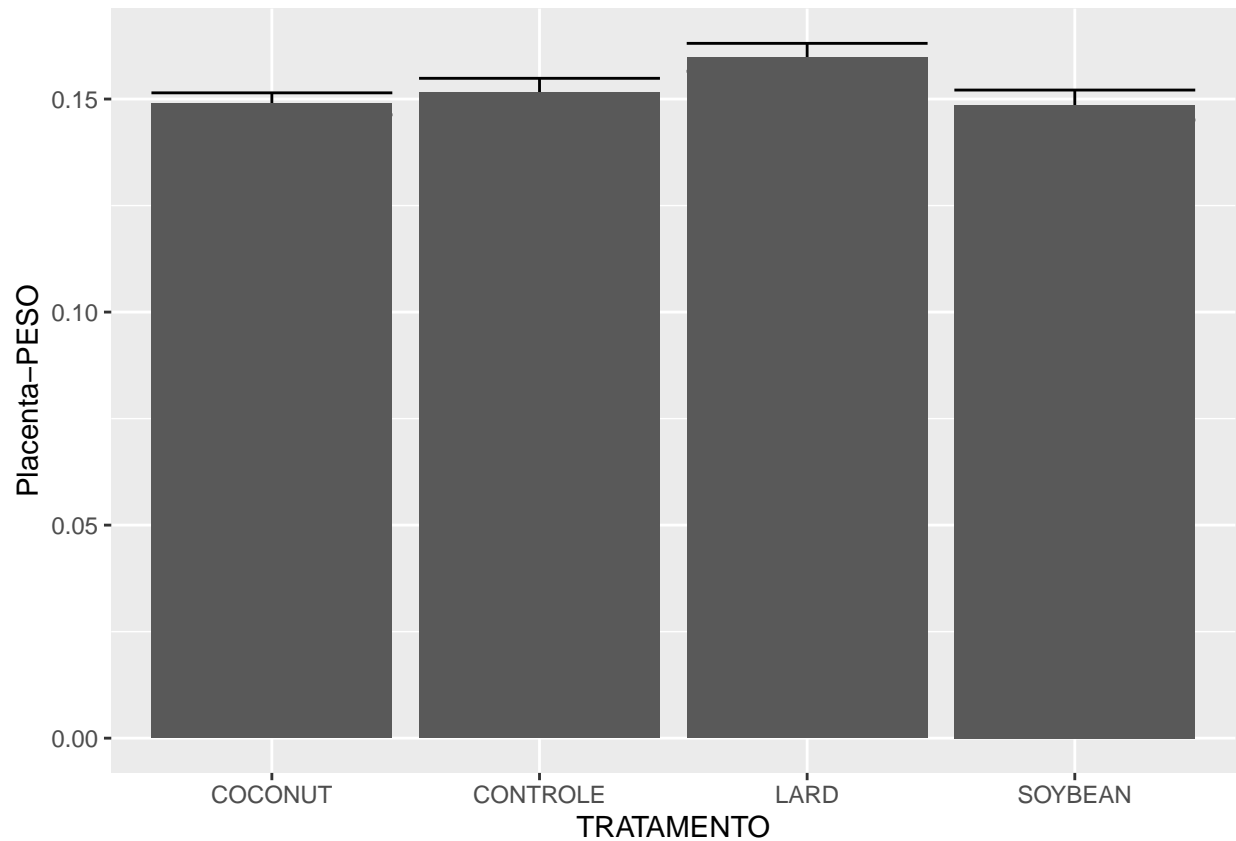


Gráfico de barras de erro para PESO por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = PESO),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = PESO),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

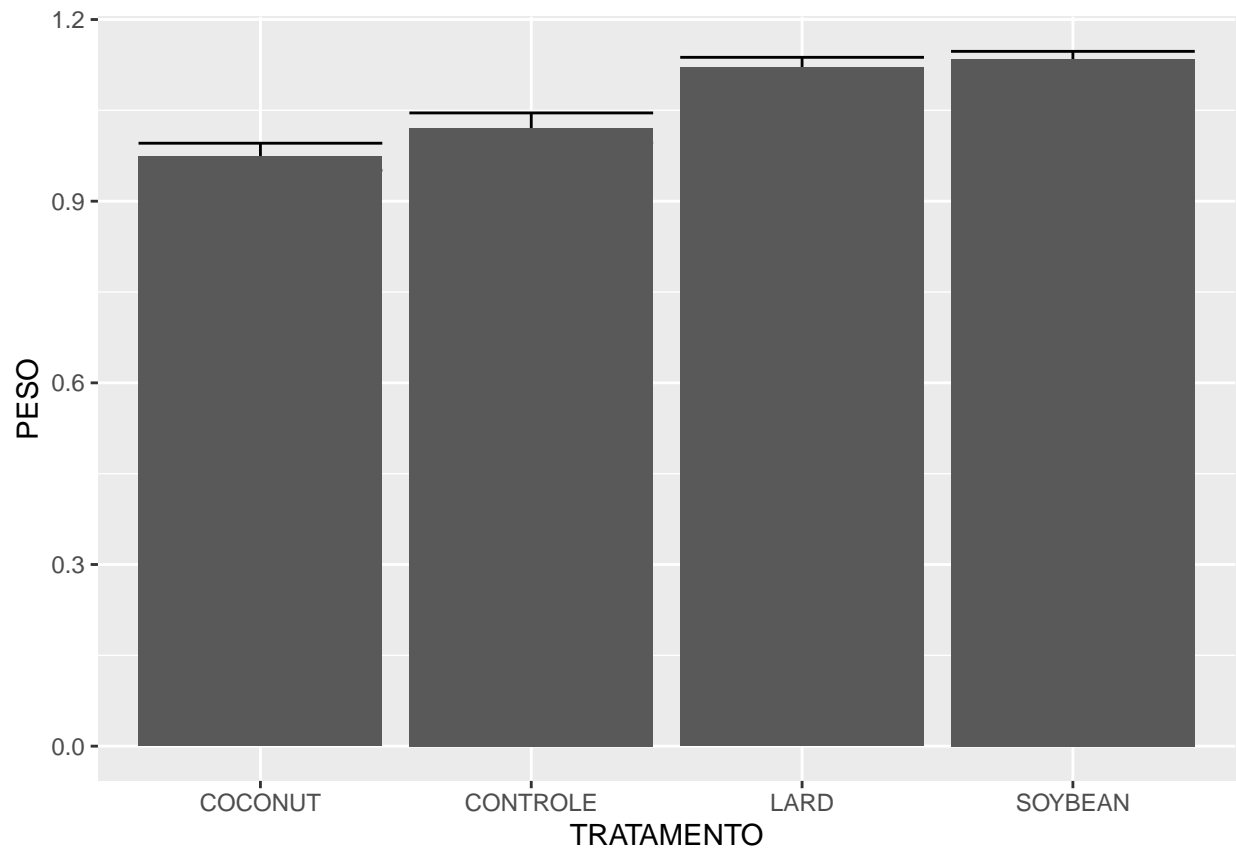


Gráfico de barras de erro para Eficiência Placentária por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Eficiência Placentária`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `Eficiência Placentária`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

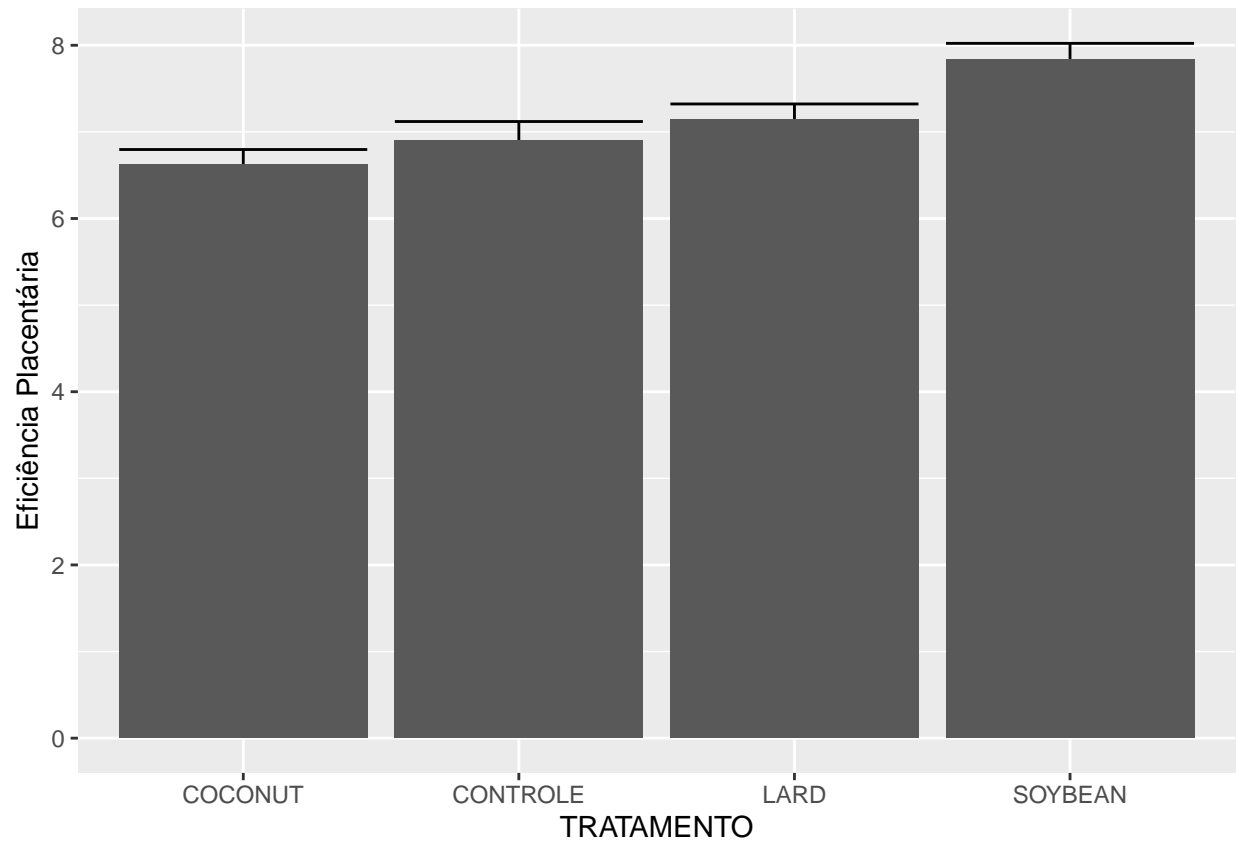


Gráfico de barras de erro para COMPRIMENTO por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = COMPRIMENTO),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = COMPRIMENTO),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

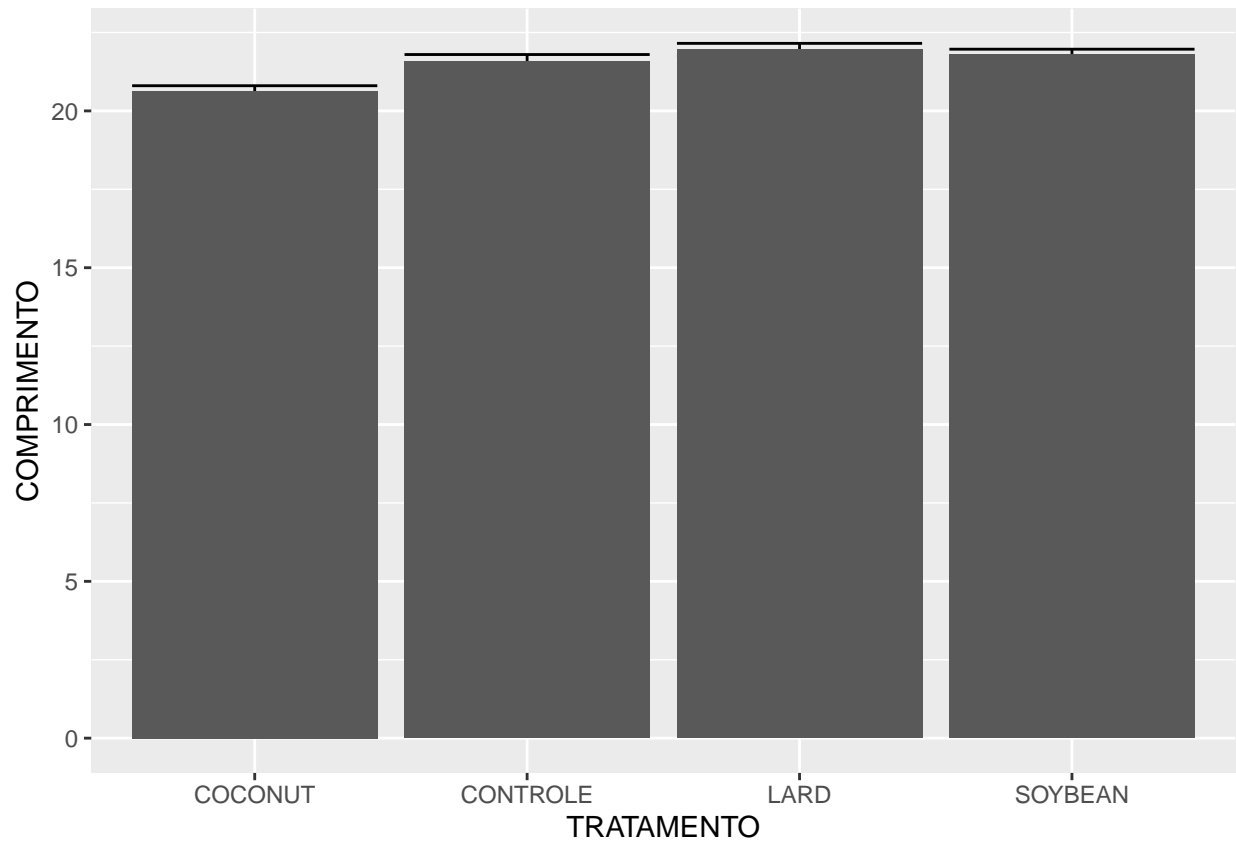


Gráfico de barras de erro para `(%) FÍGADO` por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `(%) FÍGADO`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `(%) FÍGADO`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

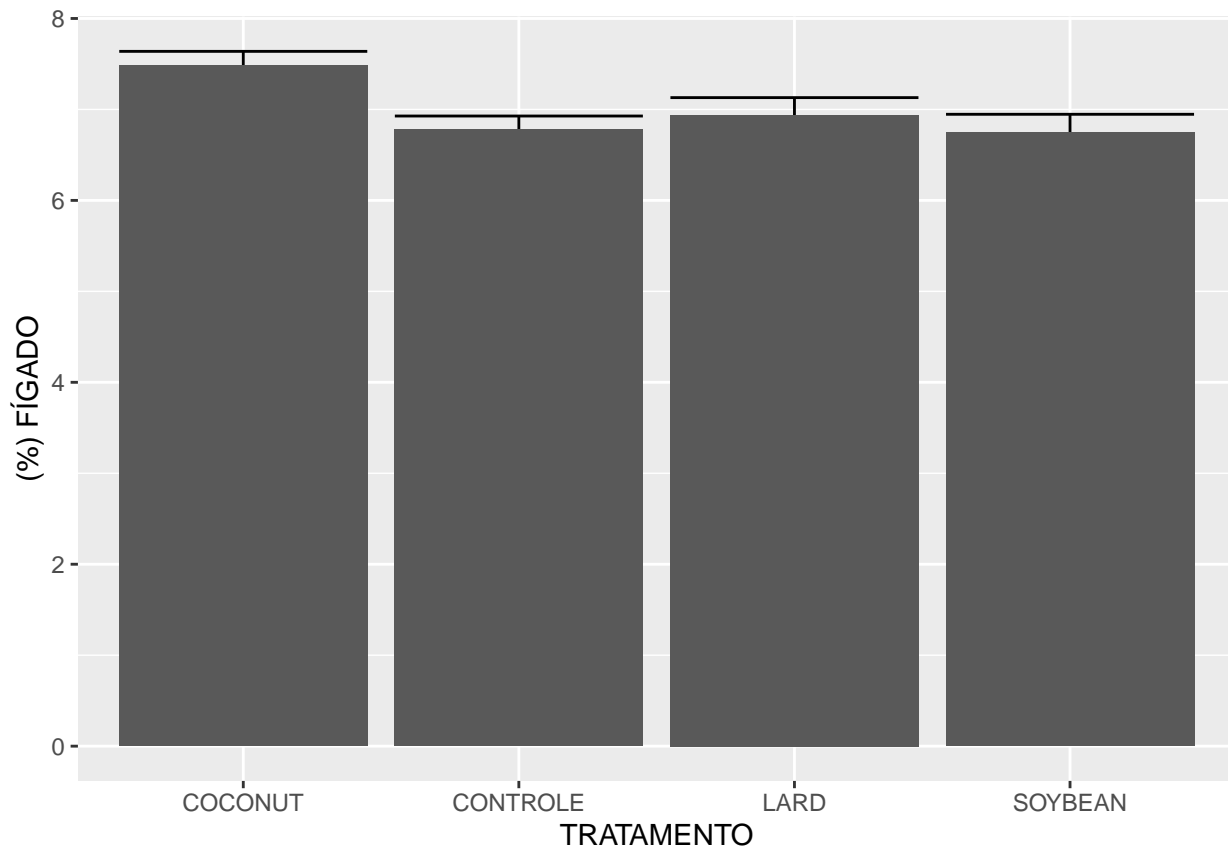



Gráfico de barras de erro para FÍGADO por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = FÍGADO),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = FÍGADO),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

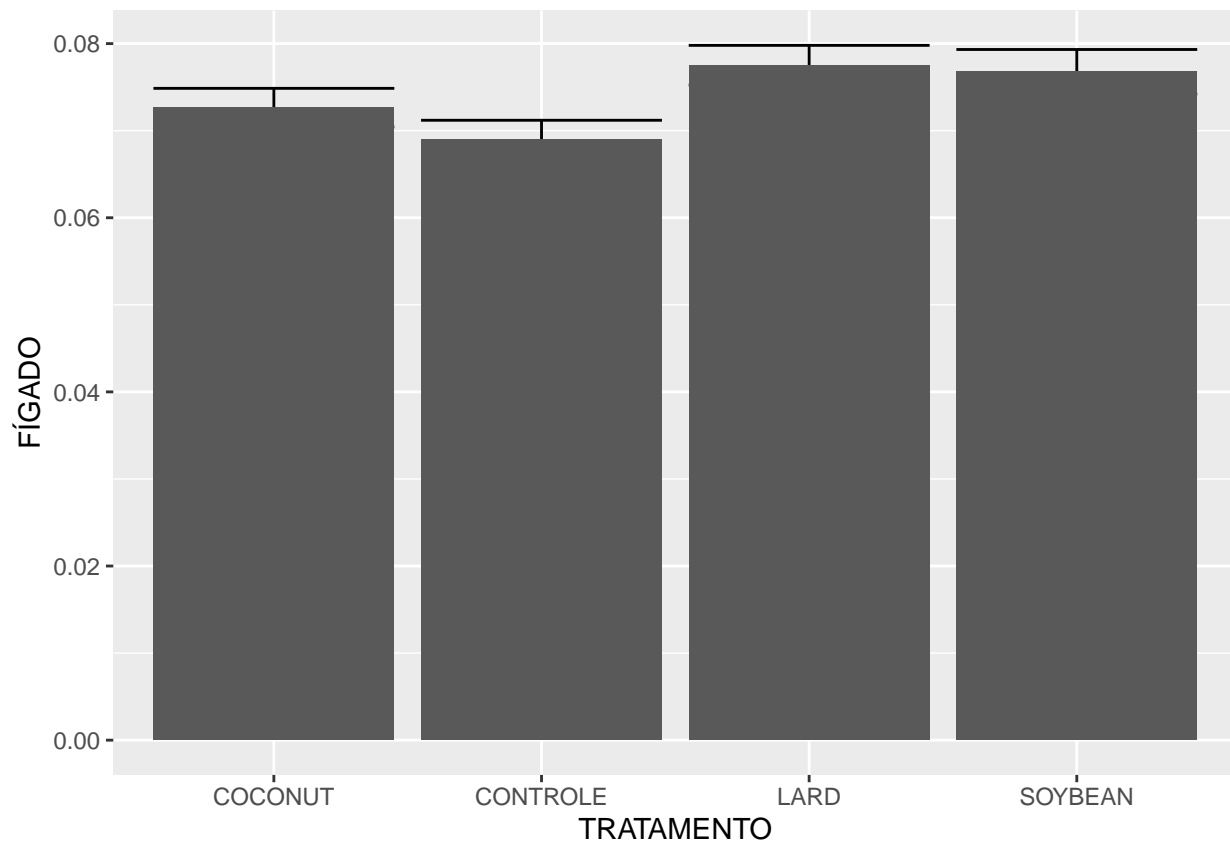


Gráfico de barras de erro para `PC/PF` por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `PC/PF`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `PC/PF`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

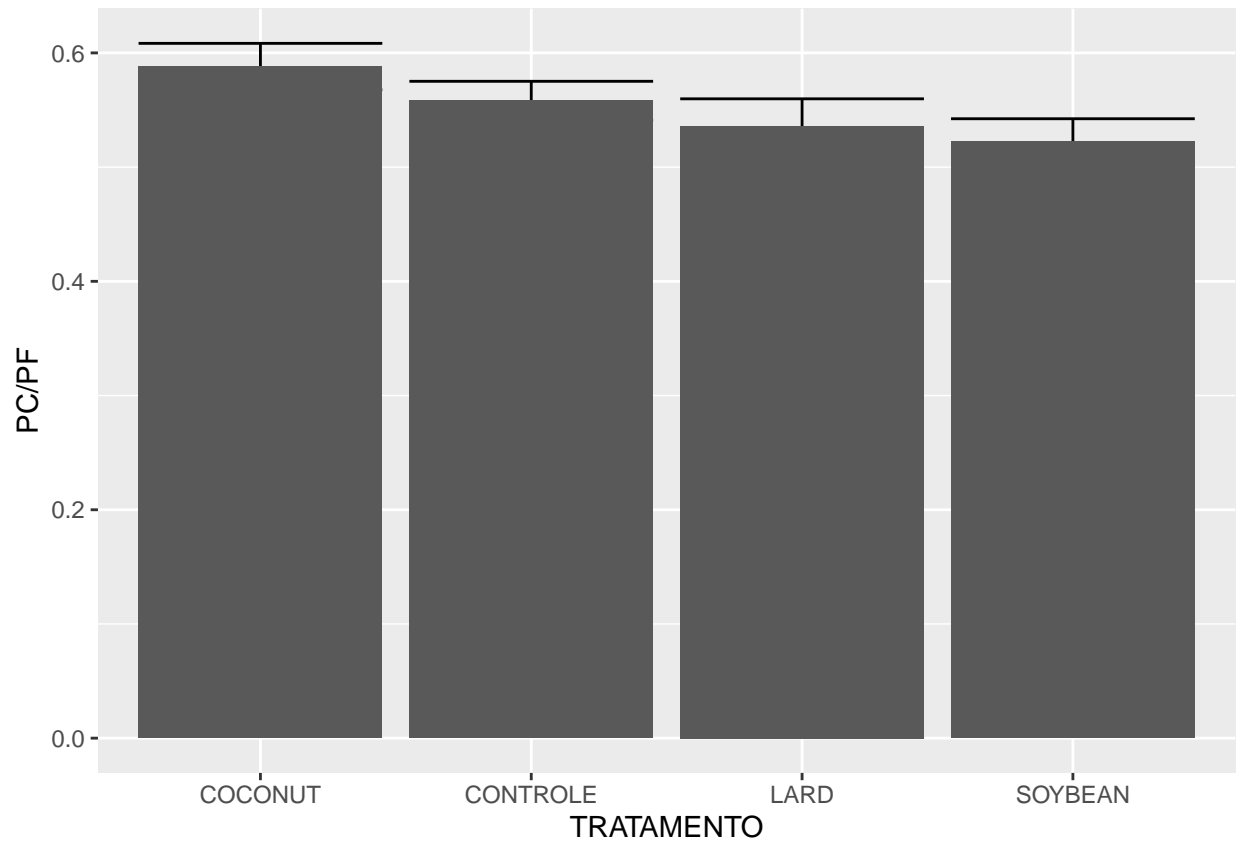
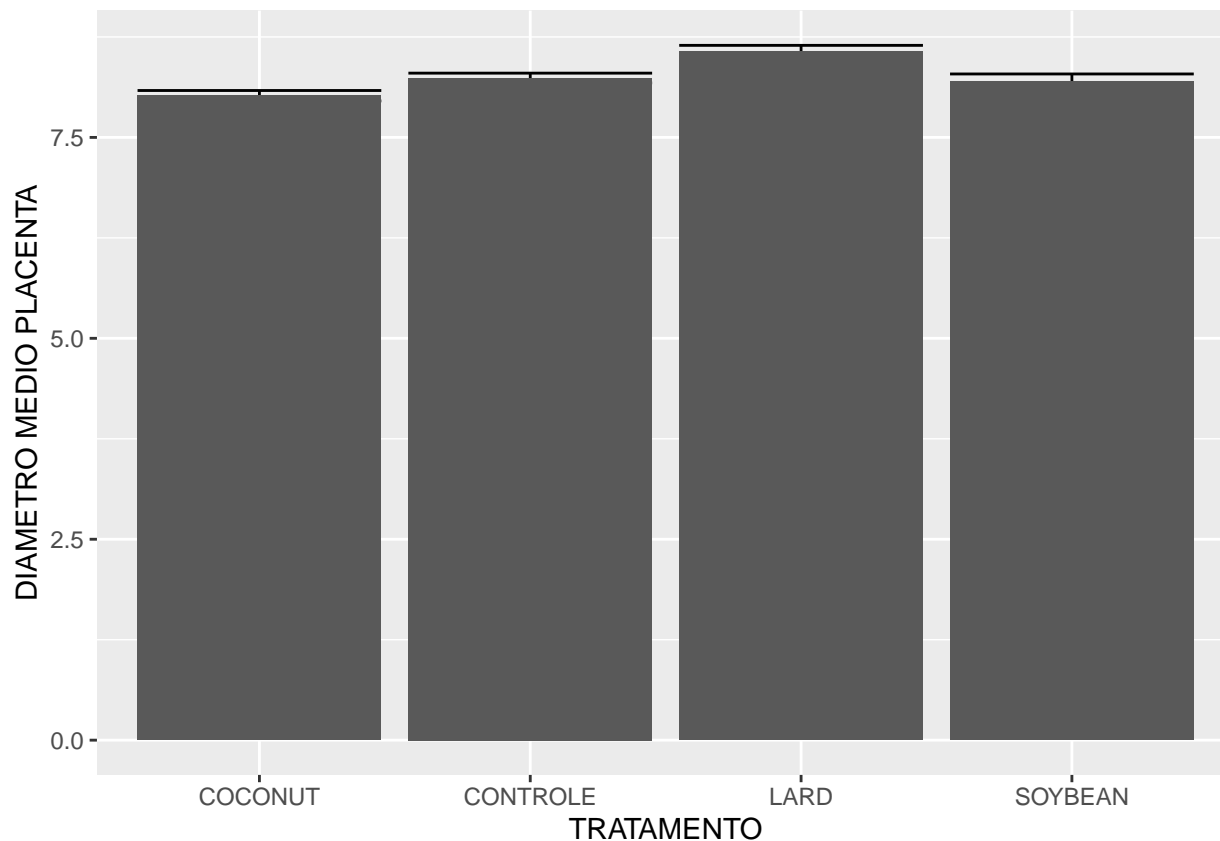


Gráfico de barras de erro para `DIAMETRO MEDIO PLACENTA` por tipo de tratamento

```
ggplot(data = dados_feto) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `TRATAMENTO`, y = `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```



O gráfico de barras de erro nos mostra as médias e o erro padrão dentro de cada tratamento.

Tabela Descritiva por Tratamento

```
dados_coco <- dados_feto %>% filter(TRATAMENTO == "COCONUT")

(descritiva_coco <- dados_coco %>% get_summary_stats(`Placenta-PESO`, PESO,
  `Eficiência Placentária`,
  COMPRIMENTO, `(%) FÍGADO`, FÍGADO,
  `PC/PF`, `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`))
```

```
## # A tibble: 8 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean    sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 Placenta-PE~  55  0.107  0.188  0.148  0.135  0.16  0.025  0.019  0.149  0.019
## 2 PESO        56  0.676  1.27   0.995  0.838  1.1   0.262  0.179  0.973  0.167
## 3 Eficiência ~  55  3.77   10.0   6.66   5.55   7.48  1.93   1.47   6.62  1.30
## 4 COMPRIMENTO 56 17.5   22.5  20.9  19.7  21.6  1.9    1.26  20.6  1.24
## 5 `(%) FÍGADO` 56  3.13   10.2   7.60   6.79   8.17  1.38   1.01   7.48  1.19
## 6 FÍGADO       56  0.036  0.124  0.077  0.061  0.084  0.023  0.014  0.073  0.017
## 7 PC/PF       55  0.304  1.06   0.549  0.508  0.622  0.114  0.085  0.588  0.151
## 8 DIAMETRO ME~ 56  7.01   9.04   8.04   7.66   8.37  0.707  0.556  8.02  0.488
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_cont <- dados_feto %>% filter(TRATAMENTO == "CONTROLE")

(descritiva_cont <- dados_cont %>% get_summary_stats(`Placenta-PESO`, PESO,
`Eficiência Placentária`,
COMPRIMENTO, `(%) FÍGADO`, FÍGADO,
`PC/PF`, `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`))
```

```
## # A tibble: 8 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean   sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 Placenta-PE~   62  0.104  0.202  0.151  0.13  0.172 0.042 0.033  0.152 0.026
## 2 PESO          66  0.672  1.46   1.02   0.934  1.10  0.165 0.125  1.02  0.201
## 3 Eficiência ~   62  3.79  10.9   6.84   5.61   8.37  2.76  2.17   6.9   1.73
## 4 COMPRIMENTO   65 17.2   29.8  21.5  20.5  22.3  1.86  1.32  21.6  1.79
## 5 (%) FÍGADO     66  4.58   9.86   6.67   6.04   7.56  1.52  1.16   6.78  1.20
## 6 FÍGADO         66  0.034  0.127  0.067  0.056  0.078  0.022 0.017  0.069 0.018
## 7 PC/PF         65  0.281  0.892  0.554  0.453  0.649  0.195 0.149  0.558 0.137
## 8 DIAMETRO ME~   66  7.2    9.44   8.21   7.94   8.49  0.55  0.415  8.24  0.494
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_lard <- dados_feto %>% filter(TRATAMENTO == "LARD")

(descritiva_lard <- dados_lard %>% get_summary_stats(`Placenta-PESO`, PESO,
`Eficiência Placentária`,
COMPRIMENTO, `(%) FÍGADO`, FÍGADO,
`PC/PF`, `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`))
```

```
## # A tibble: 8 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean   sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 Placenta-PE~   45  0.122  0.212  0.155  0.146  0.176 0.029 0.025  0.16  0.022
## 2 PESO          45  0.939  1.34   1.12   1.04   1.21  0.173 0.138  1.12  0.115
## 3 Eficiência ~   45  5.02   9.25   6.98   6.12   7.82  1.7   1.27   7.14  1.21
## 4 COMPRIMENTO   45 18.7   24.7  22.2  21.1  22.9  1.77  1.05  22.0  1.36
## 5 (%) FÍGADO     43  3.71   9.31   7.09   6.29   7.76  1.47  1.14   6.94  1.25
## 6 FÍGADO         43  0.047  0.109  0.08   0.068  0.088  0.02  0.013  0.078 0.015
## 7 PC/PF         42  0.188  0.996  0.51   0.436  0.6   0.165 0.122  0.536 0.155
## 8 DIAMETRO ME~   45  7.01   9.47   8.55   8.18   8.99  0.81  0.563  8.57  0.509
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_soy <- dados_feto %>% filter(TRATAMENTO == "SOYBEAN")

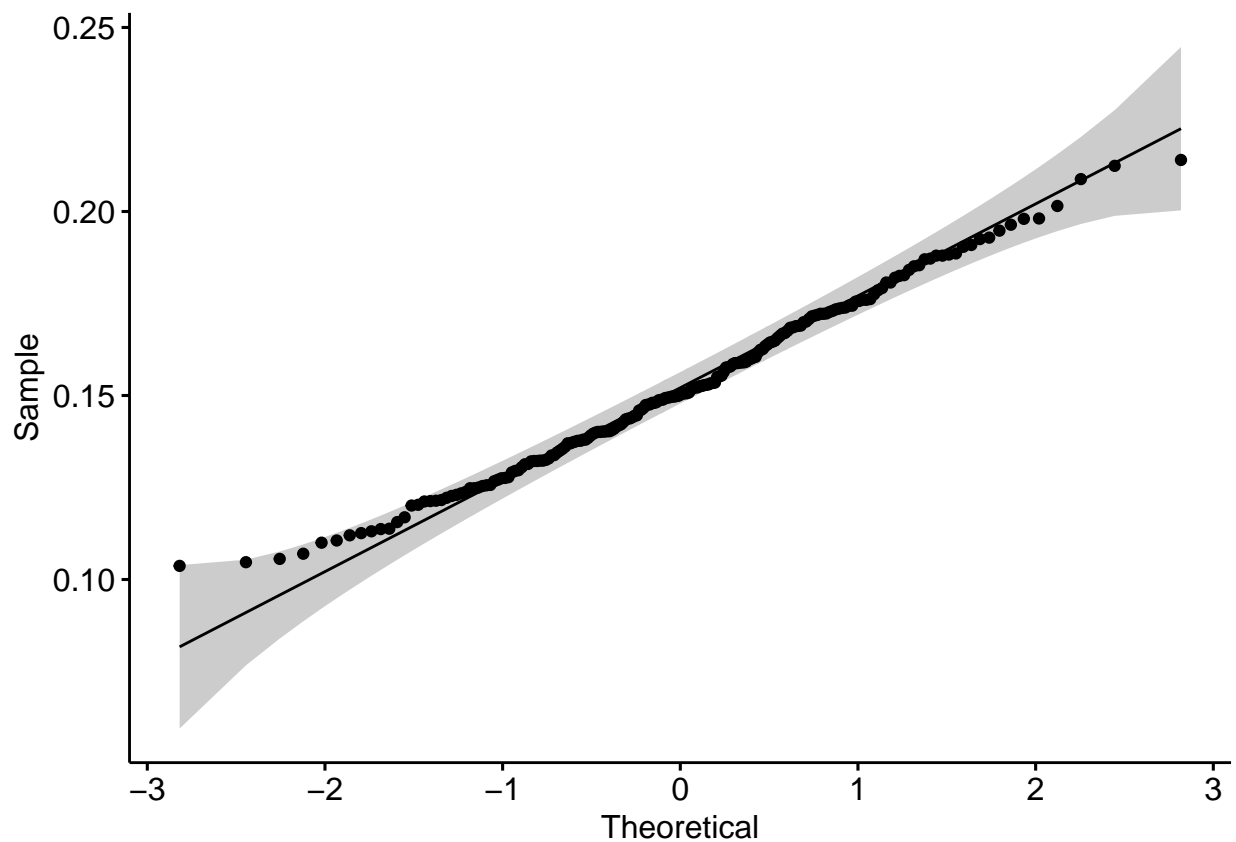
(descritiva_soy <- dados_soy %>% get_summary_stats(`Placenta-PESO`, PESO,
`Eficiência Placentária`,
COMPRIMENTO, `(%) FÍGADO`, FÍGADO,
`PC/PF`, `DIAMETRO MEDIO PLACENTA`))
```

```
## # A tibble: 8 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean   sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 Placenta-PE~   45  0.105  0.214  0.148  0.132  0.163 0.03  0.022  0.149 0.024
## 2 PESO          46  0.917  1.34   1.14   1.09   1.18  0.085 0.068  1.14  0.085
```

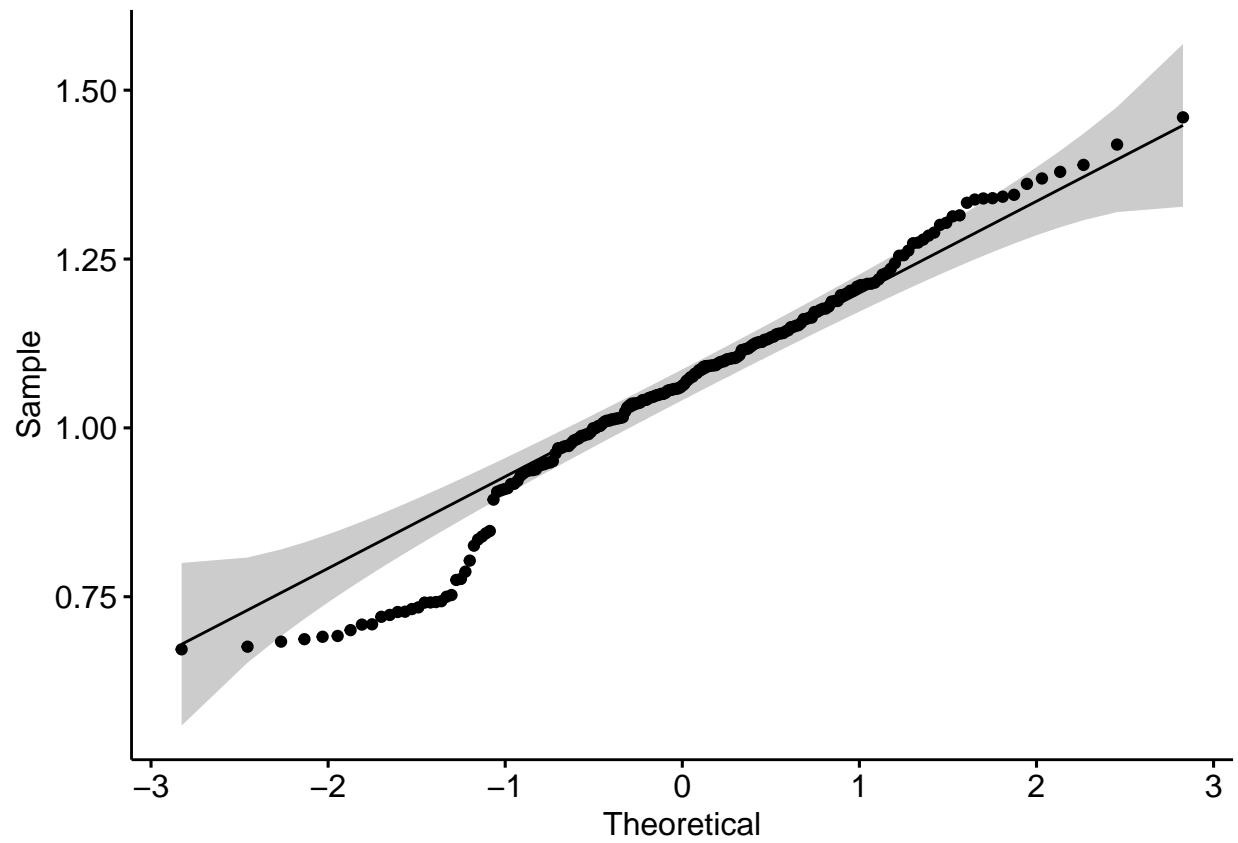
```
## 3 Eficiência ~      45  5.50  10.8    7.73   7.01   8.56   1.55   1.23   7.83   1.27
## 4 COMPRIMENTO      46 19.0  24.6   21.8   21.3   22.5   1.24   0.979 21.8   1.2
## 5 (%) FÍGADO       46  4.20  10.5    6.39   5.70   7.71   2.01   1.29   6.75   1.33
## 6 FÍGADO           46  0.045  0.126  0.072  0.065  0.087  0.023  0.014  0.077  0.017
## 7 PC/PF            46  0.22   0.896  0.501  0.423  0.605  0.182  0.125  0.522  0.135
## 8 DIAMETRO ME~     46  6.96   9.35   8.18   7.80   8.65   0.847  0.6    8.2    0.608
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

