

# Estatística Experimental no *software* R

Atividades Extras

Profa. Dra. Giovana Fumes Gbantous

Helena Ribeiro Teixeira



- Exercício 1
- Exercício 2
- Exercício 3

**Exercício 1.** Os dados da tabela referem-se à produtividade de milho (Kg/ 100m<sup>2</sup>) de quatro variedades diferentes, em um experimento instalado segundo o delineamento inteiramente casualizado (DIC). Considerando que as pressuposições para a análise de variância estão satisfeitas, verifique se existe diferença significativa entre as variedades (Use  $\alpha = 5\%$ ).

Variedades	Repetições				
	1	2	3	4	5
A	25	26	20	23	21
B	31	25	28	27	24
C	22	26	28	25	29
D	33	29	31	34	28

## Resolução: Inserindo os dados e fazendo a análise de variância

```
#Banco de dados
Trat<-rep(c("A", "B", "C", "D"), each=5)
Prod<-c(25, 26, 20, 23, 21,
        31, 25, 28, 27, 24,
        22, 26, 28, 25, 29,
        33, 29, 31, 34, 28)

dados<-data.frame(Trat,Prod)
dados

#Análise de Variância
modelo<-aov(Prod~Trat,data=dados)
anova(modelo)
```

### Saída do *software*:

#### Analysis of Variance Table

Response: Prod

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Trat	3	163.75	54.583	7.7976	0.001976 **
Residuals	16	112.00	7.000		

# Exercício 1

## Resolução: Fazendo o Teste de Tukey pelo pacote Agricolae

```
#Teste de Tukey
require(agricolae)
(tukey=with(dados, HSD.test(Prod,Trat,DFerror=df.residual(modelo),
                             MSerror=deviance(modelo)/df.residual(modelo))))
```

### Saída do *software*:

\$statistics

MSerror	Df	Mean	CV	MSD
7	16	26.75	9.890659	4.787402

\$parameters

test	name.t	ntr	StudentizedRange	alpha
Tukey	Trat	4	4.046093	0.05

\$means

	Prod	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
A	23	2.549510	5	1.183216	20	26	21	23	25
B	27	2.738613	5	1.183216	24	31	25	27	28
C	26	2.738613	5	1.183216	22	29	25	26	28
D	31	2.549510	5	1.183216	28	34	29	31	33

\$comparison

NULL

\$groups

Prod groups

D	31	a
---	----	---

B	27	ab
---	----	----

C	26	b
---	----	---

A	23	b
---	----	---

attr(,"class")

[1] "group"

Resolução: Fazendo o Teste de Tukey pelo pacote ExpDes.pt

```
require(ExpDes.pt)
dic(Trat, Prod, mcomp = "tukey", sigF = 0.05)
```

Saída do *software*:

-----  
Quadro da análise de variancia  
-----

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	3	163.75	54.583	7.7976	0.0019756
Residuo	16	112.00	7.000		
Total	19	275.75			

-----

CV = 9.89 %  
-----

-----  
Teste de homogeneidade de variancia  
valor-p: 0.9981235

De acordo com o teste de bartlett a 5% de significancia, as variancias podem ser consideradas homogeneas.  
-----

-----  
Teste de normalidade dos residuos ( Shapiro-Wilk )  
Valor-p: 0.2358736

De acordo com o teste de Shapiro-Wilk a 5% de significancia, os residuos podem ser considerados normais.  
-----

# Exercício 1

Resolução: Fazendo o Teste de Tukey pelo pacote ExpDes.pt

Saída do software:

## Teste de Tukey

-----

-----

Grupos Tratamentos Medias

a	D	31
ab	B	27
b	C	26
b	A	23

-----

Analizando o resultado obtido, podemos concluir que as variedades que proporcionaram as maiores médias de produção de milho foram as D e B, com o tratamento D apresentando o melhor resultado e com diferença significativa em relação às demais variedades, com exceção à variedade B.

**Exercício 2.** Num experimento estudou-se o efeito das diferentes concentrações de agentes gelificantes nas características sensoriais de doce de banana sem açúcar. O ensaio, organizado em blocos completos casualizados, abrangeu duas fases distintas e foi constituído de 5 tratamentos e 5 repetições, com 8 doces de banana por unidade experimental. Os tratamentos na 1ª fase foram formados por doces de banana que continham 0, 15, 30, 45, 60% de concentração de agentes gelificantes. Os resultados obtidos (notas sensoriais) na 1ª fase do ensaio foram:

Tratamentos	Bloco 1	Bloco 2	Bloco 3	Bloco 4	Bloco 5
0%	6,5	6,4	6,2	5,8	7,3
15%	7,1	7,4	6,9	7,3	7,0
30%	7,5	8,1	6,7	7,4	7,7
45%	7,2	7,0	6,9	6,7	6,5
60%	6,4	6,5	6,0	6,3	6,2

Encontre o modelo de regressão adequado para o conjunto de dados (use  $\alpha = 5\%$ ).



## Resolução: Inserindo os dados e fazendo a análise exploratória dos dados

```
# Banco de dados
(Bloco<- rep(1:5, 5))
(Gelificante<- rep(c(0, 15, 30, 45, 60), each=5))
(Nota<- c(6.5, 6.4, 6.2, 5.8, 7.3,
          7.1, 7.4, 6.9, 7.3, 7.0,
          7.5, 8.1, 6.7, 7.4, 7.7,
          7.2, 7.0, 6.9, 6.7, 6.5,
          6.4, 6.5, 6.0, 6.3, 6.2))

dados <- data.frame(Bloco, Gelificante, Nota)
dados
```

### # Análise Exploratória

#### # Estatísticas descritivas por grupo

```
library(tidyverse)
(Resumo_Gelificante <- dados %>%
  group_by(Gelificante) %>%
  summarise(n = length(Nota),
            Media = mean(Nota),
            Var = var(Nota),
            Desvio = sd(Nota),
            CV = 100*sd(Nota)/mean(Nota)))
```

