



# Estatística Experimental no *software R*

Utilizando a interface RStudio

Profa. Dra. Giovana Fumes Ghantous

Helena Ribeiro Teixeira



# Sumário



- [Exercício 1 – DIC](#)
- [Exercício 2 – DBC](#)
- [Exercício 3 – DBC Contrastes](#)
- [Exercício 4 – DBC](#)
- [Exercício 5 – DQL](#)
- [Exercício 6 – DQL](#)
- [Exercício 7 – DIC desbalanceado](#)
- [Exercício 8 – DIC em Esquema Fatorial](#)
- [Exercício 9 – Regressão Polinomial](#)
- [Exercício 10 – DBC em Esquema Fatorial](#)
- [Atividades](#)

**Exercício 1.** Um experimento de competição de seis variedades de cana de açúcar foi instalado em um delineamento inteiramente casualizado, com 5 repetições. As produções, em ton/ha, foram as seguintes:

Variedade	Repetição				
	1	2	3	4	5
CB 5034	112.3	121.0	114.3	112.3	121.0
CB 6245	125.3	119.7	120.8	115.2	123.2
IAC 6258	118.4	120.5	119.7	118.4	120.5
IAC 6529	127.9	128.3	129.5	125.3	119.7
IAC 6814	130.1	122.4	126.7	127.9	128.3
IAC 6538	115.2	123.2	117.8	130.1	122.4

Faça a análise de variância e utilizar o teste de Tukey para comparar as médias de produção das diversas variedades.

**Resolução:** As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há diferença significativa entre as produções médias das variedades de cana-de-açúcar

$H_a$ : Há diferença significativa entre pelo menos duas produções médias das variedades de cana-de-açúcar

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

```
#Banco de dados
(Variedade <- rep(c("CB5034", "CB6245", "IAC6258",
                  "IAC6529", "IAC6814", "IAC6538"),
                  each = 5))
(Prod <- c(112.3, 121.0, 114.3, 112.3, 121.0,
          125.3, 119.7, 120.8, 115.2, 123.2,
          118.4, 120.5, 119.7, 118.4, 120.5,
          127.9, 128.3, 129.5, 125.3, 119.7,
          130.1, 122.4, 126.7, 127.9, 128.3,
          115.2, 123.2, 117.8, 130.1, 122.4))
dados <- data.frame(Variedade, Prod)
dados
```

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

### Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Prod

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Variedade	5	422.18	84.437	5.5	0.001639 **
Residuals	24	368.45	15.352		

---

Signif. codes:

0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Sabendo que o p-valor = 0,0016 < 0,05, conclui-se que a hipótese nula deve ser rejeitada e que há uma diferença significativa entre as médias de pelo menos duas variedades.

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

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

### Saída do software:

```
$statistics
  MSerror Df      Mean       CV       MSD
  15.35217 24 121.9133 3.213909 7.662044

$parameters
  test      name.t ntr StudentizedRange alpha
  Tukey  Variedade   6          4.372651  0.05

$means
  Prod      std    r      se   Min   Max   Q25   Q50   Q75
CB5034 116.18 4.475154 5 1.752265 112.3 121.0 112.3 114.3 121.0
CB6245 120.84 3.826617 5 1.752265 115.2 125.3 119.7 120.8 123.2
IAC6258 119.50 1.055936 5 1.752265 118.4 120.5 118.4 119.7 120.5
IAC6529 126.14 3.912544 5 1.752265 119.7 129.5 125.3 127.9 128.3
IAC6538 121.74 5.717342 5 1.752265 115.2 130.1 117.8 122.4 123.2
IAC6814 127.08 2.886520 5 1.752265 122.4 130.1 126.7 127.9 128.3
```

```
$comparison
NULL
```

```
$groups
```

	Prod	groups
IAC6814	127.08	a
IAC6529	126.14	a
IAC6538	121.74	ab
CB6245	120.84	ab
IAC6258	119.50	ab
CB5034	116.18	b

```
attr(),"class")
[1] "group"
```

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

```
#Teste de Tukey
require(ExpDes.pt)
dic(variedade, Prod, mcomp = "tukey", sigF = 0.05)
```

### Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	5	422.18	84.437	5.5	0.0016388
Residuo	24	368.45	15.352		
Total	29	790.63			

CV = 3.21 %

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

Valor-p: 0.6821254

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: 0.1431462

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

## Resolução: Fazendo o Teste de Tukey

### Teste de Tukey

Grupos	Tratamentos	Medias
a	IAC6814	127.08
a	IAC6529	126.14
ab	IAC6538	121.74
ab	CB6245	120.84
ab	IAC6258	119.5
b	CB5034	116.18

Ao analisar o resultado obtido, pode-se concluir que as produções médias das variedades IAC\_6814 e a IAC\_6529 foram significativamente maiores do que a da variedade CB\_5034.