Análise de Normalidade

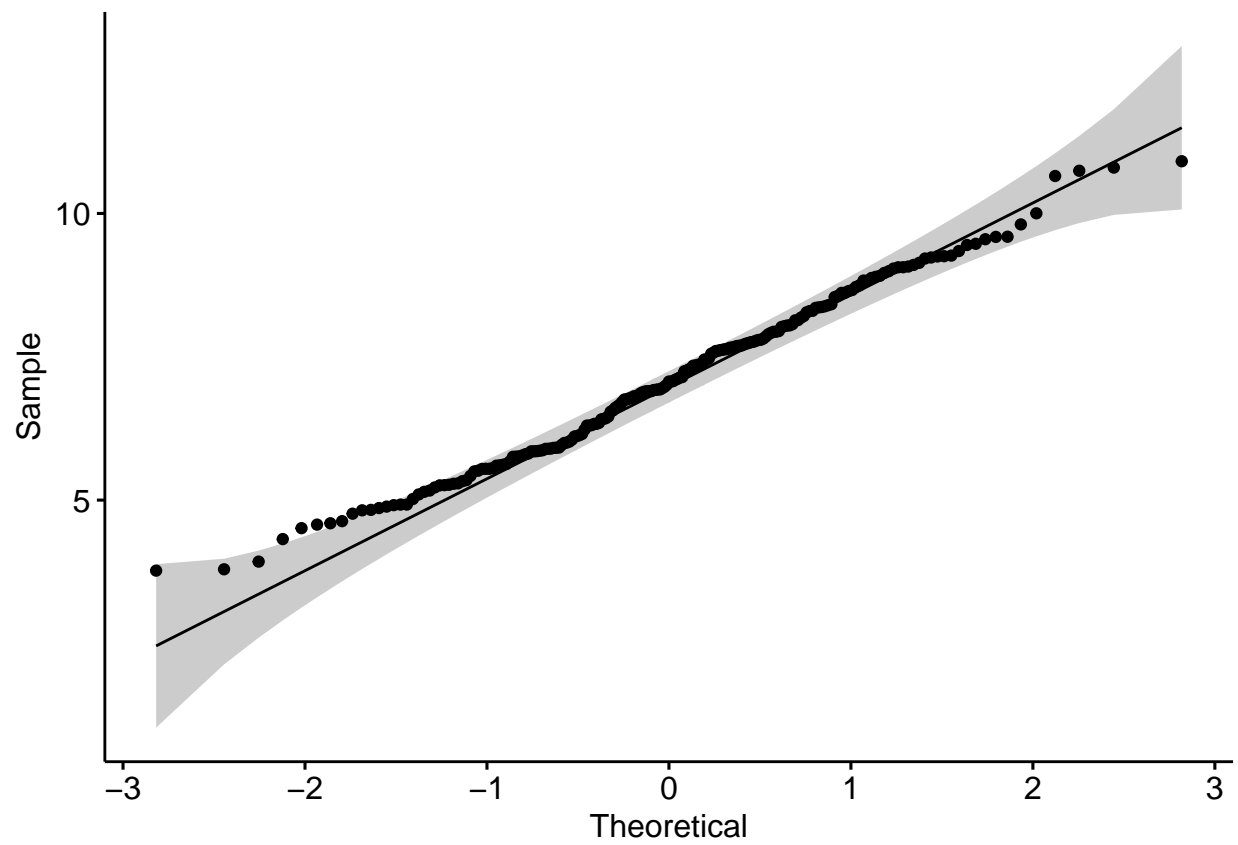
```
# QQ Normal Plot do ggpubr
ggqqplot(dados_feto$`Placenta-PESO`)
```



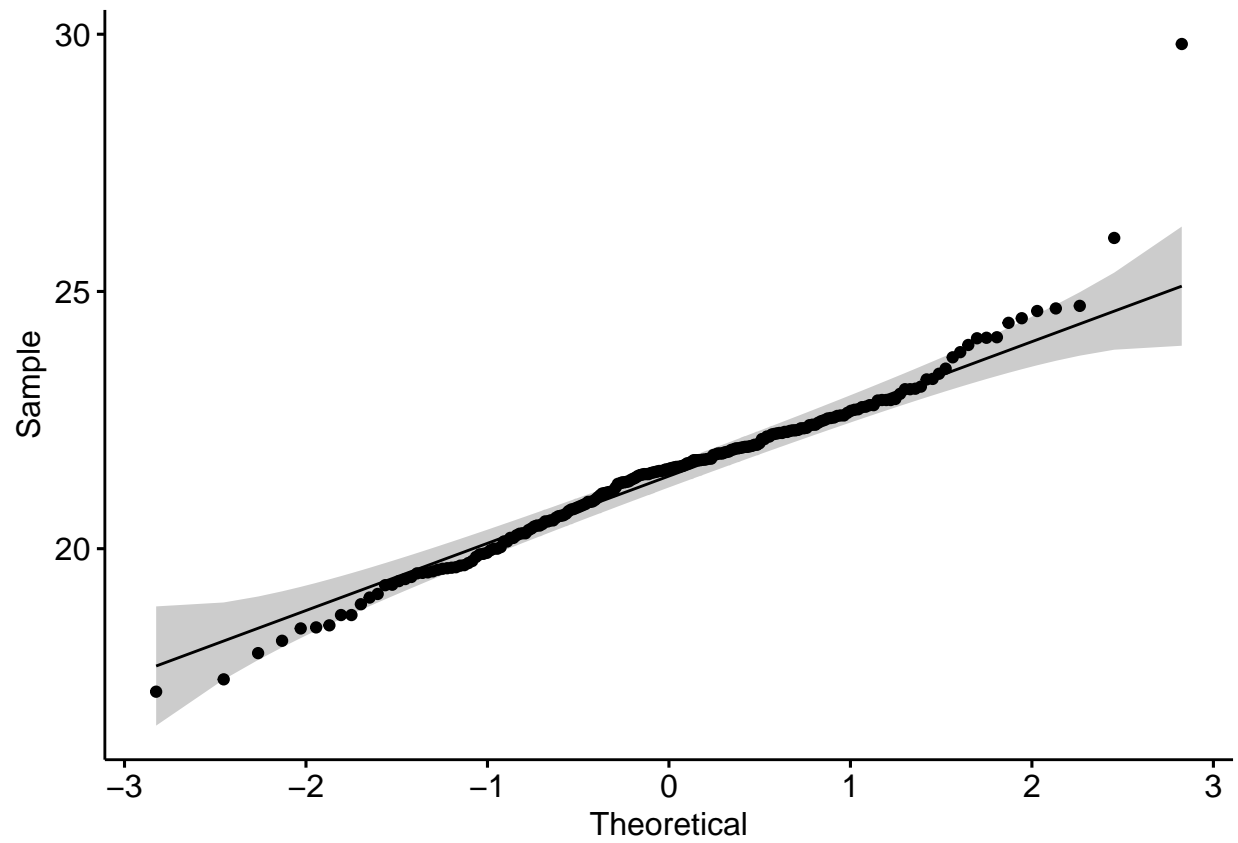
```
ggqqplot(dados_feto$PESO)
```



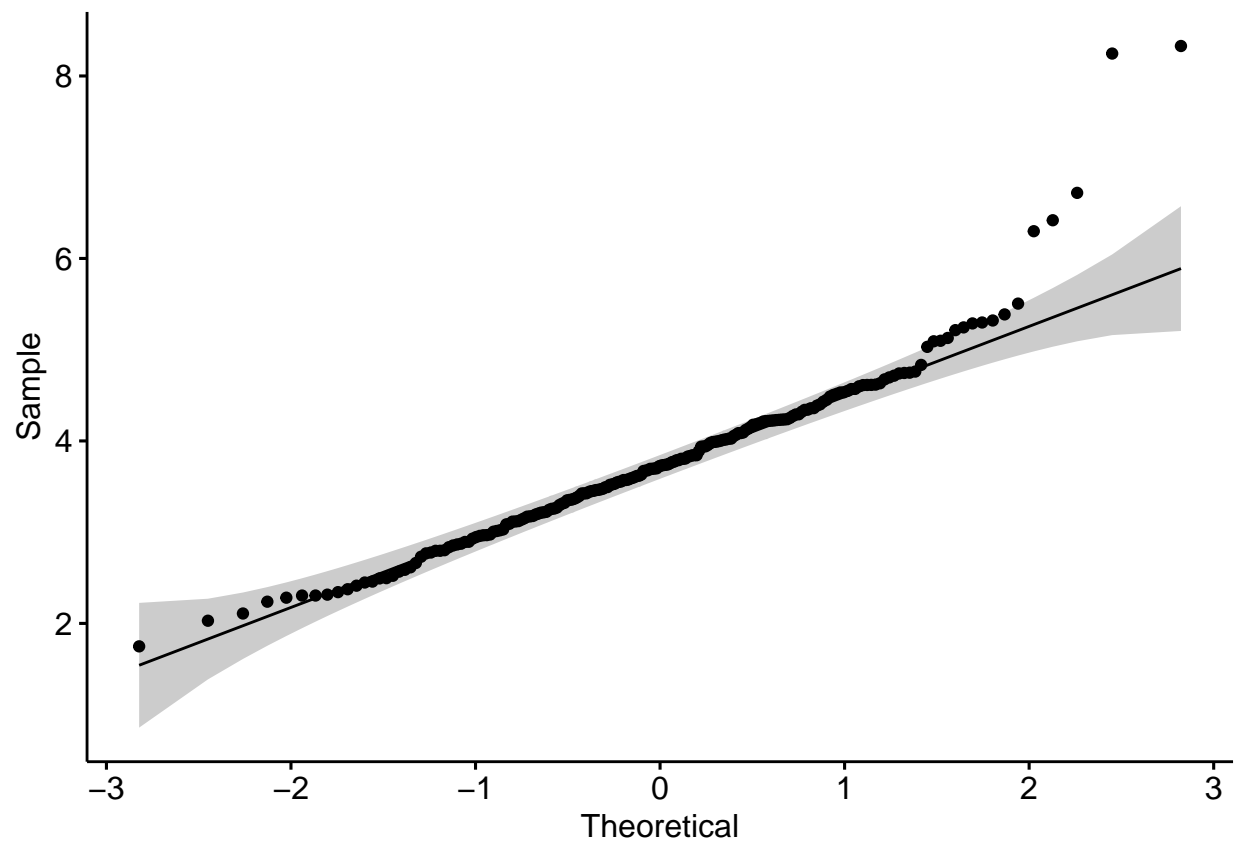
```
ggqqplot(dados_feto$`Eficiência Placentária`)
```



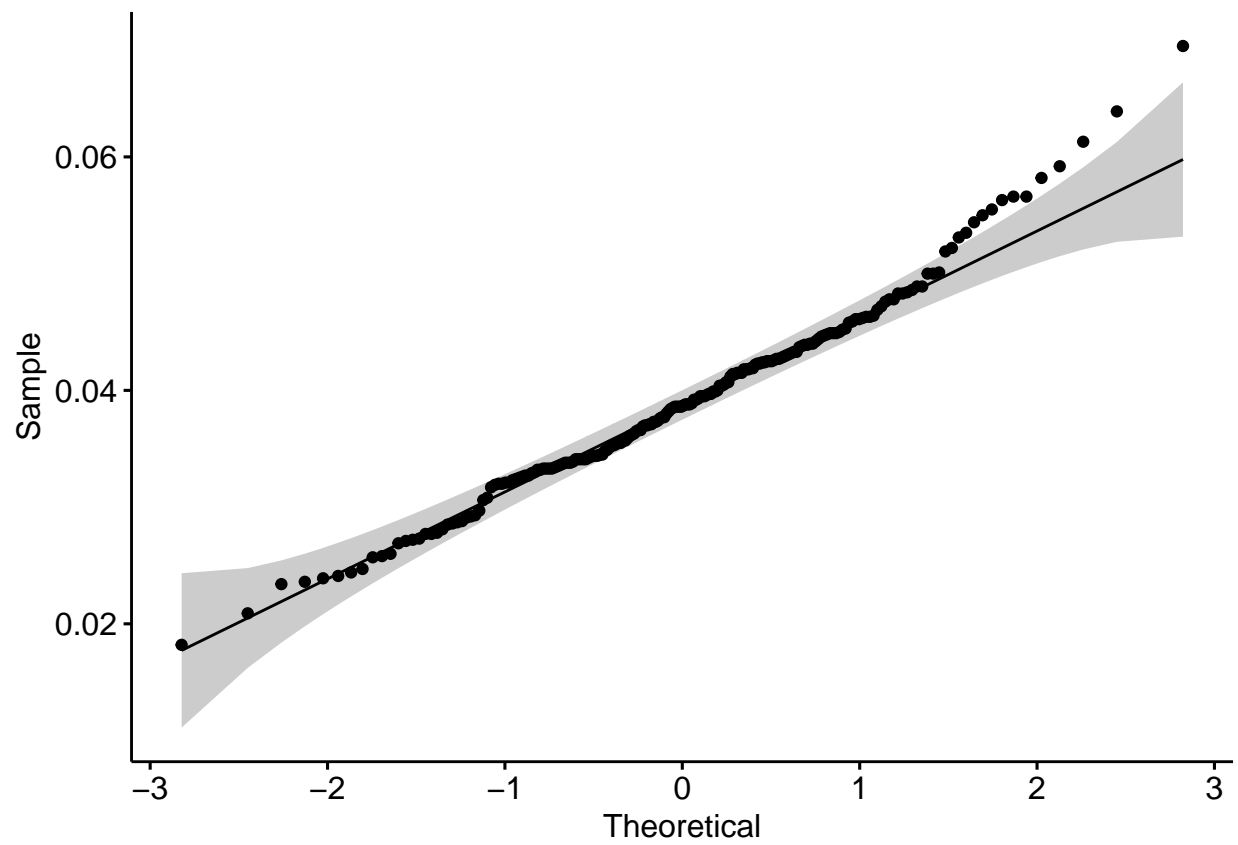
```
ggqqplot(dados_feto$COMPRIMENTO)
```

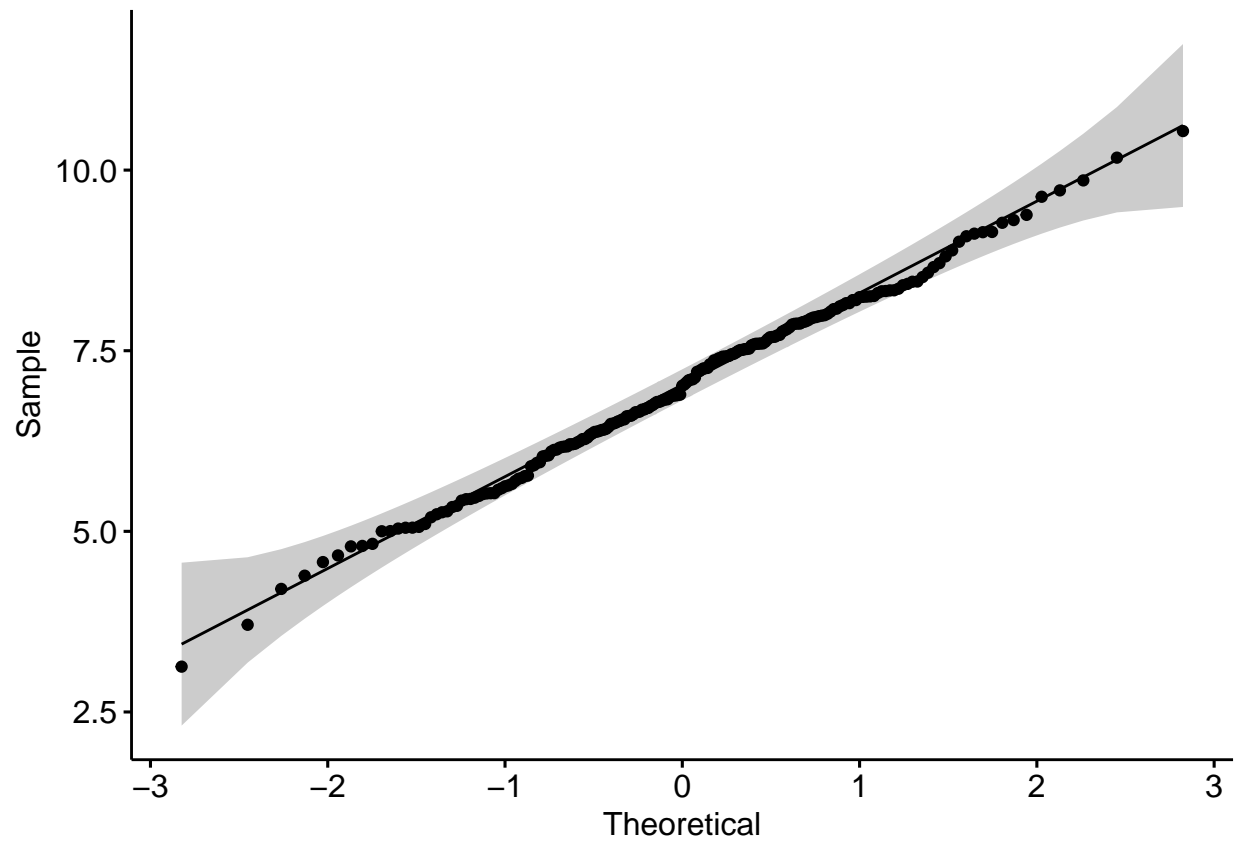
```
ggqqplot(dados_feto$`(% CEREbro`)
```



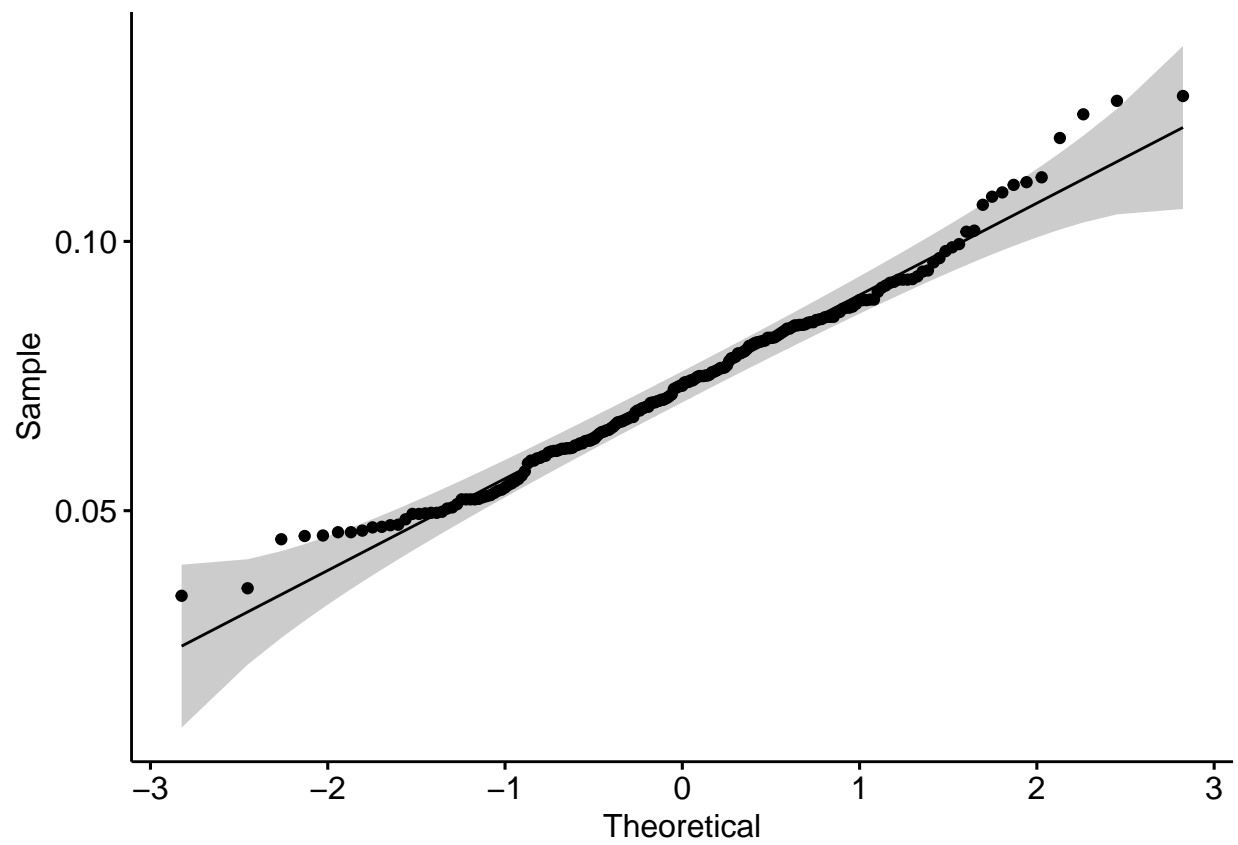
```
ggqqplot(dados_feto$CEREBRO)
```



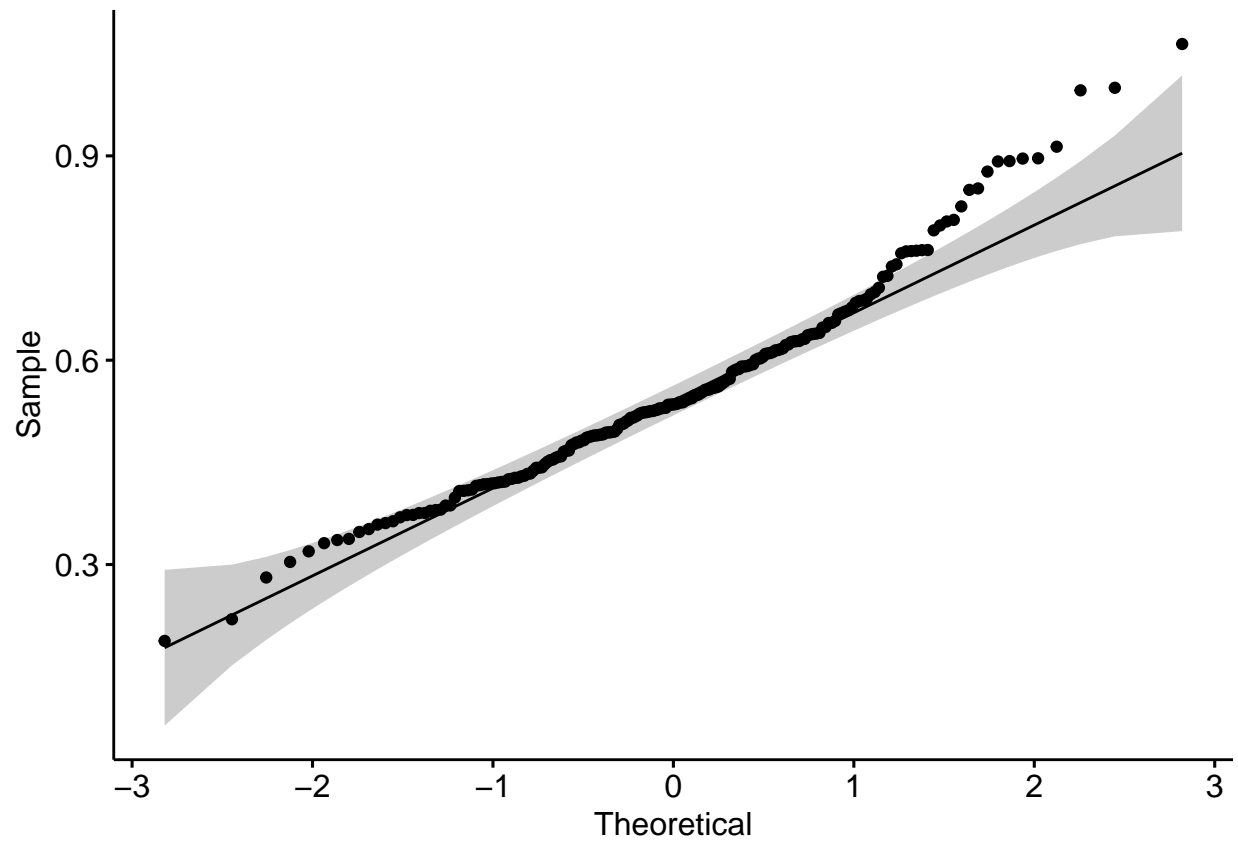
```
ggqqplot(dados_feto$`(% FÍGADO`)
```



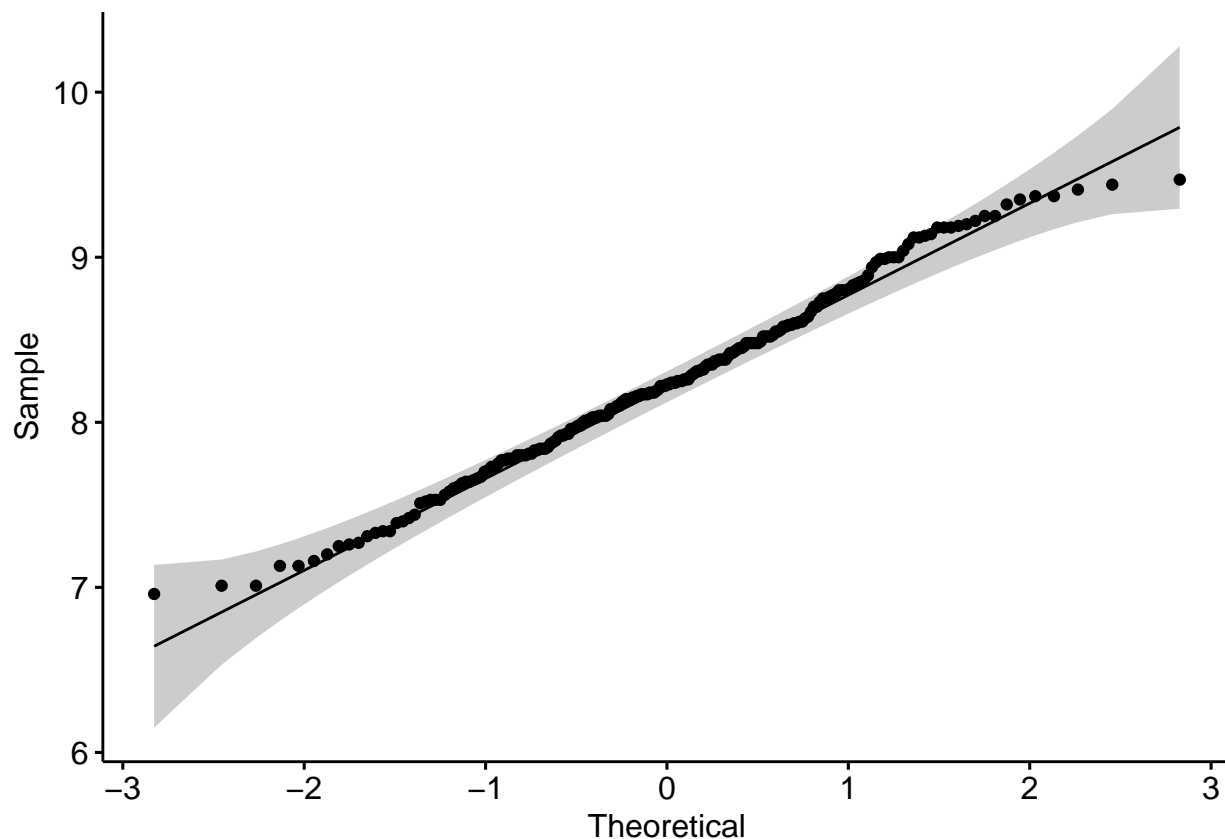
```
ggqqplot(dados_feto$FÍGADO)
```



```
ggqqplot(dados_feto$`PC/PF`)
```



```
ggqqplot(dados_feto$`DIAMETRO MEDIO PLACENTA`)
```



Teste de Shapiro-Wilk

`shapiro.test(dados_feto$`Placenta-PESO`)` *#Apresenta Normalidade*

##

Shapiro-Wilk normality test

##

data: dados_feto\$`Placenta-PESO`

W = 0.99003, p-value = 0.1624

`shapiro.test(dados_feto$PESO)` *#Não Apresenta Normalidade*

##

Shapiro-Wilk normality test

##

data: dados_feto\$PESO

W = 0.97182, p-value = 0.0002895

`shapiro.test(dados_feto$`Eficiência Placentária`)` *# Apresenta Normalidade*

##

Shapiro-Wilk normality test

##

data: dados_feto\$`Eficiência Placentária`

W = 0.98977, p-value = 0.1482

```
shapiro.test(dados_feto$COMPRIMENTO)#Não Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$COMPRIMENTO  
## W = 0.95638, p-value = 4.512e-06
```

```
shapiro.test(dados_feto$`(`) CEREBRO`)#Não Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$`(`) CEREBRO`  
## W = 0.92582, p-value = 8.368e-09
```

```
shapiro.test(dados_feto$CEREBRO)#Não Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$CEREBRO  
## W = 0.98272, p-value = 0.01125
```

```
shapiro.test(dados_feto$`(`) FÍGADO`)# Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$`(`) FÍGADO`  
## W = 0.99638, p-value = 0.9058
```

```
shapiro.test(dados_feto$FÍGADO)#Não Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$FÍGADO  
## W = 0.98141, p-value = 0.006918
```

```
shapiro.test(dados_feto$`PC/PF`)#Não Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_feto$`PC/PF`  
## W = 0.96584, p-value = 6.334e-05
```



```
shapiro.test(dados_feto$`DIAMETRO MEDIO PLACENTA`)# Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: dados_feto$`DIAMETRO MEDIO PLACENTA`
## W = 0.9908, p-value = 0.1953
```

Atráves da análise dos ‘qqplots’ e dos testes de Shapiro-Wilk, temos que, apenas as variáveis ‘Placenta-PESO’, ‘Eficiência Placentária’, ‘FÍGADO’ e ‘DIAMETRO MEDIO PLACENTA’ apresentam normalidade. Todas as demais variáveis não apresentam normalidade.

Testes de Hipótese

Nessa seção dividimos os testes paramétricos para aquelas variáveis que apresentaram normalidade, e os não-paramétricos para aqueles que não apresentaram normalidade.

Paramétricos

```
mod <- aov(`Placenta-PESO` ~ `TRATAMENTO`, data = dados_feto)
anova(mod)
```

Placenta-PESO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Placenta-PESO
##           Df    Sum Sq   Mean Sq F value    Pr(>F)
## TRATAMENTO   3 0.003802 0.00126741    2.405 0.06856 .
## Residuals 203 0.106978 0.00052698
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Pelo p-valor da tabela ANOVA temos indícios de que os diferentes grupos de tratamento da variável ‘Placenta-PESO’, não apresentam diferenças estatisticamente significantes.

```
mod <- aov(`Eficiência Placentária` ~ `TRATAMENTO`, data = dados_feto)
anova(mod)# os grupos apresentam diferença significativa
```

Eficiência Placentária

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: Eficiência Placentária
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
```

```
## TRATAMENTO    3  39.25 13.0830    6.469 0.0003339 ***
## Residuals    203 410.55   2.0224
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

bonferroni <- LSD.test(mod, "TRATAMENTO", p.adj="bonferroni", group=TRUE)
print(bonferroni)

## $statistics
##      MSerror Df      Mean      CV
##      2.022407 203 7.080935 20.0837
##
## $parameters
##      test p.adjusted name.t ntr alpha
## Fisher-LSD bonferroni TRATAMENTO 4 0.05
##
## $means
##      Eficiência Placentária      std r      LCL      UCL      Min
## COCONUT      6.620582 1.305180 55 6.242490 6.998675 3.769681
## CONTROLE      6.899850 1.730363 62 6.543740 7.255959 3.793157
## LARD      7.141898 1.209372 45 6.723901 7.559895 5.019251
## SOYBEAN      7.832123 1.275316 45 7.414126 8.250119 5.500830
##      Max      Q25      Q50      Q75
## COCONUT 10.002473 5.553446 6.664975 7.484170
## CONTROLE 10.910802 5.609488 6.835880 8.366097
## LARD      9.254176 6.117684 6.977312 7.817502
## SOYBEAN 10.800189 7.011473 7.729304 8.564751
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
##      Eficiência Placentária groups
## SOYBEAN      7.832123      a
## LARD      7.141898      ab
## CONTROLE      6.899850      b
## COCONUT      6.620582      b
##
## attr(,"class")
## [1] "group"
```

Agora no teste para ‘Eficiência Placentária’ tivemos indícios de diferenças entre tratamentos na tabela ANOVA. Para analisar essas diferenças, fizemos o teste de comparações múltiplas de Bonferroni. Pelo teste, o grupo ‘Banha’ foi o único estatisticamente igual a todos outros, ‘Soja se diferenciou de ‘Controle’ e ‘Coco’.

```
mod <- aov(`(%) FÍGADO` ~ `TRATAMENTO`, data = dados_feto)
anova(mod)
```

FÍGADO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: (%) FÍGADO
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## TRATAMENTO   3  19.13   6.3754   4.1675 0.006827 **
## Residuals  207 316.66   1.5298
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

bonferroni <- LSD.test(mod, "TRATAMENTO", p.adj="bonferroni", group=TRUE)
print(bonferroni)
```

```
## $statistics
##      MSError Df      Mean      CV
##      1.529762 207 6.99167 17.69013
##
## $parameters
##      test p.adjusted name.t ntr alpha
## Fisher-LSD bonferroni TRATAMENTO 4 0.05
##
## $means
##      (%) FÍGADO      std r      LCL      UCL      Min      Max      Q25
## COCONUT      7.479990 1.187112 56 7.154144 7.805836 3.127471 10.172002 6.789298
## CONTROLE      6.779497 1.202079 66 6.479349 7.079644 4.574762  9.857341 6.040664
## LARD           6.939881 1.246336 43 6.568027 7.311735 3.706748  9.308357 6.292686
## SOYBEAN        6.750026 1.333229 46 6.390503 7.109550 4.203315 10.539953 5.703681
##
##      Q50      Q75
## COCONUT 7.600601 8.169141
## CONTROLE 6.671117 7.565265
## LARD      7.090214 7.760806
## SOYBEAN   6.390541 7.712603
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
##      (%) FÍGADO groups
## COCONUT      7.479990      a
## LARD          6.939881      ab
## CONTROLE      6.779497      b
## SOYBEAN        6.750026      b
##
## attr(,"class")
## [1] "group"
```

A variável 'FÍGADO' também indicou que deveríamos fazer o teste de bonferroni. Nele descobrimos resultados similares aos encontrados para 'Eficiência Placentária'

```
mod <- aov(`DIAMETRO MEDIO PLACENTA` ~ `TRATAMENTO`, data = dados_feto)
anova(mod)
```

DIAMETRO MEDIO PLACENTA

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: DIAMETRO MEDIO PLACENTA
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## TRATAMENTO   3  7.706  2.56876   9.4294 7.163e-06 ***
## Residuals 209 56.936  0.27242
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
bonferroni <- LSD.test(mod, "TRATAMENTO", p.adj="bonferroni", group=TRUE)
print(bonferroni)
```

```
## $statistics
##      MSerror Df      Mean      CV
## 0.2724191 209 8.242394 6.332357
##
## $parameters
##      test p.adjusted name.t ntr alpha
## Fisher-LSD bonferroni TRATAMENTO 4 0.05
##
## $means
##      DIAMETRO MEDIO PLACENTA      std r      LCL      UCL Min Max
## COCONUT      8.018571 0.4875819 56 7.881074 8.156069 7.01 9.04
## CONTROLE      8.238939 0.4936586 66 8.112286 8.365593 7.20 9.44
## LARD      8.569556 0.5092461 45 8.416171 8.722941 7.01 9.47
## SOYBEAN      8.199783 0.6075287 46 8.048074 8.351491 6.96 9.35
##      Q25  Q50  Q75
## COCONUT 7.6650 8.035 8.3725
## CONTROLE 7.9375 8.210 8.4875
## LARD      8.1800 8.550 8.9900
## SOYBEAN 7.8025 8.180 8.6500
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
##      DIAMETRO MEDIO PLACENTA groups
## LARD      8.569556      a
## CONTROLE      8.238939      b
## SOYBEAN      8.199783      b
## COCONUT      8.018571      b
##
## attr(,"class")
## [1] "group"
```

Por último no teste para a variável ‘DIAMETRO MEDIO PLACENTA’, encontramos evidências de que o grupo ‘Banha’ é significativamente diferente de todos outros grupos, que se assemelham entre si.

Não-Paramétricos

```
kruskal.test(PESO ~ factor(TRATAMENTO),dados_feto) # os grupos apresentam diferença significativa
```

PESO

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data: PESO by factor(TRATAMENTO)
## Kruskal-Wallis chi-squared = 35.602, df = 3, p-value = 9.09e-08

pairwise.wilcox.test(dados_feto$PESO, factor(dados_feto$TRATAMENTO),
                     p.adjust.method = "none")

##
## Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: dados_feto$PESO and factor(dados_feto$TRATAMENTO)
##
##          COCONUT CONTROLE LARD
## CONTROLE 0.3672  -          -
## LARD      4.0e-05 0.0025  -
## SOYBEAN   5.8e-07 1.4e-05 0.3865
##
## P value adjustment method: none
```

Analisando a variável ‘PESO’, tivemos indícios de diferenças significativas entre grupos, pelo teste de Kruskal-Wallis, já fazendo o teste de Wilcox, podemos ver quais grupos tem evidências significativas de diferenças entre si.

```
kruskal.test(COMPRIMENTO ~ factor(TRATAMENTO),dados_feto) # os grupos apresentam diferença significativa
```

COMPRIMENTO

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data: COMPRIMENTO by factor(TRATAMENTO)
## Kruskal-Wallis chi-squared = 28.151, df = 3, p-value = 3.376e-06

pairwise.wilcox.test(dados_feto$COMPRIMENTO, factor(dados_feto$TRATAMENTO),
                     p.adjust.method = "none")

##
## Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data: dados_feto$COMPRIMENTO and factor(dados_feto$TRATAMENTO)
##
```

```
##          COCONUT CONTROLE LARD
## CONTROLE 0.0026  -      -
## LARD      2e-06  0.0423  -
## SOYBEAN   2e-05  0.2277  0.3211
##
## P value adjustment method: none
```

Similarmente ao que fizemos com a variável ‘PESO’, fizemos o mesmo processo para chegar nas conclusões para a variável ‘COMPRIMENTO’.