# A tibble: 5 × 6

	Gelificante	n	Media	Var	Desvio	CV
	<dbl>	<int>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	0	5	6.44	0.303	0.550	8.55
2	15	5	7.14	0.043	0.207	2.90
3	30	5	7.48	0.262	0.512	6.84
4	45	5	6.86	0.073	0.270	3.94
5	60	5	6.28	0.037	0.192	3.06

## Resolução: Fazendo a análise de variância

```
# Análise de variância
```

```
modelo <- aov(Nota ~ as.factor(Bloco)+ as.factor(Gelificante), data=dados)  
anova(modelo)
```

## Saída do *software*:

Analysis of Variance Table

Response: Nota

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
as.factor(Bloco)	4	0.936	0.234	1.9339	0.1537952
as.factor(Gelificante)	4	4.868	1.217	10.0579	0.0002889 ***
Residuals	16	1.936	0.121		

---

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

## Resolução: Fazendo o gráfico de dispersão

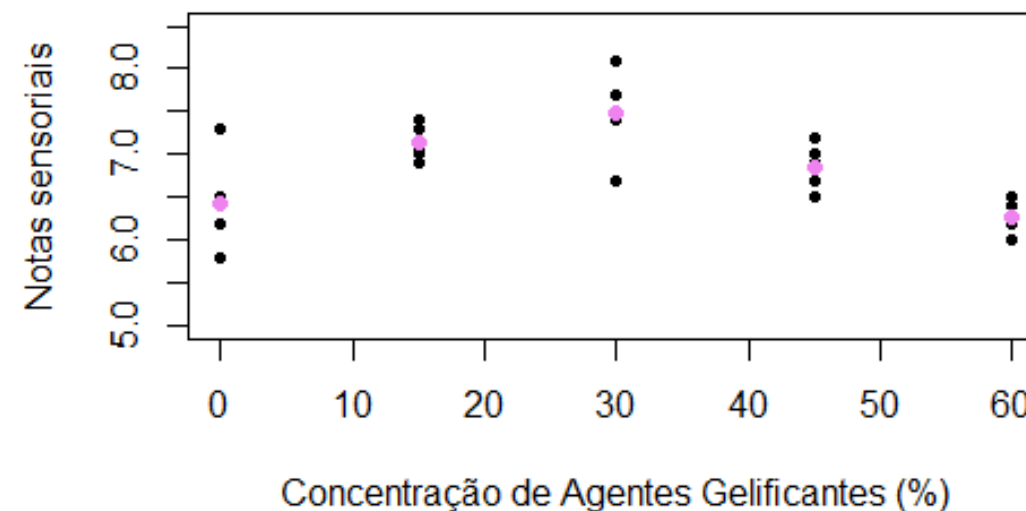
# Gráfico de dispersão

```
require(lattice)
plot(Nota ~ Gelificante, xlab="Concentração de Agentes Gelificantes (%)",
     ylab="Notas sensoriais", pch=20, ylim=c(5, 8.5))

(media <- tapply(dados$Nota, dados$Gelificante, mean))
points(media ~ unique(Gelificante), col="violet", pch=19)
```

## Saída do *software*:

```
> (media <- tapply(dados$Nota, dados$Gelificante, mean))
  0   15   30   45   60 
6.44 7.14 7.48 6.86 6.28
```



## Resolução: Fazendo a regressão polinomial

```
# Regressão Polinomial  
require(ExpDes.pt)  
dbc(dados$Gelificante, dados$Bloco, dados$Nota, quali=FALSE)
```

### Saída do *software*:

#### Quadro da análise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	4	4.868	1.217	10.0579	0.000289
Bloco	4	0.936	0.234	1.9339	0.153795
Residuo	16	1.936	0.121		
Total	24	7.740			

CV = 5.09 %

#### Teste de normalidade dos residuos

valor-p: 0.3962678

De acordo com o teste de Shapiro-Wilk a 5% de significancia, os residuos podem ser considerados normais.

#### Teste de homogeneidade de variancia

valor-p: 0.4565391

De acordo com o teste de oneillmathews a 5% de significancia, as variancias podem ser consideradas homogeneas.

# Exercício 2

## Saída do software:

Ajuste de modelos polinomiais de regressao  
-----

Modelo Linear

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	6.9600	0.1205	57.7598	0
b1	-0.0040	0.0033	-1.2197	0.2403

R2 do modelo linear  
-----  
0.036976  
-----

Analise de variancia do modelo linear

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.1800	0.1800	1.49	0.24026
Desvios de Regressao	3	4.6880	1.5627	12.91	0.00015
Residuos	16	1.9360	0.1210		

Modelo quadratico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	6.4571	0.1464	44.1048	0
b1	0.0630	0.0116	5.4531	0.00005
b2	-0.0011	0.0002	-6.0474	0.00002

R2 do modelo quadratico  
-----  
0.946003  
-----

Analise de variancia do modelo quadratico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.1800	0.1800	1.49	0.24026
Efeito quadratico	1	4.4251	4.4251	36.57	2e-05
Desvios de Regressao	2	0.2629	0.1314	1.09	0.36113
Residuos	16	1.9360	0.1210		

## Saída do *software*:

Modelo cubico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	6.4171	0.1544	41.5488	0
b1	0.0822	0.0262	3.1366	0.0064
b2	-0.0020	0.0011	-1.8096	0.0892
b3	0.00001	0.00001	0.8131	0.4281

R2 do modelo cubico

-----  
0.962437  
-----

Analise de variancia do modelo cubico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.1800	0.1800	1.49	0.24026
Efeito quadratico	1	4.4251	4.4251	36.57	2e-05
Efeito cubico	1	0.0800	0.0800	0.66	0.42809
Desvios de Regressao	1	0.1829	0.1829	1.51	0.23673
Residuos	16	1.9360	0.1210		

