

13. DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS

Delineamento experimental ou desenho experimental, de uma forma bastante simples, é a forma em que os tratamentos (níveis de um fator ou combinações de níveis de fatores) são atribuídos às unidades experimentais.

Os delineamentos experimentais envolvem um ou mais fatores, cada fator com n_f níveis:

Exemplos:

- Estudar o efeito da Classe Social (Alta, Média ou Baixa) no peso das crianças. (Fator: Classe Social, três níveis qualitativos).
- Estudar o efeito de Dose do Adubo (0, 20, 40, 60 e 80 kg/ha) na produção de uma determinada cultura. (Fator: Doses de adubo, cinco níveis quantitativos, crescentes e igualmente espaçados).
- Estudar o efeito da Idade (**I1**:10-15, **I2**:15-20 e **I3**:25-30 meses) e Sexo (M e F) no peso dos animais. Fatores: Idade e Sexo com três e dois níveis, respectivamente. Os tratamentos são as combinações dos níveis dos fatores, que são seis, ou sejam: I1/M, I1/F, I2/M, I2/F, I3/M, I3/F.

Um fator pode ser de efeito fixo ou aleatório.

Fator de efeito fixo: Os níveis do fator são fixados (escolhidos) pelo pesquisador.

Exemplos: Os exemplos das Classes Sociais, Dose do Adubo, Idade e Sexo apresentados anteriormente são exemplos de fatores de efeitos fixos.

Fator de efeito aleatório: Os níveis do fator é uma amostra aleatória da população dos possíveis níveis.

Exemplo: Suponhamos que o Governo do Estado queira saber se a marca da vacina interfere no controle de uma determinada. Como existem no mercado várias marcas, o experimentador casualiza t marcas para o experimento. O experimento trará informações sobre a população de vacinas, não apenas para os t tratamentos. Este é um caso de fator de efeito aleatório.

13.1 Delineamento Inteiramente Casualizado - DIC (*One-way*)

Experimento de um único fator com t níveis (geralmente denominados tratamentos) e r_i repetições. As parcelas são consideradas homogêneas e os tratamentos são atribuídos a elas de forma completamente casual (aleatória). Se $r_i=r$, $\forall i$ (experimento balanceado).

Modelo: $y_{ij} = m + t_i + e_{ij}$, onde

y_{ij} = valor observado na unidade experimental que recebeu o tratamento i , repetição j ;
 m = efeito geral da média; t_i = efeito do tratamento i ; e_{ij} = erro aleatório (resíduo).

A análise da variância é uma ferramenta muito usada para testes de hipóteses. Esse procedimento estatístico consiste em particionar a variação total em partes devidas a cada uma das Fontes de Variação envolvidas no experimento. Em um DIC têm-se duas fontes de variação, ou seja: o fator em estudo (tratamentos) e o erro aleatório.

A análise de variância é esquematizada como:

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	<i>p-value</i>
Tratamento	$t-1$	SQ(Tr.)	QM(Tr.)	QM(Tr.) / QM(Res.)	p
Resíduo	$t(r-1)$	SQ(Res.)	QM(Res.)		
Total	$tr-1$	SQ(Tot.)			

F.V. - Fontes de Variação, ou seja, as partes da Variação Total; **G.L.** - número de graus de liberdade associados à F.V.; **S.Q.** - Soma de quadrados; **Q.M.** - Quadrado médio

O valor p (p -value) é obtido supondo que a estatística F tem uma distribuição F central com $t-1$ e $t(r-1)$ graus de liberdade. Essa pressuposição é válida se os erros forem iid - independentes e identicamente distribuídos, com distribuição normal $N(0, \sigma^2)$.

A estatística F testa as hipóteses:

a) **Efeitos fixos de tratamentos** (conclusões apenas para os níveis estudados):

$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \dots \mu_t$ vs $H_1: \mu_i \neq \mu_{i'}$, para algum $i \neq i'$. μ_i = média populacional do grupo i .

Neste caso, se a hipótese H_0 é rejeitada e tem-se mais que 2 níveis do fator pode-se usar as ferramentas:

- Comparações das médias (comparações múltiplas). Geralmente usado quando não se tem qualquer informação a priori sobre os tratamentos e tem interesse em comparar as médias entre si.
- Contrastes ortogonais. Geralmente usado quando se tem informações a priori sobre os tratamentos e as comparações de interesse ficam evidentes.

b) **Efeitos aleatórios de tratamentos** (Conclusões permitem inferências para a população dos níveis):

$H_0: \sigma^2_{Tr} = 0$ vs $H_1: \sigma^2_{Tr} \neq 0$. Testa se existe variabilidade ou não na população de níveis.

Neste caso, estimam-se os componentes da variância.

Na prática, os passos para a Análise da Variância em um delineamento DIC são apresentados no Exemplo a seguir:

Exemplo(DIC_ex1): Um experimento para avaliar o efeito da ração (Ração 1 a 5) no ganho de peso animal, utilizou-se um DIC com 5 tratamentos e 4 repetições. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DIC_ex1.txt**.

Ração	Repetições			
	1	2	3	4
1	3,31	6,1	8,53	3,84
2	23,62	26,94	20,16	22,18
3	14,75	25,2	17,56	24,8
4	30,58	30,69	18,54	27,56
5	50,25	45,12	37,25	52,15

Entrada dos dados no R.

```
> dicex <- read.table("C:/EEAR/A_DIC_ex1.txt", header=T, dec=",");dicex
> attach(dicex)
> TR;RP;Y
```

13.1 Definição do modelo e Análise da Variância

```
> FTR <- factor(TR)
> mod <- lm(Y~FTR)
> summary(mod)
```

13.2 Médias, variâncias e desvios-padrão dos tratamentos

```
> m <- tapply(Y,FTR,mean); v <- tapply(Y,FTR,var); dp <- tapply(Y,FTR,sd)
> m;v;dp
```

13.3 Representação gráfica das médias dos Tratamentos

Gráfico de barras

Defina um limite mínimo e máximo para a escala das médias (opcional)

```
> lmin <-          # defina o limite mínimo para a escala
> lmax <-          # defina o limite máximo para a escala
> barplot(m,ylim=c(lmin,lmax))
```

Gráfico Box_Plot por Tratamento

```
> FTR <- as.factor(TR)
> plot(Y~FTR)
```

13.4 Diagnósticos para a Análise da Variância

Os erros devem ser iid - independentes e identicamente distribuídos, com distribuição normal $N(0, \sigma^2)$.