```
kruskal.test(`(%) CERE BRO` ~ factor(TRATAMENTO), dados_feto) # os grupos apresentam diferença significat
```

(%) CERE BRO

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  (%) CERE BRO by factor(TRATAMENTO)
## Kruskal-Wallis chi-squared = 27.138, df = 3, p-value = 5.507e-06
```

```
pairwise.wilcox.test(dados_feto$` (%) CERE BRO`, factor(dados_feto$TRATAMENTO),
                     p.adjust.method = "none")
```

```
##
## Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction
##
## data:  dados_feto$` (%) CERE BRO` and factor(dados_feto$TRATAMENTO)
##
##          COCONUT CONTROLE LARD
## CONTROLE 0.00075 -      -
## LARD      0.00050 0.46049 -
## SOYBEAN   9.3e-07 0.04152 0.19897
##
## P value adjustment method: none
```

Para a variável ‘(%) CERE BRO’ fizemos o mesmo processo. No resultado, levando em conta 5% de significância, encontramos que para essa variável o grupo ‘Coco’ se diferencia de todos demais, além de ‘Soja’ se diferenciar significativamente de ‘Controle’.

```
kruskal.test(`CERE BRO` ~ factor(TRATAMENTO), dados_feto) # os grupos não apresentam diferença significat
```

CERE BRO

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  CERE BRO by factor(TRATAMENTO)
## Kruskal-Wallis chi-squared = 6.5411, df = 3, p-value = 0.08806
```

Diferente da variável ‘(%) CEREBRO’, a variável ‘CEREBRO’ não apresentou evidências de diferenças entre grupos de tratamento.

```
kruskal.test(`(%) FÍGADO` ~ factor(TRATAMENTO), dados_feto) # os grupos apresentam diferença significativa
```

(%) FÍGADO

```
##  
## Kruskal-Wallis rank sum test  
##  
## data:  (%) FÍGADO by factor(TRATAMENTO)  
## Kruskal-Wallis chi-squared = 15.839, df = 3, p-value = 0.001223
```

```
pairwise.wilcox.test(dados_feto$` (%) FÍGADO`, factor(dados_feto$TRATAMENTO),  
                     p.adjust.method = "none")
```

```
##  
## Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test with continuity correction  
##  
## data:  dados_feto$` (%) FÍGADO` and factor(dados_feto$TRATAMENTO)  
##  
##          COCONUT CONTROLE LARD  
## CONTROLE 0.00033 -          -  
## LARD      0.02547 0.31969 -  
## SOYBEAN   0.00156 0.73380 0.25345  
##  
## P value adjustment method: none
```

Para a variável ‘(%) FÍGADO’ encontramos que o grupo ‘Coco’ apresenta diferença significativa com todos demais e somente ele difere.

```
kruskal.test(`FÍGADO` ~ factor(TRATAMENTO), dados_feto) # os grupos apresentam diferença significativa
```

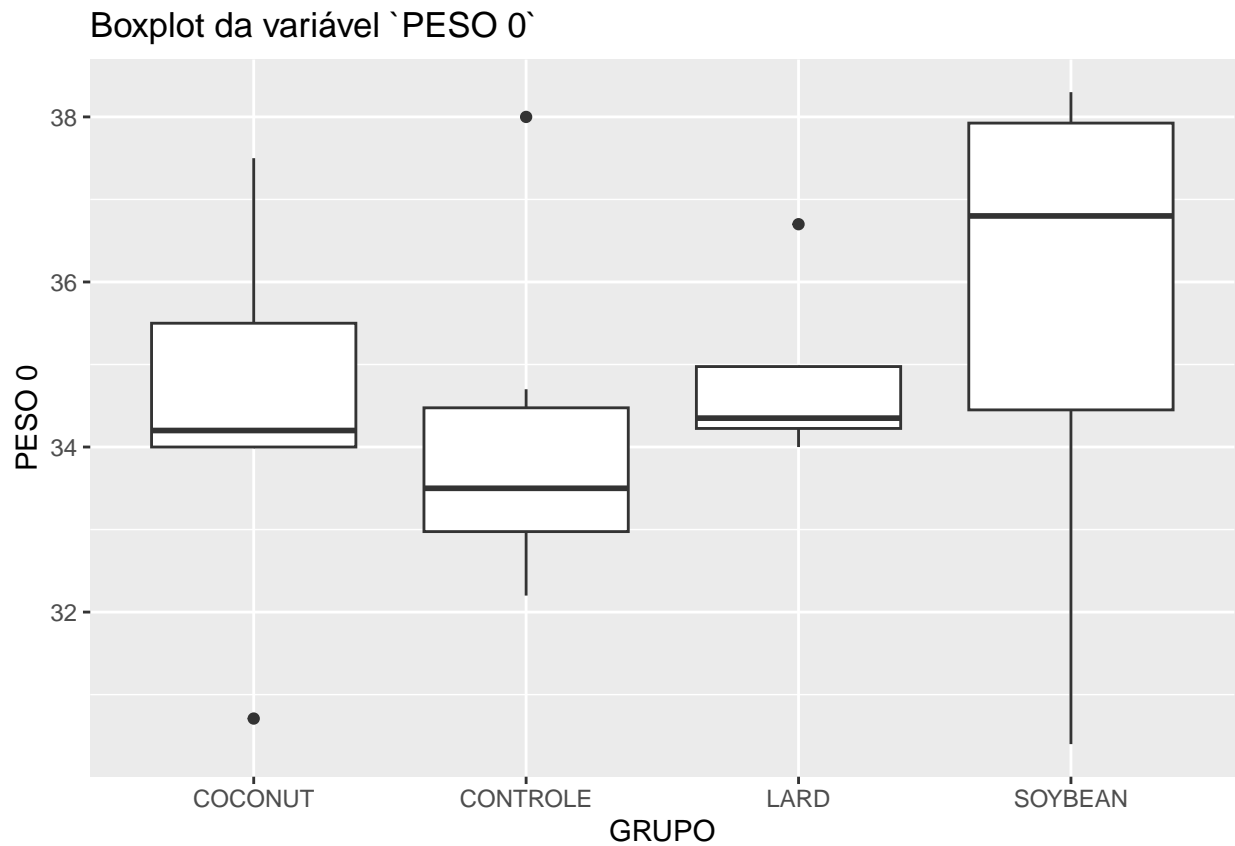
FÍGADO

```
##  
## Kruskal-Wallis rank sum test  
##  
## data:  FÍGADO by factor(TRATAMENTO)  
## Kruskal-Wallis chi-squared = 11.625, df = 3, p-value = 0.008784
```

```
pairwise.wilcox.test(dados_feto$`FÍGADO`, factor(dados_feto$TRATAMENTO),  
                     p.adjust.method = "none")
```

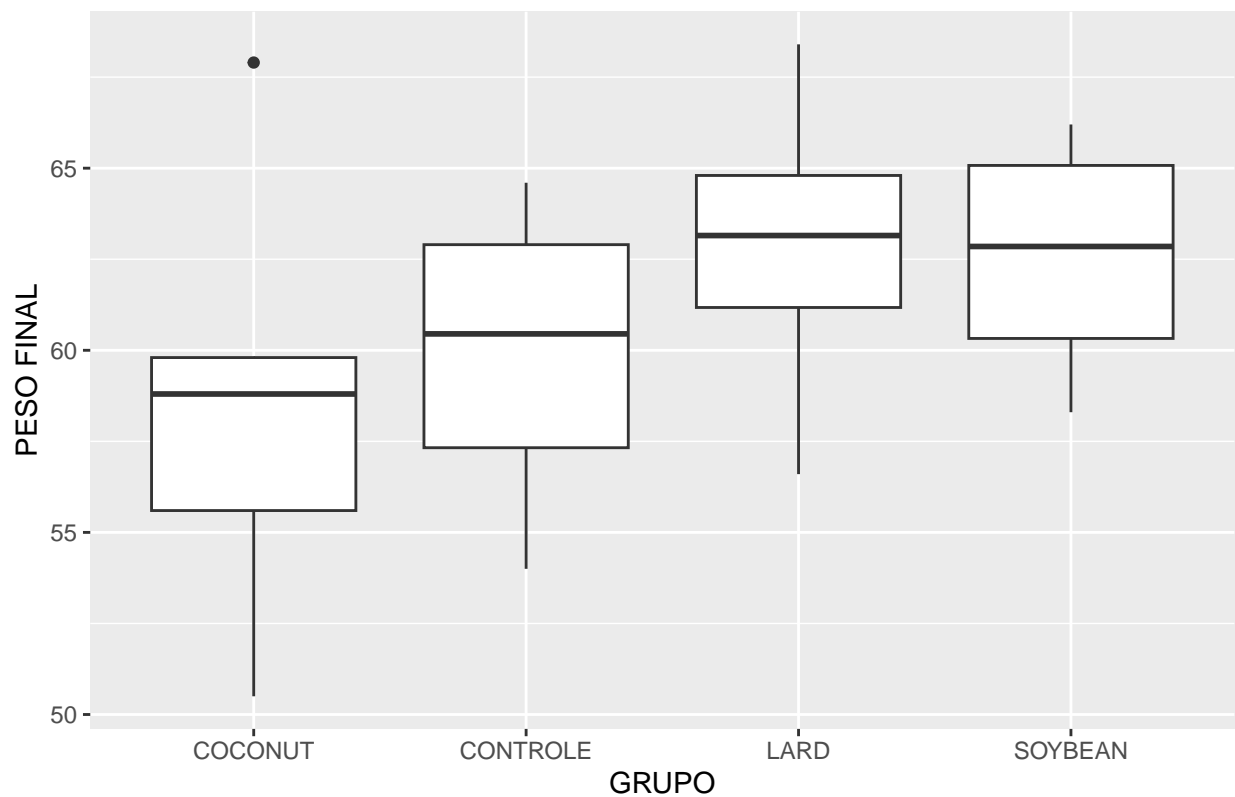


```
# Boxplot PESO 0 por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO 0`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `PESO 0`")
```

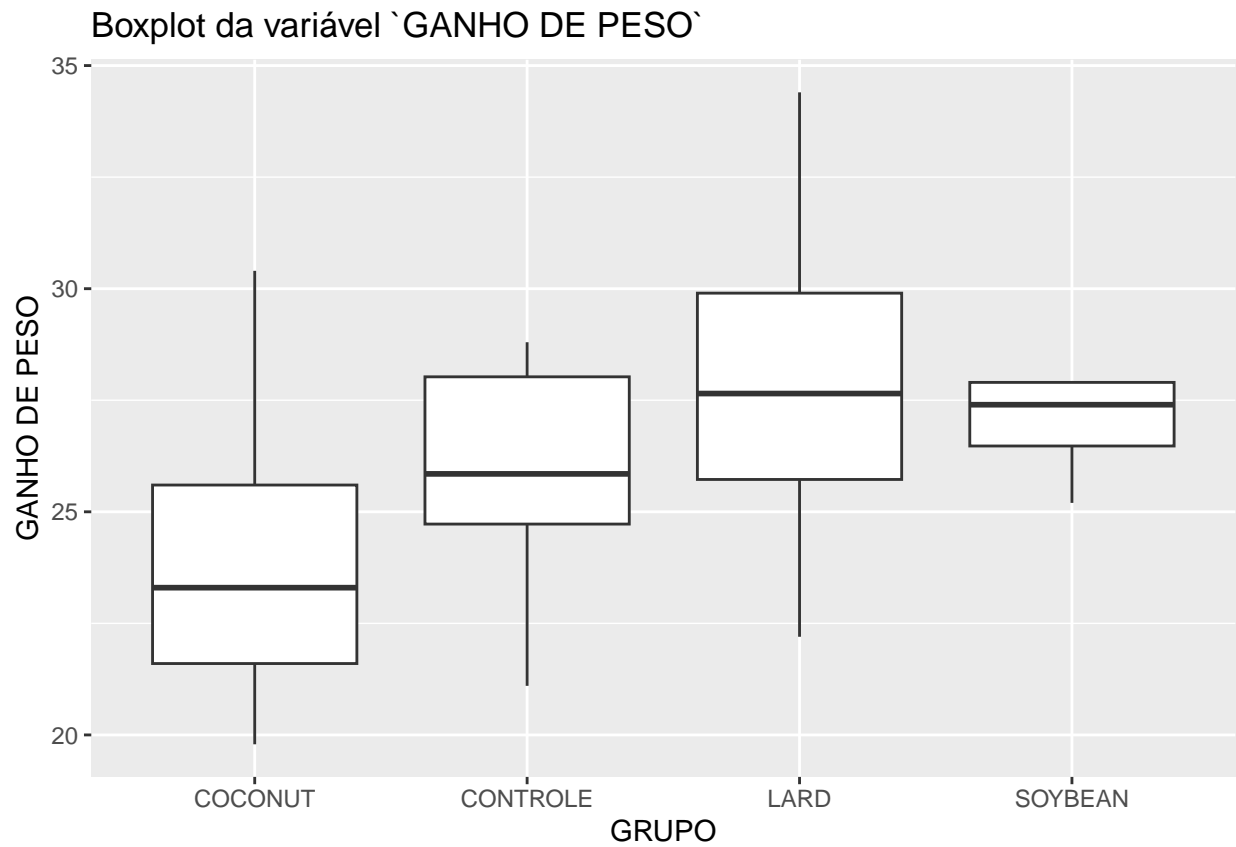


```
# Boxplot PESO FINAL por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO FINAL`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `PESO FINAL`")
```

Boxplot da variável `PESO FINAL`

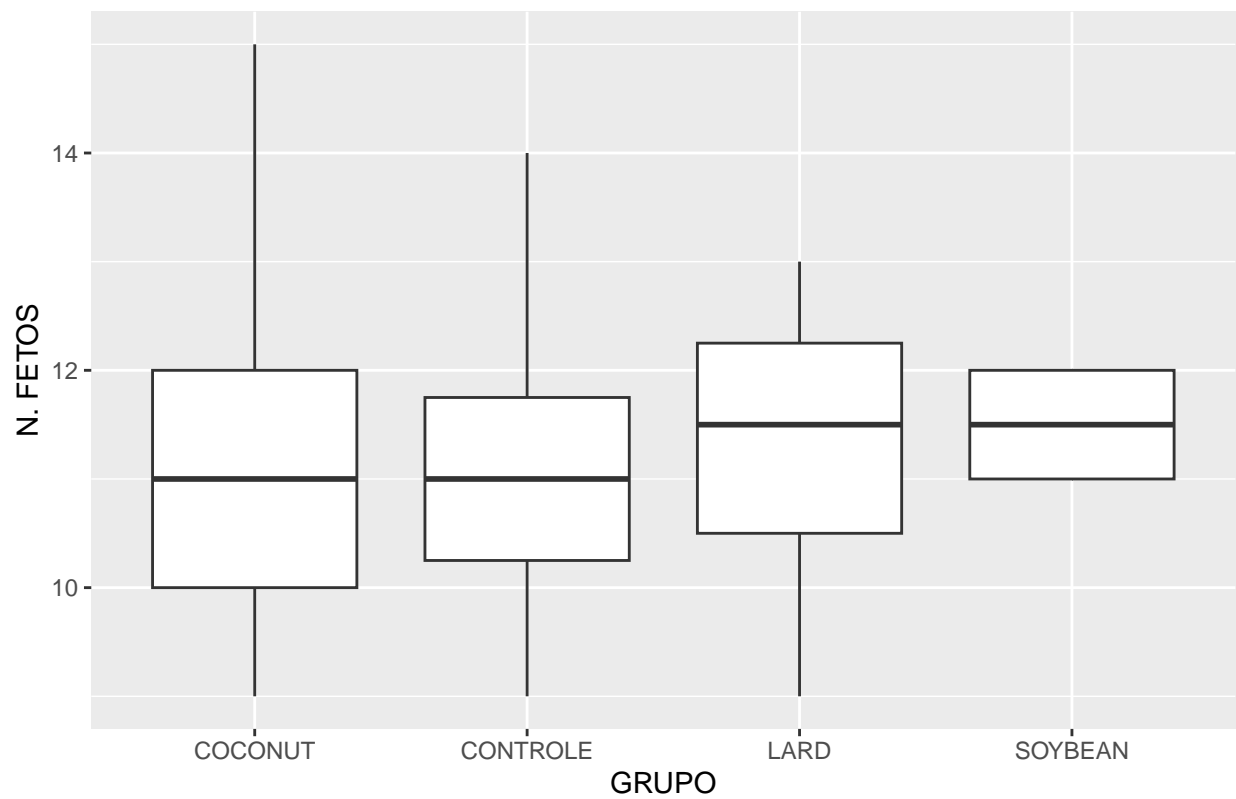


```
# Boxplot `GANHO DE PESO` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GANHO DE PESO`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `GANHO DE PESO`")
```

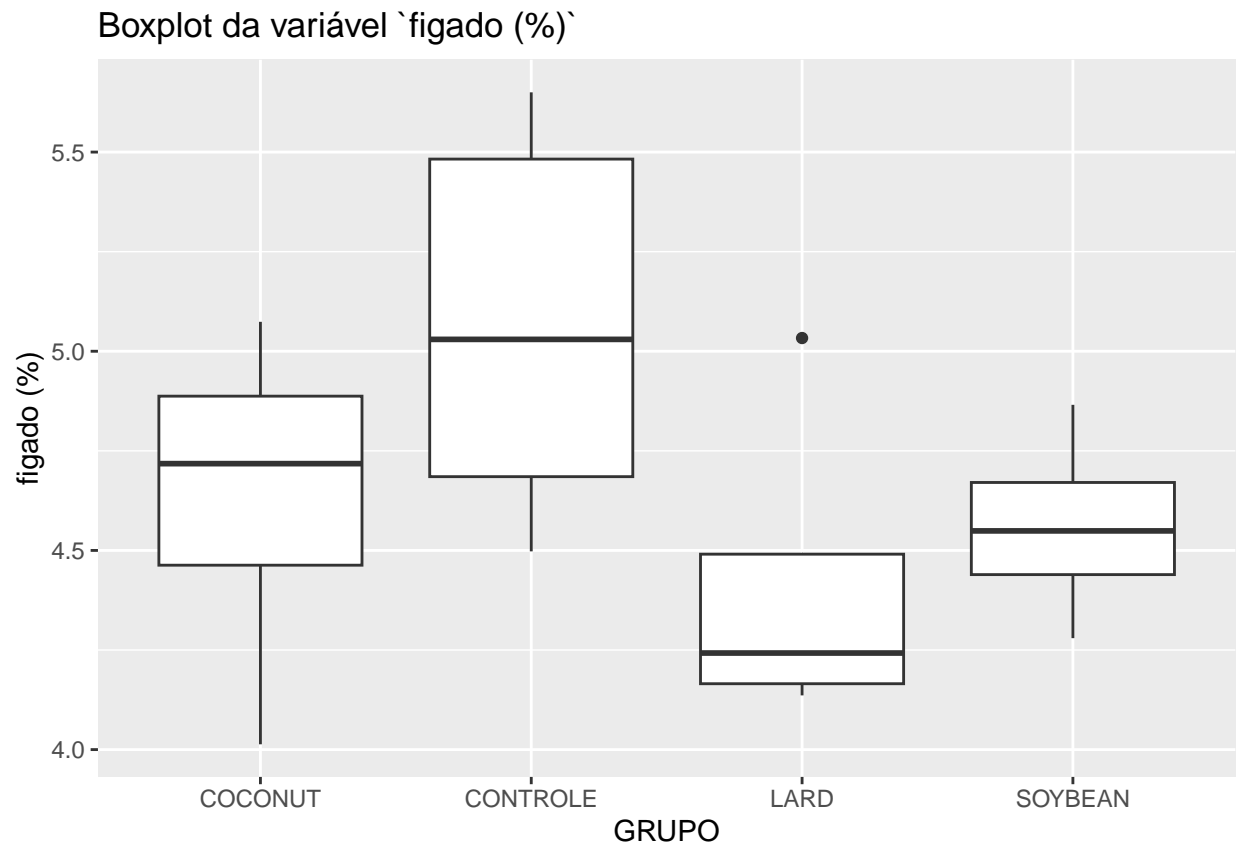


```
# Boxplot `N. FETOS` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. FETOS`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `N. FETOS`")
```

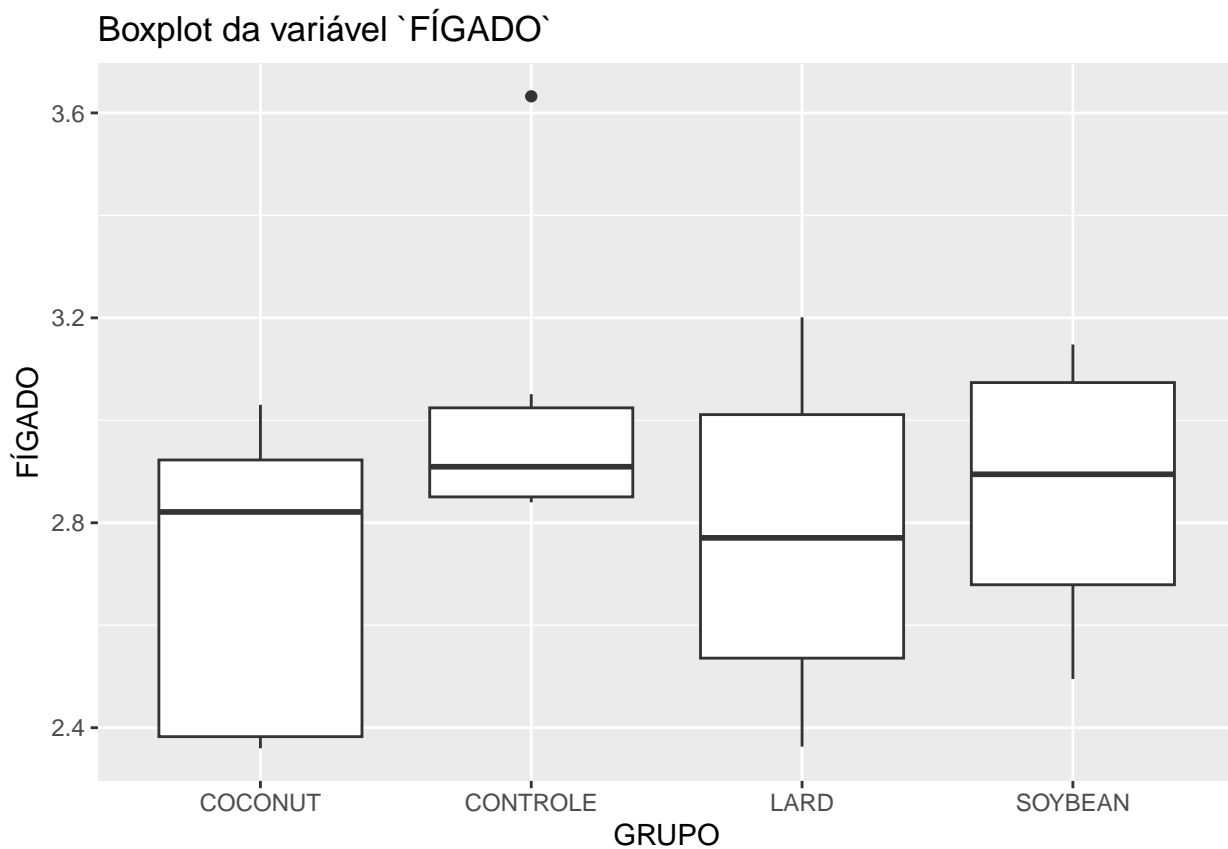
Boxplot da variável `N. FETOS`



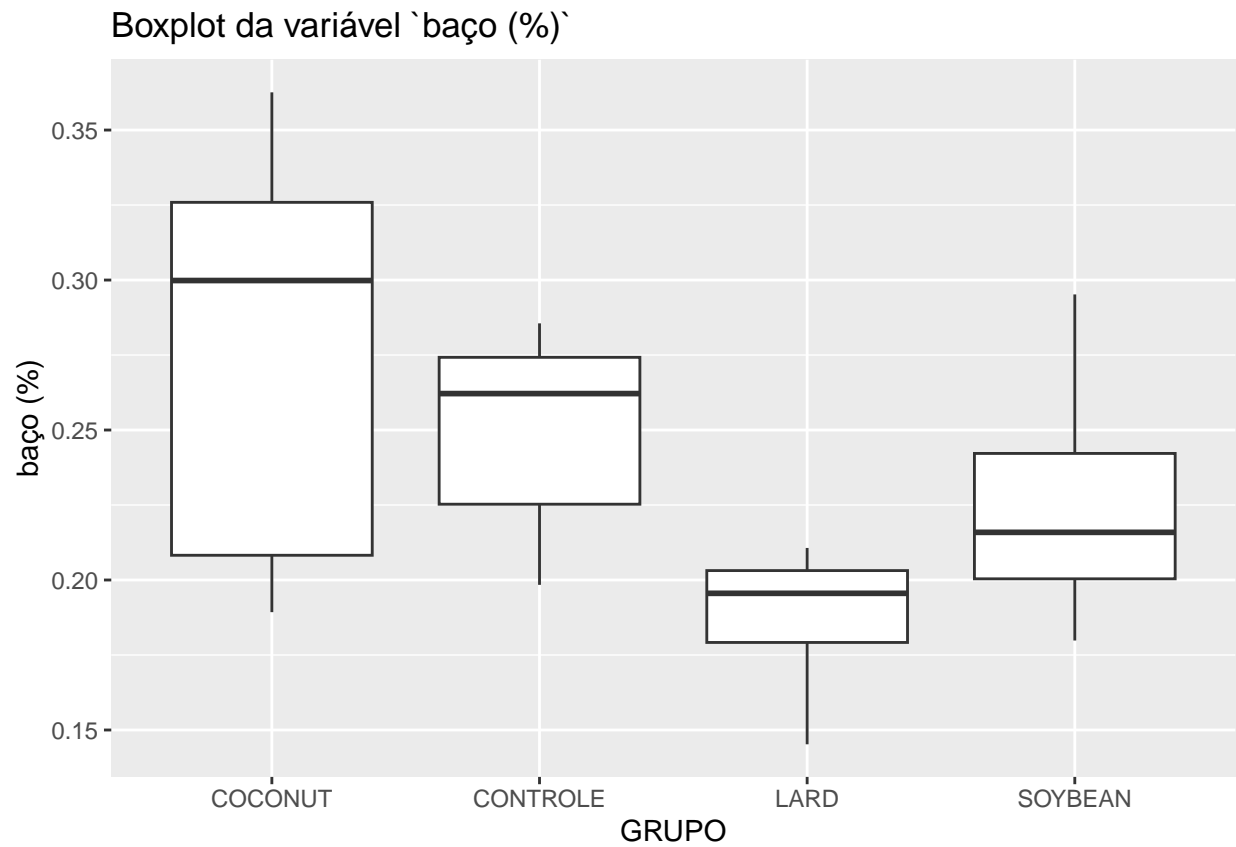
```
# Boxplot `figado (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `figado (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `figado (%)`")
```



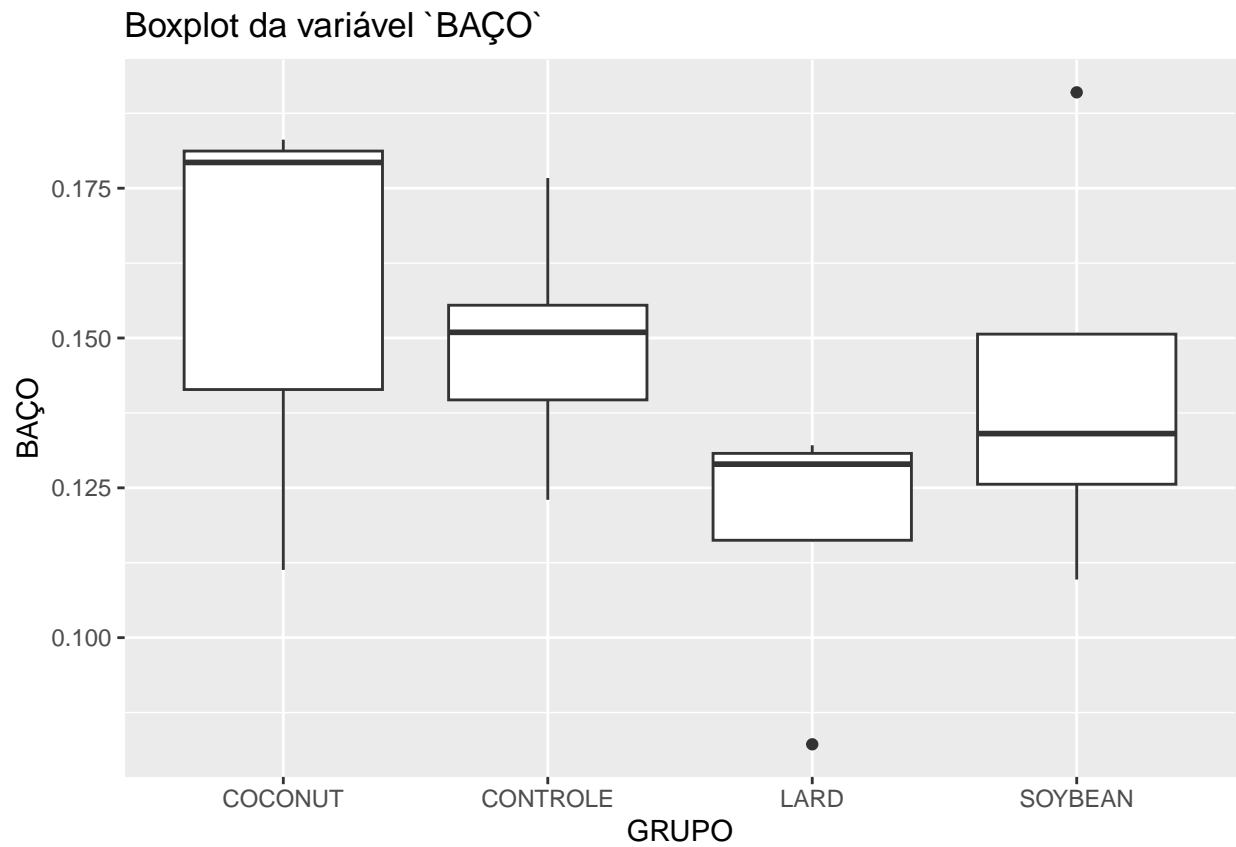
```
# Boxplot FÍGADO por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = FÍGADO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `FÍGADO`")
```



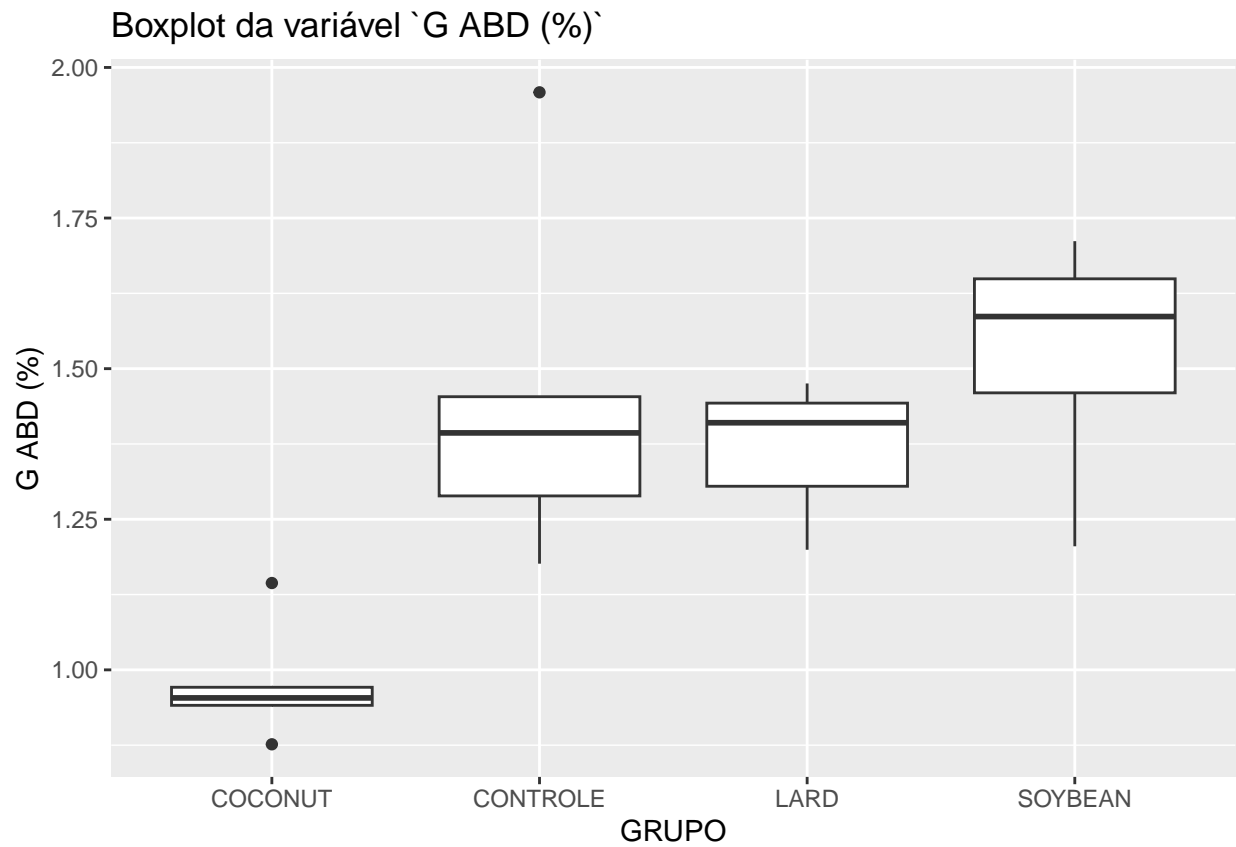
```
# Boxplot `baço (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `baço (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `baço (%)`")
```



```
# Boxplot BAÇO por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = BAÇO)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `BAÇO`")
```

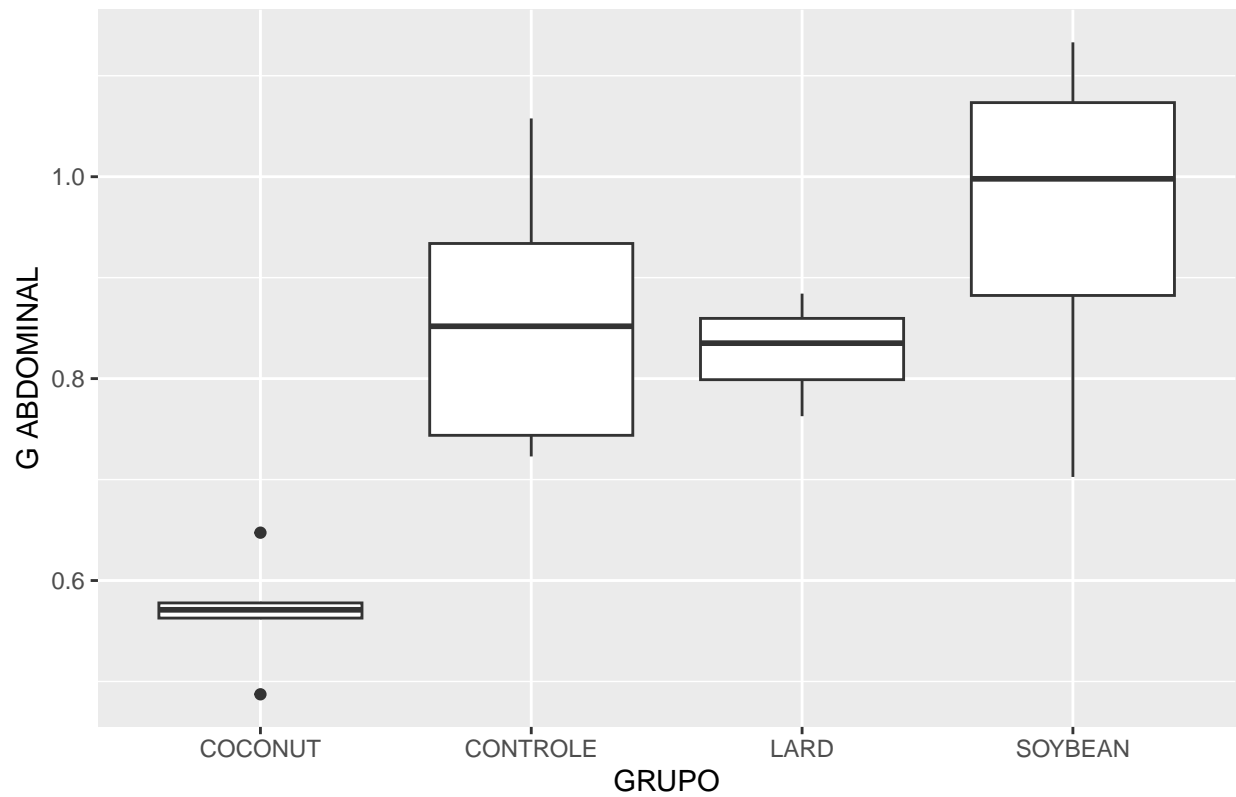