**Exercício 2.** Com o objetivo de estudar o efeito da idade da castração no desenvolvimento e produção de suínos, utilizou-se um delineamento em blocos casualizados com 4 tratamentos e 4 repetições. Os blocos foram utilizados para controlar a variabilidade natural existente entre as leitegadas. Os tratamentos consistiram de - A: suínos castrados aos 56 dias; B: suínos inteiros; C: suínos castrados aos 7 dias e D: suínos castrados aos 21 dias.

Tratamento	Bloco (leitegada)			
	1	2	3	4
A	93,0	77,9	94,9	97,6
B	108,6	115,4	96,0	118,7
C	108,9	100,2	102,1	114,1
D	102,0	96,5	116,9	117,6

Com base nos dados de ganhos de peso, em kg, ao final do experimento (252 dias), construa o quadro de análise de variância. A seguir, use os testes de Duncan e também o de Tukey para comparar as médias de tratamento.

Resolução: As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há efeito significativo da idade de castração no ganho médio de peso dos suínos

$H_a$ : Há efeito significativo da idade de castração no ganho médio de peso dos suínos

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

```
#Banco de dados
Bloco <- rep(c("1", "2", "3", "4"), each=4)
Trat <- rep(c("A", "B", "C", "D"), times=4)

Ganho <- c(93.0, 108.6, 108.9, 102.0,
          77.9, 115.4, 100.2, 96.5,
          94.9, 96.0, 102.1, 116.9,
          97.6, 118.7, 114.1, 117.6)

dados <- data.frame(Bloco, Trat, Ganho)
dados
```

```
# Análise de variância
modelo <- aov(Ganho ~ Bloco + Trat, data=dados)
anova(modelo)
```

### Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Ganho

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Bloco	3	436.55	145.518	2.3306	0.14258
Trat	3	913.58	304.525	4.8773	0.02784 *
Residuals	9	561.94	62.438		

---

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

Analizando o p-valor = 0,0278 < 0,05, conclui-se que a hipótese nula deve ser rejeitada e que as idades de castração causaram efeito significativo no ganho médio de peso dos suínos.

## Resolução: Fazendo o Teste de Duncan pelo pacote ExpDes.pt

```
#Teste de Duncan
require(ExpDes.pt)
dbc(dados$Trat, dados$Bloco, dados$Ganho, mcomp = "duncan",
    sigF = 0.05)
```

### Saída do software:

#### Quadro da análise de variância

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	3	913.58	304.525	4.8773	0.027842
Bloco	3	436.55	145.518	2.3306	0.142584
Resíduo	9	561.94	62.438		
Total	15	1912.07			

CV = 7.61 %

Teste de normalidade dos resíduos

valor-p: 0.9222326

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

Teste de homogeneidade de variância

valor-p: 0.3639581

De acordo com o teste de oneillmathews a 5% de significância, as variâncias podem ser consideradas homogêneas.

Analisando o p-valor = 0,0278 < 0,05, conclui-se que a hipótese nula deve ser rejeitada e que as idades de castração causaram efeito significativo no ganho médio de peso dos suínos.

## Resolução: Fazendo o Teste de Duncan

### Teste de Duncan

Grupos	Tratamentos	Medias
a	B	109.675
a	D	108.25
a	C	106.325
b	A	90.85

Conclui-se que, ao nível de 5% de significância, pelo teste de Duncan, os suínos castrados aos 56 dias (tratamento A) apresentam menor ganho médio de peso que as demais idades de castração.