- Os diagnósticos gráficos utilizados são os disponíveis no Script R (**S_Diag**).
- Os testes de normalidade dos erros são os Disponíveis no Script R (**S_TestNorm**).
- Além dessas pressuposições, as variâncias das observações de cada tratamento devem ser homogêneas, ou seja, não muito discrepantes (homocedasticidade). Para ilustrar veja a tabela a seguir:

Trat.	Observações	M - médias	V - Variâncias	
T ₁	y ₁₁ , y ₁₂ , ..., y _{1r}	m ₁	v ₁	} Homogêneas
T ₂	y ₂₁ , y ₂₂ , ..., y _{2r}	m ₂	v ₂	
...		
T _t	y _{t1} , y _{t2} , ..., y _{tr}	m _t	v _t	

Os testes de homocedasticidade mais comuns na literatura são **Bartlett**, **Levene** e **Brown Forsythe**. O teste de **Bartlett** é um teste fácil de ser feito manualmente por isso sempre encontrado em livros didáticos de estatística experimental. Os testes de **Levene** e **Brow Forsyte** são disponíveis na maioria dos softwares de estatística.

No R, as sintaxes desses comandos são apresentadas a seguir.

```
> # Teste de Bartlett
> bartlett.test(Y~FTR)

> # Teste de Levene
> #install.packages("lawstat")
> #require(lawstat)
> levene.test(Y, FTR)

> # Brown-Forsythe test
> #install.packages("HH")
> #require(HH)
> hov(Y~ FTR)
```

Um Script no R para o Teste de homocedasticidade (**S_Homoced**) é apresentado a seguir:

Script para Teste de Homocedasticidade (S_Homoced.R)

```
#####
##          Testes para Homocedasticidade          ##
## Depende de Y e de tratamento como fator - FTR ##

## Teste de Bartlett
bartlett.test(Y~FTR)

## Teste de Levene
#install.packages("lawstat")
#require(lawstat)
levene.test(Y,FTR)

## Brown-Forsythe test
#install.packages("HH")
#require(HH)
hov(Y~FTR)
```

Se as variâncias não forem homogêneas, a heterocedasticidade pode ser **Regular** ou **Irregular**. Regular se existe uma relação linear entre as médias e variâncias, caso contrário Irregular. Se for regular, uma transformação de dados geralmente resolve o problema.

Segundo Bartlett(1956), isso pode ser feito pela Análise de Regressão Linear Simples entre o logaritmo da variância, $LV=\log(V)$, e o logaritmo da média, $LM=\log(M)$, ou seja: $LV = A + B LM$, onde **A** e **B** são os parâmetros do modelo.

Se a Regressão for significativa a heterocedasticidade é Regular e a transformação sugerida é: $Y_T = Y^{(1-B/2)}$

Observe que:

Se B for próximo de 0 – Não Transforma.

Se B for próximo de 1 – Transformação $Y_T = \sqrt{Y}$.

Se B for próximo de 2 – Transformação $Y_T = \log(Y)$.

Se B for próximo de 3 – Transformação $Y_T = 1/\sqrt{Y}$.

Se B for próximo de 4 – Transformação $Y_T = 1/Y$.

E assim por diante.

Um Script no R para o Tipo da Heterocedasticidade e transformação sugerida (**S_TipoHeteroc**) é apresentado a seguir:

Script para Tipo de Heterocedasticidade (S_TipoHeteroc.R)

```
#####
##          Teste do tipo de Heterocedasticidade          ##
## Depende da variável classificatória (TR) e das observações (Y) ##

m <- tapply(Y,TR,mean)
v <- tapply(Y,TR,var)
lm <- log(m); lv <- log(v)
m; v; lm; lv
rl <- lm(lv~lm)
summary(rl)

# Variavel Transformada - Y^(1-B/2)
YT <- Y^(1-rl$coefficients[2]/2)
```

No exemplo (**DIC_ex1**) as pressuposições: Normalidade dos erros e homogeneidade das variâncias não são rejeitadas ($\alpha=5\%$).

13.5. Comparações múltiplas

Quando não se tem qualquer informação a priori sobre os tratamentos, sugere-se “**comparações múltiplas**”. Os testes mais comuns para Comparações Múltiplas são: **Tukey; Duncan e Student Newman Keuls (SNK)**.

Um script para comparações múltiplas, com esses testes, é apresentado a seguir:

Script para Comparações múltiplas (S_CompMultip)

```
#####
##          Testes de comparações múltiplas          ##
##      Depende do modelo (mod) e do fator tratamento (FTR)      ##
# Escolha um teste: Tukey ou Duncan ou Student Newman_Keulss (SNK)
# Todos usam o pacote agricolae

## Teste de Tukey
#install.packages("agricolae")
#require(agricolae)
HSD.test(mod, "FTR", group=T,alpha=0.05)          # defina o alpha

## Teste de Duncan
#install.packages("agricolae")
#require(agricolae)
duncan.test(mod,"FTR",alpha=0.05)          # defina o alpha

## Teste de Student-Newman-Keuls
#install.packages("agricolae")
#require(agricolae)
SNK.test(mod, "FTR", alpha=0.05)          # defina o alpha
```

Usar comparações múltiplas para o exemplo DIC_ex1, teste de Tukey, ($\alpha=5\%$).