```
# Boxplot `G ABD (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABD (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `G ABD (%)`")
```

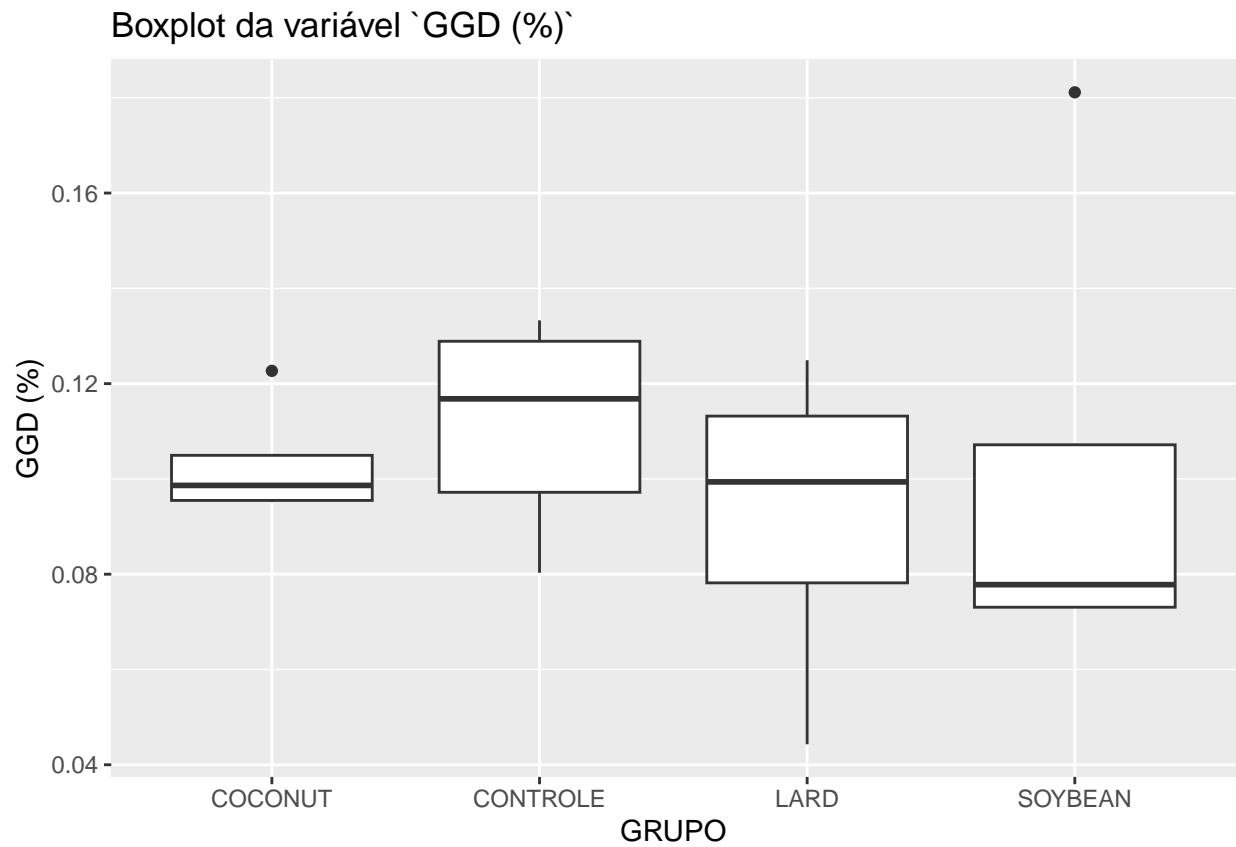



```
# Boxplot `G ABDOMINAL` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABDOMINAL`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `G ABDOMINAL`")
```

Boxplot da variável `G ABDOMINAL`

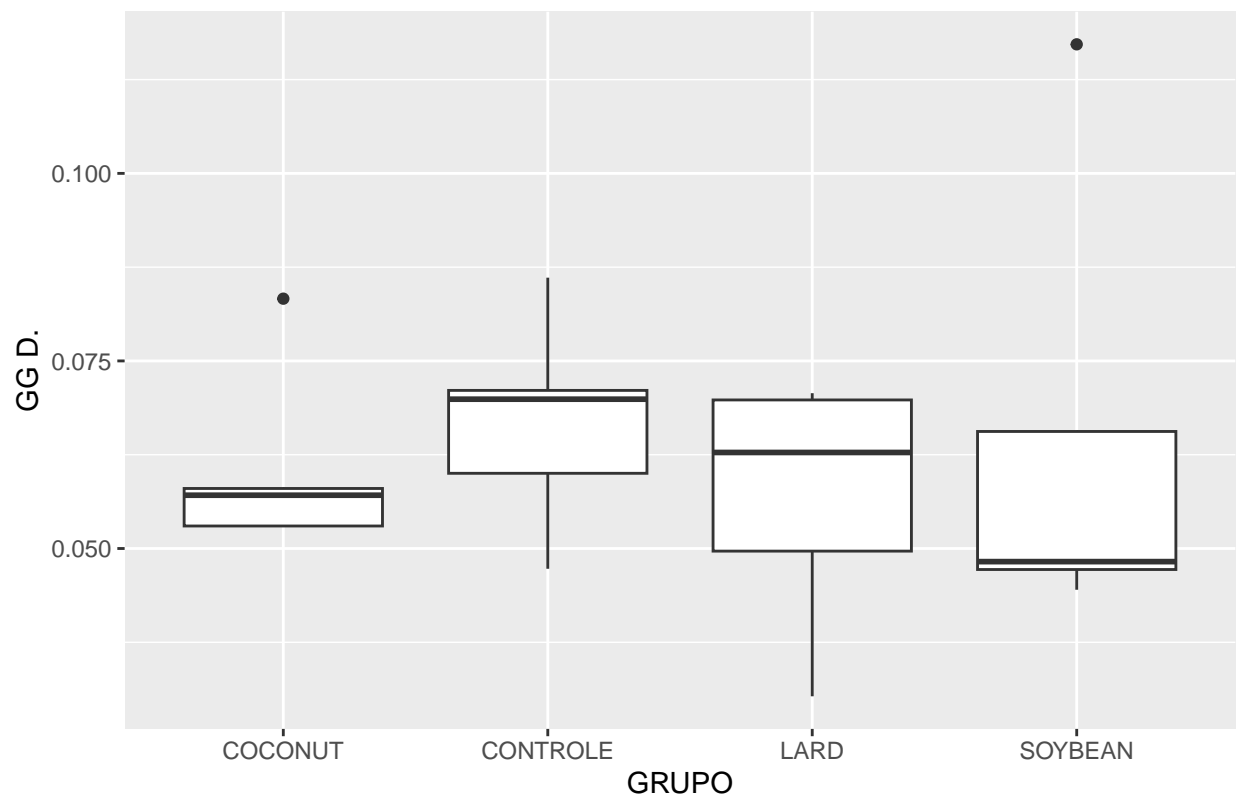


```
# Boxplot `GGD (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGD (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `GGD (%)`")
```

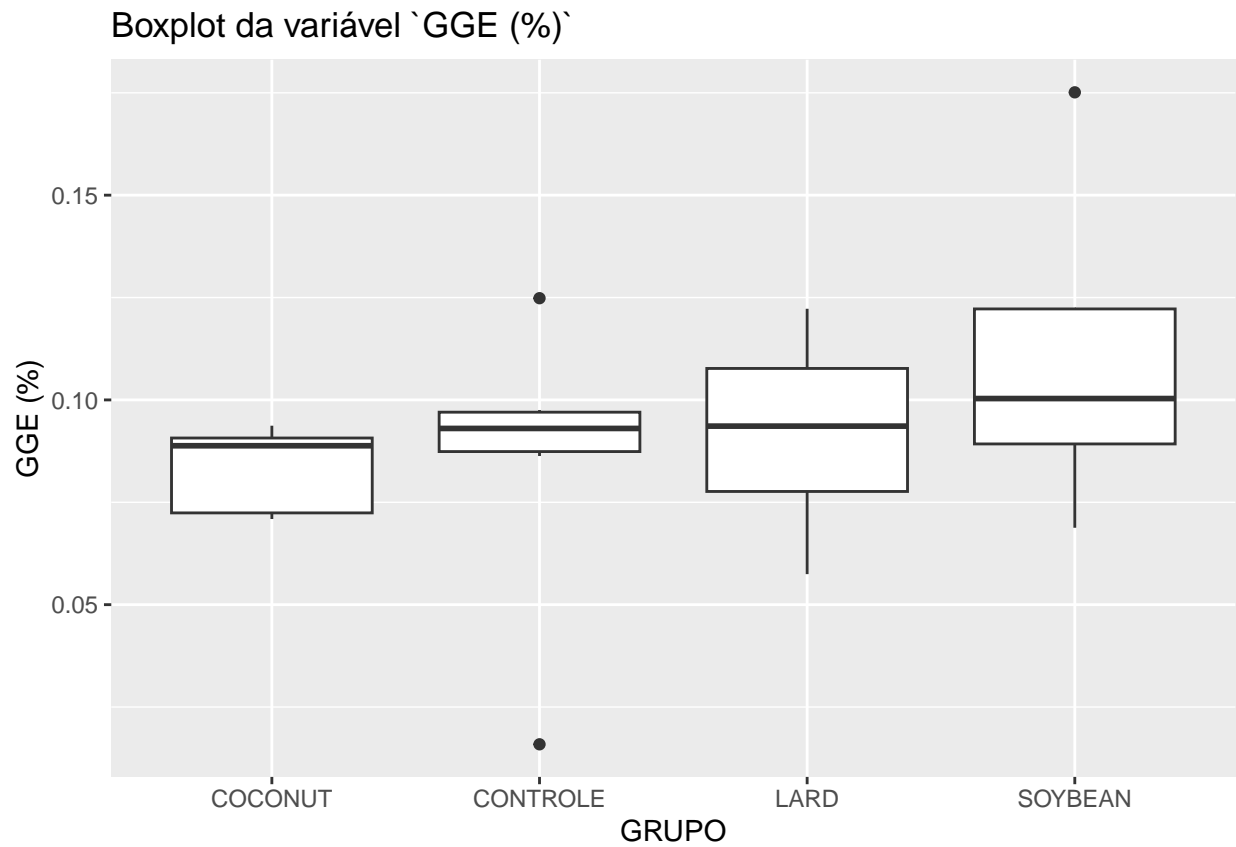


```
# Boxplot `GG D.` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG D.`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `GG D.`")
```

Boxplot da variável `GG D.`

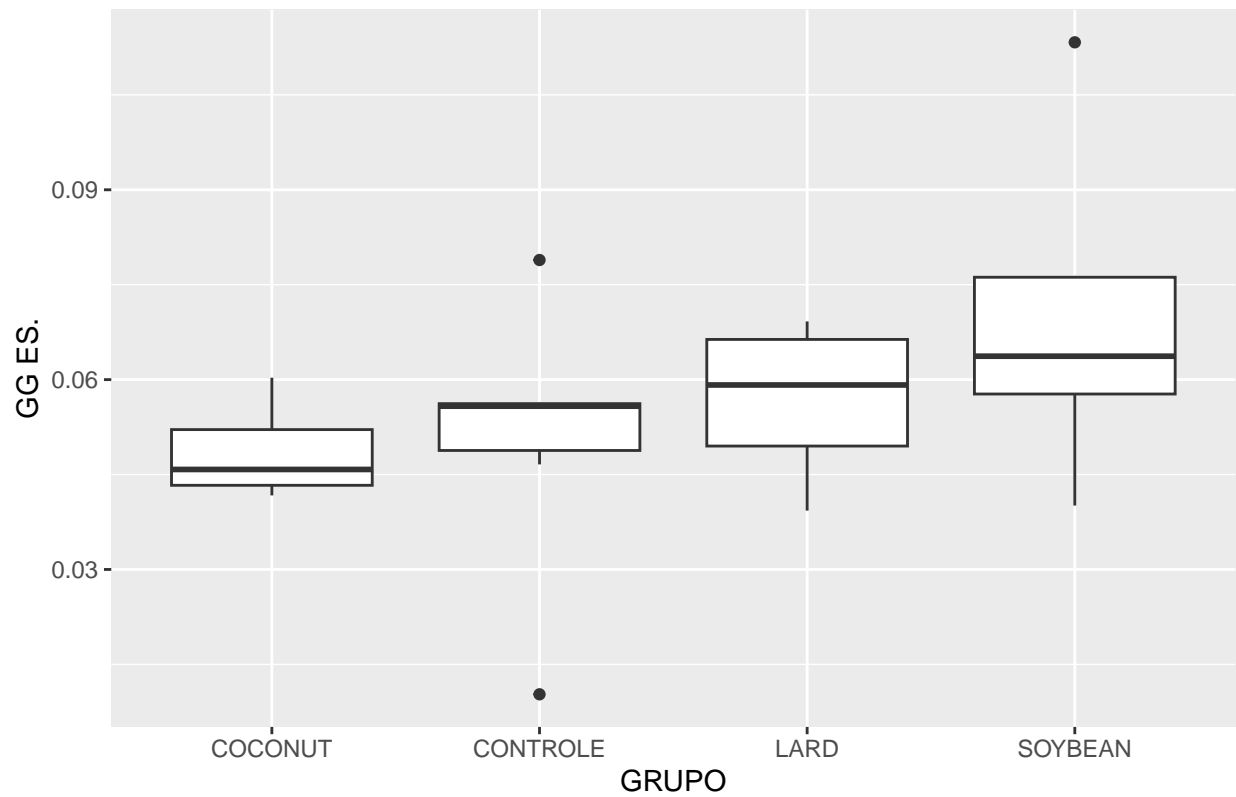


```
# Boxplot `GGE (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGE (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `GGE (%)`")
```

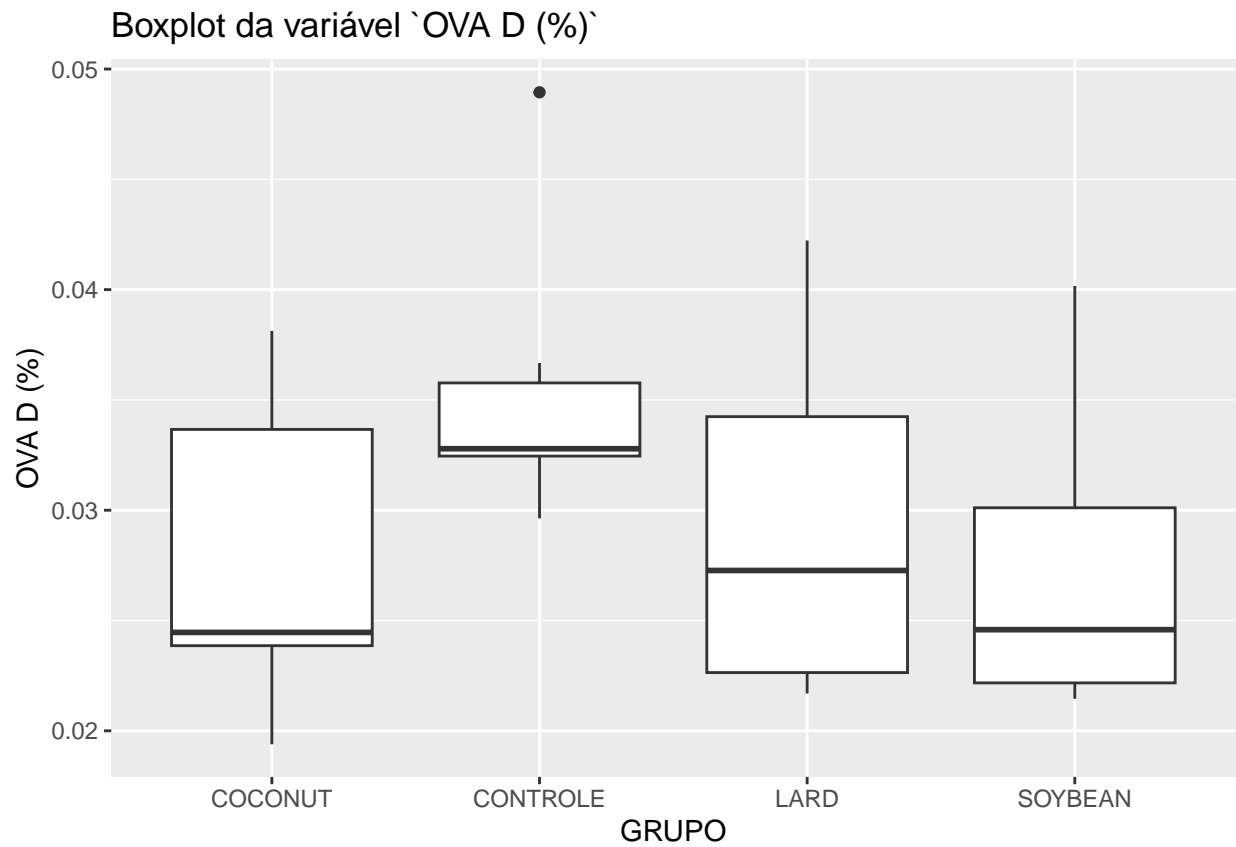


```
# Boxplot `GG ES.` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG ES.`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `GG ES.`")
```

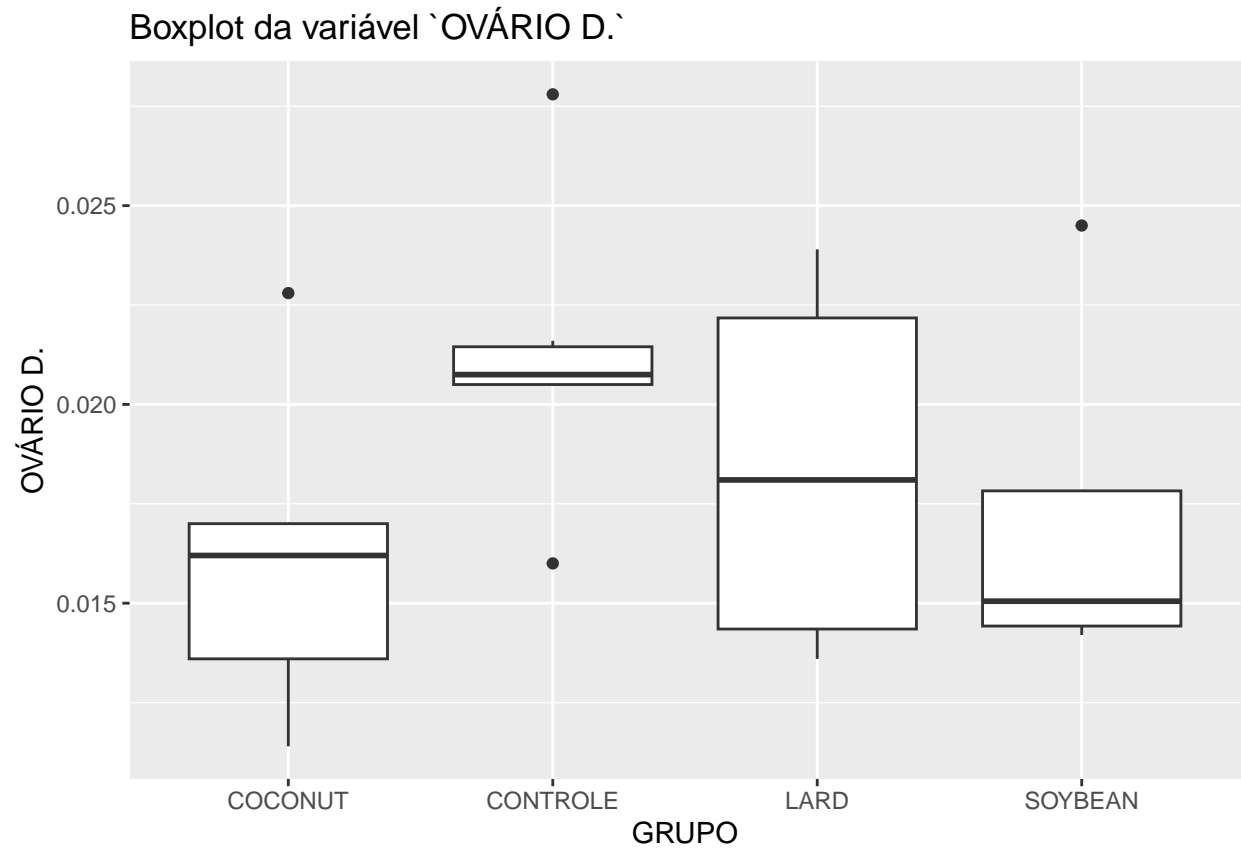
Boxplot da variável `GG ES.`



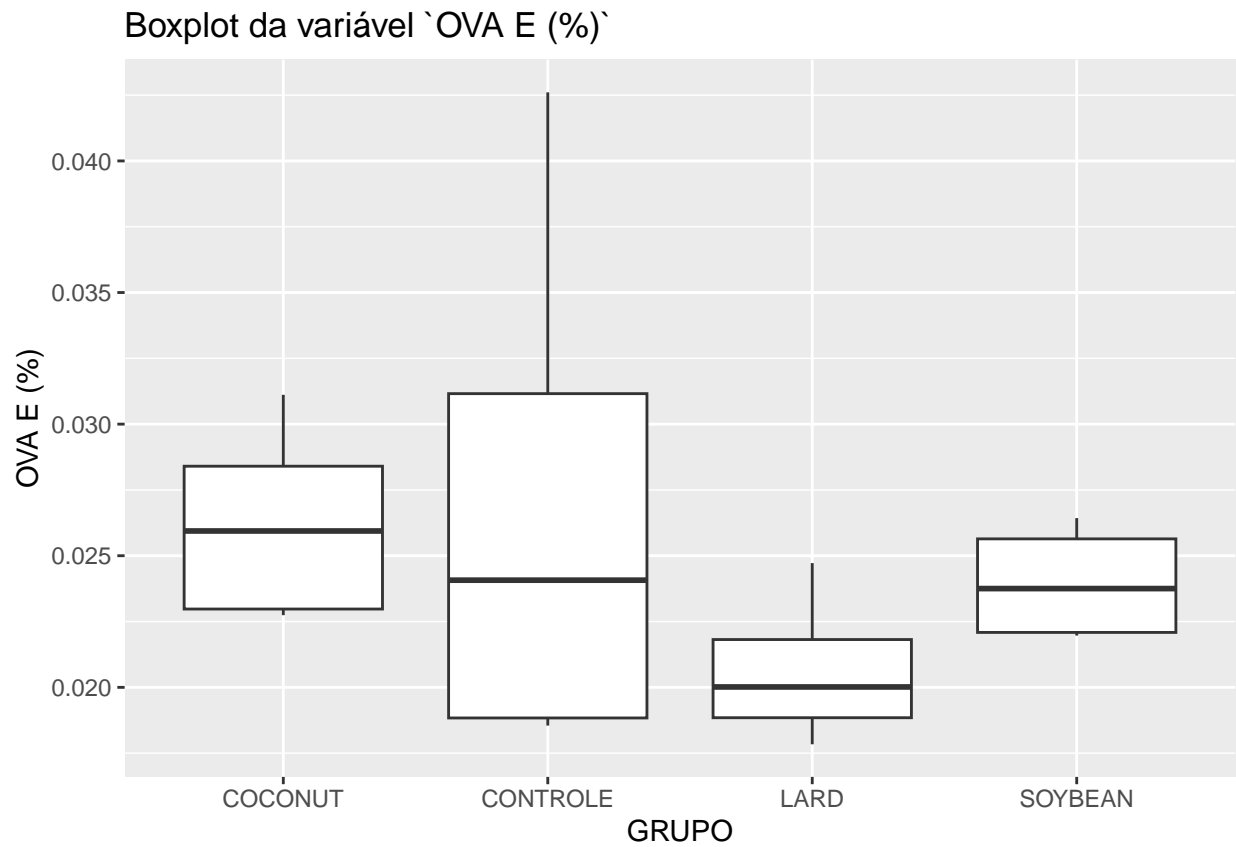
```
# Boxplot `OVA D (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA D (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `OVA D (%)`")
```



```
# Boxplot `OVÁRIO D.` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO D.`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `OVÁRIO D.`")
```

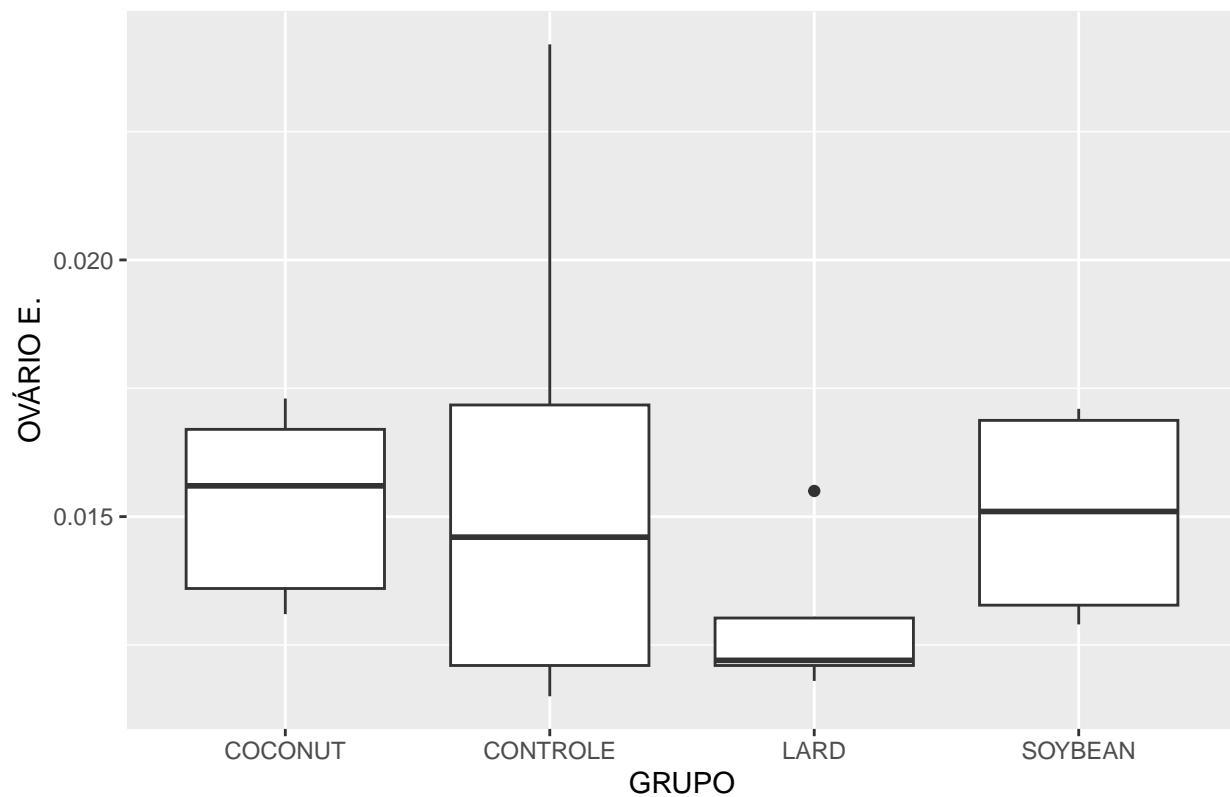


```
# Boxplot `OVA E (%)` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA E (%)`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `OVA E (%)`")
```

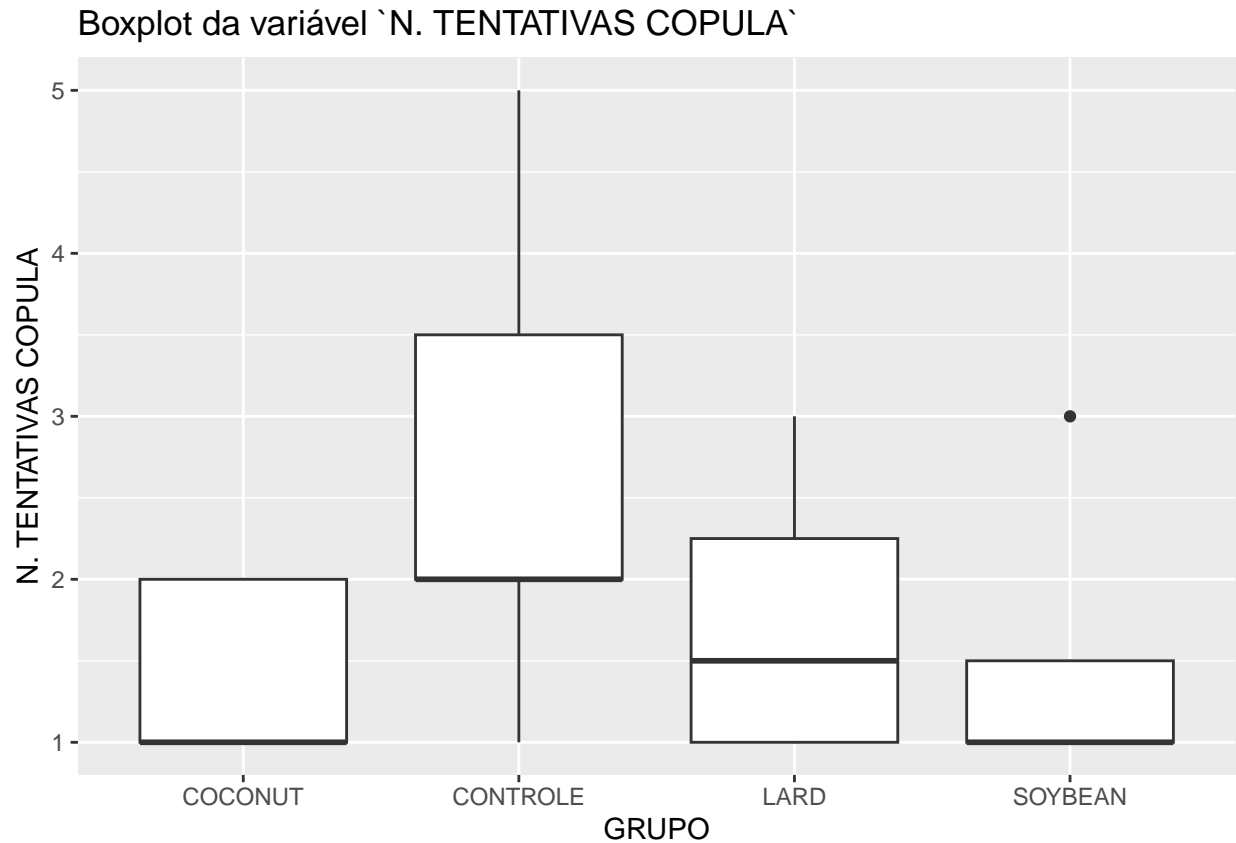



```
# Boxplot `OVÁRIO E.` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO E.`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `OVÁRIO E.`")
```

Boxplot da variável `OVÁRIO E.`



```
# Boxplot `N. TENTATIVAS COPULA` por grupo
ggplot(data = dados_mae, mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. TENTATIVAS COPULA`)) +
  geom_boxplot() +
  ggtitle("Boxplot da variável `N. TENTATIVAS COPULA`")
```



Como já vimos anteriormente, esses são os Boxplots para ajudar a entender um pouco melhor como os dados se distribuem.

Gráfico de Barras de Erros

```
# Gráfico de barras de erro para "PESO 0" por Grupo

ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO 0`),
               stat = "summary",
               fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO 0`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

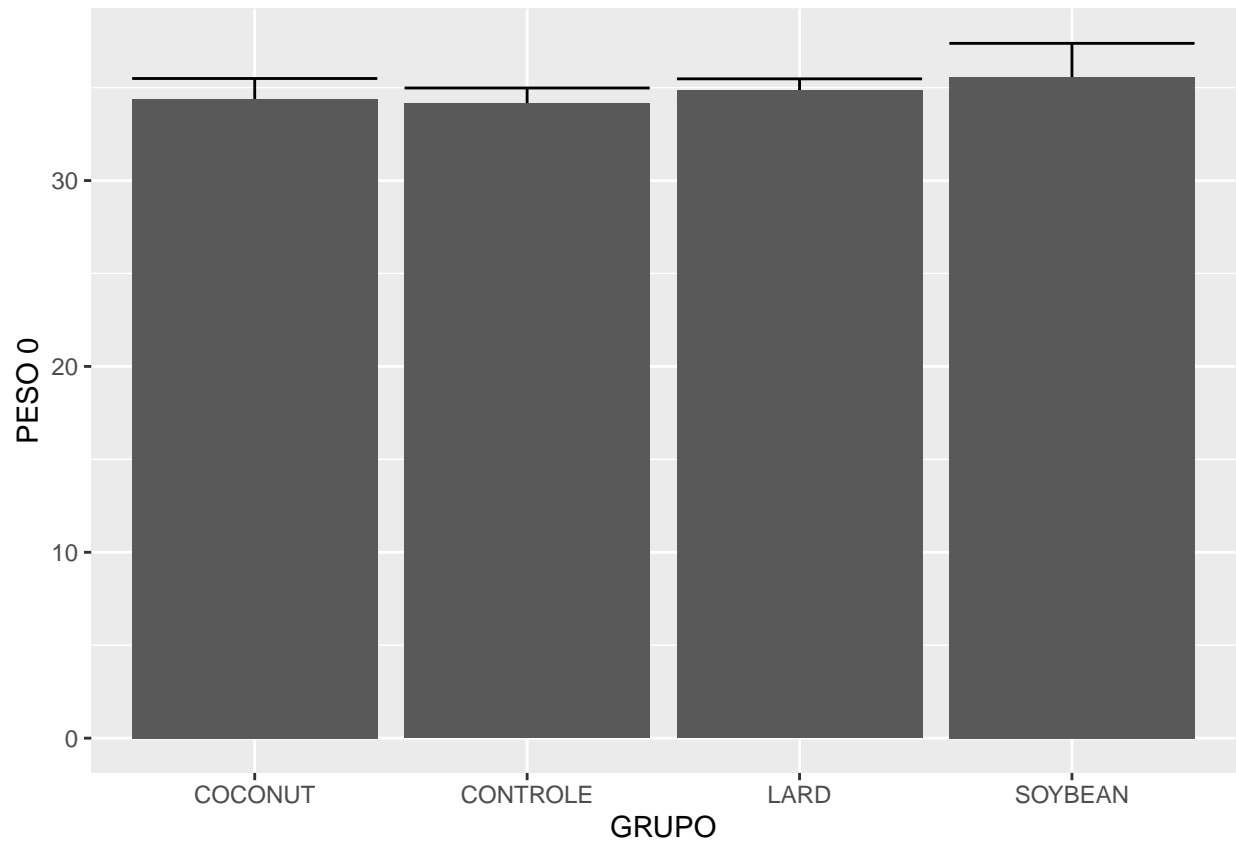


Gráfico de barras de erro para `PESO FINAL` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO FINAL`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `PESO FINAL`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

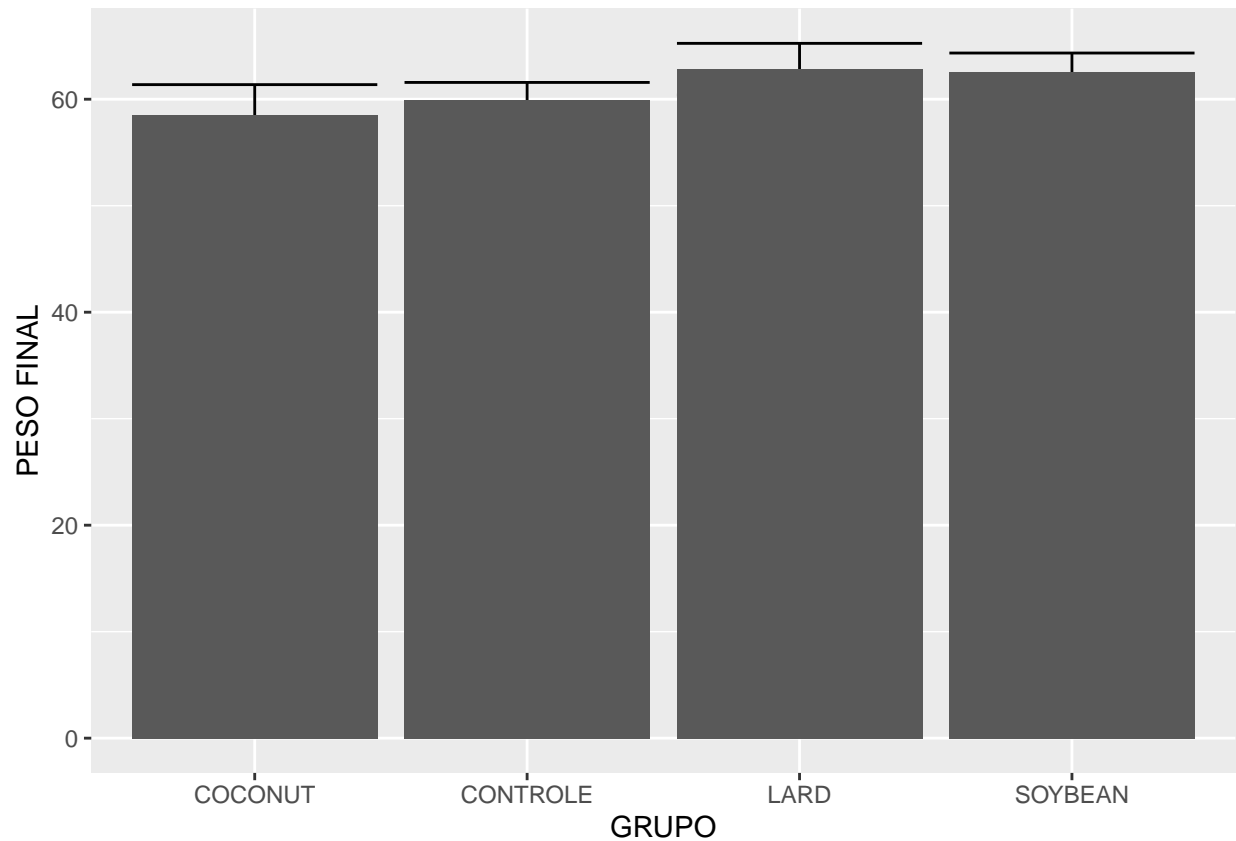


Gráfico de barras de erro para `GANHO DE PESO` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GANHO DE PESO`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GANHO DE PESO`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