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

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

### Saída do software:

```
$statistics
  MSerror   Df      Mean       CV      MSD
  62.43778   9 103.775 7.614317 17.4427
```

```
$parameters
  test name.t ntr StudentizedRange alpha
  Tukey    Trat     4        4.41489  0.05
```

```
$means
  Ganho      std  r      se   Min   Max    Q25    Q50    Q75
A 90.850 8.837232 4 3.950879 77.9 97.6 89.225 93.95 95.575
B 109.675 10.039713 4 3.950879 96.0 118.7 105.450 112.00 116.225
C 106.325 6.388727 4 3.950879 100.2 114.1 101.625 105.50 110.200
D 108.250 10.635945 4 3.950879 96.5 117.6 100.625 109.45 117.075
```

## Resolução: Fazendo o Teste de Tukey

```
$comparison
NULL

$groups
  Ganho groups
B 109.675      a
D 108.250      ab
C 106.325      ab
A 90.850       b

attr(,"class")
[1] "group"
```

Ao nível de 5% de significância, concluiu-se pelo **teste de Tukey**, que os animais não castrados (Tratamento B) tiveram um ganho médio de peso superior ao dos animais que foram castrados aos 56 dias de vida (Tratamento A).

**Exercício 3.** Podemos analisar os dados do **Exemplo 2** comparando os quatro tratamentos por meio de contrastes ortogonais. Lembrando que A: suínos castrados aos 56 dias; B: suínos inteiros; C: suínos castrados aos 7 dias e D: suínos castrados aos 21 dias.

Nome	A	B	C	D	Hipótese
1 Inteiros vs. castrados	-1	3	-1	-1	$\mu_B = (\mu_A + \mu_C + \mu_D)/3$
2 56 dias vs. (7 e 21) dias	2	0	-1	-1	$\mu_A = (\mu_C + \mu_D)/2$
3 7 dias vs. 21 dias	0	0	1	-1	$\mu_C = \mu_D$

Resolução: Deseja testar se há diferença significativa ou não entre:

- 1º contraste → Animais não castrados e animais castrados;
- 2º Contraste → Castrados aos 56 dias de vida e castrados aos 7 e 21 dias de vida;
- 3º Contraste → Castrados aos 7 dias de vida e aos 21 dias de vida.

Resolução: Criando os contrastes e fazendo o ajuste do modelo

```
#Contrastes
require(gmodels)
c<-rbind(c(-1,3,-1,-1),
          c(2,0,-1,-1),
          c(0,0,1,-1))
C

#Ajuste do modelo
modelo<-aov(Ganho~Bloco+Trat, data=dados,
              contrast=list(Trat=make.contrasts(C)))
```

Saída do *software*:

```
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] -1    3    -1   -1
[2,] 2     0    -1   -1
[3,] 0     0     1   -1
```

## Resolução: Fazendo o teste F

#Teste F

```
summary(modelo,split=list(Trat = 1:3))
```

Saída do software:

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
Bloco	3	436.6	145.5	2.331	0.14258	
Trat	3	913.6	304.5	4.877	0.02784 *	
Trat: C1	1	185.7	185.7	2.973	0.11873	
Trat: C2	1	720.5	720.5	11.540	0.00791 **	
Trat: C3	1	7.4	7.4	0.119	0.73836	
Residuals	9	561.9	62.4			
---						
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1						

Analisando o 3º contraste, com p-valor=0,73836 > 0,05, conclui-se que não há diferença significativa entre o ganho médio de peso dos suínos quando estes são castrados aos 7 ou aos 21 dias de vida.

Analisando o 2º contraste, com p-valor=0,00791 < 0,05, conclui-se que há diferença significativa entre o ganho médio de peso dos suínos que foram castrados aos 56 dias de vida e aqueles que foram castrados entre 7 e 21 dias de vida.

Analisando o 1º contraste, com p-valor=0,11873 > 0,05, não há diferença significativa entre os ganhos médios de peso dos animais castrados e não castrados.