13.6. Contrastes ortogonais

Um script para contrastes é apresentado a seguir:

Script para Contrastes (S_Contrastes)

```
#####
##          Script para Contrastes Ortogonais          ##
##      Depende do fator Tratamentos (FTR)      ##
# Defina a matriz com os coeficientes dos contrastes
ct <- matrix(c(cof_cont_1, coef_cont_2, ..., coef_cont_nc), ncol=nc)
# todos os coeficientes separados por vírgulas
#nc = número de contrastes
ct

# Defina o modelo a ser considerado
contrasts(FTR)<-ct
#### Defina o modelo que depende do FTR ####
modcc <- aov(Y~modelo)
anova(modcc)
summary.lm(modcc)
```

Um script para a análise de Variância completa para um Delineamento Inteiramente Casualizado – DIC, é apresentado a seguir:

Script Análise da Variância - DIC

```
#####
#####      Script para Análise da Variância - DIC      #####
#####
## Entrada de dados ##
##Entre com as variáveis (TR - Tratamentos e Y - Variável Resposta)

## Defina o modelo ###
FTR <- as.factor(TR)
mod <- aov(Y~FTR)
summary(mod)
summary.lm(mod)

## Médias dos Tratamentos
m <- tapply(Y,FTR,mean); m

## Gráfico das médias
# Defina um limite máximo para as médias
# Defina um limite mínimo e máximo para a escala das médias (opcional)
lmin <-          # defina o limite mínimo para a escala
lmax <-          # defina o limite máximo para a escala
barplot(m,ylim=c(lmin,lmax))

## Gráfico Box_Plot por TRatamento ####
plot(Y~FTR)

## Carregue a rotina para testes de heterocedasticidade

## Carregue a rotina para diagnósticos e faça os diagnósticos, elimine
observações, se for o caso.

## Carregue a rotina para o tipo de heterocedasticidade e defina a
transformação( se for o caso).

## Carregue a rotina para testes de normalidade

## Carregue a rotina para testes de comparações múltiplas (se for o
caso).

## Carregue a rotina para contrastes (se for o caso).
```

Exemplo(DIC_ex2): Um experimento para avaliar o efeito da dose de um vermífugo (ml) no controle de um parasito, utilizou-se um DIC com 5 tratamentos e 6 repetições. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DIC_ex2.txt**.

Dose	Repetições					
	1	2	3	4	5	6
0,0	2370,0	1687,0	2592,0	2283,0	2910,0	3020,0
0,5	1282,0	1527,0	871,0	1025,0	825,0	920,0
1,0	562,0	321,0	636,0	317,0	485,0	842,0
1,5	173,0	127,0	132,0	150,0	129,0	227,0
2,0	193,0	71,0	82,0	62,0	96,0	44,0

Fazer a análise de variância completa, usar contrastes apropriados e concluir.

Atividade (DIC_at1). Um experimento para avaliar o efeito da substituição do milho por soja na ração, no ganho de peso dos animais, utilizou-se um DIC com 5 tratamentos (dois padrões sem milho e soja e três níveis de substituição) e 6 repetições. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DIC_at.txt**.

P. Subst.	Repetições					
	1	2	3	4	5	6
M+Sup1	57,37	20,27	13,97	17,16	28,53	10,64
M+Sup2	51,72	38,20	29,71	45,06	38,81	66,70
Sub. 5%	148,41	91,21	154,89	90,20	130,80	208,90
Sub. 10%	490,95	407,46	518,16	476,19	580,36	598,14
Sub. 15%	296,42	342,43	204,91	246,20	205,36	224,98

Fazer a análise de variância completa, usar contrastes apropriados e concluir.

13.2 Delineamento em Blocos Casualizados – DBC (*two-way*)

Experimento com dois fatores sem interação. Um fator Tratamentos com t níveis, b repetições e tb unidades experimentais (ou parcelas). As parcelas não são homogêneas, mas podem ser agrupadas em b grupos de t parcelas homogêneas (cada grupo constitui um bloco). Os tratamentos são atribuídos de forma aleatória dentro de cada bloco.

Observe que este tipo de delineamento tem 2 fatores, Tratamentos (Fator em estudo) e Blocos (Fator para controle da homogeneidade das parcelas - chamado de Controle Local). Pela forma de casualização considera-se apenas os efeitos principais dos fatores

Modelo: $y_{ij} = m + b_j + t_i + e_{ij}$, onde

y_{ij} = valor observado na unidade experimental que recebeu o tratamento i , bloco j ; m = efeito geral da média; b_j = efeito do bloco j ; t_i = efeito do tratamento i ; e_{ij} = erro aleatório (resíduo).

O quadro da análise de variância é:

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	<i>p-value</i>
Blocos	b-1	SQ(Bl.)	QM(Bl.)	QM(Bl.) / QM(Res.)	p_1
Tratamentos	t-1	SQ(Tr.)	QM(Tr.)	QM(Tr.) / QM(Res.)	p_2
Resíduo	(b-1)(t-1)	SQ(Res.)	QM(Res.)		
Total	pb-1	SQ(Tot.)			

F.V. - Fontes de Variação, ou seja, as partes da Variação Total; **G.L.** - número de graus de liberdade associados à F.V.; **S.Q.** - Soma de quadrados; **Q.M.** - Quadrado médio

O valor *p-value* é obtido supondo que a estatística F tem uma distribuição F central com $t-1$ e $(b-1)(t-1)$ graus de liberdade para Tratamentos e $b-1$ e $(b-1)(t-1)$ graus de liberdade para blocos. Essas pressuposições são válidas se os erros forem iid - independentes e identicamente distribuídos, com distribuição normal $N(0, \sigma^2)$.

Ressalta-se que o teste para blocos informa se existe variação entre os blocos, mas não tem interesse prático nas conclusões do experimento.