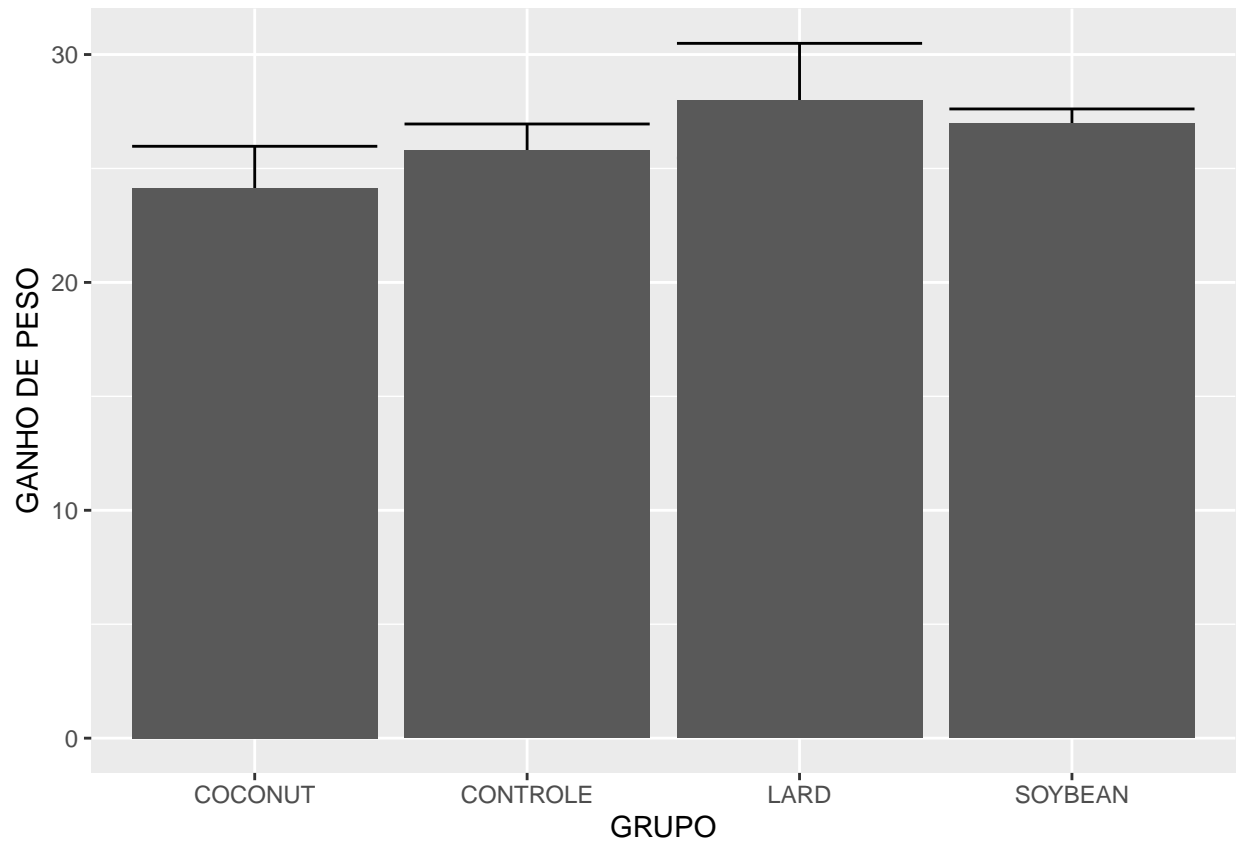


Gráfico de barras de erro para `GANHO/FETO` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GANHO/FETO`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GANHO/FETO`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

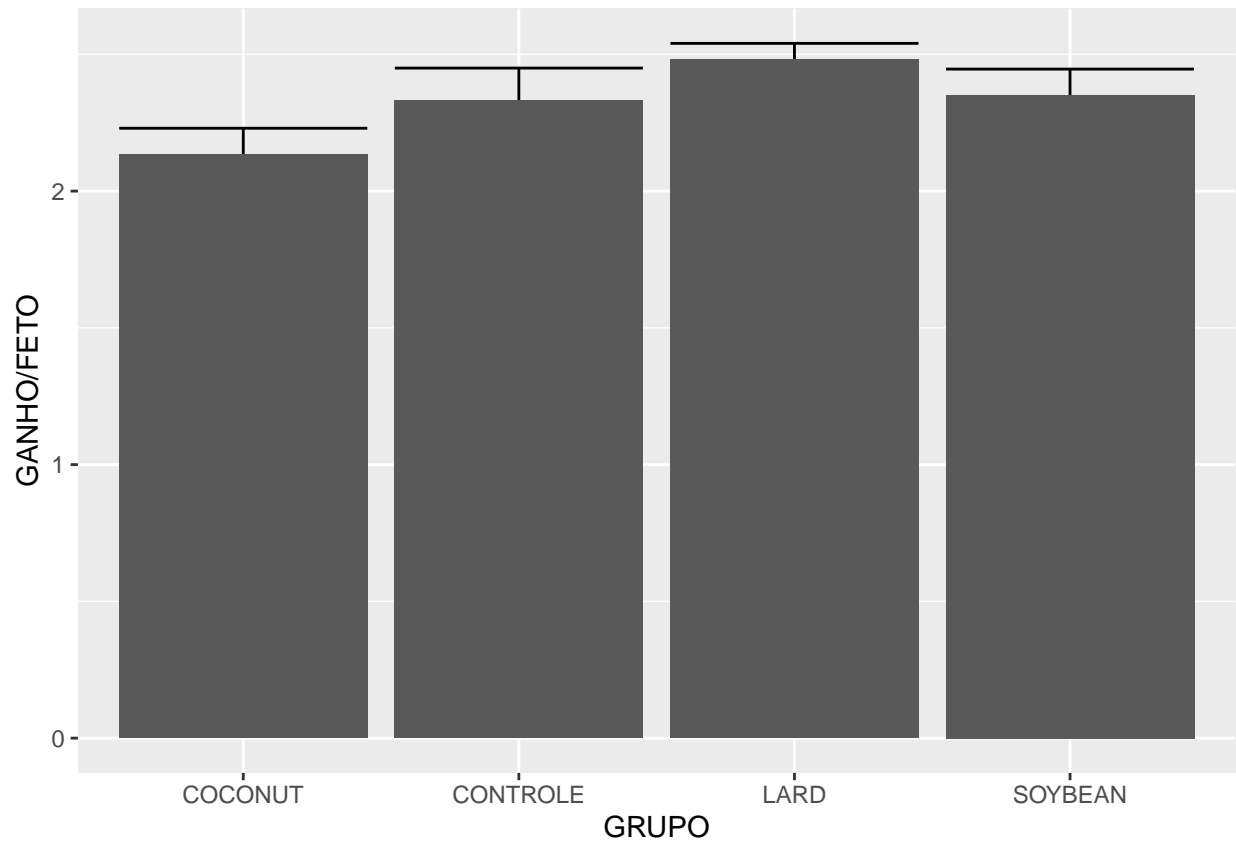


Gráfico de barras de erro para `N. FETOS` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. FETOS`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. FETOS`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

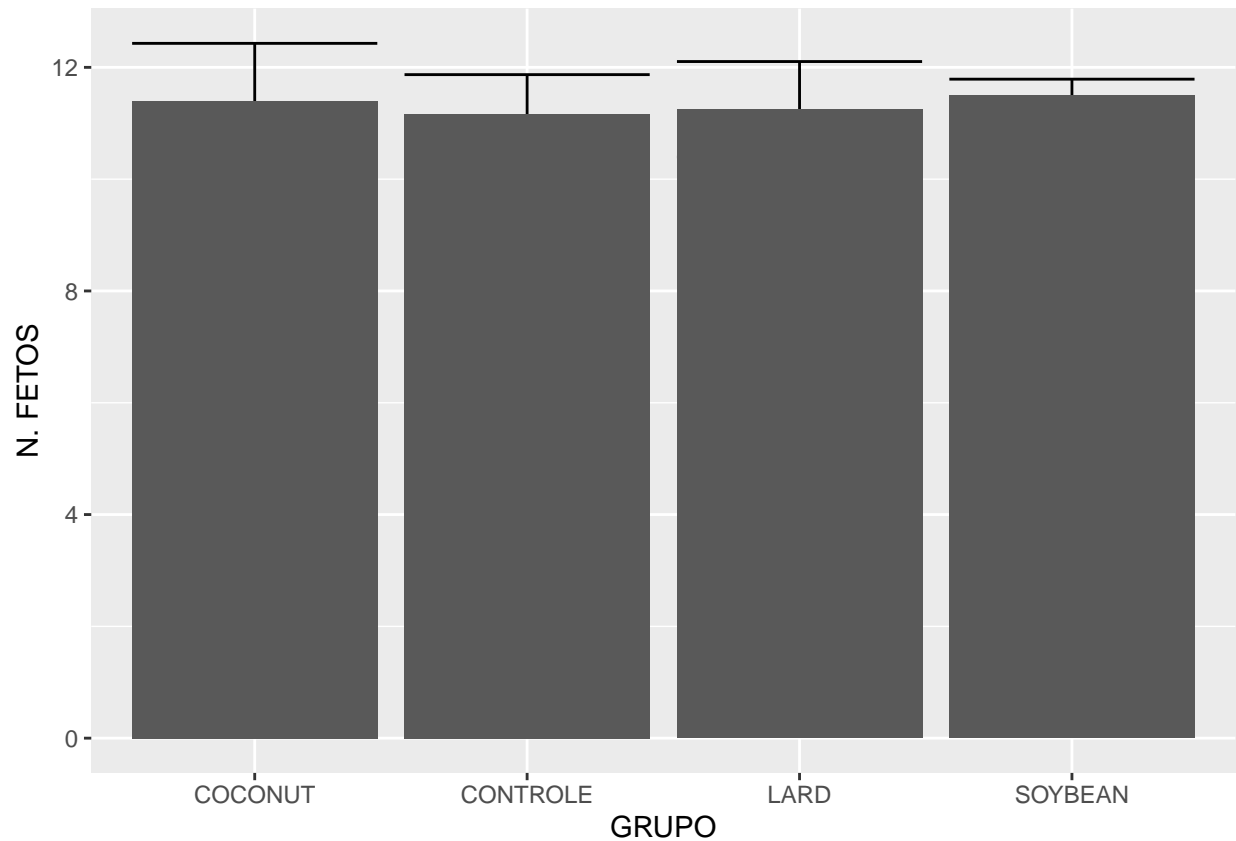


Gráfico de barras de erro para `figado (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `figado (%)`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `figado (%)`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

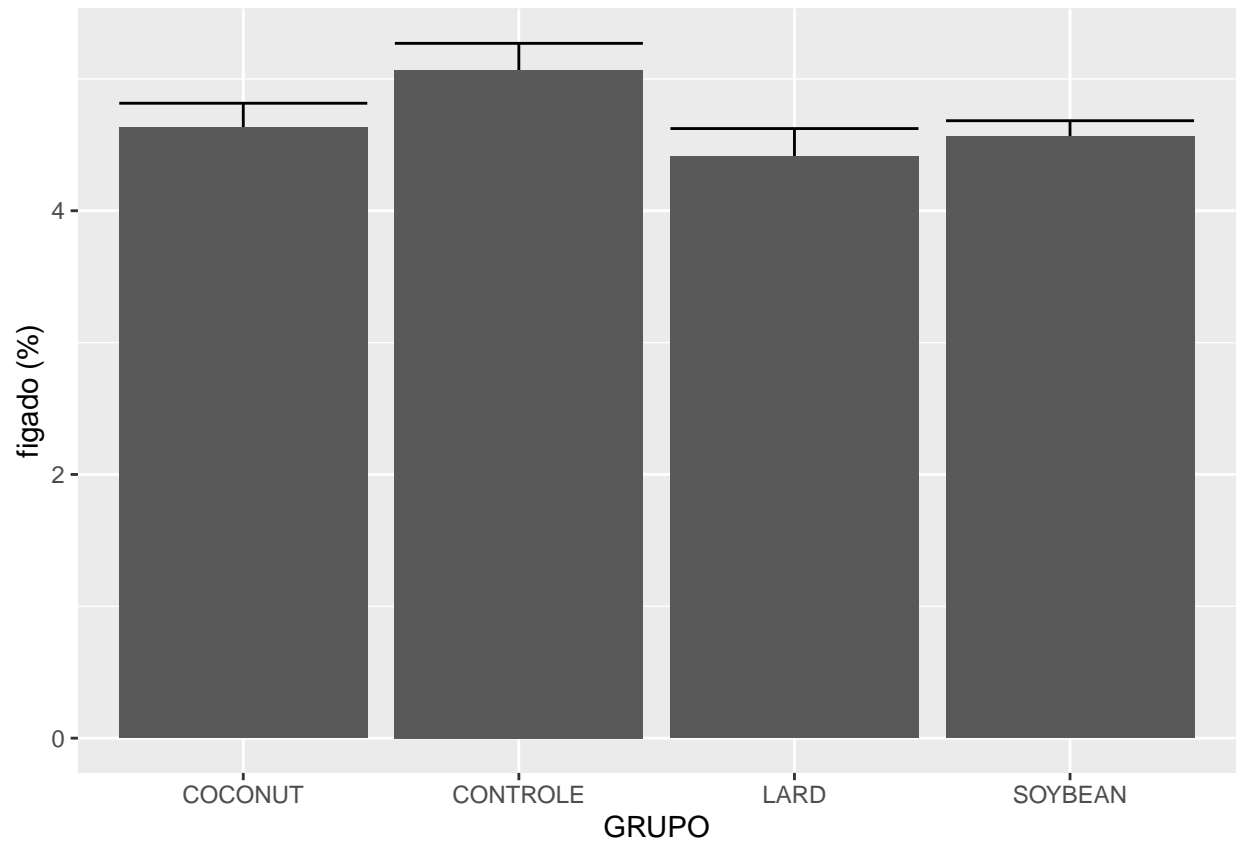



Gráfico de barras de erro para `FÍGADO` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `FÍGADO`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `FÍGADO`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

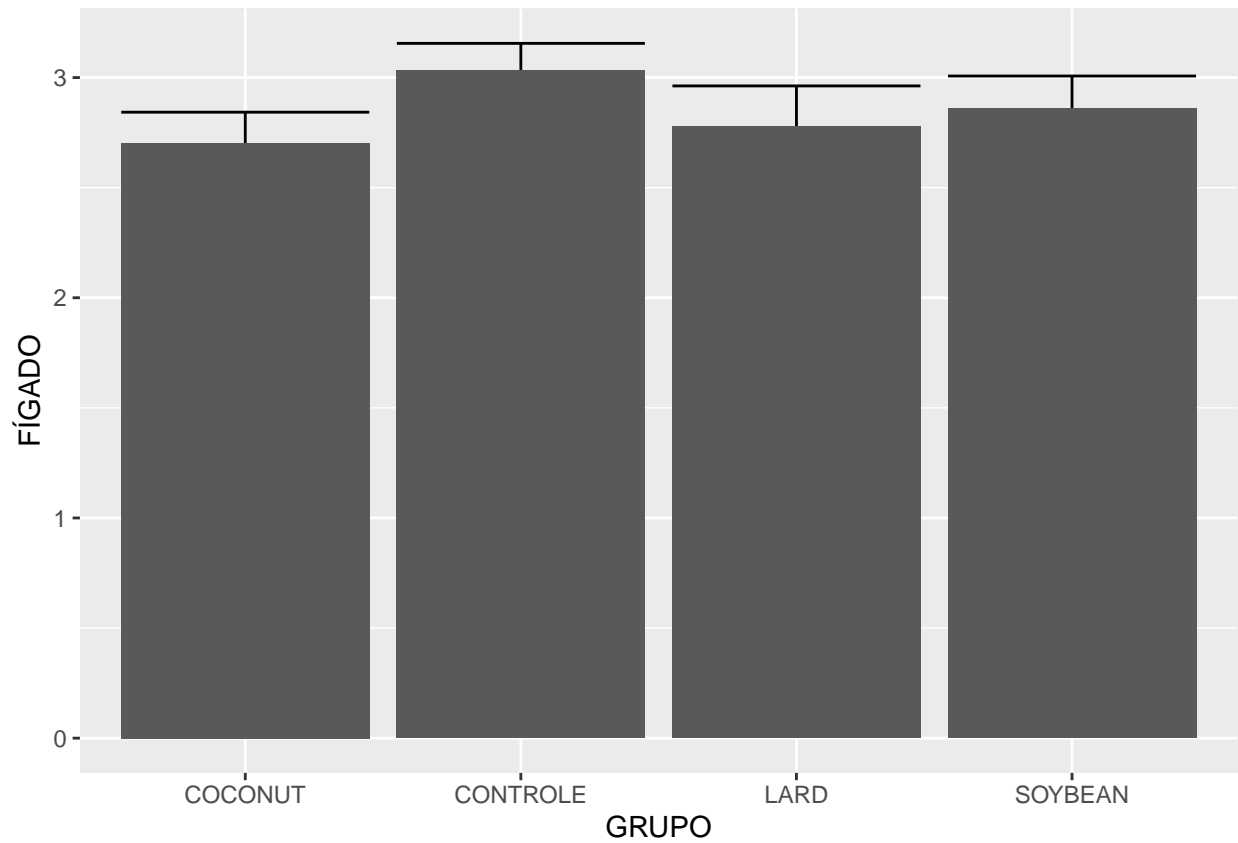


Gráfico de barras de erro para `baço (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `baço (%)`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `baço (%)`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

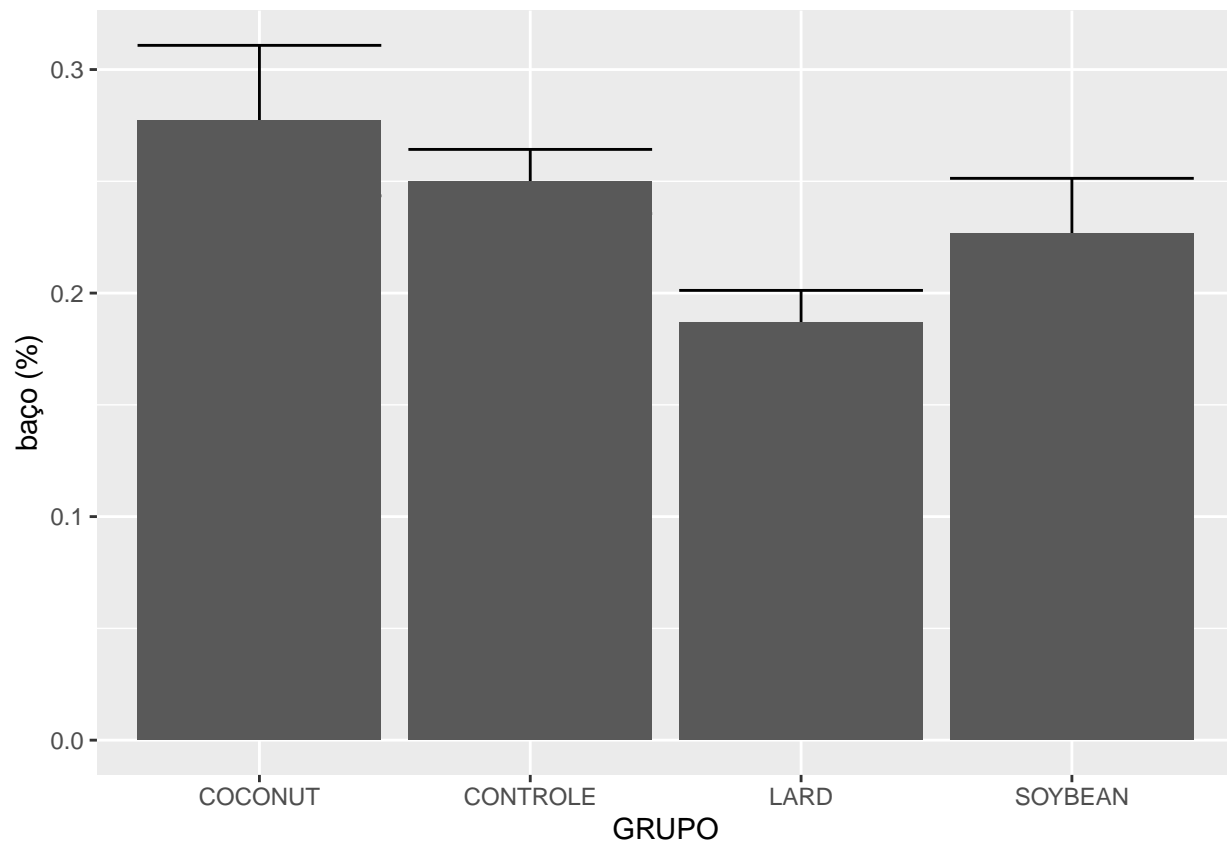


Gráfico de barras de erro para `BAÇO` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `BAÇO`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `BAÇO`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

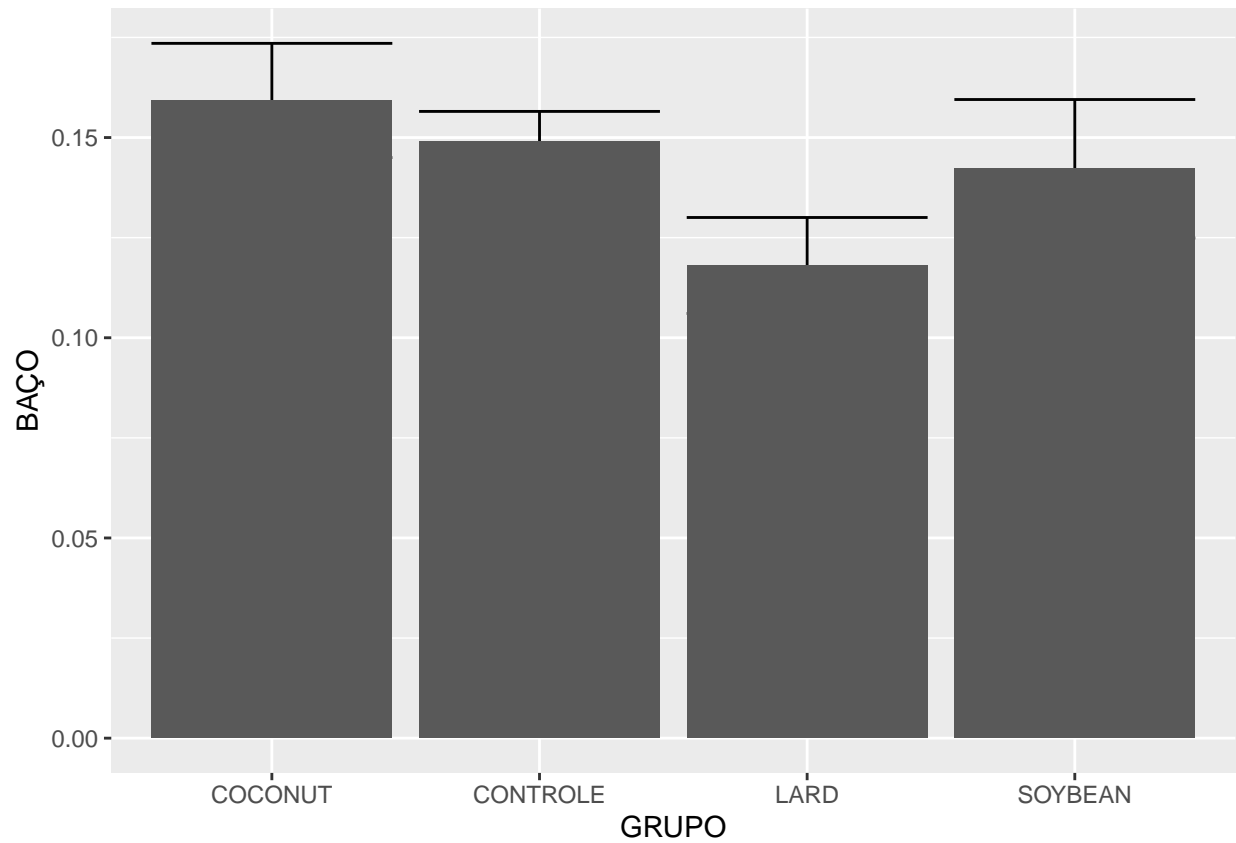
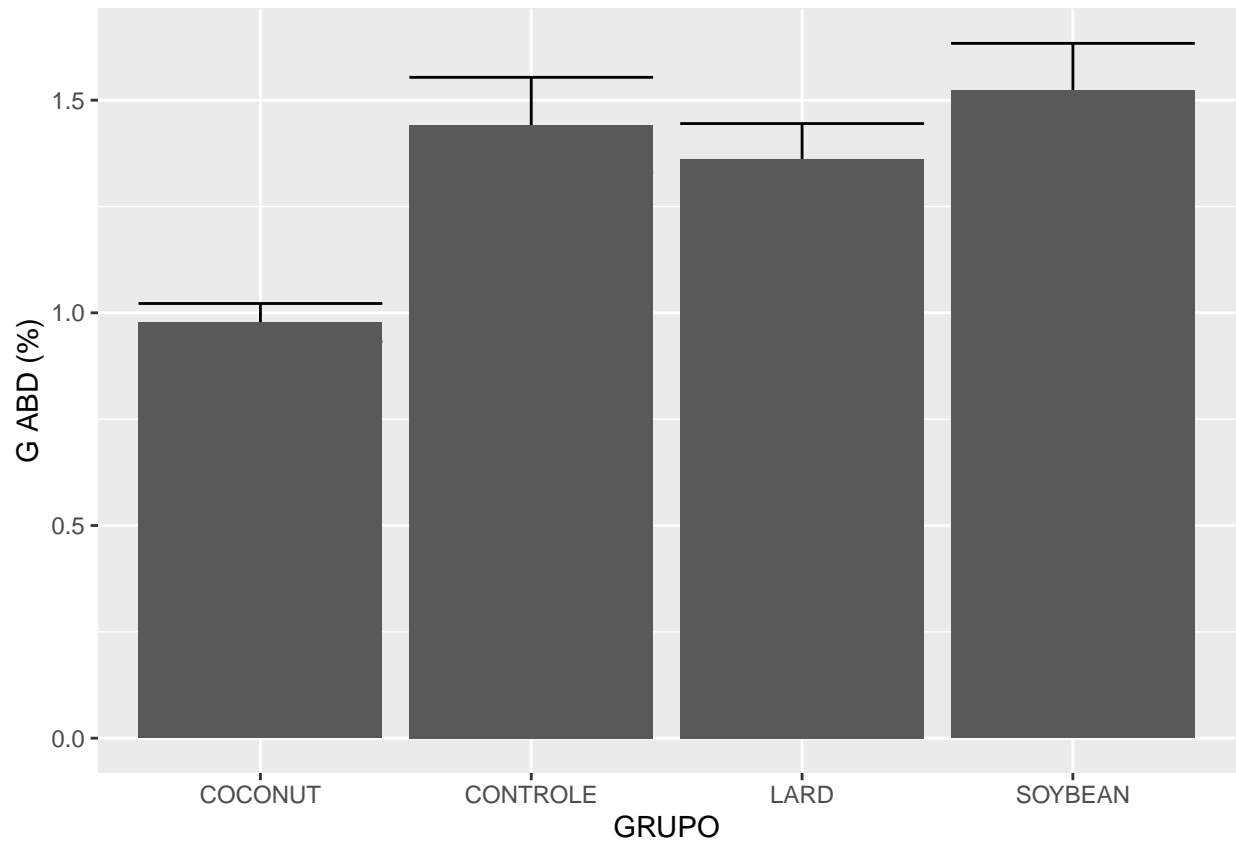


Gráfico de barras de erro para `G ABD (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABD (%)`),
               stat = "summary",
               fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABD (%)`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```



```
# Gráfico de barras de erro para `G ABDOMINAL` por Grupo

ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABDOMINAL`),
                stat = "summary",
                fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `G ABDOMINAL`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

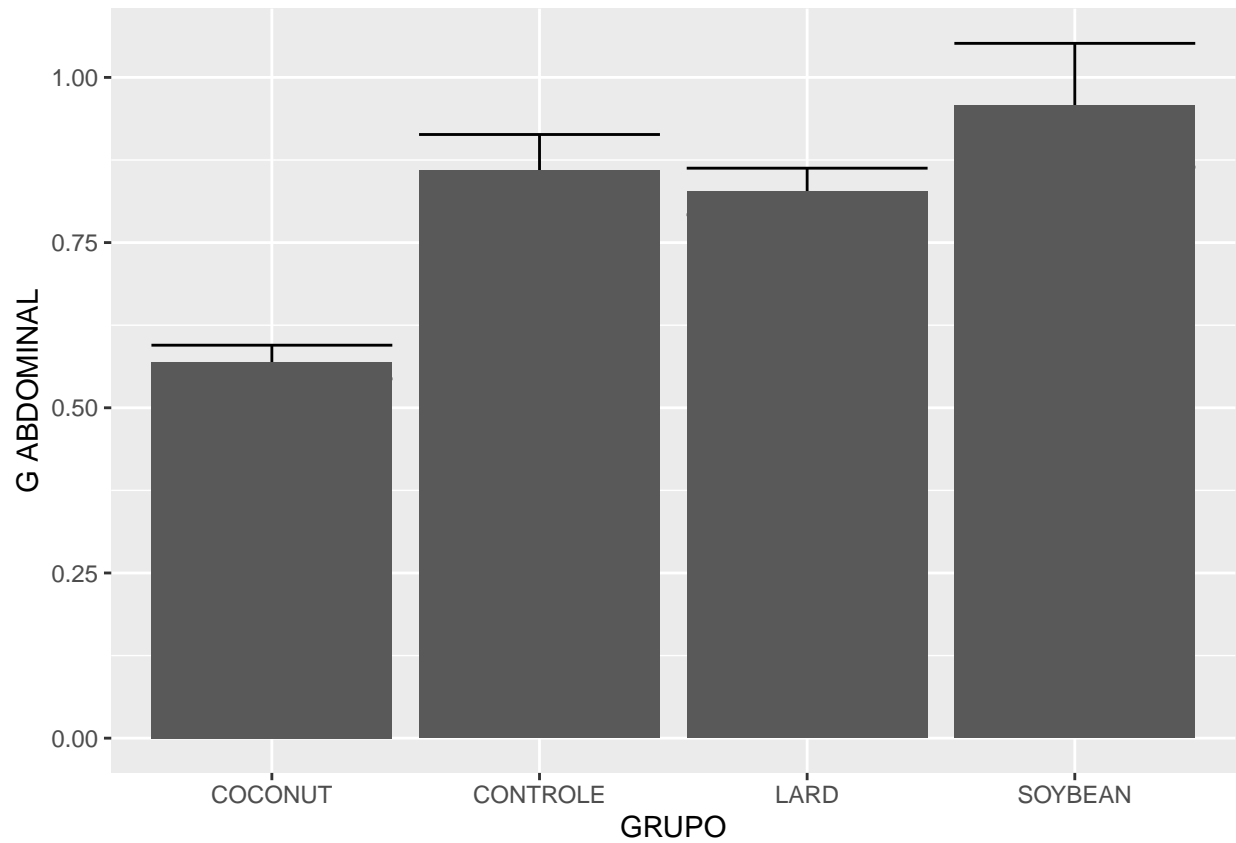


Gráfico de barras de erro para `GGD (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGD (%)`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGD (%)`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

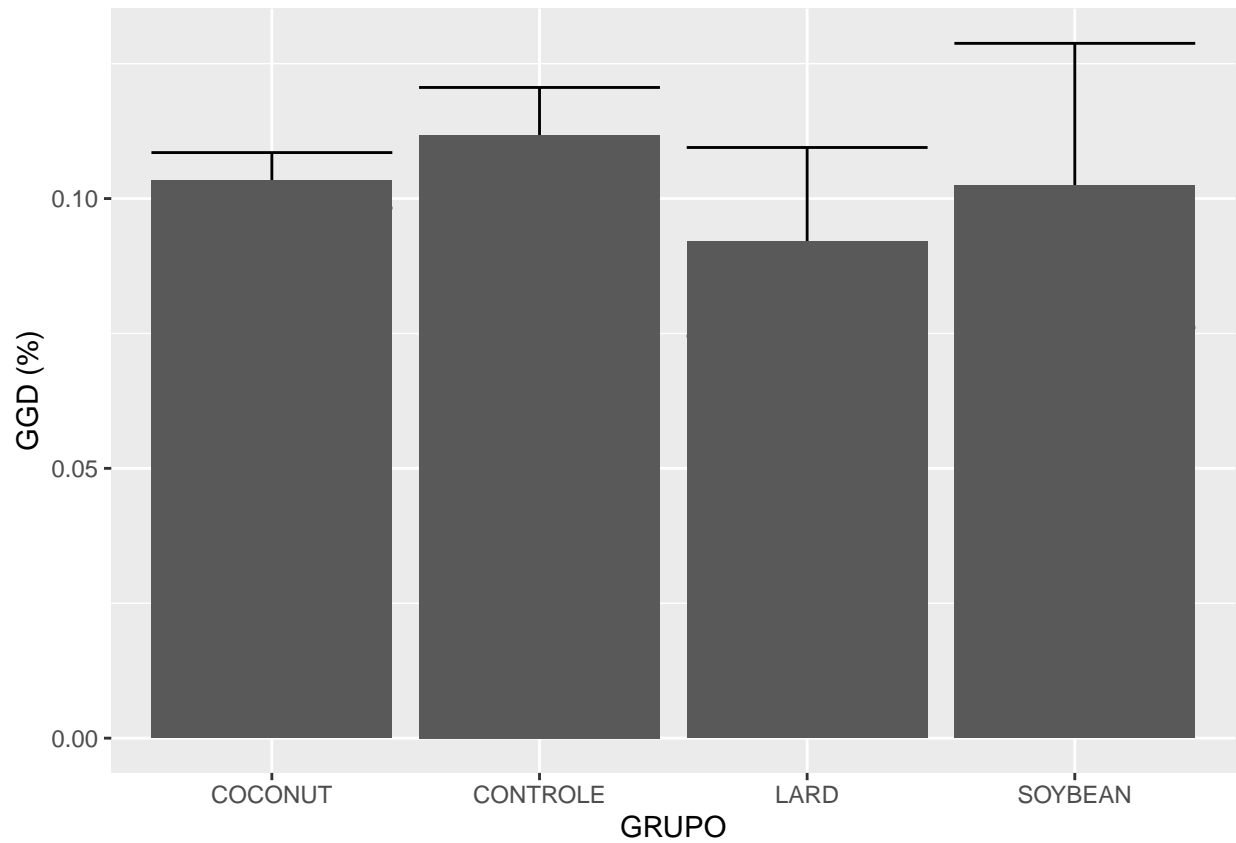


Gráfico de barras de erro para `GG D.` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG D.`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG D.`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

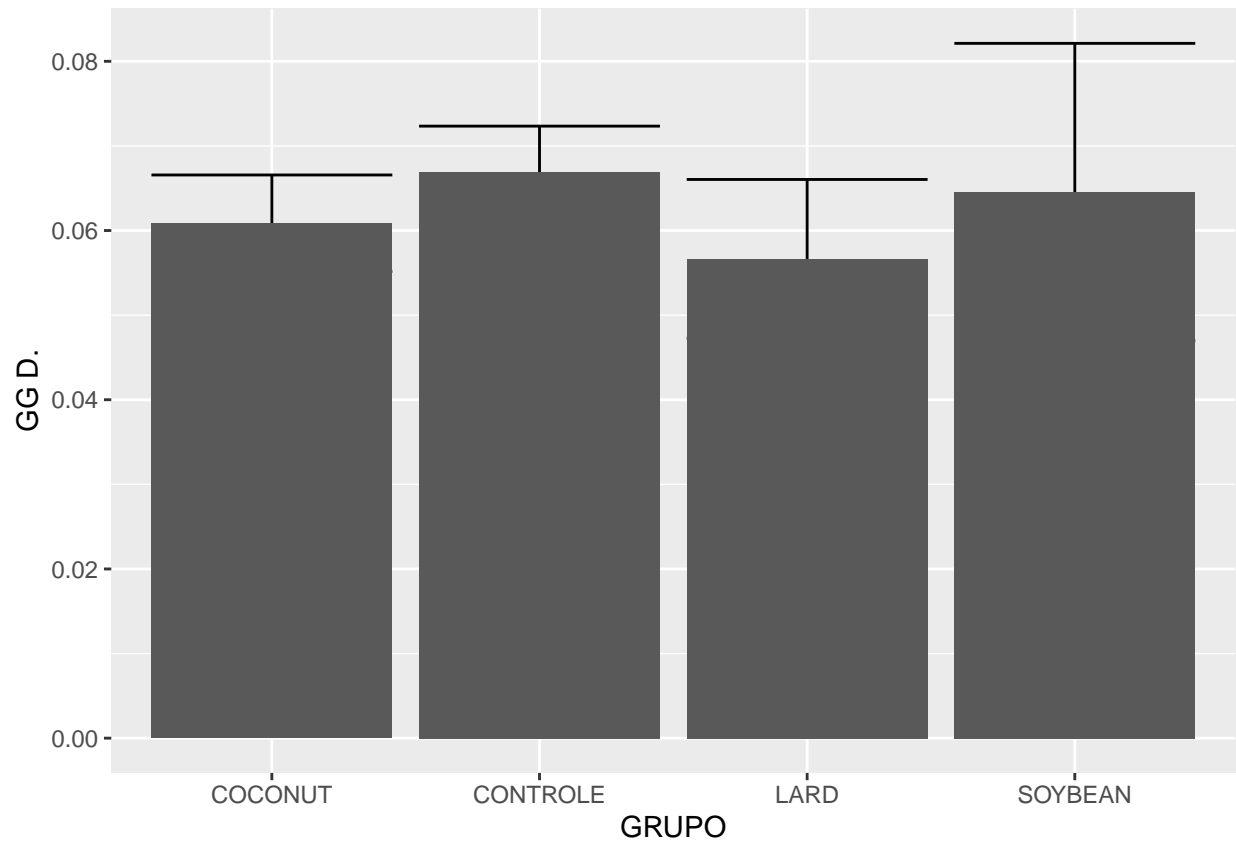


Gráfico de barras de erro para `GGE (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGE (%)`),
                stat = "summary",
                fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GGE (%)`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

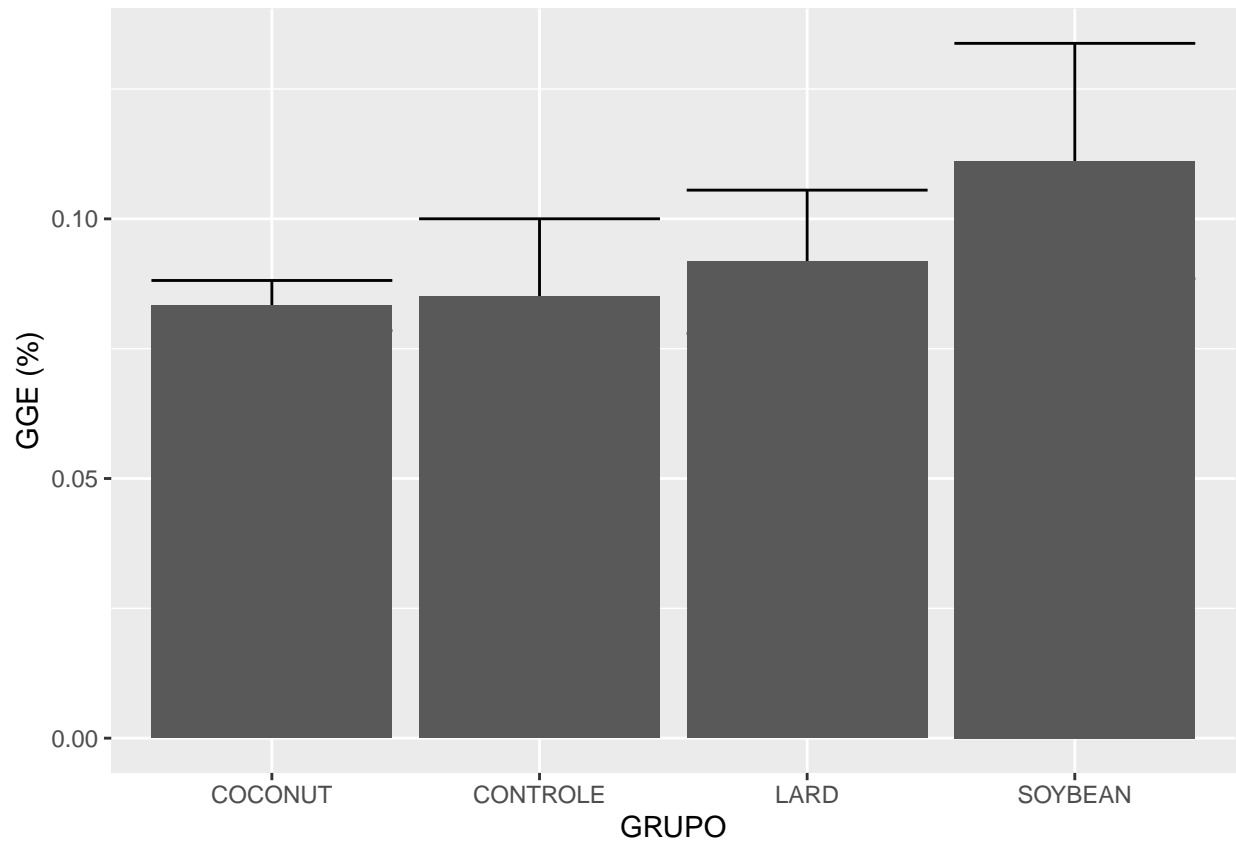



Gráfico de barras de erro para `GG ES.` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG ES.`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `GG ES.`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

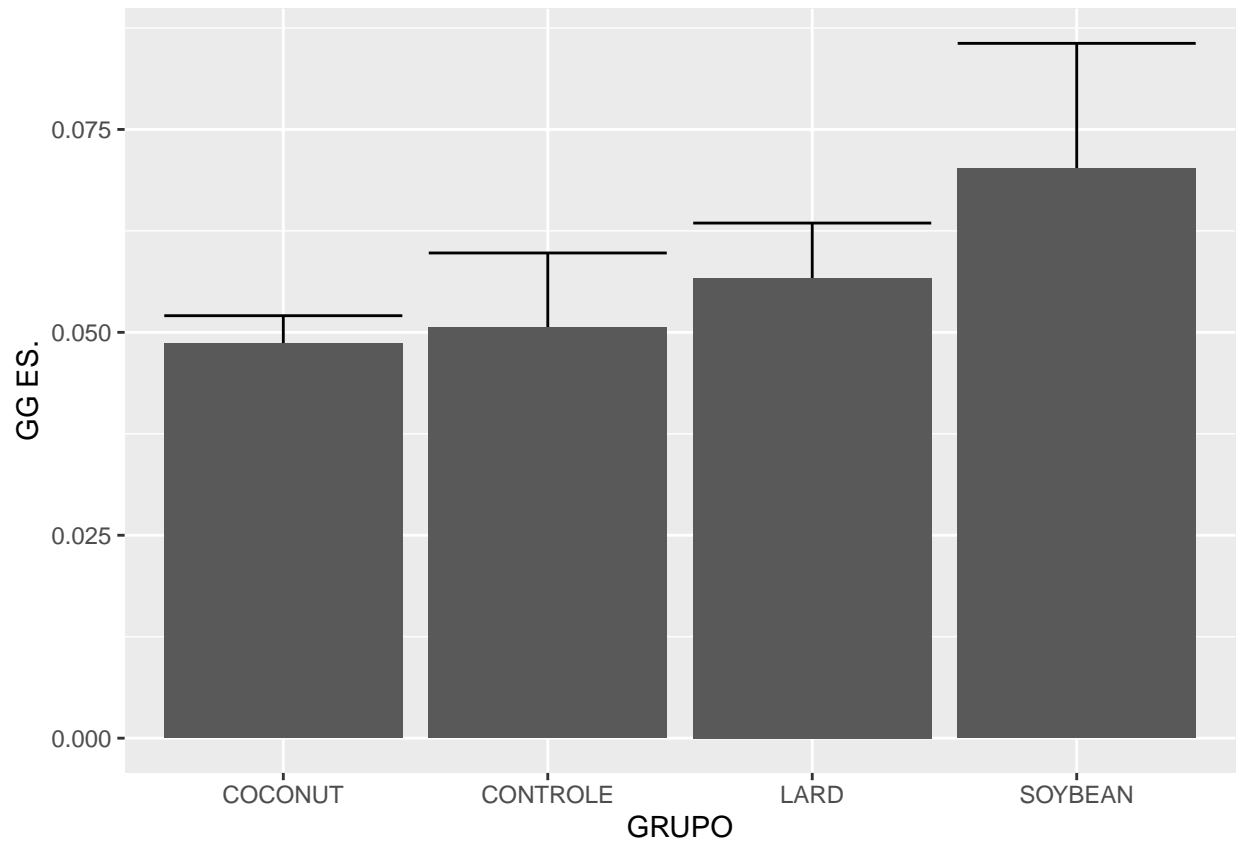


Gráfico de barras de erro para `OVA D (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA D (%)`),
               stat = "summary",
               fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA D (%)`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

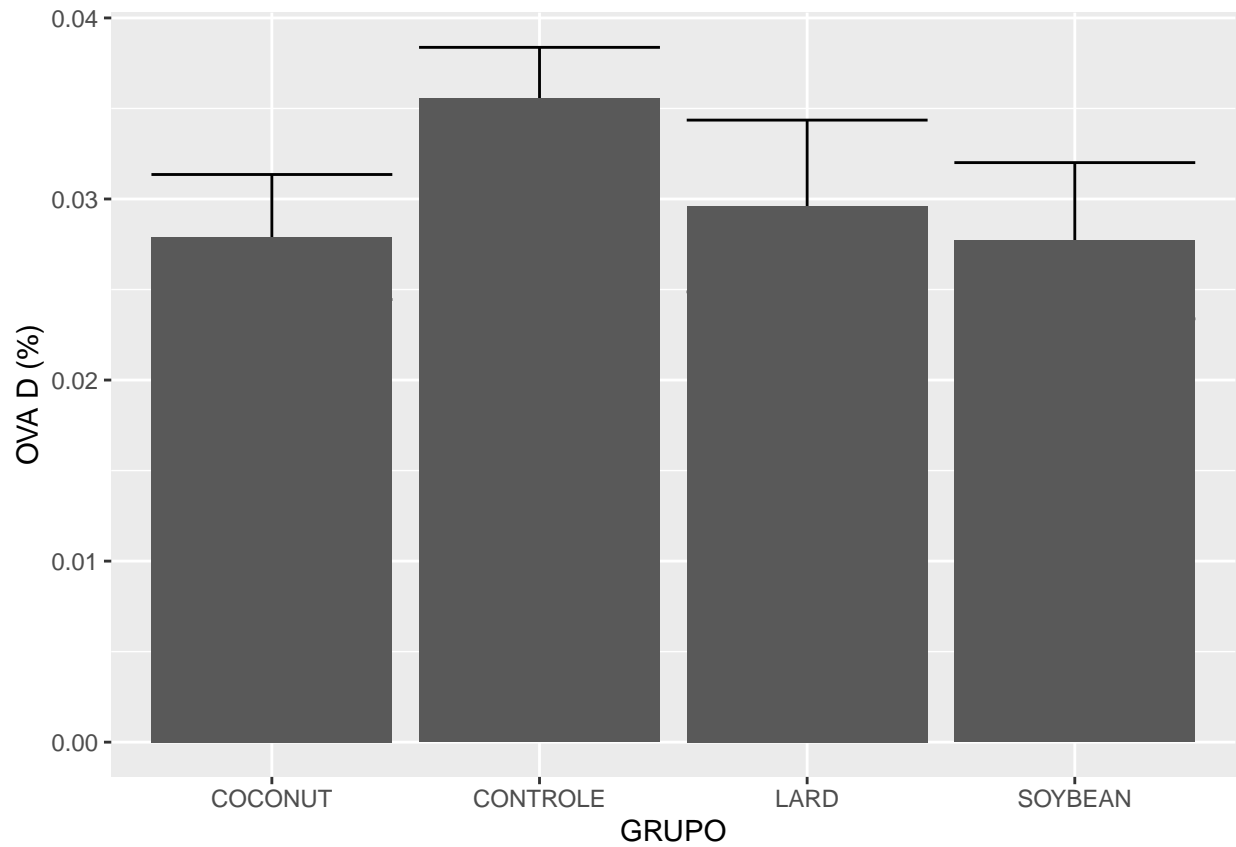


Gráfico de barras de erro para `OVÁRIO D.` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO D.`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO D.`),  
           stat = "summary",  
           fun = "mean")
```