## Resolução: Fazendo o ajuste do modelo

```
# Regressão Polinomial
modeloaj <- lm(Nota ~ Gelificante + I(Gelificante^2), dados)
summary(modeloaj)

coef(modeloaj)
```

## Saída do *software*:

```
Call:
lm(formula = Nota ~ Gelificante + I(Gelificante^2), data = dados)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.65714	-0.21714	-0.01714	0.16857	0.84286

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )	
(Intercept)	6.4571429	0.1588764	40.643	< 2e-16	***
Gelificante	0.0630476	0.0125468	5.025	4.96e-05	***
I(Gelificante^2)	-0.0011175	0.0002005	-5.573	1.33e-05	***

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

Residual standard error: 0.3775 on 22 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.595, Adjusted R-squared: 0.5582  
F-statistic: 16.16 on 2 and 22 DF, p-value: 4.811e-05

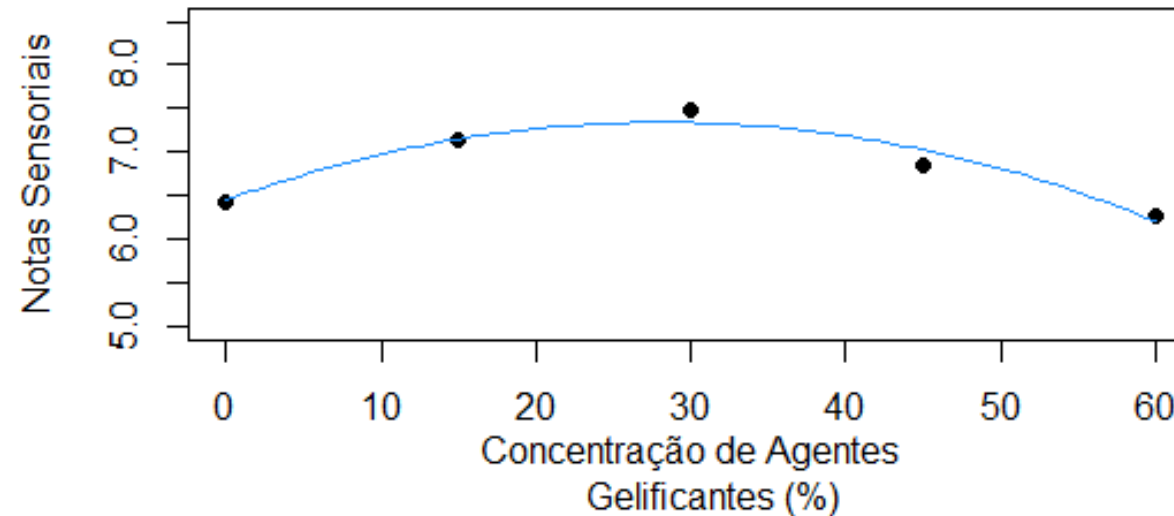
## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado

```
# Gráfico da curva ajustada
```

```
##### USANDO R BÁSICO
```

```
plot(media ~ unique(Gelificante), xlab="Concentração de Agentes  
Gelificantes (%)", ylab="Notas Sensoriais",  
xlim=c(0, 60), ylim=c(5, 8.5), pch=19)
```

```
curve(coef(modeloaj)[1] + coef(modeloaj)[2]*x + coef(modeloaj)[3]*x^2,  
add=T, col="dodgerblue")
```





## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado

```
##### USANDO GGPLOT2
library(ggplot2)
library(dplyr)

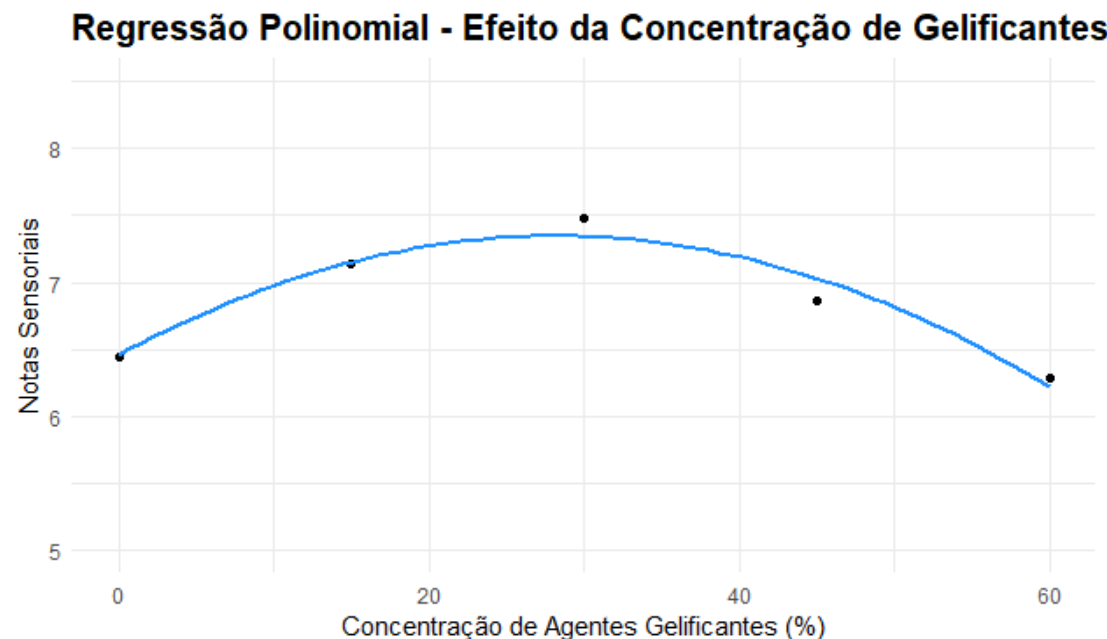
(media_gelificante <- dados %>%
  group_by(Gelificante) %>%
  summarise(mean_Nota = mean(Nota)))
```

## Saída do *software*:

```
# A tibble: 5 × 2
  Gelificante mean_Nota
    <dbl>      <dbl>
1         0         6.44
2        15         7.14
3        30         7.48
4        45         6.86
5        60         6.28
```

## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado

```
# Gráfico da curva ajustada
ggplot(media_gelificante, aes(x = Gelificante, y = mean_Nota)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados, aes(x = Gelificante, y = Nota),
             method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2),
             se = FALSE, color = "dodgerblue") +
  labs(x = "Concentração de Agentes Gelificantes (%)",
       y = "Notas Sensoriais",
       title = "Regressão Polinomial - Efeito da Concentração de Gelificantes")+
  xlim(0, 60) + ylim(5, 8.5) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```



**Exercício 3.** Um pesquisador, interessado na comparação da produção (em kg/ha) de dois capins (*Panicum maximum* e *Brachiaria brisantha*) em determinado tipo de solo, bem como na sua interação com três níveis de adubação (0, 100 e 200 kg/ha de N por hectare), planejou um experimento num delineamento inteiramente casualizado com 6 repetições e com os tratamentos num esquema fatorial. As produções (em kg/ha) estão apresentadas no quadro a seguir:

Capim	Rep	Dose		
		0	100	200
Panicum	1	250	200	120
	2	290	190	130
	3	280	200	125
	4	250	210	210
	5	260	230	180
	6	200	250	210
Brachiaria	1	280	300	200
	2	270	310	210
	3	290	320	205
	4	285	330	290
	5	335	370	260
	6	310	390	290

- a) Construa um quadro de análise de variância (ANOVA) e realize os testes adequados. Calcular uma estimativa da média geral, da variância dos dados e o coeficiente de variação.
- b) Faça o desdobramento da interação para estudar o comportamento das doses de nitrogênio para cada um dos capins.

**Exercício 3.** Um pesquisador, interessado na comparação da produção (em kg/ha) de dois capins (*Panicum maximum* e *Brachiaria brisantha*) em determinado tipo de solo, bem como na sua interação com três níveis de adubação (0, 100 e 200 kg ha<sup>-1</sup> de N por hectare), planejou um experimento num delineamento inteiramente casualizado com 6 repetições e com os tratamentos num esquema fatorial. As produções (em kg ha<sup>-1</sup>) estão apresentadas no quadro a seguir:

Capim	Rep	Dose		
		0	100	200
Panicum	1	250	200	120
	2	290	190	130
	3	280	200	125
	4	250	210	210
	5	260	230	180
	6	200	250	210
Brachiaria	1	280	300	200
	2	270	310	210
	3	290	320	205
	4	285	330	290
	5	335	370	260
	6	310	390	290

- c) Como o fator dose é quantitativo, faça testes de tendência linear e quadrática de resposta média e ajuste o polinômio correspondente. Comente sobre o comportamento da produção média de cada capim com o aumento das doses de nitrogênio.
- d) Faça também o desdobramento da interação para estudar o comportamento dos capins em cada uma das doses de nitrogênio.

## Resolução: Inserindo os dados e fazendo a análise de variância

```
# Banco de dados
(Especie<-as.factor(rep(c("P","B"),each=18)))
(Dose<-rep(rep(c(0,100,200),each=6),2))
(Trat<- c(250, 290, 280, 250, 260, 200,
          200, 190, 200, 210, 230, 250,
          120, 130, 125, 210, 180, 210,
          280, 270, 290, 285, 335, 310,
          300, 310, 320, 330, 370, 390,
          200, 210, 205, 290, 260, 290))

(dados = data.frame(Especie, Dose,Trat))
str(dados)
```

```
#Análise de variância
mod = with(dados, aov(Trat~Especie*as.factor(Dose)))
anova(mod)
```

Analysis of Variance Table

Response: Trat

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
Especie	1	59211	59211	51.0563	5.991e-08	***
as.factor(Dose)	2	42050	21025	18.1293	6.889e-06	***
Especie:as.factor(Dose)	2	10422	5211	4.4934	0.01964	*
Residuals	30	34792	1160			

---

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

## Resolução: Fazendo a análise fatorial

```
# Análise de Variância  
require(ExpDes.pt)  
with(dados, fat2.dic(Especie, Dose, Trat, quali=c(TRUE,FALSE),  
                    mcomp="tukey", fac.names=c("Capins", "Doses")))
```

### Saída do *software*:

-----  
Legenda:  
FATOR 1: Capins  
FATOR 2: Doses  
-----

#### Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Capins	1	59211	5	51.056	0.0000001
Doses	2	42050	3	18.129	0.0000069
Capins*Doses	2	10422	4	4.493	0.0196359
Residuo	30	34792	2		
Total	35	146475	1		

-----

CV = 13.58 %

-----  
Teste de normalidade dos residuos (Shapiro-wilk)

valor-p: 0.06130348

De acordo com o teste de Shapiro-wilk a 5% de significancia, os residuos podem ser considerados normais.  
-----

## Resolução: Desdobrando a interação

Interacao significativa: desdobrando a interacao  
-----  
----

Desdobrando Capins dentro de cada nivel de Doses  
-----  
-----  
-----

Quadro da analise de variancia  
-----  
-----

	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
Doses	2	42050.00	21025.000	18.1293	0
Capins:Doses 0	1	4800.00	4800.000	4.1389	0.0508
Capins:Doses 100	1	45633.33	45633.333	39.3485	0
Capins:Doses 200	1	19200.00	19200.000	16.5557	3e-04
Residuo	30	34791.67	1159.722		
Total	35	146475.00	4185.000		

-----

Capins dentro do nivel 0 de Doses

De acordo com o teste F, as medias desse fator sao estatisticamente iguais.