As pressuposições da análise da variância são as mesmas do Delineamento Inteiramente Casualizado – DIC, exceto a homogeneidade das variâncias que para o DBC não precisam ser testadas.

Um script para a análise de Variância completa para um Delineamento em Blocos Casualizados – DBC, é apresentado a seguir:

Script Análise da Variância - DBC

```
#####
#####          Script para Análise da Variância - DBC          #####
#####          Sem ou com Parcelas Perdidas                    #####
#####
## Entrada de dados ##
##Entre com as variáveis (TR - Tratamentos, BL - Blocos e Y - Variável
Resposta)

## Defina o modelo ##
FTR <- as.factor(TR)
FBL <- as.factor(BL)
mod <- aov(Y~FBL+FTR)
summary(mod)
summary.lm(mod)

## Carregue a rotina para diagnósticos e faça os diagnósticos. Se for
o caso,
# elimine os valores extremos que passarão a ser parcelas perdidas

## Carregue a rotina para Testes de Normalidade.

##### Caso de Blocos Casualizados Sem Parcelas Perdidas #####
## Médias dos Tratamentos
m <- tapply(Y,FTR,mean); m

## Gráfico das médias
# Defina um limite máximo para as médias
# Defina um limite mínimo e máximo para a escala das médias (opcional)
lmin <-          # defina o limite mínimo para a escala
lmax <-          # defina o limite máximo para a escala
barplot(m,ylim=c(lmin,lmax))

## Gráfico Box_Plot por TRatamento ####
plot(Y~FTR)

## Carregue a rotina para comparações múltiplas (se for o caso).

## Carregue a rotina para contrastes (se for o caso).

##### Caso de Blocos Casualizados Com Parcelas Perdidas #####
##### Duas Opções Possíveis:
      ## Opção1 - Estimar as Parcelas Perdidas e trabalhar como "Sem
      ## Parcelas Perdidas"
      ## Opção2 - Trabalhar com médias ajustadas

#####
##### Opção1 - Estimar as Parcelas Perdidas e trabalhar como "Sem
Parcelas Perdidas" #####

## Estimar as Parcelas Perdidas
ypc<-predict(mod,newdata=df);ypc          # df - nome do data-frame
## Substituir a(s) parcelas perdidas pela(s) estimada(s) e reinicia a
análise

#####
##### Opção2 - Trabalhar com médias ajustadas #####

### Médias dos Tratamentos - ajustadas
#install.packages("epicalc")
#require(epicalc)
```



```
modma <- glm(Y~FBL+FTR,data=df,family=gaussian) # df - nome do data
frame
mda<-adjust(adjust=FBL, by=list(FTR),modma); mda
ma<-mda[,2];ma

### Comparações múltiplas das médias ajustadas
# Teste de Tukey
TukeyHSD(mod,"FTR")

### Contrastes para médias ajustadas
# Usar as estimativas das observações perdidas e usar o procedimento
sem parcelas perdidas (aproximado).
# Usar novas variáveis - definindo os contrastes de interesse.
```

Para ilustrar considere o exemplo a seguir:

Exemplo(DBC_ex1): Em um Delineamento em Blocos Casualizados com cinco tratamentos (efeitos fixos) e quatro blocos Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DBC_ex1.txt**.

Trat.	Bloco			
	1	2	3	4
1	122,36	144,78	145,19	158,88
2	125,28	137,77	144,44	150,61
3	120,73	134,06	136,07	144,11
4	150,88	155,83	156,97	176,36
5	153,49	165,02	171,75	175,22

- Fazer a Análise da Variância, verificando as pressuposições dos testes.
- Comparar as médias pelo teste de Newman-Keuls.
- Concluir.

No Delineamento em Blocos Casualizados – DBC, se houverem parcelas perdidas, a(s) média(s) do(s) tratamento(s) onde foram(foi) perdida(s) parcela(s) não representa verdadeiramente as médias dos tratamentos, por isso, neste caso a parcela deve ser estimada ou deve-se trabalhar com médias ajustadas.

Para ilustrar considere o exemplo a seguir:

Exemplo(DBC_ex2): Em um Delineamento em Blocos Casualizados com cinco tratamentos (efeitos fixos) e quatro blocos, a observação da parcela referente ao tratamento3 e bloco 3 foi perdida. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DBC_ex2.txt**.

Trat.	Blocos			
	1	2	3	4
1	59,7	60,7	70,2	81,3
2	56,2	58,7	62,8	74,8
3	81,1	80,9	,	98,3
4	48,2	51,0	59,2	67,9
5	54,4	56,6	65,1	74,6

- Fazer a Análise da Variância (DBC), verificando as pressuposições dos testes.
- Comparar as médias pelo teste de Tukey.
- Concluir.

13.3 Delineamento em Quadrado Latino (DQL):

Experimento com 3 fatores sem interação. Um fator (tratamentos) com t níveis, t^2 parcelas que apresentam falta de homogeneidade em 2 sentidos, digamos linhas e colunas. Os tratamentos são atribuídos às parcelas de forma sistemática tal que cada linha e cada coluna tenham todos os tratamentos (ortogonalidade). Ver o esquema a seguir, para o caso particular de $t=4$.

	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
L ₁	T ₁	T ₂	T ₃	T ₄
L ₂	T ₂	T ₃	T ₄	T ₁
L ₃	T ₃	T ₄	T ₁	T ₂
L ₄	T ₄	T ₁	T ₂	T ₃

Casualiza-se então as linhas e colunas.

Observe que este tipo de delineamento tem 3 fatores: Tratamentos e 2 Controles Locais (Linhas e Colunas). Da mesma forma do DBC, pela forma de casualização, considera-se apenas os efeitos principais.

Modelo: $y_{ijk} = m + l_i + c_j + t_{k(ij)} + e_{ijk}$, onde

y_{ijk} = valor observado na unidade experimental que recebeu o tratamento k (na linha i e coluna j); m = efeito da média geral; l_i = efeito do linha i ; c_j = efeito do coluna j ; $t_{k(ij)}$ = efeito do tratamento k aplicado na linha i e coluna j ; e_{ijk} = erro aleatório (resíduo).