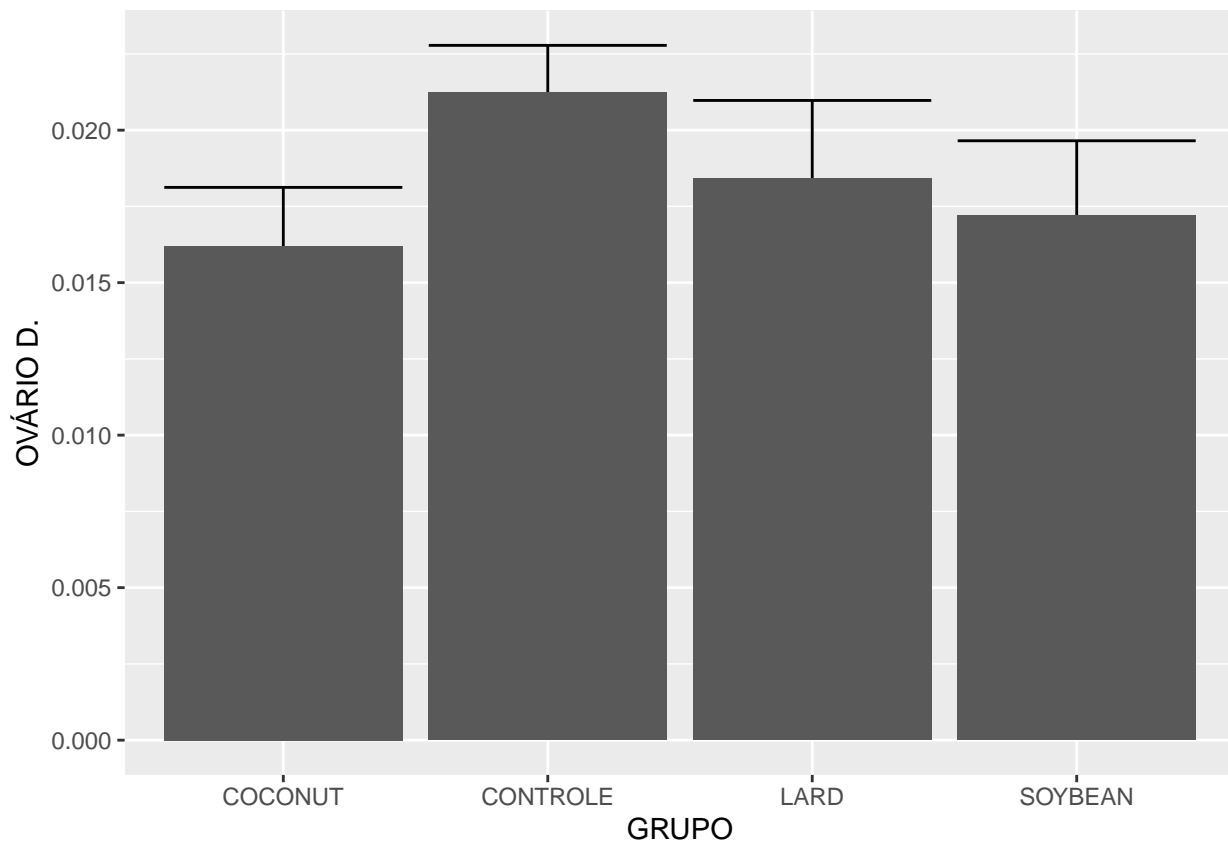


Gráfico de barras de erro para `OVA E (%)` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA E (%)`),
                stat = "summary",
                fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVA E (%)`),
           stat = "summary",
           fun = "mean")
```

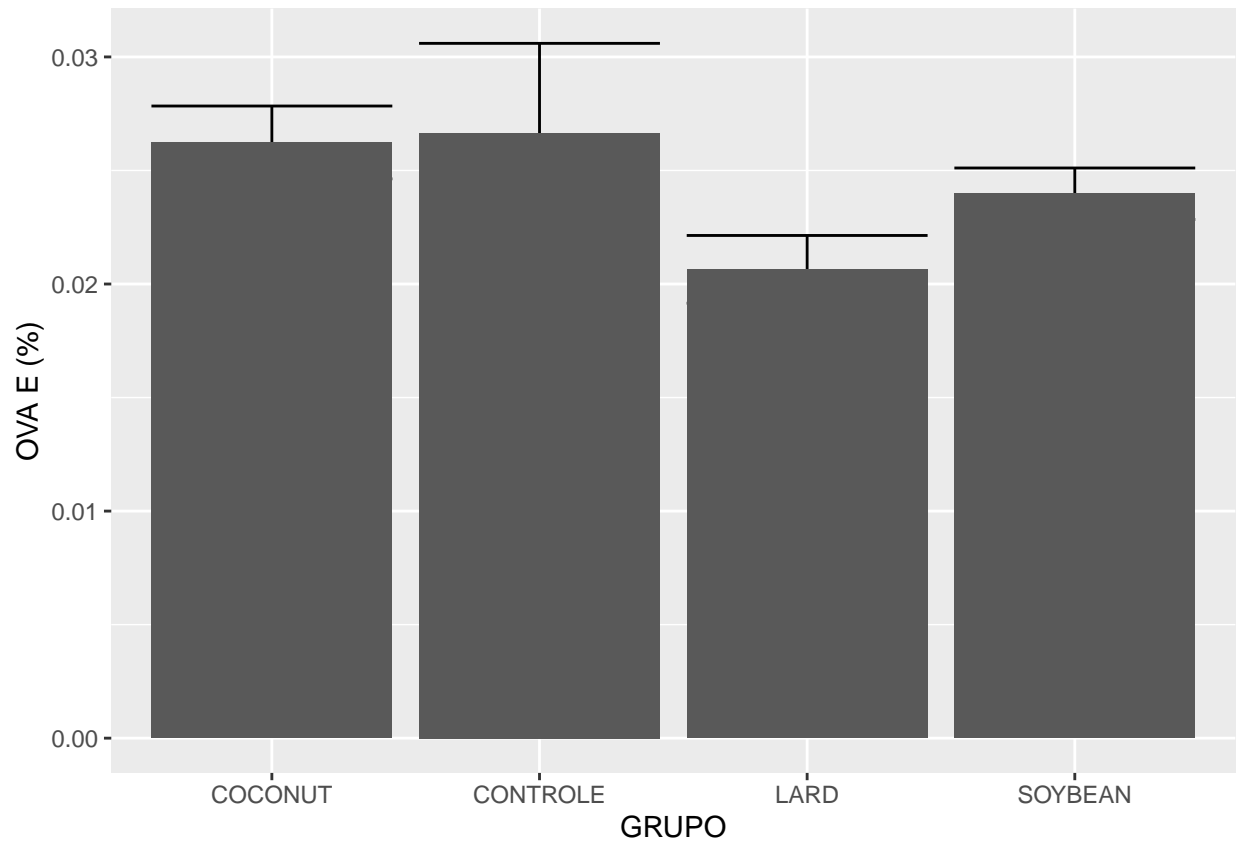


Gráfico de barras de erro para `OVÁRIO E.` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +  
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO E.`),  
                stat = "summary",  
                fun.data = "mean_se") +  
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `OVÁRIO E.`),  
            stat = "summary",  
            fun = "mean")
```

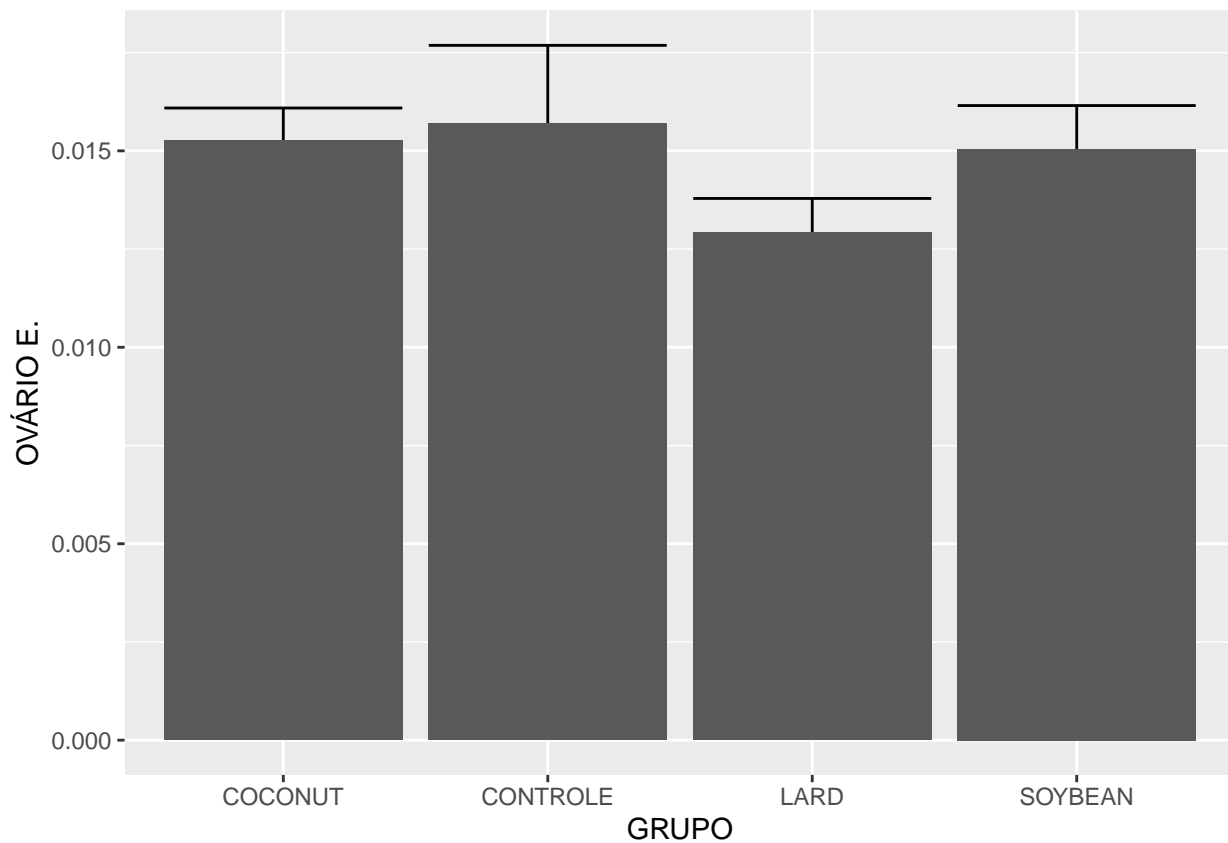
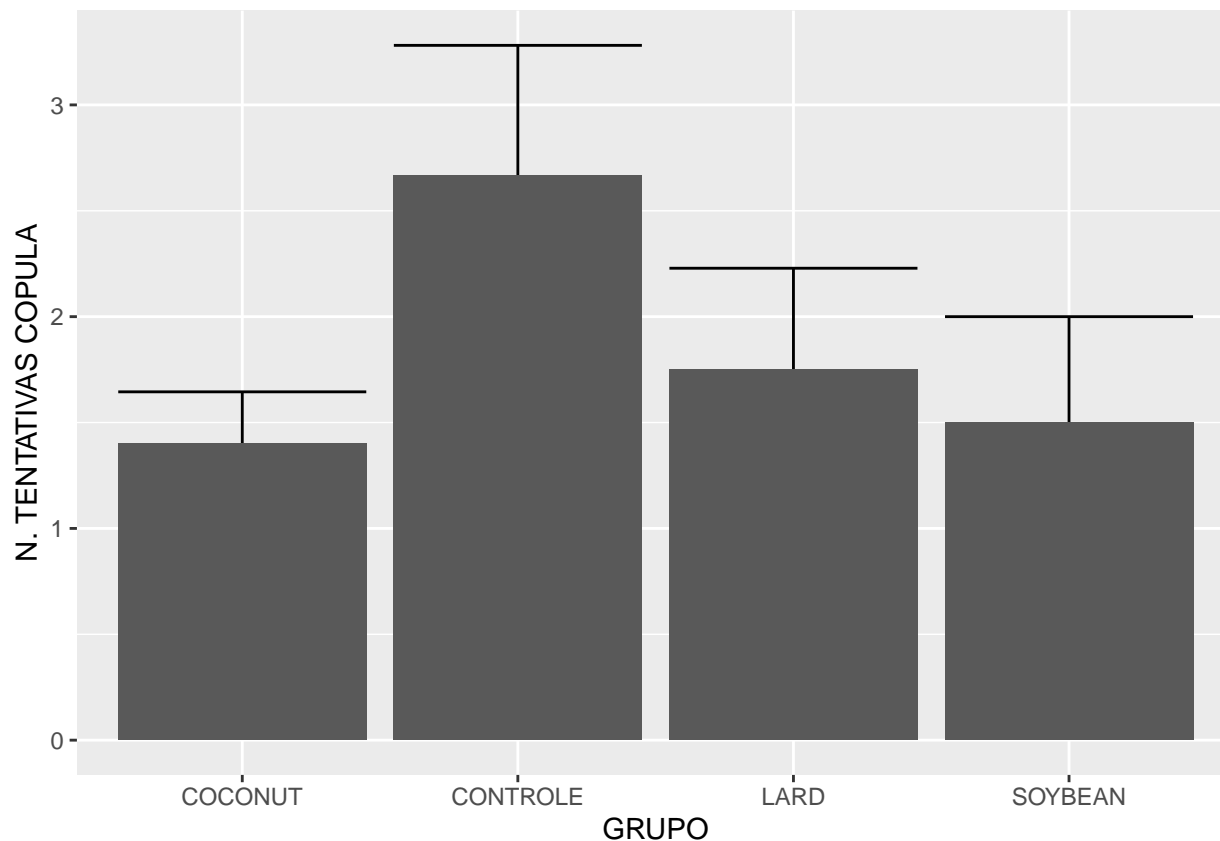


Gráfico de barras de erro para `N. TENTATIVAS COPULA` por Grupo

```
ggplot(data = dados_mae) +
  geom_errorbar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. TENTATIVAS COPULA`),
    stat = "summary",
    fun.data = "mean_se") +
  geom_bar(mapping = aes(x = `GRUPO`, y = `N. TENTATIVAS COPULA`),
    stat = "summary",
    fun = "mean")
```



Como também já vimos, esses são os gráficos de barras de erros, que auxiliam na interpretação, além de mostrar os valores das médias e dos erros padrões por tratamento

Resumo da tabela por tratamento

```
dados_coco <- dados_mae %>% filter(GRUPO == "COCONUT")

descritiva_coco <- dados_coco %>% get_summary_stats(`PESO 0`, `PESO FINAL`, `GANHO DE PESO`, `GANHO/FETO`,
  `N. FETOS`, `figado (%)`, `FÍGADO`, `baço (%)`,
  `BAÇO`, `G ABD (%)`, `G ABDOMINAL`, `GGD (%)`,
  `GG D.`, `GGE (%)`, `GG ES.`, `OVA D (%)`, `OVÁRIO D.`,
  `OVA E (%)`, `OVÁRIO E.`, `N. TENTATIVAS COPULA`)

descritiva_coco
```

```
## # A tibble: 20 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean    sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 PESO 0         5  30.7  37.5  34.2  34    35.5  1.5   1.93  34.4  2.48
## 2 PESO FINAL     5  50.5  67.9  58.8  55.6  59.8  4.2   4.74  58.5  6.38
## 3 GANHO DE P~    5  19.8  30.4  23.3  21.6  25.6  4     3.41  24.1  4.11
## 4 GANHO/FETO     5  1.94   2.4   2.03  1.98  2.33  0.348 0.126  2.13  0.213
## 5 N. FETOS       5    9    15    11    10    12    2     1.48  11.4  2.30
## 6 figado (%)     5  4.01  5.07  4.72  4.46  4.89  0.424 0.378  4.63  0.412
## 7 FÍGADO         5  2.36  3.03  2.82  2.38  2.92  0.54  0.31   2.70  0.312
```

```
## 8 baço (%)      5 0.189 0.363 0.3 0.208 0.326 0.118 0.093 0.277 0.075
## 9 BAÇO          5 0.111 0.183 0.179 0.141 0.181 0.04 0.006 0.159 0.032
## 10 G ABD (%)    5 0.876 1.14 0.953 0.941 0.971 0.03 0.026 0.977 0.1
## 11 G ABDOMINAL  5 0.487 0.647 0.571 0.563 0.578 0.015 0.012 0.569 0.057
## 12 GGD (%)      5 0.095 0.123 0.099 0.095 0.105 0.009 0.005 0.103 0.011
## 13 GG D.        5 0.053 0.083 0.057 0.053 0.058 0.005 0.006 0.061 0.013
## 14 GGE (%)      5 0.071 0.094 0.089 0.072 0.091 0.018 0.007 0.083 0.011
## 15 GG ES.       5 0.042 0.06 0.046 0.043 0.052 0.009 0.006 0.049 0.008
## 16 OVA D (%)    5 0.019 0.038 0.024 0.024 0.034 0.01 0.008 0.028 0.008
## 17 OVÁRIO D.    5 0.011 0.023 0.016 0.014 0.017 0.003 0.004 0.016 0.004
## 18 OVA E (%)    5 0.023 0.031 0.026 0.023 0.028 0.005 0.004 0.026 0.004
## 19 OVÁRIO E.    5 0.013 0.017 0.016 0.014 0.017 0.003 0.003 0.015 0.002
## 20 N. TENTATI~  5 1 2 1 1 2 1 0 1.4 0.548
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_cont <- dados_mae %>% filter(GRUPO == "CONTROLE")
```

```
descritiva_cont <- dados_cont %>% get_summary_stats(`PESO 0`, `PESO FINAL`, `GANHO DE PESO`, `GANHO/FETO`,
`N. FETOS`, `figado (%)`, `FÍGADO`, `baço (%)`,
`BAÇO`, `G ABD (%)`, `G ABDOMINAL`, `GGD (%)`,
`GG D.`, `GGE (%)`, `GG ES.`, `OVA D (%)`, `OVÁRIO D.`,
`OVA E (%)`, `OVÁRIO E.`, `N. TENTATIVAS COPULA`)
```

```
descritiva_cont
```

```
## # A tibble: 20 x 13
```

```
##   variable      n    min    max median    q1    q3    iqr    mad    mean    sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 PESO 0        6 32.2    38    33.5 33.0 34.5 1.5 1.33 34.1 2.07
## 2 PESO FINAL    6 54     64.6 60.4 57.3 62.9 5.58 4.74 59.9 4.07
## 3 GANHO DE P~   6 21.1   28.8 25.8 24.7 28.0 3.3 2.89 25.8 2.86
## 4 GANHO/FETO    6 2.04   2.88 2.26 2.22 2.33 0.107 0.095 2.33 0.287
## 5 N. FETOS      6 9      14    11    10.2 11.8 1.5 1.48 11.2 1.72
## 6 figado (%)    6 4.50   5.65 5.03 4.68 5.48 0.797 0.727 5.07 0.493
## 7 FÍGADO        6 2.84   3.63 2.91 2.85 3.02 0.174 0.101 3.03 0.305
## 8 baço (%)      6 0.198 0.286 0.262 0.225 0.274 0.049 0.026 0.25 0.035
## 9 BAÇO          6 0.123 0.177 0.151 0.14 0.155 0.016 0.014 0.149 0.018
## 10 G ABD (%)    6 1.18   1.96 1.39 1.29 1.45 0.165 0.135 1.44 0.275
## 11 G ABDOMINAL  6 0.723 1.06 0.852 0.744 0.934 0.19 0.156 0.859 0.134
## 12 GGD (%)      6 0.08   0.133 0.117 0.097 0.129 0.032 0.023 0.112 0.022
## 13 GG D.        6 0.047 0.086 0.07 0.06 0.071 0.011 0.01 0.067 0.013
## 14 GGE (%)      6 0.016 0.125 0.093 0.087 0.097 0.01 0.008 0.085 0.037
## 15 GG ES.       6 0.01   0.079 0.056 0.049 0.056 0.007 0.007 0.051 0.022
## 16 OVA D (%)    6 0.03   0.049 0.033 0.032 0.036 0.003 0.003 0.036 0.007
## 17 OVÁRIO D.    6 0.016 0.028 0.021 0.02 0.021 0.001 0.001 0.021 0.004
## 18 OVA E (%)    6 0.019 0.043 0.024 0.019 0.031 0.012 0.008 0.027 0.01
## 19 OVÁRIO E.    6 0.012 0.024 0.015 0.012 0.017 0.005 0.004 0.016 0.005
## 20 N. TENTATI~  6 1      5      2      2      3.5 1.5 0.741 2.67 1.51
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_lard <- dados_mae %>% filter(GRUPO == "LARD")
```

```
descritiva_lard <- dados_lard %>% get_summary_stats(`PESO 0`, `PESO FINAL`, `GANHO DE PESO`, `GANHO/FETO`,
```



```
`N. FETOS`, `figado (%)`, `FÍGADO`, `baço (%)`,
`BAÇO`, `G ABD (%)`, `G ABDOMINAL`, `GGD (%)`,
`GG D.`, `GGE (%)`, `GG ES.`, `OVA D (%)`, `OVÁRIO D.`,
`OVA E (%)`, `OVÁRIO E.`, `N. TENTATIVAS COPULA`)
```

```
descritiva_lard
```

```
## # A tibble: 20 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean    sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 PESO 0          4 34     36.7  34.4  34.2  35.0  0.75 0.297 34.8  1.25
## 2 PESO FINAL      4 56.6   68.4  63.2  61.2  64.8  3.62 4.22 62.8  4.85
## 3 GANHO DE P~      4 22.2   34.4  27.6  25.7  29.9  4.18 4.60 28.0  5.03
## 4 GANHO/FETO      4 2.37    2.65  2.46  2.43  2.51  0.086 0.074 2.48  0.118
## 5 N. FETOS        4 9       13    11.5  10.5  12.2  1.75 1.48 11.2  1.71
## 6 figado (%)      4 4.14    5.03  4.24  4.16  4.49  0.325 0.129 4.41  0.42
## 7 FÍGADO          4 2.36    3.20  2.77  2.54  3.01  0.475 0.433 2.78  0.372
## 8 baço (%)        4 0.145   0.211 0.196 0.179 0.203 0.024 0.015 0.187 0.029
## 9 BAÇO           4 0.082   0.132 0.129 0.116 0.131 0.015 0.003 0.118 0.024
## 10 G ABD (%)      3 1.20    1.48  1.41  1.30  1.44  0.138 0.097 1.36  0.144
## 11 G ABDOMINAL    3 0.763   0.884 0.835 0.799 0.86  0.061 0.073 0.827 0.061
## 12 GGD (%)        4 0.044   0.125 0.099 0.078 0.113 0.035 0.026 0.092 0.035
## 13 GG D.          4 0.03    0.071 0.063 0.05  0.07  0.02  0.011 0.057 0.019
## 14 GGE (%)        4 0.057   0.122 0.094 0.078 0.108 0.03  0.028 0.092 0.028
## 15 GG ES.         4 0.039   0.069 0.059 0.05  0.066 0.017 0.012 0.057 0.014
## 16 OVA D (%)      4 0.022   0.042 0.027 0.023 0.034 0.012 0.007 0.03  0.009
## 17 OVÁRIO D.      4 0.014   0.024 0.018 0.014 0.022 0.008 0.006 0.018 0.005
## 18 OVA E (%)      4 0.018   0.025 0.02  0.019 0.022 0.003 0.002 0.021 0.003
## 19 OVÁRIO E.      4 0.012   0.016 0.012 0.012 0.013 0.001 0 0.013 0.002
## 20 N. TENTATI~    4 1       3     1.5  1     2.25 1.25 0.741 1.75  0.957
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

```
dados_soy <- dados_mae %>% filter(GRUPO == "SOYBEAN")
```

```
descritiva_soy <- dados_soy %>% get_summary_stats(`PESO 0`, `PESO FINAL`, `GANHO DE PESO`, `GANHO/FETO`,
`N. FETOS`, `figado (%)`, `FÍGADO`, `baço (%)`,
`BAÇO`, `G ABD (%)`, `G ABDOMINAL`, `GGD (%)`,
`GG D.`, `GGE (%)`, `GG ES.`, `OVA D (%)`, `OVÁRIO D.`,
`OVA E (%)`, `OVÁRIO E.`, `N. TENTATIVAS COPULA`)
```

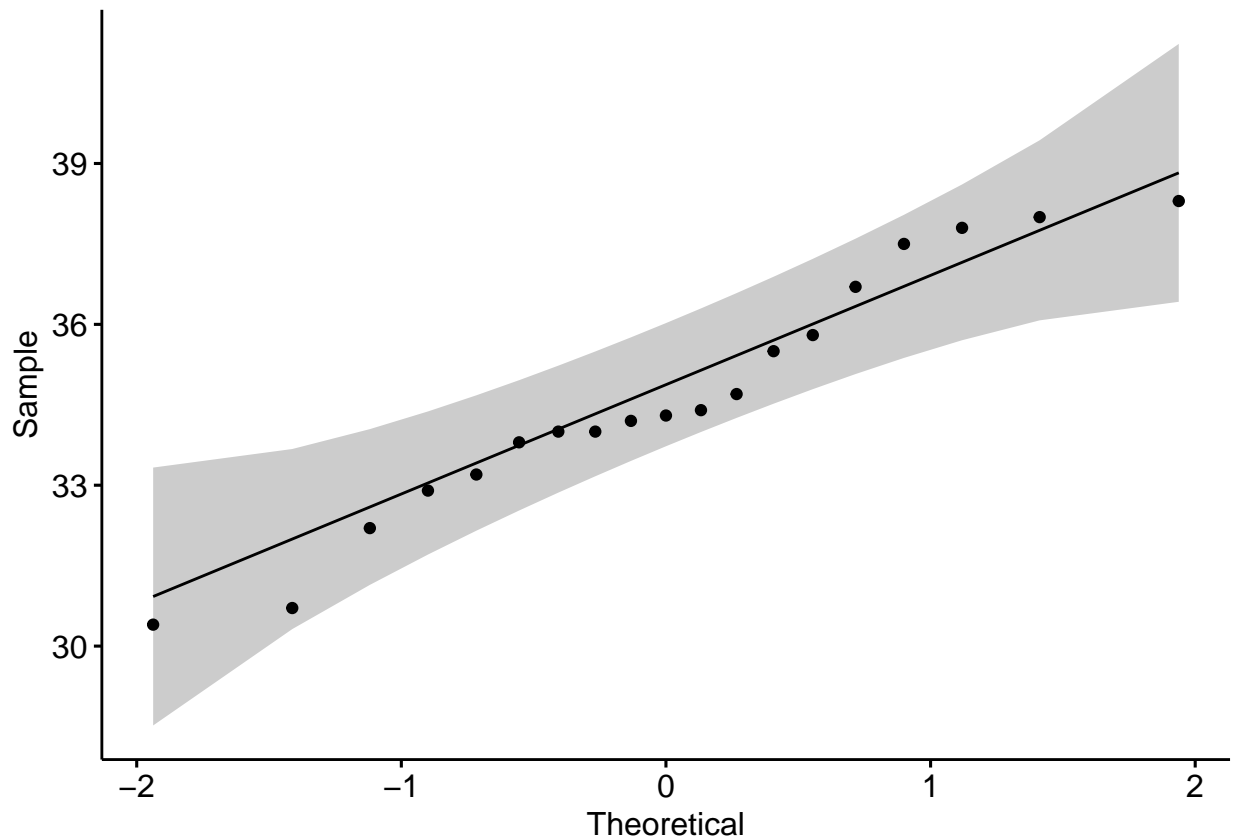
```
descritiva_soy
```