Resolução: Fazendo o teste T

```
#Teste t  
fit.contrast(modelo,"Trat", c)
```

Saída do software:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
Trat c=(-1 3 -1 -1 )	23.600	13.686246	1.724359	0.118731275
Trat c=( 2 0 -1 -1 )	-32.875	9.677637	-3.397007	0.007910758
Trat c=( 0 0 1 -1 )	-1.925	5.587387	-0.344526	0.738364480

**Exercício 4.** Um teste foi realizado para determinar quanto de proteína de soja poderia ser adicionada ao hambúrguer sem que os avaliadores percebessem a diferença de sabor, os dados estão apresentados na tabela abaixo. Os hambúrgueres testados continham: 0%, 5%, 10%, 15% e 20% de proteína de soja. Cada grupo de prova continha um controle (sem soja) e cinco amostras codificadas. Dezesseis avaliadores foram convidados para avaliar essas amostras. Os valores iam de 1 a 9, sendo 1 = extremamente melhor que o controle; 9 = extremamente inferior ao controle. Teste se os avaliadores perceberam as diferenças significativas entre as amostras e se as amostras diferiram do grupo controle (sem soja) (Use  $\alpha = 5\%$ ).

# Delineamento em Blocos Casualizados



Avaliador	Sem soja	5% soja	10% soja	15% soja	20% soja	Total
Av <sub>1</sub>	1	3	5	1	9	19
Av <sub>2</sub>	3	3	1	7	5	19
Av <sub>3</sub>	7	3	4	4	7	25
Av <sub>4</sub>	1	3	5	4	9	22
Av <sub>5</sub>	6	5	3	2	5	21
Av <sub>6</sub>	4	3	2	7	9	25
Av <sub>7</sub>	1	1	3	3	8	16
Av <sub>8</sub>	2	2	1	1	2	8
Av <sub>9</sub>	2	2	3	2	5	14
Av <sub>10</sub>	5	5	3	5	6	24
Av <sub>11</sub>	3	3	5	5	7	23
Av <sub>12</sub>	3	3	1	5	1	13
Av <sub>13</sub>	3	1	5	3	3	15
Av <sub>14</sub>	7	2	1	3	9	22
Av <sub>15</sub>	5	5	3	5	6	24
Av <sub>16</sub>	5	7	7	3	9	31
Total	58	51	52	60	100	321
Média	3,62	3,19	3,25	3,75	6,25	

Resolução: As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há efeito significativo entre as médias das amostras.

$H_a$ : Há efeito significativo entre pelo menos duas médias das amostras.

## Resolução: Inserindo os dados

```
# Banco de dados
Bloco<-as.factor(rep(c("Av1", "Av2", "Av3", "Av4", "Av5", "Av6",
                      "Av7", "Av8", "Av9", "Av10", "Av11", "Av12",
                      "Av13", "Av14", "Av15", "Av16"), each=5))
Trat<-as.factor(rep(c("sem soja", "5% soja", "10% soja",
                     "15% soja", "20% soja"), times=16))

Nota <- c(1,3,5,1,9,
        3,3,1,7,5,
        7,3,4,4,7,
        1,3,5,4,9,
        6,5,3,2,5,
        4,3,2,7,9,
        1,1,3,3,8,
        2,2,1,1,2,
        2,2,3,2,5,
        5,5,3,5,6,
        3,3,5,5,7,
        3,3,1,5,1,
        3,1,5,3,3,
        7,2,1,3,9,
        5,5,3,5,6,
        5,7,7,3,9)

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

## Resolução: Fazendo a análise de variância