A análise de variância é esquematizada como:

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.	F	p -value
Linhas	p-1	SQ(Lin.)	QM(Lin.)	QM(Lin.) / QM(Res.)	p_1
Colunas	p-1	SQ(Col.)	QM(Col.)	QM(Col.) / QM(Res.)	p_2
Tratamentos	p-1	SQ(Tr.)	QM(Tr.)	QM(Tr.) / QM(Res.)	p_3
Resíduo	(p-1)(p-2)	SQ(Res.)	QM(Res.)		
Total	p^2-1	SQ(Tot.)			

O valor p -value para tratamentos é obtido supondo que a estatística F tem uma distribuição F central com $p-1$ e $(p-1)(p-1)$ graus de liberdade. Essa pressuposição é válida se os erros forem iid - independentes e identicamente distribuídos, com distribuição normal $N(0, \sigma^2)$.

As pressuposições da análise da variância são as mesmas do Delineamento em Blocos Casualizados – DBC.

Um script para a análise de Variância completa para um Delineamento em Quadrado Latino - DQL, é apresentado a seguir:

Script Análise da Variância - DQL

```
#####
#####          Script para Análise da Variância - DQL          #####
#####          Sem ou com Parcelas Perdidas                    #####
#####
## Entrada de dados ##
##Entre com as variáveis (TR - Tratamentos, CL1 - Controle Local 1,
CL2 - Controle Local 2 e Y - Variável Resposta)

### DEFINA O MODELO ###
FTR <- as.factor(TR)
FCL1 <- as.factor(CL1)
FCL2 <- as.factor(CL2)
mod <- aov(Y~FCL1 + FCL2 + FTR)
summary(mod)
summary.lm(mod)

## Carregue a rotina para diagnósticos e faça os diagnósticos. Se for
o caso,
# elimine os valores extremos que passarão a ser parcelas perdidas

## Carregue a rotina para Testes de Normalidade.

#####          Caso de Quadado Latino Sem Parcelas Perdidas          #####

# Médias dos Tratamentos
m <- tapply(Y,FTR,mean); m

# Gráfico das médias de tratamentos
# Defina um limite mínimo e máximo e mínimo para a escala das médias
(opcional)
lmin <-          # defina o limite mínimo para a escala
lmax <-          # defina o limite máximo para a escala
barplot(m,ylim=c(lmin,lmax))

# Gráfico Box_Plot por TRatamento ####
plot(Y~as.factor(TR))

## Carregue a rotina para comparações múltiplas (se for o caso).

## Carregue a rotina para contrastes (se for o caso).

#####          Caso de Quadrado Latino Com Parcelas Perdidas          #####
#####          Duas Opções Possíveis:
#####          ## Opção1 - Estimar as Parcelas Perdidas e trabalhar como "Sem
#####          ## Parcelas Perdidas"
#####          ## Opção2 - Trabalhar com médias ajustadas

#####
#####          Opção1 - Estimar as Parcelas Perdidas e trabalhar como "Sem
#####          Parcelas Perdidas" #####

## Estimar as parcelas perdidas
ypc<-predict(mod,newdata=df);ypc          # df - nome do data-frame
## substituir a(s) observações perdidas pela(s) estimada(s) e reinicia
a análise spp)
```

```
#####
#####  Opção2 - Trabalhar com médias ajustadas #####

### Médias dos Tratamentos - ajustadas
#install.packages("epicalc")
#require(epicalc)
modma <- glm(Y~FCL1+FCL2+FTR,data=df,family=gaussian) # df - nome do
data frame
mda<-adjust(adjust=c(FCL1,FCL2), by=list(FTR),modma); mda
ma<-mda[,2];ma

## Comparações múltiplas para as médias ajustadas:
# Teste de Tukey
TukeyHSD(mod,"FTR")

### Contrastes para médias ajustadas
# Usar as estimativas das observações perdidas e usar o procedimento
sem parcelas perdidas (aproximado).
# Usar novas variáveis - definindo os contrastes de interesse.
```

Para ilustrar considere o exemplo a seguir:

Exemplo(DQL_ex): Em um Delineamento em Quadrado Latino 5x5, tratamentos com efeitos fixos obteve-se os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_DQL_ex.txt**.

Linhas	Colunas				
	1	2	3	4	5
1	432(4)	518(1)	458(2)	583(3)	331(5)
2	624(3)	478(5)	524(1)	550(2)	400(4)
3	489(5)	384(2)	556(3)	297(4)	420(1)
4	494(2)	500(4)	313(5)	486(1)	501(3)
5	515(1)	660(3)	438(4)	394(5)	318(2)

- Fazer a Análise da Variância, verificando as pressuposições dos testes.
- Comparar as médias dos tratamentos pelo teste de Newman Keuls.
- Concluir.

EXPERIMENTOS FATORIAS

Experimentos Fatoriais são experimentos em que os Tratamentos são combinações de níveis de dois ou mais fatores.

Dois Fatores A e B podem ser de efeitos cruzados ou aninhados.

Cruzados: quando os níveis de um fator são os mesmos dentro de cada nível do outro.

Exemplo: Três variedades de milho (Fator A) e quatro densidades de semeadura (Fator B). As mesmas densidades foram usadas para as três variedades, resultando 12 tratamentos (3x4). Veja o esquema apresentado a seguir:

Variedade	Densidade			
	10	15	20	25
V1	X	X	X	X
V2	X	X	X	X
V3	X	X	X	X

Se esses tratamentos, com 3 repetições (totalizando 36 parcelas), foram delineados em um DIC, tem-se:

Delineamento de Experimento: DIC - Delineamento Inteiramente Casualizado

Delineamento de Tratamentos: fatorial cruzado 3x4.