```
## # A tibble: 20 x 13
##   variable      n    min    max median    q1    q3   iqr   mad   mean    sd
##   <fct>      <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
## 1 PESO 0          4 30.4   38.3  36.8  34.4  37.9  3.48 1.85 35.6  3.62
## 2 PESO FINAL      4 58.3   66.2  62.8  60.3  65.1  4.75 3.86 62.6  3.58
## 3 GANHO DE P~      4 25.2   27.9  27.4  26.5  27.9  1.42 0.741 27.0  1.27
## 4 GANHO/FETO      4 2.1     2.54  2.38  2.27  2.47  0.199 0.157 2.35  0.189
## 5 N. FETOS        4 11      12    11.5  11    12    1     0.741 11.5  0.577
```

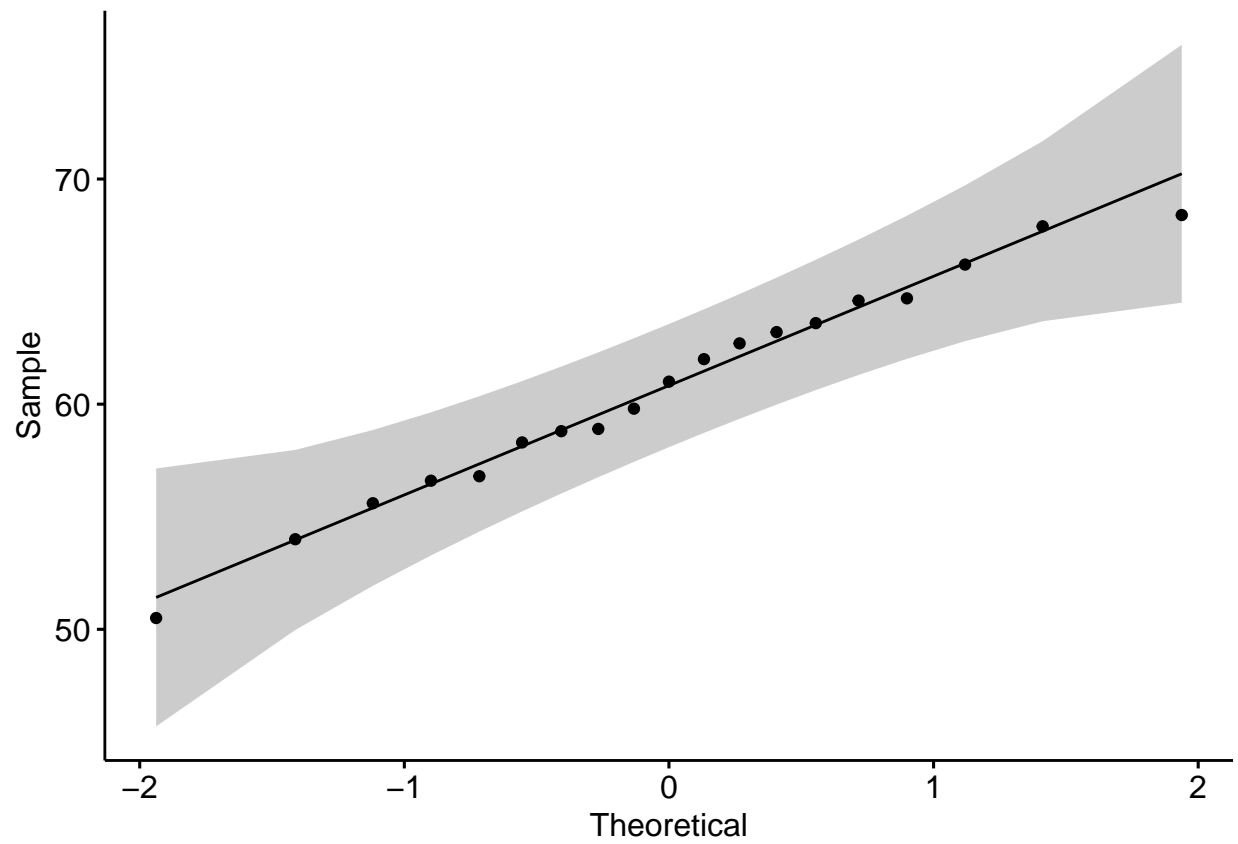
```
## 6 figado (%)      4  4.28  4.87  4.55  4.44  4.67  0.231 0.242  4.56  0.244
## 7 FÍGADO         4  2.50  3.15  2.90  2.68  3.07  0.395 0.302  2.86  0.298
## 8 baço (%)       4  0.18  0.295 0.216  0.2   0.242 0.042 0.033  0.227 0.049
## 9 BAÇO           4  0.11  0.191 0.134  0.126  0.151 0.025 0.02   0.142 0.035
## 10 G ABD (%)     4  1.20  1.71  1.59  1.46  1.65  0.189 0.124  1.52  0.222
## 11 G ABDOMINAL   4  0.703 1.13  0.998 0.882  1.07  0.191 0.141  0.958 0.187
## 12 GGD (%)       4  0.073 0.181 0.078  0.073  0.107 0.034 0.007  0.102 0.053
## 13 GG D.         4  0.044 0.117 0.048  0.047  0.066 0.018 0.003  0.065 0.035
## 14 GGE (%)       4  0.069 0.175 0.1   0.089  0.122 0.033 0.027  0.111 0.045
## 15 GG ES.        4  0.04   0.113 0.064  0.058  0.076 0.018 0.018  0.07  0.031
## 16 OVA D (%)     4  0.021 0.04  0.025 0.022  0.03  0.008 0.004  0.028 0.009
## 17 OVÁRIO D.     4  0.014 0.024 0.015 0.014  0.018 0.003 0.001  0.017 0.005
## 18 OVA E (%)     4  0.022 0.026 0.024 0.022  0.026 0.004 0.003  0.024 0.002
## 19 OVÁRIO E.     4  0.013 0.017 0.015 0.013  0.017 0.004 0.003  0.015 0.002
## 20 N. TENTATI~   4  1      3      1      1      1.5  0.5  0      1.5  1
## # ... with 2 more variables: se <dbl>, ci <dbl>
```

Análise de Normalidade

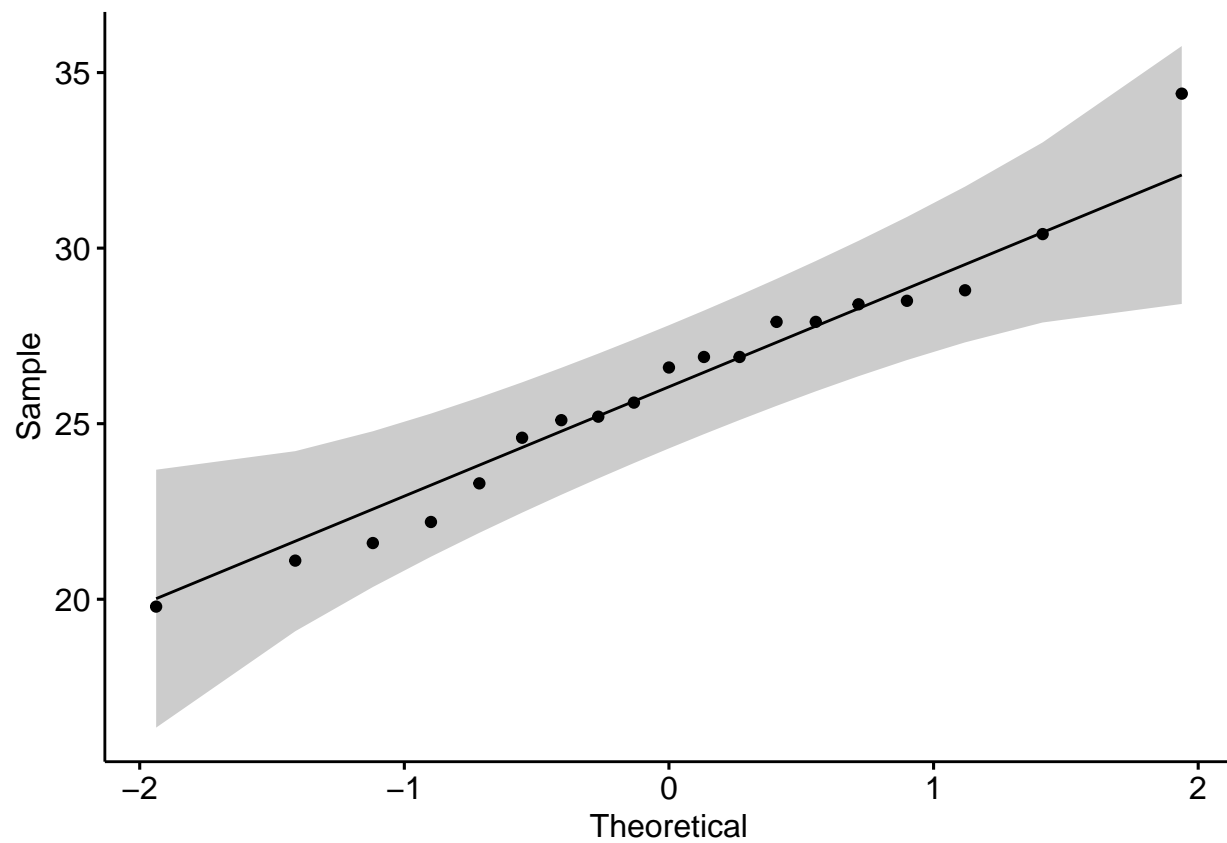
```
# QQ Normal Plot do ggpubr
ggqqplot(dados_mae$`PESO 0`)
```



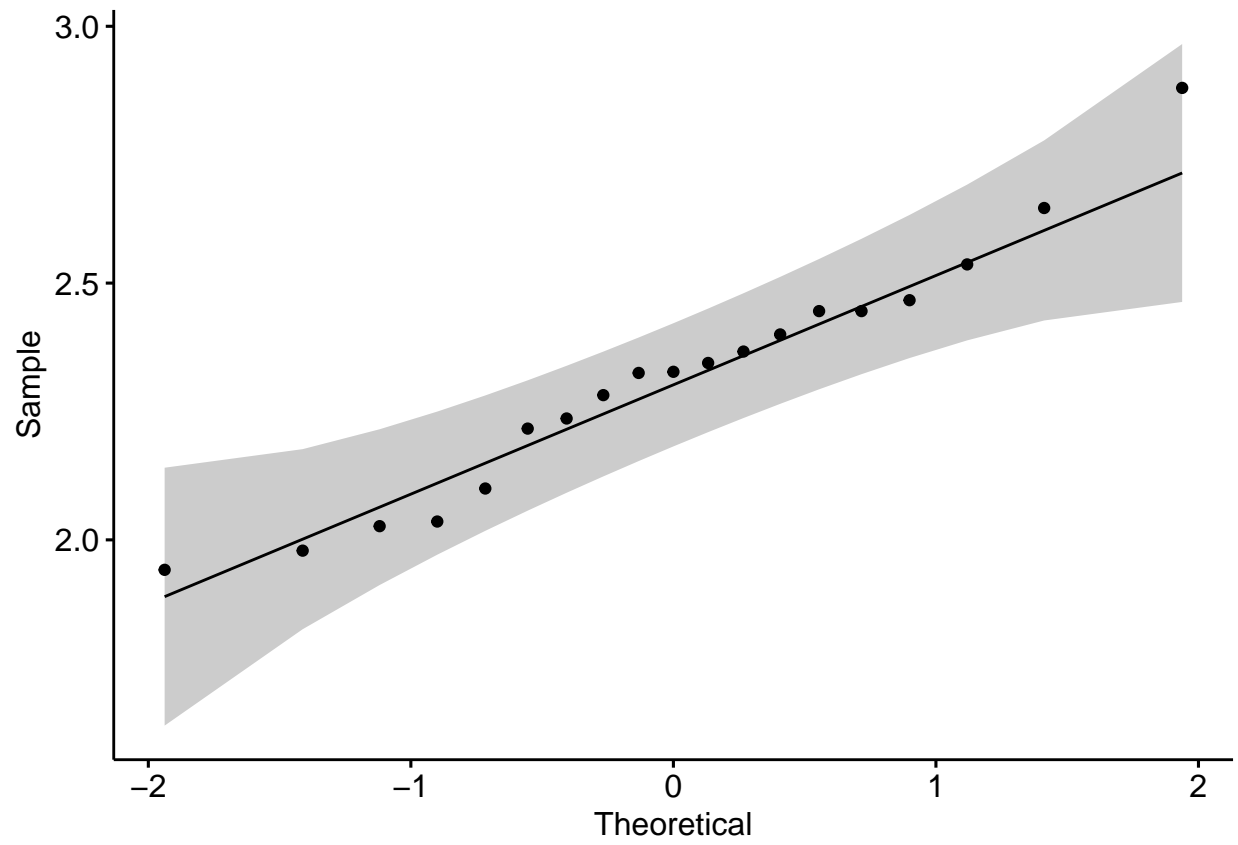
```
ggqqplot(dados_mae$`PESO FINAL`)
```



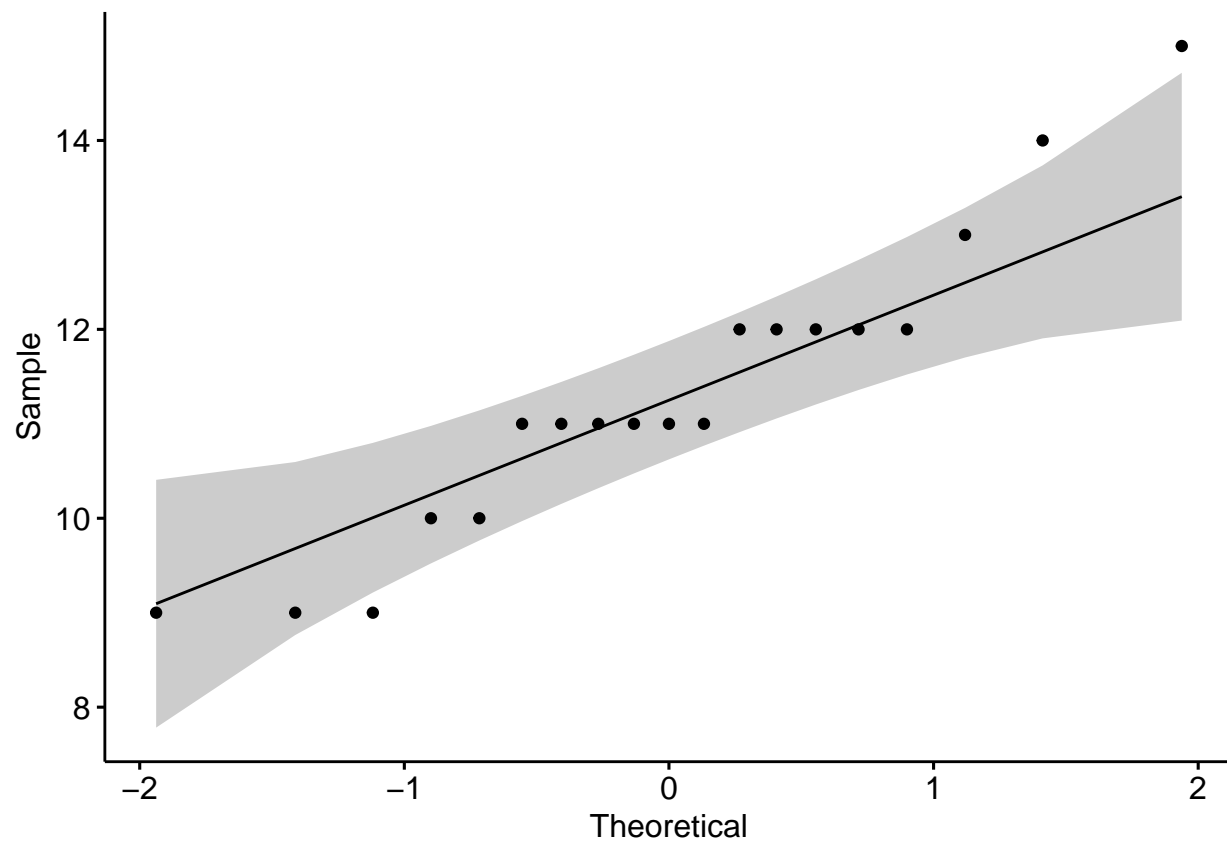
```
ggqqplot(dados_mae$`GANHO DE PESO`)
```



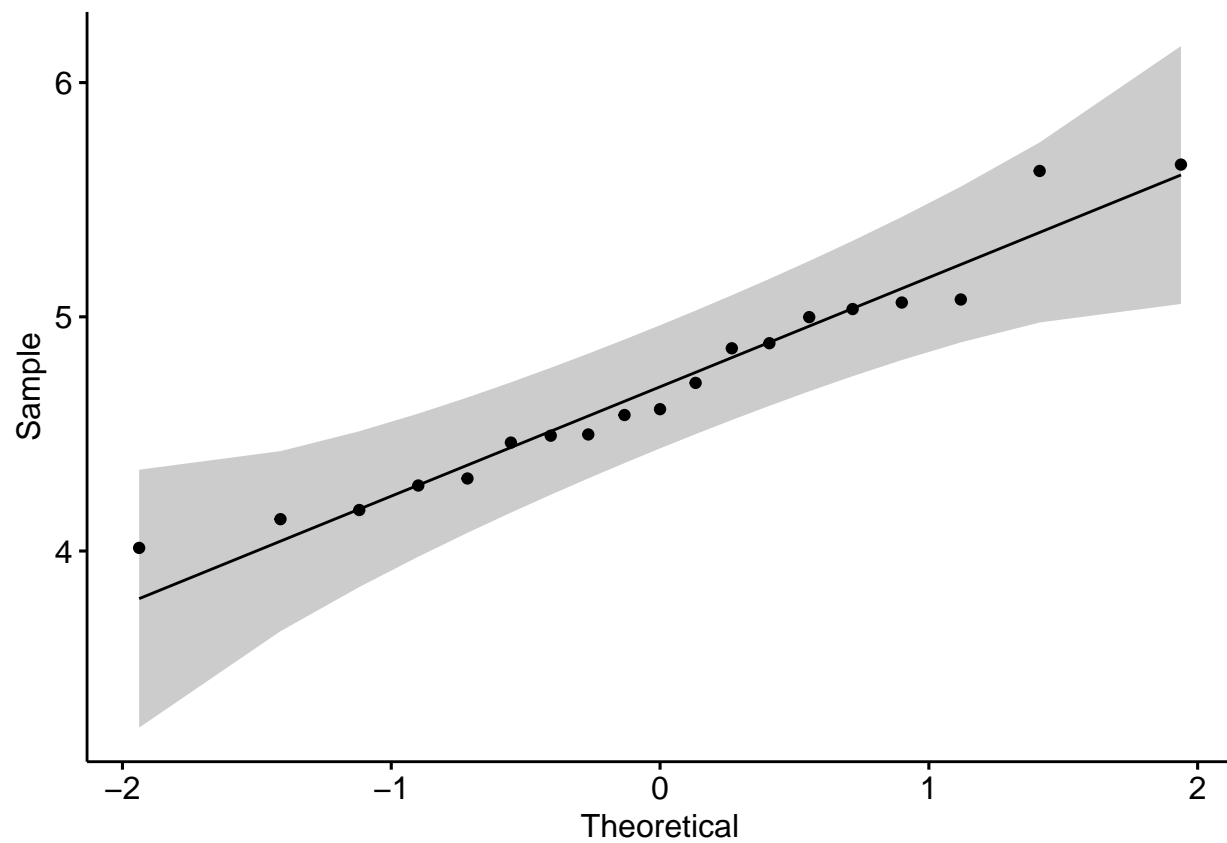
```
ggqqplot(dados_mae$`GANHO/FETO`)
```



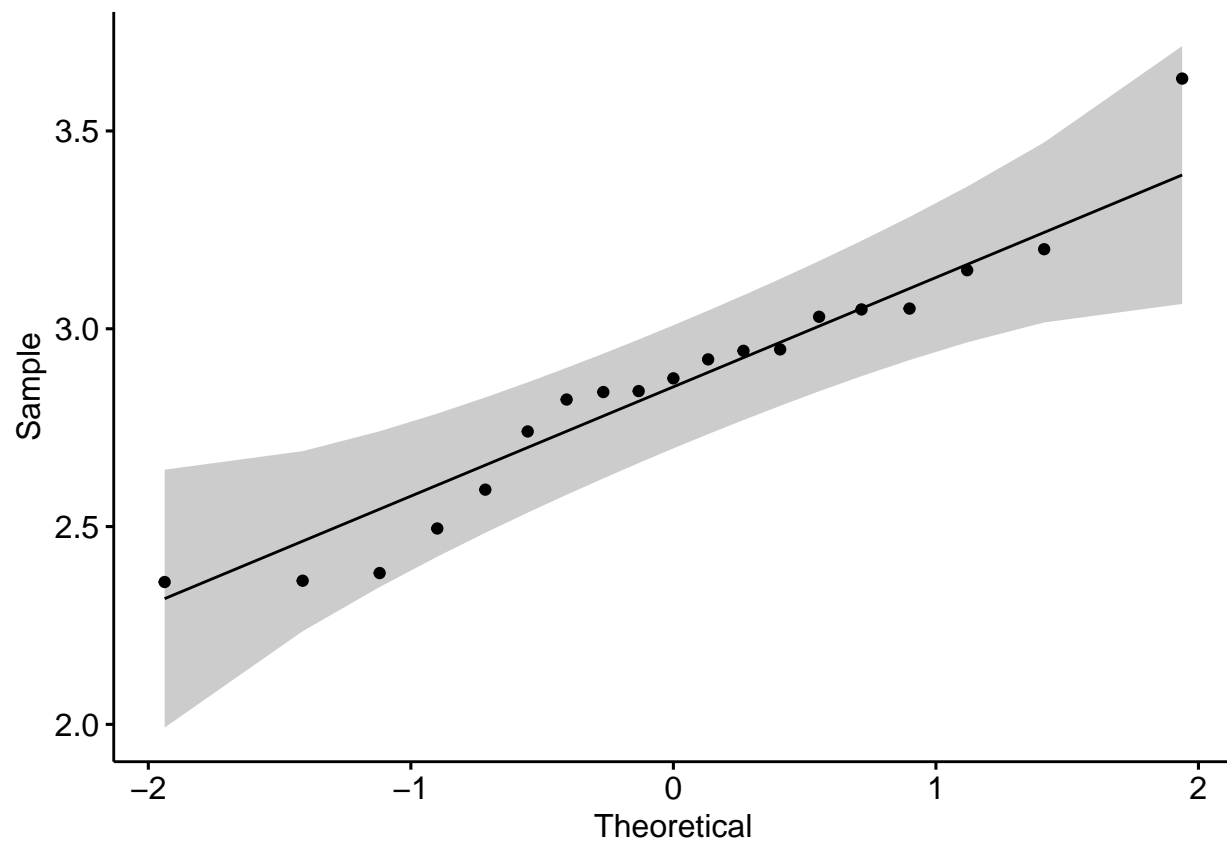
```
ggqqplot(dados_mae$`N. FETOS`)
```



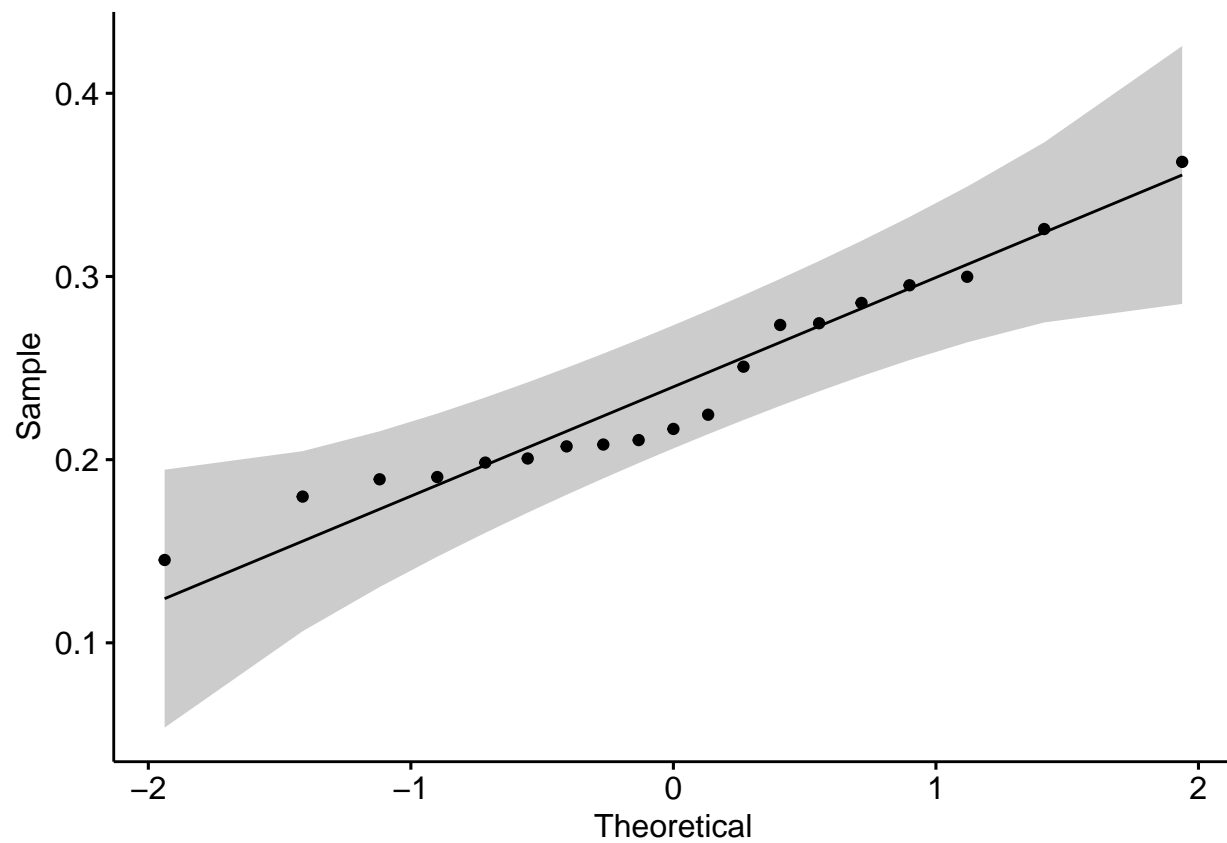
```
ggqqplot(dados_mae$`figado (%)`)
```



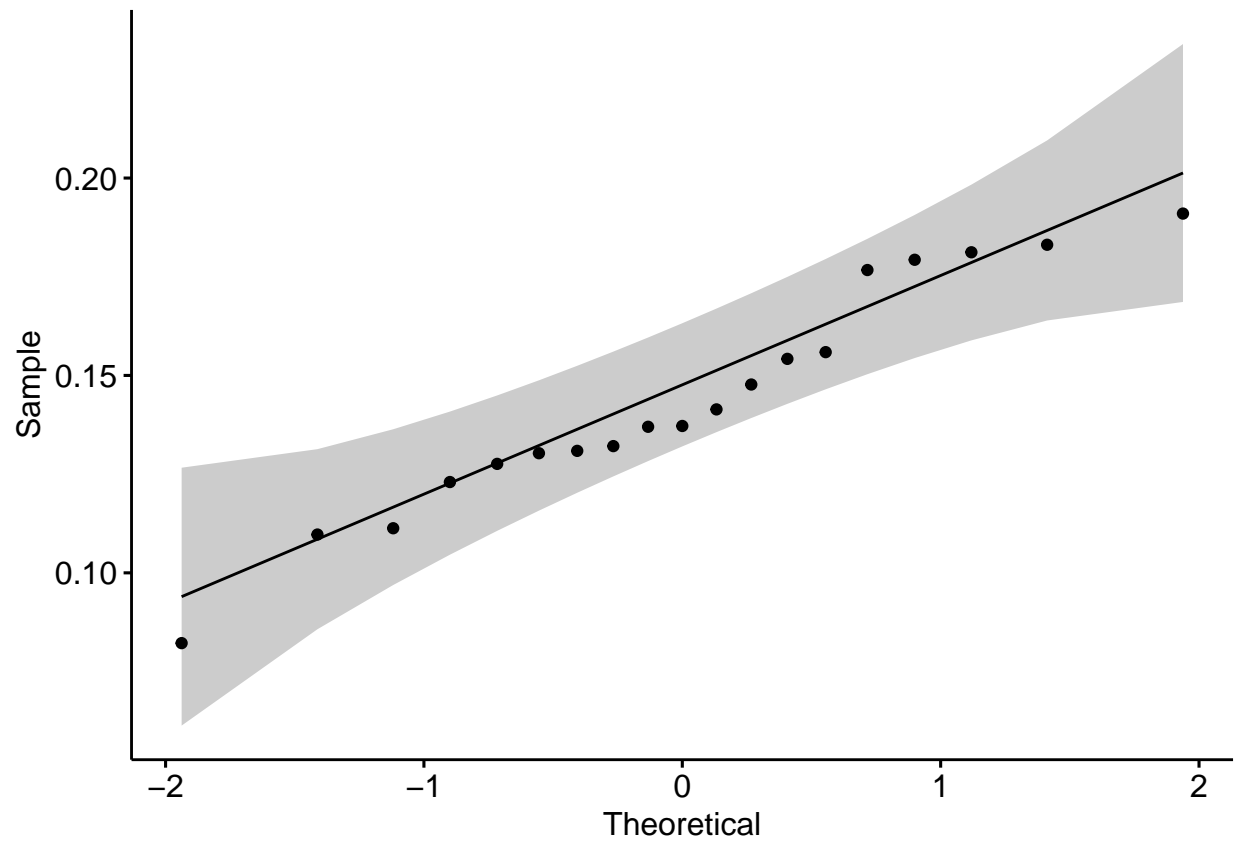
```
ggqqplot(dados_mae$`FÍGADO`)
```



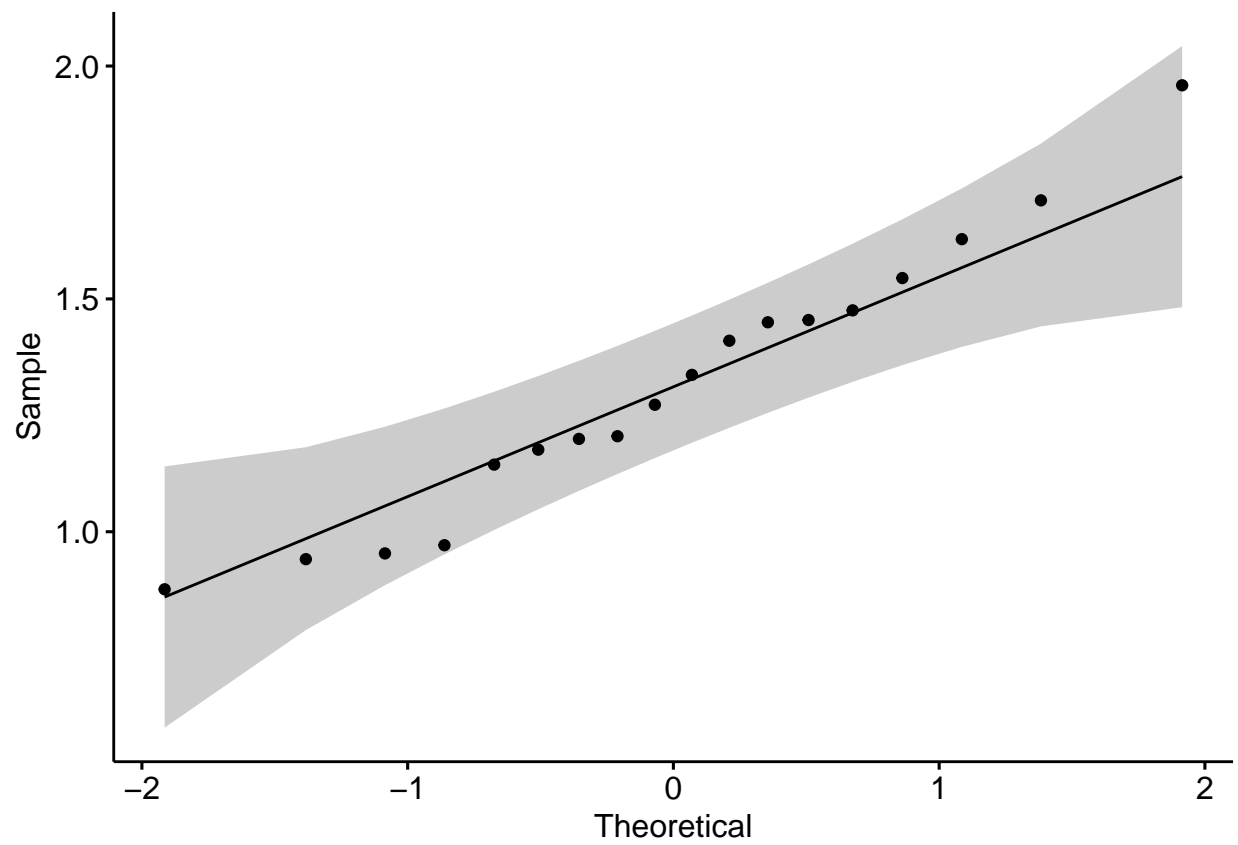
```
ggqqplot(dados_mae$`baço (%)`)
```

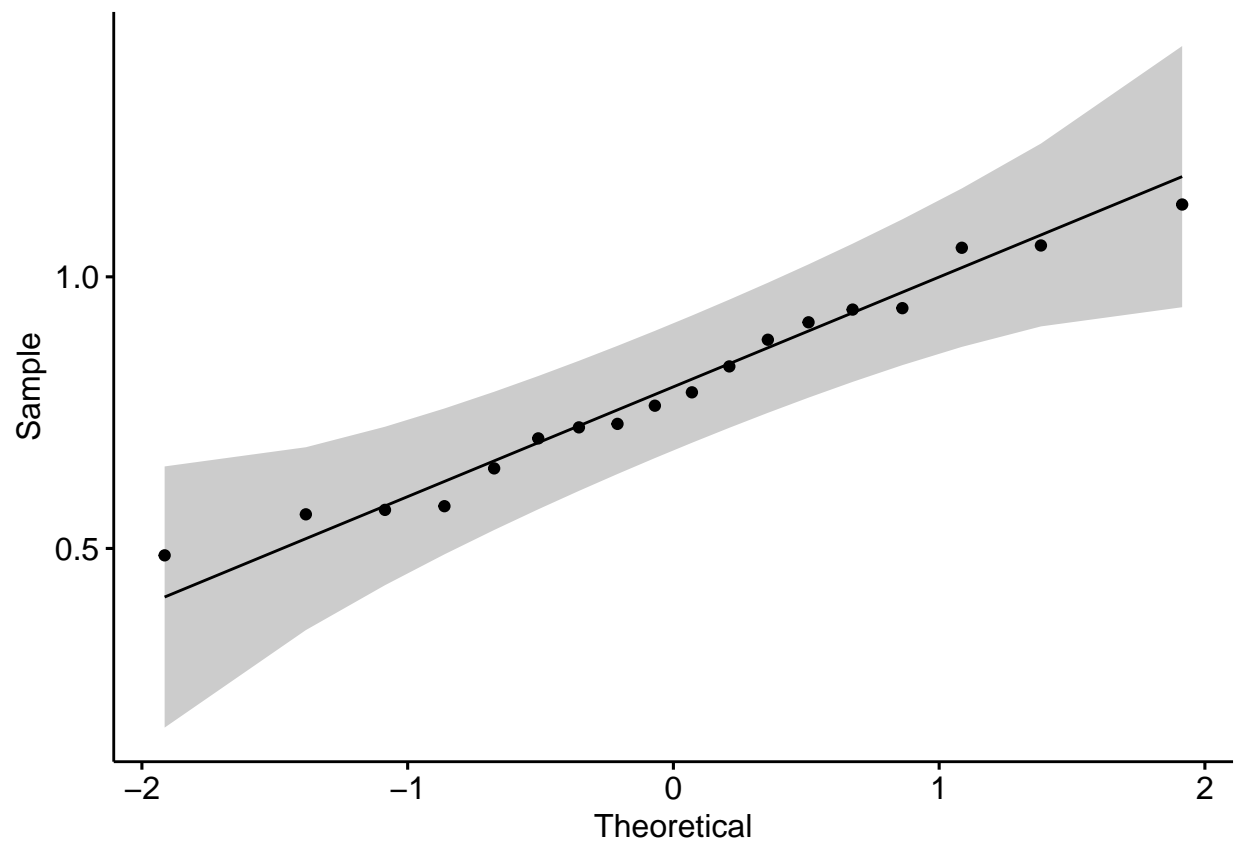
```
ggqqplot(dados_mae$`BAÇO`)
```



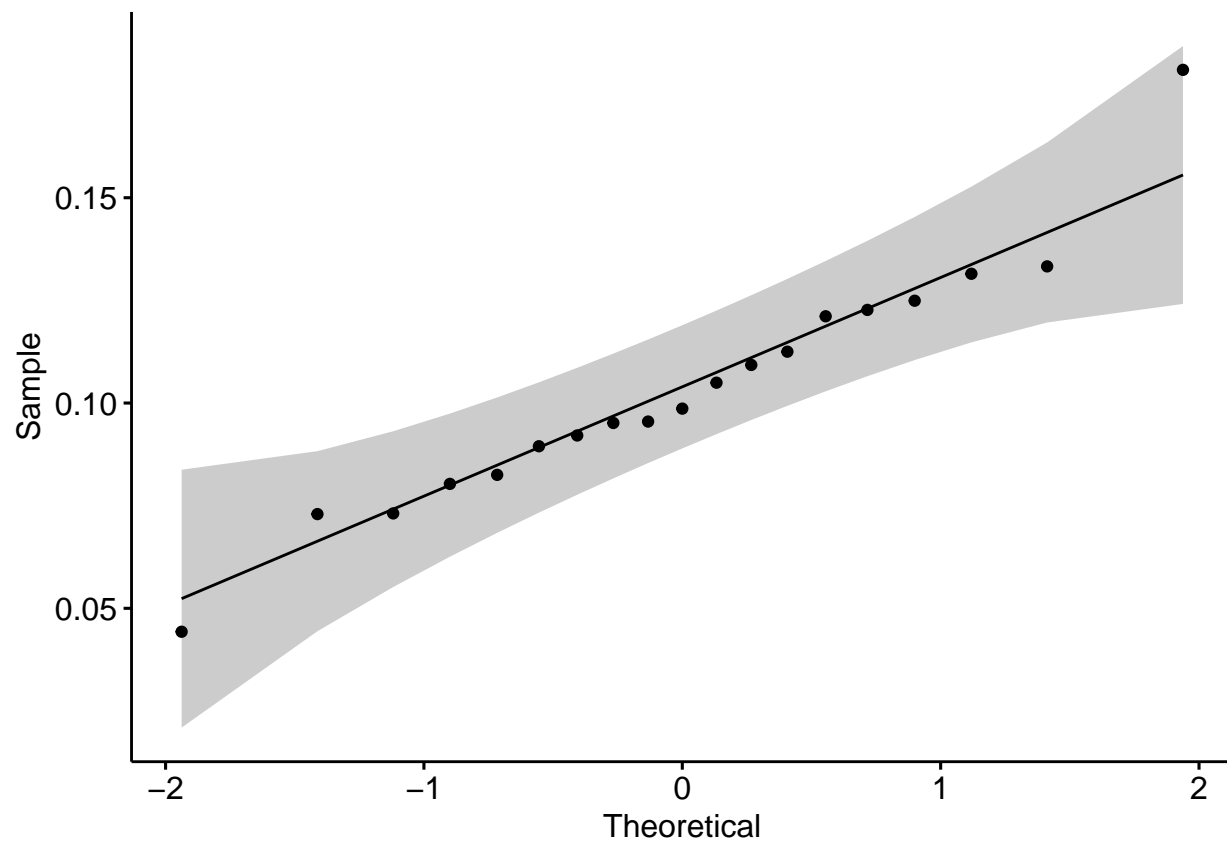
```
ggqqplot(dados_mae$`G ABD (%)`)
```



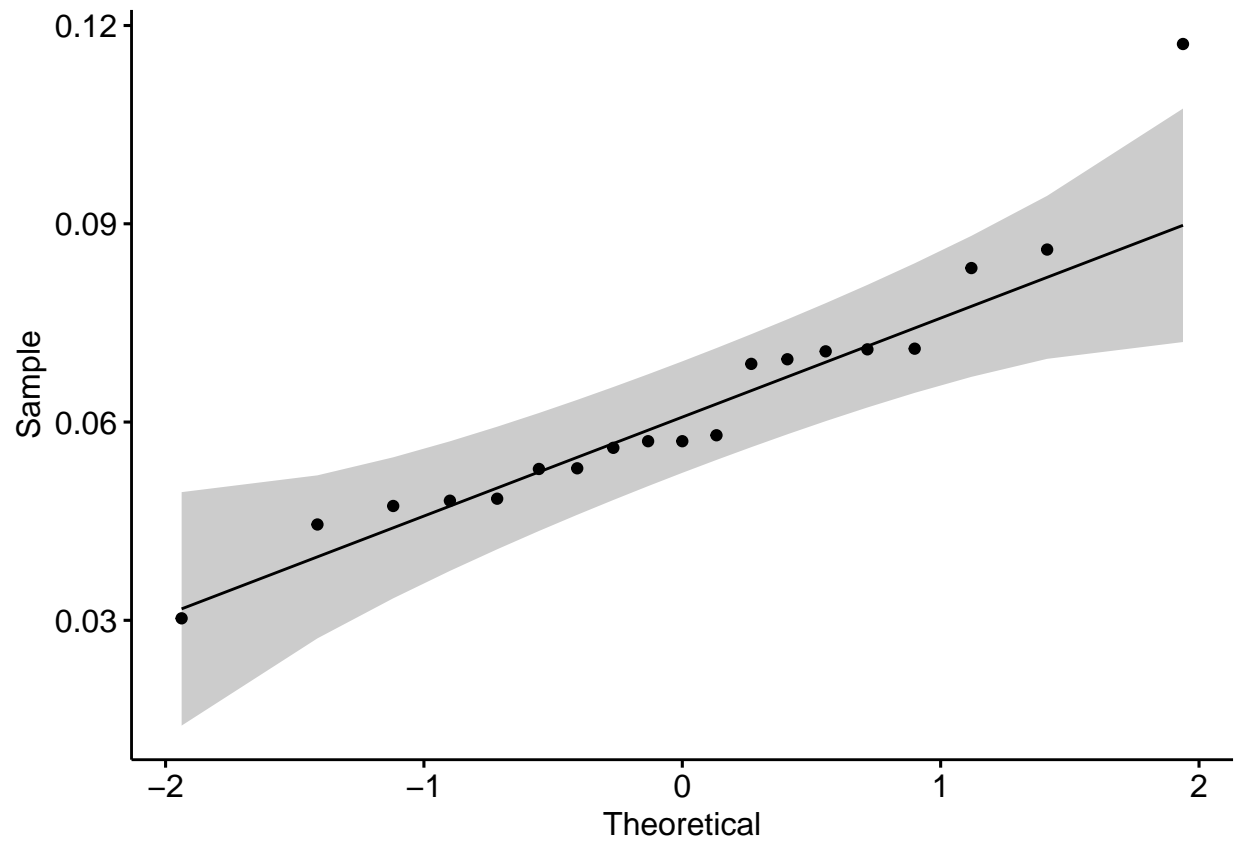
```
ggqqplot(dados_mae$`G ABDOMINAL`)
```



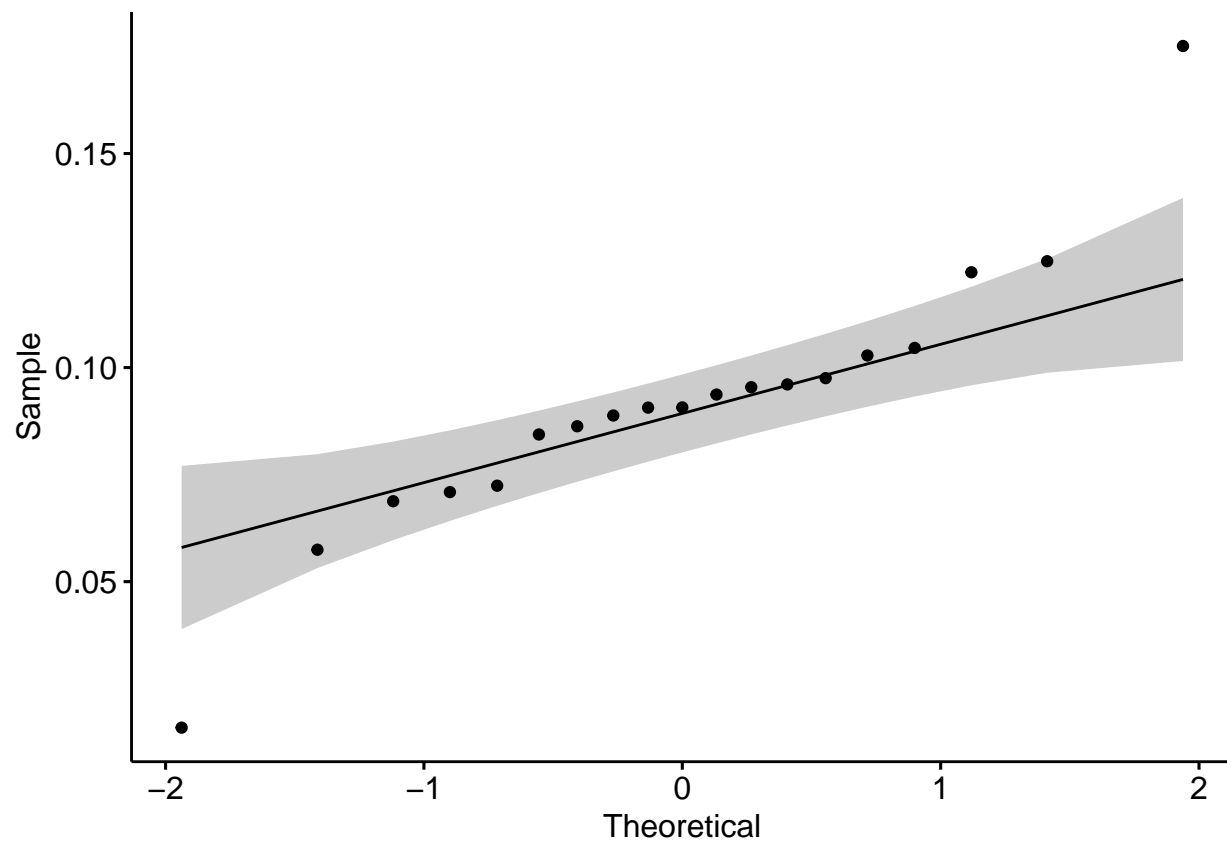
```
ggqqplot(dados_mae$`GGD (%)`)
```



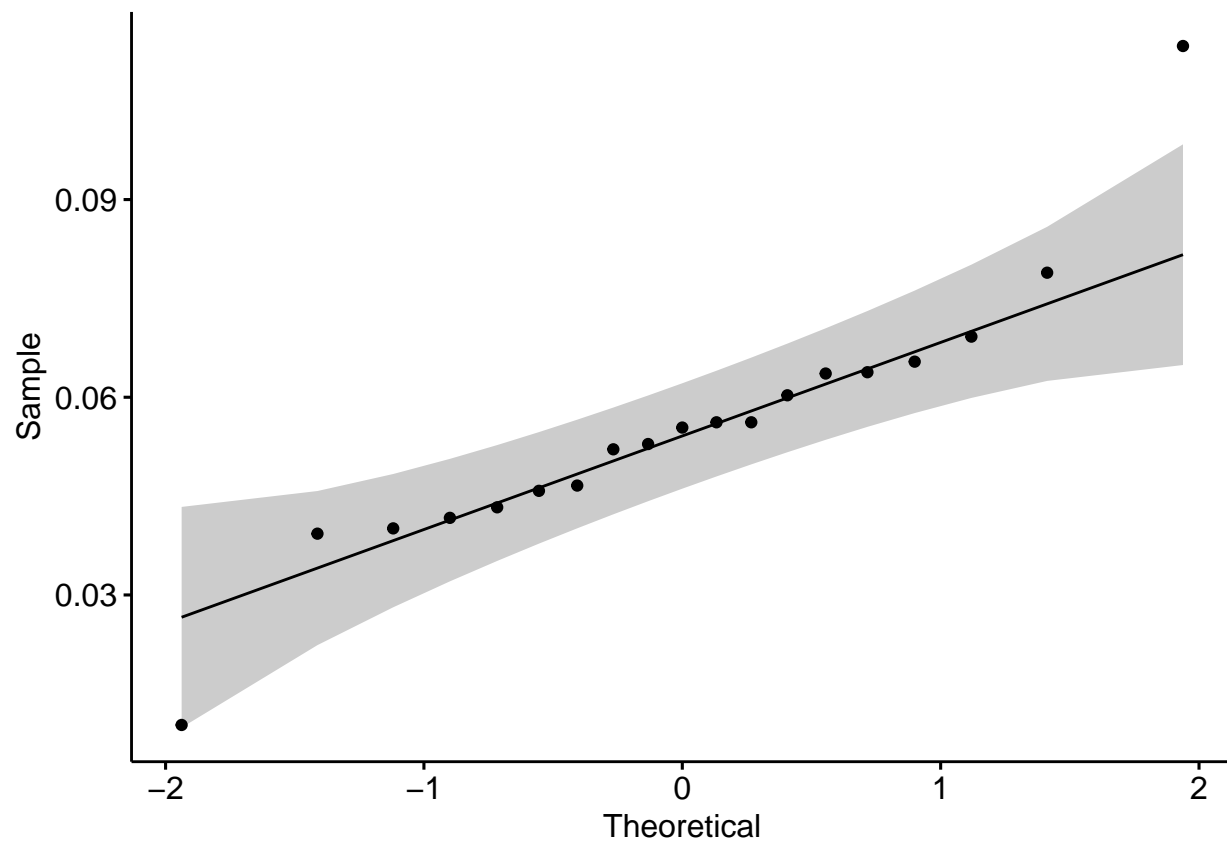
```
ggqqplot(dados_mae$`GG D.`)
```



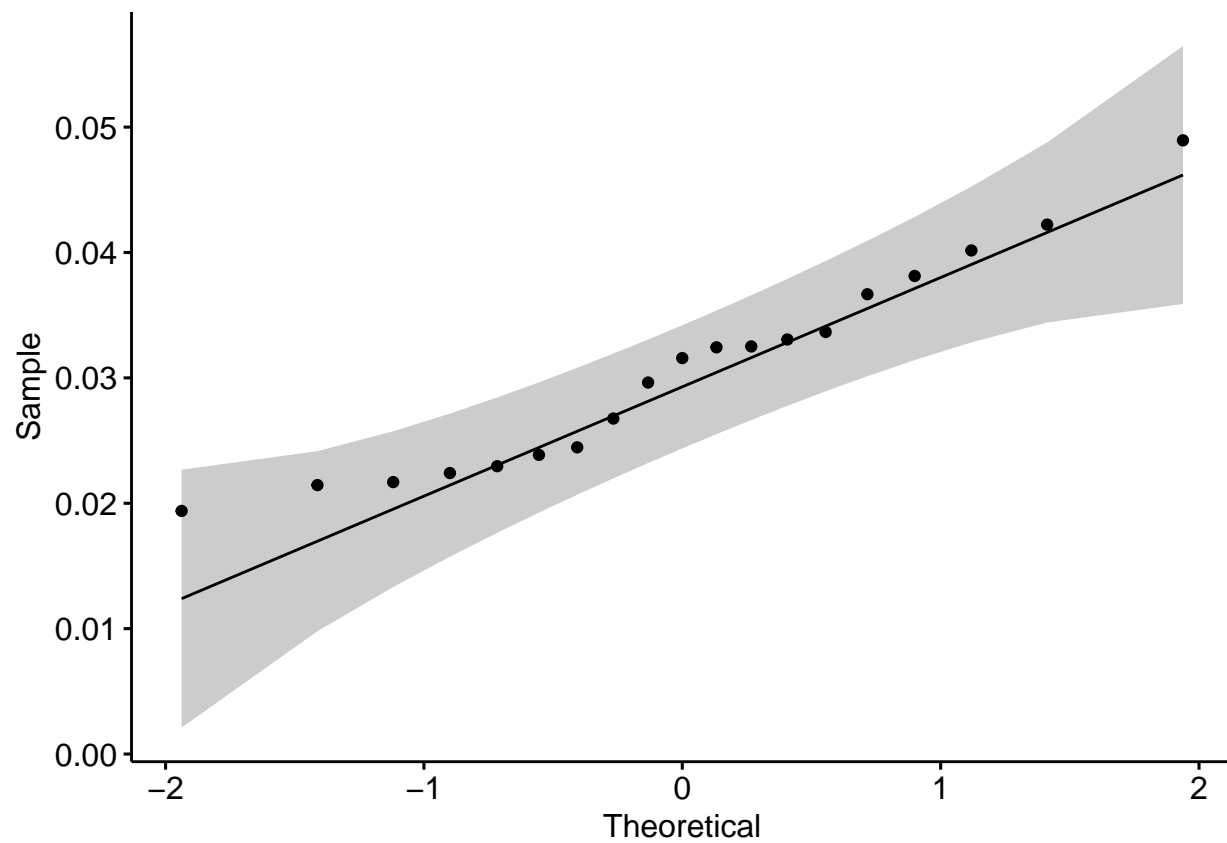
```
ggqqplot(dados_mae$`GGE (%)`)
```



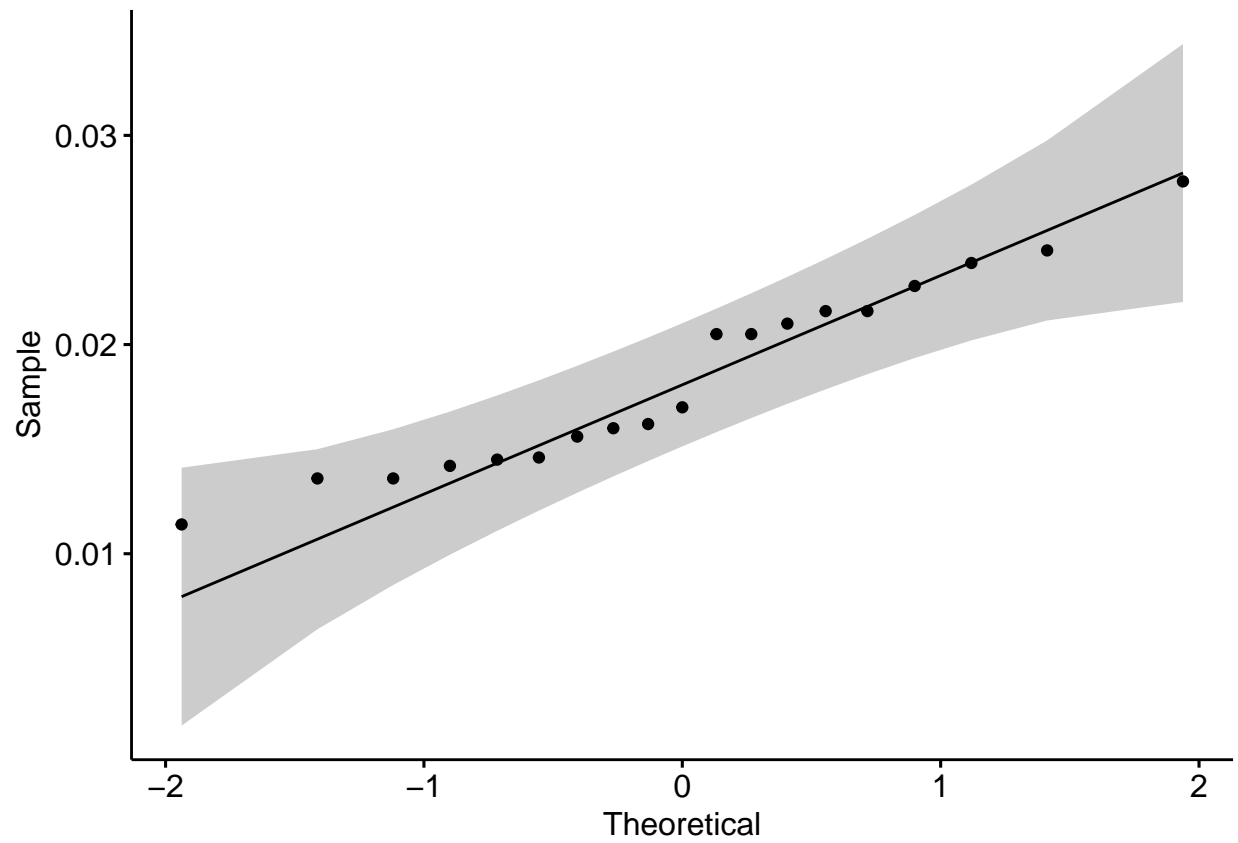
```
ggqqplot(dados_mae$`GG ES.`)
```



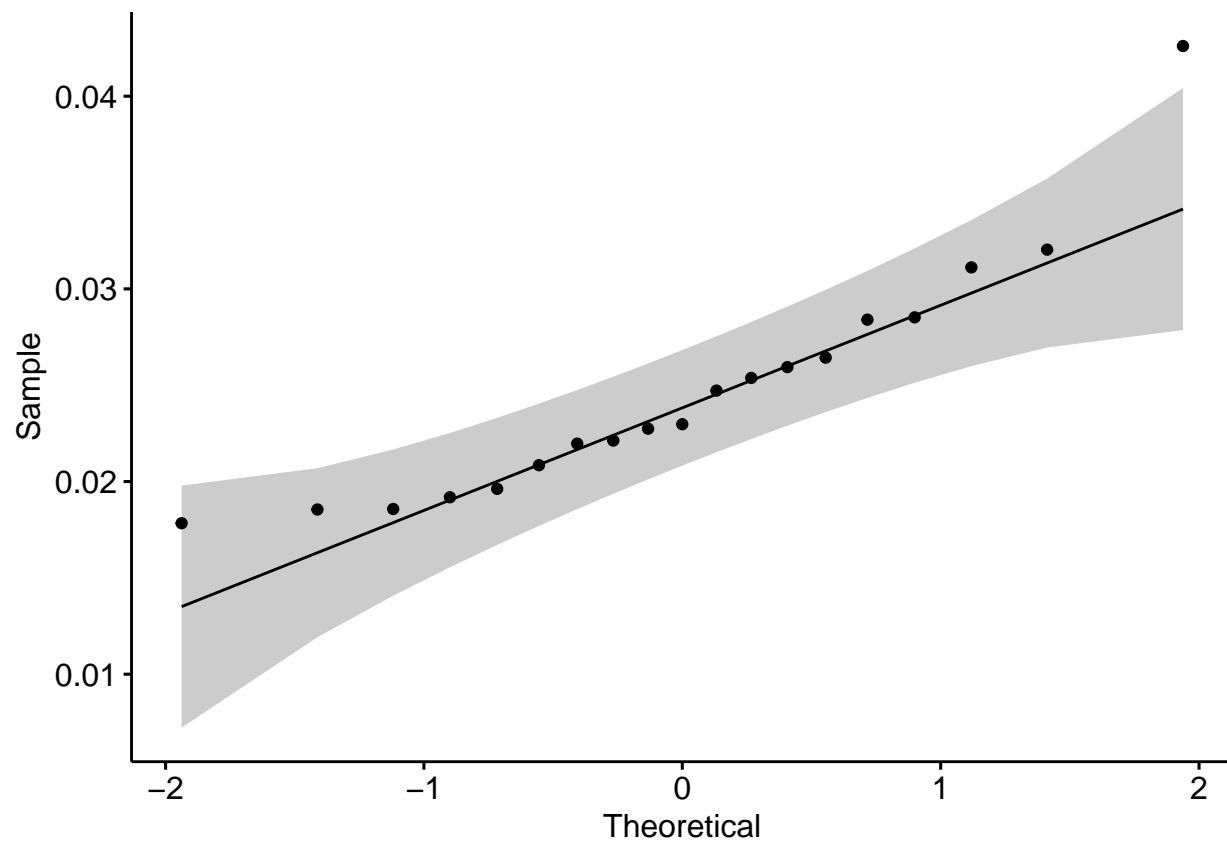
```
ggqqplot(dados_mae$`OVA D (%)`)
```

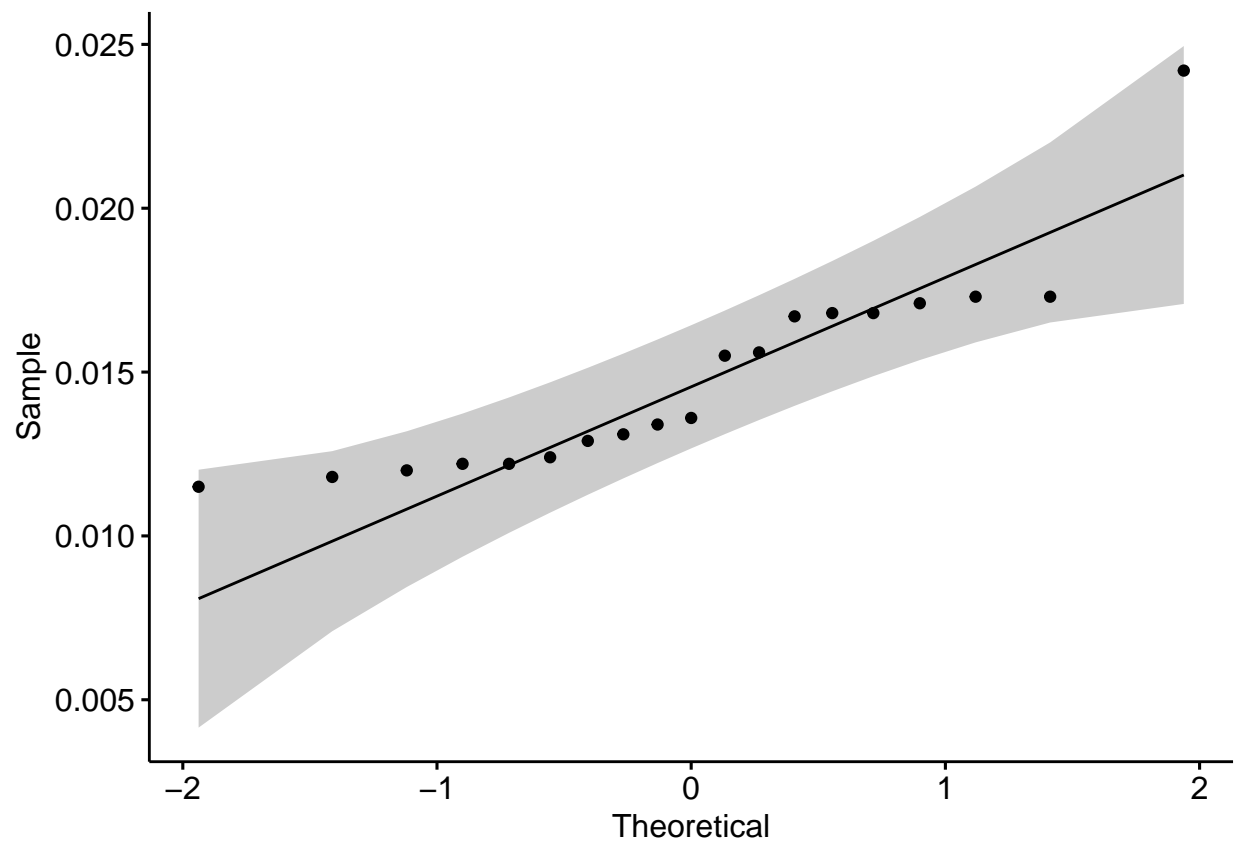
```
ggqqplot(dados_mae$`OVÁRIO D.`)
```



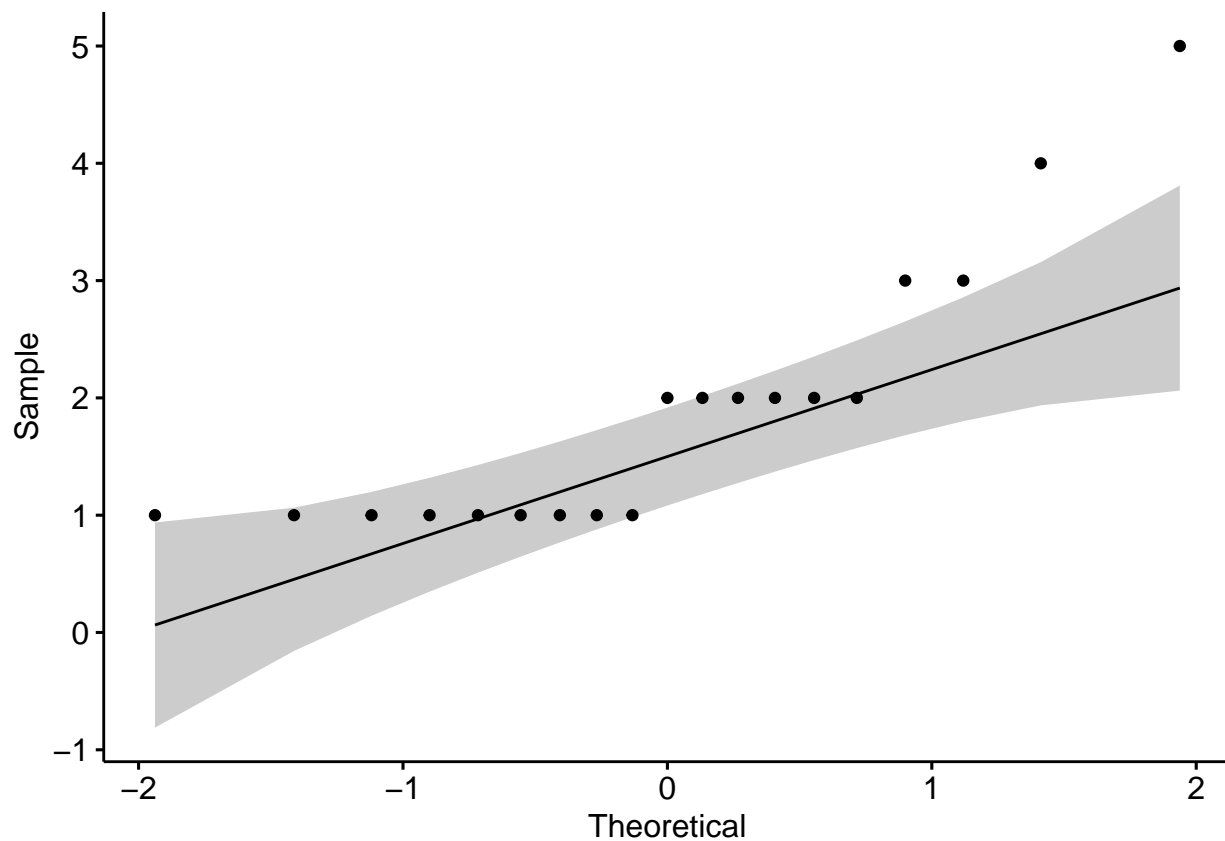
```
ggqqplot(dados_mae$`OVA E (%)`)
```