-----

	Niveis	Medias
1	1	295
2	2	255

-----

## Resolução: Desdobrando a interação

Capins dentro do nível 100 de Doses		
-----		
----		
Teste de Tukey		
-----		
----		
Grupos	Tratamentos	Medias
a	1	336.6667
b	2	213.3333
-----		

Capins dentro do nível 200 de Doses		
-----		
----		
Teste de Tukey		
-----		
----		
Grupos	Tratamentos	Medias
a	1	242.5
b	2	162.5
-----		



Resolução: Desdobrando doses dentro de *Brachiaria*

Desdobrando Doses dentro de cada nível de Capins					
-----					
----					
-----					
Quadro da análise de variancia					
-----					
----					
	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
Capins	1	59211.11	59211.111	51.0563	0
Doses:Capins B	2	26719.44	13359.722	11.5198	2e-04
Doses:Capins P	2	25752.78	12876.389	11.103	2e-04
Residuo	30	34791.67	1159.722		
Total	35	146475.00	4185.000		
-----					

Doses dentro do nível B de Capins	
-----	
----	
Ajuste de modelos polinomiais de regressao	
-----	

Modelo Linear			
=====			
	Estimativa	Erro.padrao	tc valor.p
-----			
b0	317.6389	12.6914	25.0278 0
b1	-0.2625	0.0983	-2.6702 0.0121
-----			

R2 do modelo linear
-----
B
-----
0.309466
-----

Análise de variancia do modelo linear					
=====					
	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
-----					
Efeito linear	1	8,268.7500	8,268.7500	7.13	0.01212
Desvios de Regressao	1	18,450.6900	18,450.6900	15.91	0.00039
Residuos	30	34,791.6700	1,159.7220		
-----					

# Exercício 3

## Resolução: Desdobrando doses dentro de *Brachiaria*

Modelo quadratico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	295	13.9028	21.2188	0
b1	1.0958	0.3544	3.0916	0.0043
b2	-0.0068	0.0017	-3.9887	0.0004

R2 do modelo quadratico

-  
1  
-

Análise de variancia do modelo quadratico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	8,268.7500	8,268.7500	7.13	0.01212
Efeito quadratico	1	18,450.6900	18,450.6900	15.91	0.00039
Desvios de Regressao	0	0	0	0	1
Resíduos	30	34,791.6700	1,159.7220		

# Exercício 3

## Resolução: Desdobrando doses dentro de *Panicum*

Doses dentro do nível P de Capins

Ajuste de modelos polinomiais de regressao

Modelo Linear

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	256.5278	12.6914	20.2127	0
b1	-0.4625	0.0983	-4.7046	0.00005

R2 do modelo linear

P
0.996737

Analise de variancia do modelo linear

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	25,668.7500	25,668.7500	22.13	5e-05
Desvios de Regressao	1	84.0278	84.0278	0.07	0.78964
Residuos	30	34,791.6700	1,159.7220		

Modelo quadratico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	255	13.9028	18.3417	0
b1	-0.3708	0.3544	-1.0462	0.3038
b2	-0.0005	0.0017	-0.2692	0.7896

R2 do modelo quadratico

-
1
-

Analise de variancia do modelo quadratico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	25,668.7500	25,668.7500	22.13	5e-05
Efeito quadratico	1	84.0278	84.0278	0.07	0.78964
Desvios de Regressao	0	0	0	0	1
Residuos	30	34,791.6700	1,159.7220		

## Resolução: Fazendo o ajuste do modelo para *Brachiaria*

```
# Gráfico das curvas ajustadas

##### USANDO R BÁSICO

### Estatísticas descritivas das medias por Espécie

(media=tapply(dados$Trat,list(dados$Especie,dados$Dose),mean))

# Gráfico da curva ajustada para Brachiaria
media[1,]
plot(media[1,] ~ unique(Dose), xlab="Doses",
      ylab="Produção (Kg/ha)", xlim=c(0,200), ylim=c(100,550), pch=19,
      main="Capim Brachiaria")

dados1<-subset(dados, dados$Especie=="B")
modeloaj= lm(Trat ~ Dose + I(Dose^2), dados1)
summary(modeloaj)

coef(modeloaj)
curve(coef(modeloaj)[1] + coef(modeloaj)[2]*x + coef(modeloaj)[3]*x^2,
      add=T, col="darkmagenta")
```

## Saída do software:

```
> (media=tapply(dados$Trat,list(dados$Especie,dados$Dose),mean))
      0      100     200
B 295 336.6667 242.5
P 255 213.3333 162.5
> # Gráfico da curva ajustada para Brachiaria
> media[1,]
      0      100     200
295.0000 336.6667 242.5000

Call:
lm(formula = Trat ~ Dose + I(Dose^2), data = dados1)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-42.500 -26.250  -8.333   29.375   53.333

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 295.000000    14.228623   20.733 1.87e-12 ***
Dose         1.095833     0.362760    3.021 0.00860 **
I(Dose^2)    -0.006792     0.001743   -3.897 0.00143 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 24.85 on 15 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.5946,    Adjusted R-squared:  0.5405
F-statistic: 11 on 2 and 15 DF,  p-value: 0.001147
```

## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para *Brachiaria*

```
# Gráfico das curvas ajustadas

##### USANDO R BÁSICO

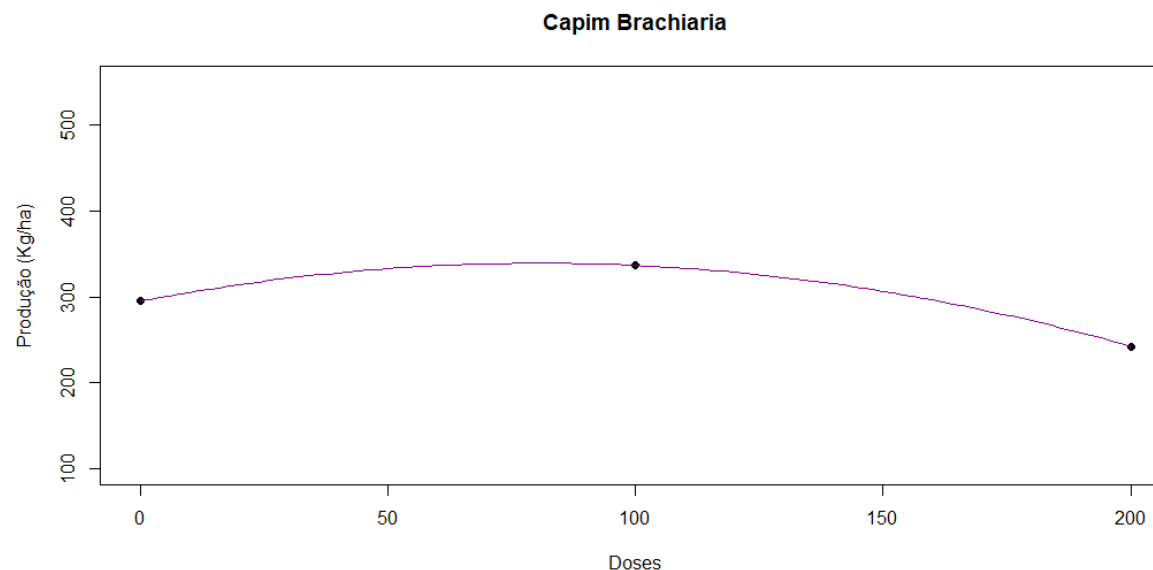
### Estatísticas descritivas das medias por Espécie

(media=tapply(dados$Trat,list(dados$Especie,dados$Dose),mean))

# Gráfico da curva ajustada para Brachiaria
media[1,]
plot(media[1,] ~ unique(Dose), xlab="Doses",
      ylab="Produção (Kg/ha)", xlim=c(0,200), ylim=c(100,550), pch=19,
      main="Capim Brachiaria")

dados1<-subset(dados, dados$Especie=="B")
modeloaj= lm(Trat ~ Dose + I(Dose^2), dados1)
summary(modeloaj)

coef(modeloaj)
curve(coef(modeloaj)[1] + coef(modeloaj)[2]*x + coef(modeloaj)[3]*x^2,
      add=T, col="darkmagenta")
```



## Resolução: Fazendo o ajuste do modelo para *Panicum*

```
#Gráfico da curva ajustada para Capim Panicum
media[2,]
plot(media[2,] ~ unique(Dose), xlab="Doses",
      ylab="Produção (Kg/ha)", xlim=c(0,200), ylim=c(100,550), pch=19,
      main="Capim Panicum")
dados2<-subset(dados, dados$Especie=="P")
modeloaj1= lm(Trat ~ Dose, dados2)
summary(modeloaj1)

coef(modeloaj1)
curve(coef(modeloaj1)[1] + coef(modeloaj1)[2]*x,
      add=T, col="chartreuse")
```

## Saída do software:

```
> #Gráfico da curva ajustada para Capim Panicum
> media[2,]
      0      100     200
255.0000 213.3333 162.5000

Call:
lm(formula = Trat ~ Dose, data = dados2)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-56.528 -17.778  -3.403   22.535   45.972

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  256.52778    12.02387    21.335 3.53e-13 ***
Dose        -0.46250     0.09314    -4.966 0.00014 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

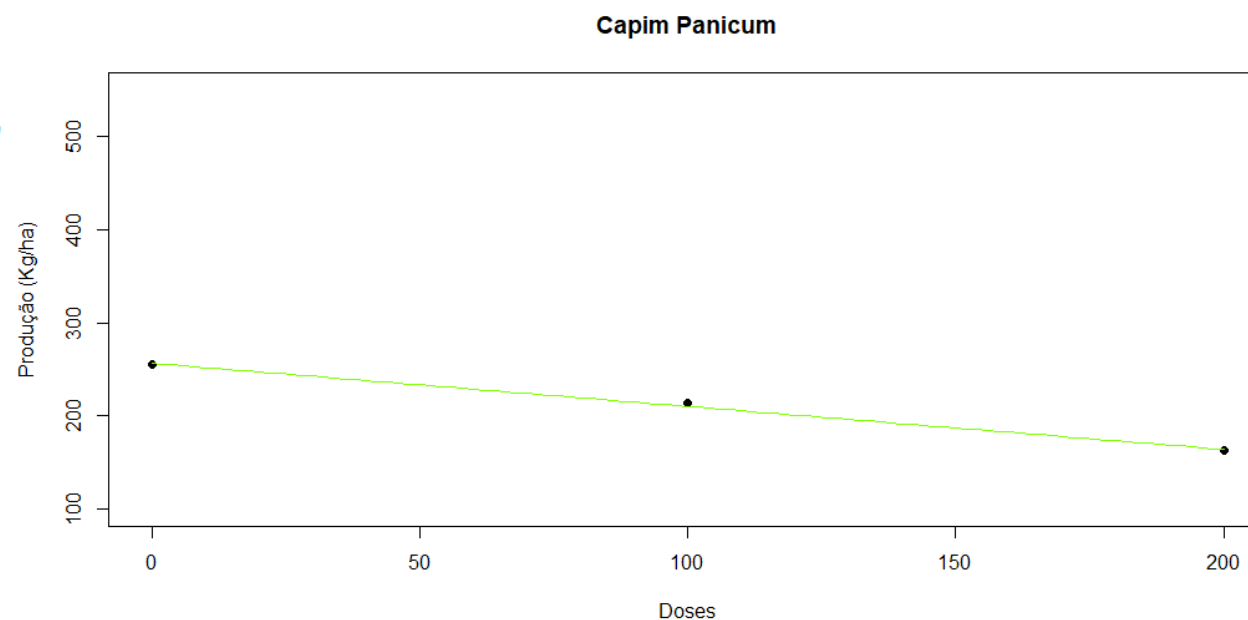
Residual standard error: 32.26 on 16 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6065,    Adjusted R-squared:  0.5819
F-statistic: 24.66 on 1 and 16 DF,  p-value: 0.0001402

> coef(modeloaj1)
(Intercept)      Dose 
  256.5278    -0.4625
```

## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para *Panicum*

```
#Gráfico da curva ajustada para Capim Panicum
media[2,]
plot(media[2,] ~ unique(Dose), xlab="Doses",
      ylab="Produção (Kg/ha)", xlim=c(0,200), ylim=c(100,550), pch=19,
      main="Capim Panicum")
dados2<-subset(dados, dados$Especie=="P")
modeloaj1= lm(Trat ~ Dose, dados2)
summary(modeloaj1)

coef(modeloaj1)
curve(coef(modeloaj1)[1] + coef(modeloaj1)[2]*x,
      add=T, col="chartreuse")
```



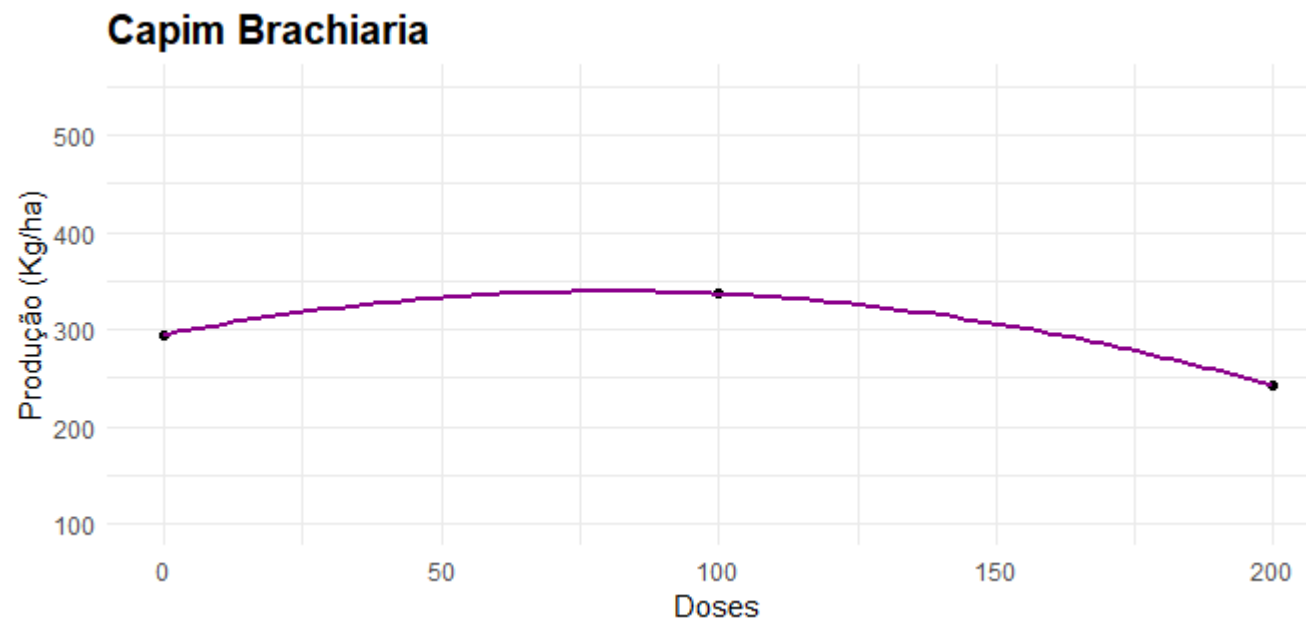


## Resolução: Fazendo o gráfico para *Brachiaria* usando o ggplot2

```
##### USANDO GGPLOT2
library(ggplot2)
library(dplyr)

(media_prod <- dados %>%
  group_by(Especie, Dose) %>%
  summarise(mean_Trat = mean(Trat)))

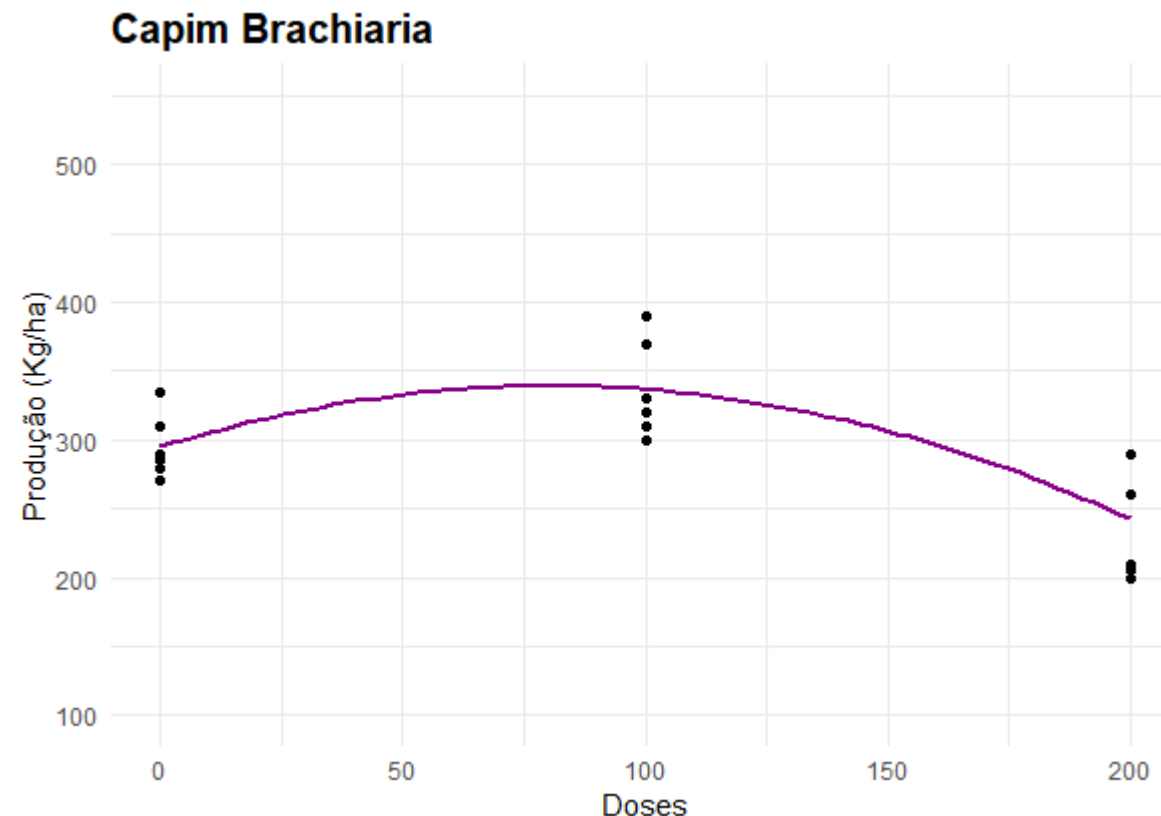
# Gráfico para Brachiaria
ggplot(media_prod %>% filter(Especie == "B"),
  aes(x = Dose, y = mean_Trat)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados1, aes(x = Dose, y = Trat),
    method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2),
    se = FALSE, color = "darkmagenta") +
  labs(x = "Doses", y = "Produção (Kg/ha)",
    title = "Capim Brachiaria") +
  xlim(0, 200) + ylim(100, 550) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```





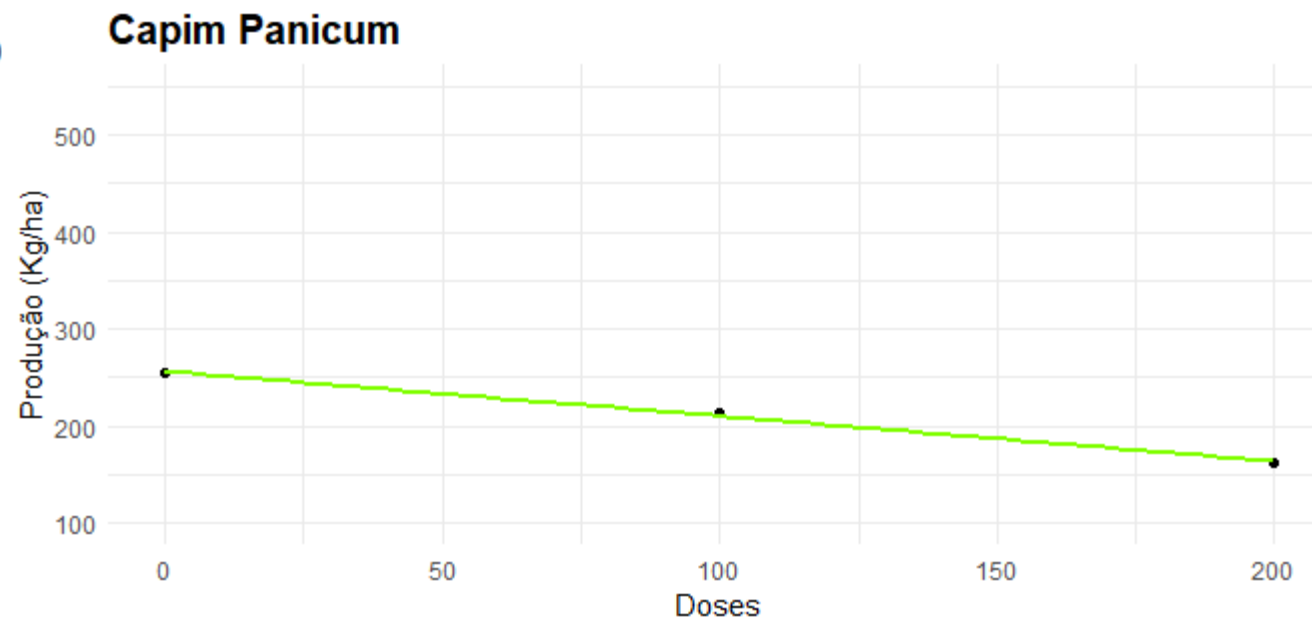
## Resolução: Fazendo o gráfico para *Brachiaria* usando o ggplot2

```
# Gráfico para Brachiaria com todos os pontos
ggplot(dados1 %>% filter(Especie == "B"),
       aes(x = Dose, y = Trat)) +