O Esquema de análise da variância fica:

Fontes de Variação	GL	
Tratamentos	11	
A - Var.	2	- Efeito principal do Fator A
B - Dens.	3	- Efeito principal do Fator B
AxB - Var.xDens.	6	- Efeito da interação AxB
Resíduo	24	
Total	35	

No R, a interação AxB é indicada por **A:B**, ainda mais, **A*B = A+B+A:B**

Aninhados: quando os níveis de um fator não são os mesmos dentro de cada nível do outro.

Exemplo: Três variedades de milho e quatro densidades de semeadura. As densidades não foram as mesmas para cada variedade de milho. Veja o exemplo:

Variedade	Densidade					
	10	15	20	25	30	55
V1	X	X	X	X		
V2		X	X	X	X	
V3			X	X	X	X

Se esses tratamentos, com 3 repetições (totalizando 36 parcelas), foram delineados em um DIC, tem-se:

Delineamento de Experimento: DIC (Delineamento Inteiramente

Delineamento de Tratamentos Fatorial com fatores aninhados.

O Esquema de análise da variância fica:

Fontes de Variação	GL	
Tratamentos	11	
A - Var.	2	- Efeito principal do Fator A
B d. A	9	- Efeito de B aninhado em A
Resíduo	24	
Total	35	

No R, a interação B d. A é indicada por **B%in%A**, ainda mais, **B/A=A+ B%in%A**

Exemplos:

1. Exemplo (FatCruz). Para estudar 3 espécies de capim (Fator A – A1, A2 e A3) com as mesmas alturas de corte (Fator B - B1=0,30 e B2=0,50) foi realizado um experimento em um DIC com 4 repetições. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_FatCruz.txt**.

A	B	Repetições			
		1	2	3	4
1	1	26,2	26,0	25,0	25,4
1	2	24,8	24,6	26,7	25,2
2	1	25,7	26,3	25,1	26,4
2	2	19,6	21,1	19,0	18,6
3	1	20,0	19,4	18,8	19,2
3	2	19,8	21,4	22,8	21,3

Fazer a análise de variância completa, com resultados e conclusões.

Um Script para a Análise da Variância para Fatorial com Fatores Cruzados é apresentado a seguir:

```
#####
##      FATORIAL - FATORES CRUZADOS #####
#####

## Entre com os dados - Tratamentos - TR, Controles Locais - CL1, CL2
...
  Fatores -  A, B ...

## Defina os Controle Locais, Tratamento e os Fatores como fatores
FCL1 <- as.factor(CL1)
# ...
FTR <- as.factor(TR)

FA <- as.factor(A)
FB <- as.factor(B)
....
## Imprima os fatores
FTR; FA; FB; Y

#####
###
## Diagnósticos - usando o modelo Geral (sem considerar o Delineamento
de Tratamentos)
#####
```

```

mod <- aov(Y ~ FTR)      # Colocar os Controles locais, se for o caso
anova(mod)

##CARREGUE A ROTINA PARA DIAGNÓSTICOS

##CARREGUE A ROTINA PARA HETEROCEDASTICIDADE (se for o caso)

##CARREGUE A ROTINA PARA TIPO DE HETEROCEDASTICIDADE - (se for o caso)

##CARREGUE A ROTINA PARA NORMALIDADE DOS ERROS

#####
# Analise - considerando o delineamento de tratamentos
#####
## Definir o Modelo
modc <- aov(Y~FA+FB+FB:FA)      # Colocar Contr. Locais, se for o caso
# ou modc <- aov(Y~FA*FB)
anova(modc)

## Medias dos efeitos principais e da interação
model.tables(modc,type="means")

## Gráfico da interação
interaction.plot(FA,FB,Y,fixed=T,fun=mean,main="Desd.Interacao",
xlab="Fator A", ylab="Fator B",
                    type="b", lty=1:length(levels(FB)),
pch=1:length(levels(FB)), col=1:length(levels(FB)))

##### SE A INTERAÇÃO NAO FOR SIGNIFICATIVA

## Comparações múltiplas (Tukey) para os efeitos principais
#install.packages("agricolae")
#require(agricolae)
HSD.test(modc,"FA",group=T)
HSD.test(modc,"FB",group=T)

##### SE A INTERAÇÃO FOR SIGNIFICATIVA

## Desdobramento da interação FA:FB
# Desdobramento da interação FA d. FB
modab <- aov(Y~FA/FB)          # Colocar os Controles locais, se for o
caso
effects(modab)
### defina a lista (sequencias do Ax em FAx:FBy)
summary(modab,split=list("FA:FB"=list(A1=1,A2=2,A3=3)))

# Desdobramento da interação FB d. FA
modab <- aov(Y~FB/FA)          # Colocar os Controles locais, se for o
caso
effects(modab)
### defina a lista (sequencias do Bx em FBx:FAy)
summary(modab,split=list("FB:FA"=list(B1=c(1,3),B2=c(2,4))))

## Comparações múltiplas (Tukey) - dentro de cada Fator
cmTK <- TukeyHSD(modc,"FA:FB")
cmTK

cmTAB <- with(modc, pairwise.t.test(Y,FA:FB), p.adj="Tukey")
cmTAB

```

2. Exemplo (FatAninh). Para estudar 3 espécies animais (Fator A – A1, A2 e A3) e duas raças de cada espécie (Fator B) foi realizado um experimento em um DBC com 4 Blocos. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_FatAninh.txt**.

A	B1	B					
		1	2	1	2	1	2
1	1	51,8	50,4				
1	2	51,6	50,2				
1	3	50,6	52,3				
1	4	51,0	50,8				
2	1			51,3	45,2		
2	2			51,9	46,7		
2	3			50,7	44,6		
2	4			52,0	44,2		
3	1					46,4	45,4
3	2					45,0	47,0
3	3					44,4	48,4
3	4					44,8	46,9

Fazer a análise de variância completa, com resultados e conclusões.