```
ggqqplot(dados_mae$`OVÁRIO E.`)
```



```
ggqqplot(dados_mae$`N. TENTATIVAS COPULA`)
```



```
##----- Teste de Normalidade para as variáveis -----##
```

```
# Teste de Normalidade Shapiro
shapiro.test(dados_mae$`PESO 0`) #Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$`PESO 0`
## W = 0.95502, p-value = 0.4787
```

```
shapiro.test(dados_mae$`PESO FINAL`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$`PESO FINAL`
## W = 0.98157, p-value = 0.959
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GANHO DE PESO`)#Apresenta Normalidade
```

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

```
##
## data:  dados_mae$'GANHO DE PESO'
## W = 0.97278, p-value = 0.8303
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GANHO/FETO`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$'GANHO/FETO'
## W = 0.96394, p-value = 0.6521
```

```
shapiro.test(dados_mae$`N. FETOS`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$'N. FETOS'
## W = 0.92948, p-value = 0.1694
```

```
shapiro.test(dados_mae$`figado (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$'figado (%)'
## W = 0.94819, p-value = 0.368
```

```
shapiro.test(dados_mae$`FÍGADO`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$FÍGADO
## W = 0.94356, p-value = 0.3053
```

```
shapiro.test(dados_mae$`baço (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$'baço (%)'
## W = 0.94563, p-value = 0.3321
```

```
shapiro.test(dados_mae$`BAÇO`)#Apresenta Normalidade
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  dados_mae$BAÇO
## W = 0.95664, p-value = 0.5081
```

```
shapiro.test(dados_mae$`G ABD (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`G ABD (%)`  
## W = 0.96849, p-value = 0.7689
```

```
shapiro.test(dados_mae$`G ABDOMINAL`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`G ABDOMINAL`  
## W = 0.96802, p-value = 0.7598
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GGD (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`GGD (%)`  
## W = 0.96023, p-value = 0.5769
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GG D.`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`GG D.`  
## W = 0.9121, p-value = 0.08092
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GGE (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`GGE (%)`  
## W = 0.91195, p-value = 0.08041
```

```
shapiro.test(dados_mae$`GG ES.`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`GG ES.`  
## W = 0.90577, p-value = 0.06193
```

```
shapiro.test(dados_mae$`OVA D (%)`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`OVA D (%)`  
## W = 0.94761, p-value = 0.3596
```

```
shapiro.test(dados_mae$`OVÁRIO D.`)#Apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`OVÁRIO D.`  
## W = 0.94316, p-value = 0.3003
```

```
shapiro.test(dados_mae$`OVA E (%)`)# Não apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`OVA E (%)`  
## W = 0.88142, p-value = 0.02273
```

```
shapiro.test(dados_mae$`OVÁRIO E.`)# Não apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`OVÁRIO E.`  
## W = 0.83792, p-value = 0.004293
```

```
shapiro.test(dados_mae$`N. TENTATIVAS COPULA`)# Não apresenta Normalidade
```

```
##  
## Shapiro-Wilk normality test  
##  
## data: dados_mae$`N. TENTATIVAS COPULA`  
## W = 0.77467, p-value = 0.0005012
```

Para analisar a Normalidade das variáveis realizamos o gráfico ‘qqplot’ e realizamos o teste de Shapiro-Wilk

Testes de Hipótese

Como fizemos para a outra tabela, novamente dividiremos em seções os testes não-paramétricos (para variáveis que não apresentaram Normalidade) e paramétricos (para variáveis que apresentaram Normalidade)

Paramétricos


```
mod <- aov(`PESO 0` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

PESO 0

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: PESO 0
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3  5.543   1.8477   0.3079 0.8193
## Residuals 15 90.005   6.0004
```

Como vimos na outra tabela, de acordo com o p-valor dizemos que os grupo são significativamente iguais para a variável 'PESO 0'.

```
mod <- aov(`PESO FINAL` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

PESO FINAL

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: PESO FINAL
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3  59.19   19.730   0.8355 0.4951
## Residuals 15 354.21   23.614
```

Novamente, os grupo são significativamente iguais para a variável. E a seguir, vemos uma sequência de variáveis com mesmo resultado.

```
mod <- aov(`GANHO DE PESO` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GANHO DE PESO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GANHO DE PESO
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3  36.947   12.316   0.9765 0.4299
## Residuals 15 189.182   12.612
```

```
mod <- aov(`GANHO/FETO` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GANHO/FETO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GANHO/FETO
##          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3  0.27989  0.093297   1.8845  0.1756
## Residuals 15  0.74263  0.049508
```

```
mod <- aov(`N. FETOS` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

N. FETOS

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: N. FETOS
##          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3   0.322  0.10731   0.0352  0.9908
## Residuals 15 45.783  3.05222
```

```
mod <- aov(`figado (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

figado (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: figado (%)
##          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3  1.2428  0.41425   2.3892  0.1096
## Residuals 15  2.6007  0.17338
```

```
mod <- aov(`FÍGADO` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

FÍGADO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: FÍGADO
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.32532 0.10844  1.0589 0.3957
## Residuals 15 1.53605 0.10240
```

```
mod <- aov(`baço (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

baço (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: baço (%)
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.019519 0.0065063  2.5272 0.09668 .
## Residuals 15 0.038617 0.0025745
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
mod <- aov(`BAÇO` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

BAÇO

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: BAÇO
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.004025 0.00134167  1.8216 0.1865
## Residuals 15 0.011048 0.00073655
```

```
mod <- aov(`G ABD (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste apresenta diferença entre a média dos grupos
```

G ABD (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: G ABD (%)
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.84497 0.281656  6.4934 0.00559 **
## Residuals 14 0.60726 0.043376
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
bonferroni <- LSD.test(mod, "GRUPO", p.adj="bonferroni", group=TRUE)
print(bonferroni)
```

```
## $statistics
##      MSerror Df      Mean      CV
##    0.0433758 14 1.317231 15.81109
##
## $parameters
##      test p.adjusted name.t ntr alpha
## Fisher-LSD bonferroni GRUPO  4  0.05
##
## $means
##      G ABD (%)      std r      LCL      UCL      Min      Max      Q25
## COCONUT 0.9772568 0.09991162 5 0.7774902 1.177023 0.8764388 1.144158 0.9411371
## CONTROLE 1.4415055 0.27478031 6 1.2591444 1.623867 1.1762903 1.958704 1.2887440
## LARD      1.3616734 0.14429278 3 1.1037758 1.619571 1.1993711 1.475442 1.3047892
## SOYBEAN   1.5224539 0.22223858 4 1.2991081 1.745800 1.2051458 1.711631 1.4598520
##
##      Q50      Q75
## COCONUT 0.953461 0.9710884
## CONTROLE 1.393342 1.4534434
## LARD      1.410207 1.4428245
## SOYBEAN   1.586519 1.6491211
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
##      G ABD (%) groups
## SOYBEAN 1.5224539      a
## CONTROLE 1.4415055      a
## LARD      1.3616734      ab
## COCONUT 0.9772568      b
##
## attr("class")
## [1] "group"
```

Agora, para a variável ‘G ABD (%)’ temos que, existem evidências de diferenças entre os grupos de tratamento. Sendo ‘Banha’ o único que não se diferencia significativamente.

```
mod <- aov(`G ABDOMINAL` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste apresenta diferença entre a média dos grupos
```

G ABDOMINAL

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: G ABDOMINAL
##      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO  3 0.38853 0.129512  8.4175 0.001913 **
```

```
## Residuals 14 0.21540 0.015386
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
bonferroni <- LSD.test(mod, "GRUPO", p.adj="bonferroni", group=TRUE)
print(bonferroni)
```

```
## $statistics
##      MSerror Df      Mean      CV
## 0.01538606 14 0.7951778 15.5991
##
## $parameters
##      test  p.adjusted name.t ntr alpha
## Fisher-LSD bonferroni GRUPO  4 0.05
##
## $means
##      G ABDOMINAL      std r      LCL      UCL      Min      Max      Q25
## COCONUT 0.5692600 0.05687924 5 0.4502831 0.6882369 0.4873 0.6474 0.562800
## CONTROLE 0.8588833 0.13397705 6 0.7502728 0.9674939 0.7229 1.0577 0.743825
## LARD 0.8273667 0.06106835 3 0.6737681 0.9809652 0.7628 0.8842 0.798950
## SOYBEAN 0.9578750 0.18731066 4 0.8248548 1.0908952 0.7026 1.1331 0.882375
##      Q50      Q75
## COCONUT 0.57100 0.57780
## CONTROLE 0.85185 0.93385
## LARD 0.83510 0.85965
## SOYBEAN 0.99790 1.07340
##
## $comparison
## NULL
##
## $groups
##      G ABDOMINAL groups
## SOYBEAN 0.9578750      a
## CONTROLE 0.8588833      a
## LARD 0.8273667      ab
## COCONUT 0.5692600      b
##
## attr(,"class")
## [1] "group"
```

Para a variável 'G ABDOMINAL' temos resultados similares ao resultado anterior.

```
mod <- aov(`GGD (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GGD (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GGD (%)
```

```
##           Df      Sum Sq    Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.0009477 0.00031591  0.3196 0.8111
## Residuals 15 0.0148290 0.00098860
```

Agora voltamos a uma variável em que, não temos evidências de diferença entre grupos. Para as próximas variáveis restantes tivemos a mesma conclusão.

```
mod <- aov(`GG D.` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GG D.

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GG D.
##           Df      Sum Sq    Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.0002828 0.00009428  0.2245 0.8779
## Residuals 15 0.0063005 0.00042003
```

```
mod <- aov(`GGE (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GGE (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GGE (%)
##           Df      Sum Sq    Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.0021242 0.00070806  0.6822 0.5765
## Residuals 15 0.0155681 0.00103787
```

```
mod <- aov(`GG ES.` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

GG ES.

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: GG ES.
##           Df      Sum Sq    Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.0012498 0.00041659  1.0146 0.4138
## Residuals 15 0.0061591 0.00041061
```

```
mod <- aov(`OVA D (%)` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

OVA D (%)

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: OVA D (%)
##          Df      Sum Sq   Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.00022065 7.3549e-05  1.1344 0.3669
## Residuals 15 0.00097256 6.4838e-05
```

```
mod <- aov(`OVÁRIO D.` ~ `GRUPO`, data = dados_mae)
anova(mod) # Teste não apresenta diferença entre a média dos grupos
```

OVÁRIO D.

```
## Analysis of Variance Table
##
## Response: OVÁRIO D.
##          Df      Sum Sq   Mean Sq F value Pr(>F)
## GRUPO      3 0.00007804 2.6013e-05  1.3188 0.3052
## Residuals 15 0.00029588 1.9725e-05
```

Não-Parmétricos

```
kruskal.test(`OVA E (%)` ~ factor(GRUPO), dados_mae) # os grupos não apresentam diferença significativa
```

OVA E (%)

```
##
## Kruskal-Wallis rank sum test
##
## data:  OVA E (%) by factor(GRUPO)
## Kruskal-Wallis chi-squared = 3.8511, df = 3, p-value = 0.278
```

No teste de Kruskal-Wallis não tivemos evidências significativas de diferença entre os grupos de tratamento. A mesma conclusão foi obtida para as outras variáveis não-paramétricas.

```
kruskal.test(`OVÁRIO E.` ~ factor(GRUPO), dados_mae) # os grupos não apresentam diferença significativa
```

OVÁRIO E.

```
##  
## Kruskal-Wallis rank sum test  
##  
## data:  OVÁRIO E. by factor(GRUPO)  
## Kruskal-Wallis chi-squared = 3.6025, df = 3, p-value = 0.3077
```

```
kruskal.test(`N. TENTATIVAS COPULA` ~ factor(GRUPO), dados_mae) # os grupos não apresentam diferença sig
```

N. TENTATIVAS COPULA

```
##  
## Kruskal-Wallis rank sum test  
##  
## data:  N. TENTATIVAS COPULA by factor(GRUPO)  
## Kruskal-Wallis chi-squared = 3.7203, df = 3, p-value = 0.2933
```