  geom_point(color = "black", pch=19) +
  geom_smooth(data = dados1, aes(x = Dose, y = Trat),
             method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2),
             se = FALSE, color = "darkmagenta") +
  labs(x = "Doses", y = "Produção (Kg/ha)",
       title = "Capim Brachiaria") +
  xlim(0, 200) + ylim(100, 550) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```



## Resolução: Fazendo o gráfico para *Panicum* usando o ggplot2

```
# Gráfico para Panicum
ggplot(media_prod %>% filter(Especie == "P"),
       aes(x = Dose, y = mean_Trat)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados2, aes(x = Dose, y = Trat),
             method = "lm", formula = y ~ x,
             se = FALSE, color = "chartreuse") +
  labs(x = "Doses", y = "Produção (Kg/ha)", title = "Capim Panicum") +
  xlim(0, 200) + ylim(100, 550) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```



## Resolução: Fazendo o gráfico para *Panicum* usando o ggplot2

```
# Gráfico para Brachiaria com todos os pontos
ggplot(dados2 %>% filter(Especie == "P"),
       aes(x = Dose, y = Trat)) +
  geom_point(color = "black", pch=19) +
  geom_smooth(data = dados2, aes(x = Dose, y = Trat),
             method = "lm", formula = y ~ x,
             se = FALSE, color = "chartreuse") +
  labs(x = "Doses", y = "Produção (Kg/ha)",
       title = "Capim Panicum") +
  xlim(0, 200) + ylim(100, 550) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```