Um Script para a Análise da Variância para Fatorial com Fatores Aninhados é apresentado a seguir:

```
#####
#### FATORIAL - FATORES ANINHADOS ####
#####

## Entre com os dados - Tratamentos - TR, Controles Locais - CL1, CL2
...
Fatores - A, B ...

## Defina "Como Fatores" os Controle Locais, Tratamento e os Fatores
FCL1 <- as.factor(CL1)
# ...
FTR <- as.factor(TR)

FA <- as.factor(A)
FB <- as.factor(B)
# ...
## Imprima os fatores
FTR; FA; FB; Y

#####
###
## Diagnósticos - usando o modelo Geral (sem considerar o Delineamento
de Tratamentos)
#####

mod <- aov(Y ~ FTR)      # Colocar os Controles locais, se for o caso
anova(mod)

##CARREGUE A ROTINA PARA DIAGNÓSTICOS
##CARREGUE A ROTINA PARA HETEROCEDASTICIDADE - (se for o caso)
##CARREGUE A ROTINA PARA TIPO DE HETEROCEDASTICIDADE - (se for o caso)
##CARREGUE A ROTINA PARA NORMALIDADE DOS ERROS
```



```
#####
# Analise - considerando o delineamento de tratamentos
#####
## Definir o Modelo
modc <- aov(Y~FA + FB%in%FA)      # Colocar Cont. Locais, se for o caso
anova(modc)

## Medias dos efeitos principais e dos efeitos aninhados
model.tables(modc,type="means")

##### SE O EFEITO PRINCIPAL FOR SIGNIFICATIVO

## Comparações múltiplas (Tukey) para o efeito principal
require(agricolae)
HSD.test(modc, "FA", group=T)

##### SE O EFEITO ANINHADO FOR SIGNIFICATIVO

# Desdobramento da interação FB d. FA
modab <- aov(Y~FA/FB)            # Incluir os controles Locais, se for o
caso
effects(modab)
### defina a lista (sequencias do Ax em FAx:FBy)
summary(modab,split=list("FA:FB"=list(A1=1,A2=2,A3=3)))

## Comparações múltiplas (Tukey) - dentro de cada Fator
cmTK <- TukeyHSD(modc, "FA:FB")
cmTK
```

3. Exemplo(FatCruzAninh): Em um experimento para testar 4 tratamentos, dispunha-se apenas de três animais fistulados, utilizou-se 4 quadrados-latinos 3x3. Os resultados são apresentados a seguir. Disponíveis em **A_FatCruzAninh.txt**.

QL	AN	PR	TR	Y
		1	1	17.200
	1	2	2	14.800
		3	3	12.600
		1	2	19.200
1	2	2	3	17.400
		3	1	18.400
		1	3	12.600
	3	2	1	14.800
		3	2	11.200

QL	AN	PR	TR	Y
		1	1	16.000
	1	2	3	12.200
		3	2	11.200
		1	2	12.800
2	2	2	1	15.200
		3	3	9.800
		1	3	11.000
	3	2	2	11.600
		3	1	12.400

QL	AN	PR	TR	Y
		1	1	12.000
	1	2	2	10.400
		3	3	8.200
		1	2	12.000
3	2	2	3	10.600
		3	1	12.400
		1	3	9.000
	3	2	1	12.400
		3	2	9.200

QL	AN	PR	TR	Y
		1	1	10.400
	1	2	3	8.600
		3	2	8.400
		1	2	8.400
4	2	2	1	10.800
		3	3	6.600
		1	3	7.800
	3	2	2	8.400
		3	1	9.200

Fazer a análise de variância completa, com resultados e conclusões.

ESTATÍSTICA EXPERIMENTAL APLICADA – Tarefa 1

1. Apresentam-se os valores de 20 observações de uma v.a. Y com distribuição normal com média μ e variância σ^2 .

42,5	39,0	42,0	45,0	40,8	41,2	43,0	40,0	37,1	41,0
42,0	43,0	40,0	38,0	39,0	39,9	40,1	41,0	44,0	42,0

- Testar a hipótese $H_0: \mu = 40$ vs $H_1: \mu > 40$ ($\alpha=0,05$).
- Testar a hipótese $H_0: \sigma^2 = 9$ vs $H_1: \sigma^2 \neq 9$ ($\alpha=0,05$).
- Apresentar os resultados e Concluir.

2. Apresentam-se os pesos observados para animais que receberam dois tipos de rações.

Ração1			Ração2		
21,5	22,0	23,0	19,0	17,0	19,0
21,0	21,5	21,5	21,0	21,0	17,0
22,0	23,0	21,0	18,0	18,5	18,0
20,0	19,5	22,5	19,0	18,5	19,0
21,4	21,8	22,1	19,8	20,2	
22,8	21,2	22,1	20,5	22,0	

- Testar a hipótese da homogeneidade de variâncias ($\alpha=0,10$).
- Testar a hipótese das médias das rações serem iguais ($\alpha=0,10$).
- Apresentar os resultados e Concluir.

3. Avaliou-se a espessura do filé de 10 peixes em 2 posições (inicial final do lombo – PI e PF). Os valores observados foram:

Posição	Animais									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
PI	1,23	1,23	1,25	1,23	1,26	1,21	1,24	1,25	1,22	1,25
PF	1,27	1,25	1,26	1,22	1,28	1,23	1,23	1,26	1,23	1,26

Considerando-se que os dados têm distribuição normal com médias μ_i e μ_f , para as posições inicial e final, respectivamente, e variância constante σ^2 .

- Testar a hipótese das médias serem iguais ($\alpha=0,05$).
- Apresentar os resultados e Concluir.

4. Um produtor afirma que 70% dos animais de uma propriedade estão infectados com um determinado fungo, um sanitarista consultado afirma que a infestação é menor que 70%. Em uma pesquisa realizada, 300 animais foram avaliados, dos quais 195 estavam infestados. Testar a veracidade da hipótese do produtor ($\alpha=0,10$) e concluir.

5. Em um experimento para testar se a ocorrência de uma determinada doença depende da espécie animal, foram testadas 3 espécies. As frequências observadas foram:

Espécie	Presença de doença	
	Sim	Não
E1	25	90
E2	180	230
E3	4	8

- Analisar os resultados ($\alpha=0,05$).
- Apresentar os resultados e Concluir.

ESTATÍSTICA EXPERIMENTAL APLICADA – Tarefa 2

1. Fazer um programa SAS para, a partir dos dados a seguir:

X	Y	X	Y	X	Y	X	Y
2,0	13,3	2,2	12,7	2,6	11,7	3,0	11,3
2,0	13,5	2,4	11,9	2,6	11,8	3,0	11,2
2,0	13,4	2,4	12,0	2,8	11,7	3,0	11,2
2,2	12,5	2,4	11,9	2,8	11,3	3,2	11,0
2,2	12,7	2,6	11,9	2,8	11,5	3,2	10,9

- Representar graficamente $Y=f(X)$.
- Fazer a análise de regressão linear, verificando as pressuposições.
- Apresentar os resultados e concluir.

2. Fazer um programa SAS para, a partir dos dados a seguir:

X	Y	X	Y	X	Y	X	Y	X	Y
1,0	13,3	1,8	10,8	3,4	9,3	5,0	10,8	5,8	13,8
1,0	12,8	2,6	12,3	3,4	9,1	5,0	11,3	9,0	16,0
1,0	12,3	2,6	9,5	4,2	9,5	5,0	11,8		
1,8	11,8	2,6	10,0	4,2	9,8	5,8	13,3		
1,8	11,3	3,4	8,8	4,2	9,3	5,8	13,4		

- Representar graficamente $Y=f(X)$.
- Fazer a análise de regressão polinomial, verificando as pressuposições.
- Apresentar os resultados da análise e discutir.

3. Fazer um programa SAS para, a partir dos dados a seguir:

Y	X1	X2	X3	X4
0,249	12,510	36,500	27,000	38,000
0,347	18,120	38,000	24,500	44,500
0,194	10,670	38,500	20,500	36,500
0,247	14,240	38,500	22,500	37,500
0,291	14,950	35,000	22,000	41,500
0,208	16,750	35,000	26,500	36,500
0,174	8,830	34,500	22,000	29,000
0,179	11,510	36,500	19,500	32,000
0,227	12,130	36,250	18,500	35,000
0,187	10,110	37,250	25,500	36,000
0,270	15,670	35,250	21,000	42,500
0,166	9,760	33,500	19,000	36,000
0,114	7,040	33,000	27,000	15,000
0,259	16,340	36,000	37,000	20,000
0,187	9,250	34,000	26,000	16,000
0,254	13,430	37,500	32,500	20,500
0,337	15,490	38,500	28,000	28,500
0,252	13,000	36,500	28,500	22,000
0,148	7,910	40,250	35,000	17,500
0,350	14,300	36,250	36,000	25,500

- Fazer a análise de regressão linear múltipla e selecionar o modelo usando os métodos: BACKWARD.
- Representar os resultados da análise e concluir.

ESTATÍSTICA EXPERIMENTAL APLICADA – Tarefa 3

- Um experimento para testar 4 Rações foi instalado num Delin. Int. Cas. - DIC, com 5 tratamentos (efeitos fixos) e 5 repetições. A Ração1 tem Milho e as demais Soja nos níveis crescentes (20, 30, 40 e 50%, respectivamente). Os dados observados foram:

TR	Repetições				
	1	2	3	4	5
1	69,4	70,8	74,0	71,8	71,6
2	63,2	65,4	64,0	66,4	65,6
3	64,2	62,6	61,4	64,8	62,4
4	57,8	58,4	60,0	56,6	58,2
5	57,4	58,2	57,4	59,6	56,8

- Testar as pressuposições para a Análise da Variância $\alpha=0,05$.
 - Fazer a análise da variância.
 - Desdobrar os graus de liberdade de Tratamentos por contrastes (contrastos apropriados).
 - Apresentar a Tabela dos Resultados e Concluir.
- Em um experimento para avaliar a Adubação da Pastagem no ganho de peso animal, utilizou-se um Delin. Int. Cas. - DIC. Foram estudados 5 Adubações (com 0, 2, 5, 10 e 20Kg de N) . Os dados observados foram:

TR	Repetições					
	1	2	3	4	5	6
1	8,06	5,27	8,21	6,65	6,74	8,06
2	9,02	13,08	20,89	5,17	3,82	9,02
3	20,53	22,49	14,84	9,12	15,48	20,53
4	44,72	40,46	51,36	30,74	36,93	41,72
5	69,09	40,74	51,81	27,61	58,03	89,09

- Testar as pressuposições para a Análise da Variância ($\alpha=0,05$).
 - Fazer a análise da variância.
 - Desdobrar os graus de liberdade de Tratamentos por contrastes (contrastos apropriados).
 - Apresentar a Tabela dos Resultados e Concluir.
- Em um experimento para avaliar Rações Animais utilizou-se um Delin. em Blocos Cas. - DBC. Foram estudados 6 Rações com 4 Blocos. Os dados observados foram:

TR	Bolos			
	1	2	3	4
1	34,60	47,10	37,30	44,35
2	64,85	48,35	37,45	20,70
3	40,35	33,90	59,10	49,35
4	38,10	54,45	48,00	53,70
5	60,15	63,45	48,65	64,00
6	56,95	80,65	90,85	84,95

- Testar as pressuposições para a Análise da Variância $\alpha=0,05$. Fazer a análise da variância. (Em caso de observações perdidas, estimar as parcelas).
- Comparar as médias pelo teste de Tukey ($\alpha=0,05$).
- Apresentar a Tabela dos Resultados e Concluir.