```
#Análise de variância
modelo<-aov(Nota~Bloco+Trat, data=dados)
anova(modelo)
```

### Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Nota

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Bloco	15	98.588	6.5725	1.9274	0.03786 *
Trat	4	103.800	25.9500	7.6100	5e-05 ***
Residuals	60	204.600	3.4100		

---

signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Ao nível de 5% de significância e sabendo que o p-valor < 0,05, conclui-se que há uma diferença significativa entre as médias de pelo menos dois avaliadores.

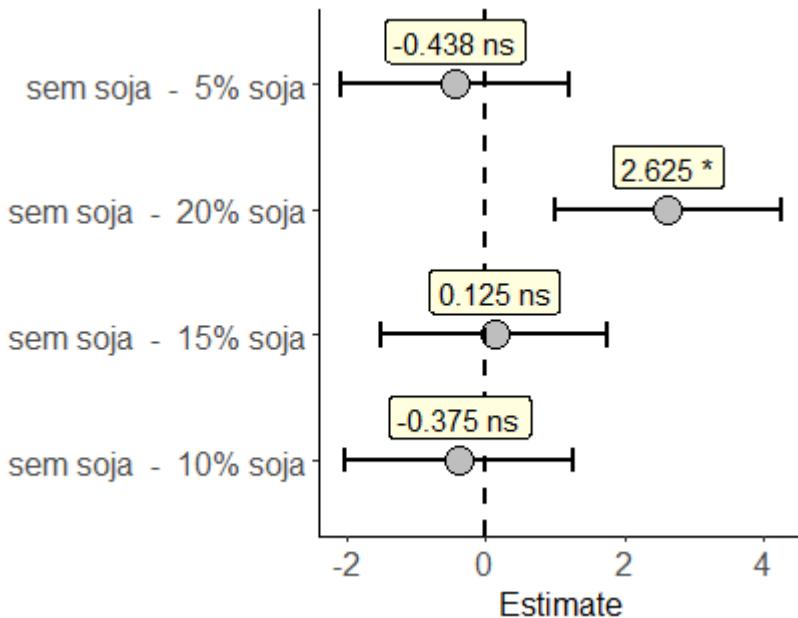
Ao nível de 5% de significância e sabendo que o p-valor < 0,05, conclui-se que há uma diferença significativa entre as médias de pelo menos duas amostras.

## Resolução: Fazendo o Teste de Dunnett

```
#Teste de Dunnett
library(AgroR)
with(dados,dunnett(trat = Trat,
                     resp = Nota,
                     control = "sem soja",
                     block=Bloco,model = "DBC"))
```

Saída do *software*:

		Estimate	IC-lwr	IC-upr	t value	p-value	sig
sem soja	- 5% soja	-0.4375	-2.0756623	1.200662	-0.6701	0.9057	ns
sem soja	- 10% soja	-0.3750	-2.0131623	1.263162	-0.5744	0.9427	ns
sem soja	- 15% soja	0.1250	-1.5131623	1.763162	0.1915	0.9990	ns
sem soja	- 20% soja	2.6250	0.9868377	4.263162	4.0207	0.0007	*



Analizando o **teste de Dunnett**, ao nível de 5% de significância, pode-se concluir que o hambúrguer com adição de 20% de proteína de soja apresentou diferença significativa do controle.

**Exercício 5.** Um pesquisador instalou um experimento para comparar 5 tipos de bacilos (A, B, C, D e E) usados para produção de iogurte. No momento da instalação do experimento, o pesquisador verificou que o material experimental disponível (25 unidades de 1 litro de leite) não era completamente homogêneo entre si, pois apresentavam variação quanto ao teor de gordura e grau de acidez. Para controlar estas duas fontes de variação, o pesquisador distribuiu os bacilos ao acaso às amostras de leite de tal forma que cada bacilo pudesse ser testado em todas as condições de teor de gordura e grau de acidez. O quadro dado a seguir ilustra a distribuição dos bacilos às amostras de leite bem como o volume (em ml) de iogurte produzido:

Grau de Acidez	Teor de Gordura					Totais
	1	2	3	4	5	
1	450 (A)	620 (E)	680 (C)	620 (D)	780 (B)	3150
2	750 (C)	990 (B)	750 (E)	660 (A)	830 (D)	3980
3	750 (D)	910 (C)	690 (A)	990 (B)	760 (E)	4100
4	650 (E)	890 (D)	835 (B)	850 (C)	875 (A)	4100
5	750 (B)	720 (A)	850 (D)	770 (E)	890 (C)	3980
Totais	3350	4130	3805	3890	4135	19310

$$T_A = 3395 \quad T_B = 4345 \quad T_C = 4080 \quad T_D = 3940 \quad T_E = 3350$$

Resolução: As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há diferença significativa entre as médias de produção.

$H_a$ : Há diferença significativa entre pelo menos duas médias de produção.

## Resolução: Inserindo os dados

```
#Banco de Dados
Teor<-rep(c("1", "2", "3", "4", "5"), each=5)
Grau<-rep(c("1", "2", "3", "4", "5"), times=5)
Bacilo<-c("A", "C", "D", "E", "B",
          "E", "B", "C", "D", "A",
          "C", "E", "A", "B", "D",
          "D", "A", "B", "C", "E",
          "B", "D", "E", "A", "C")
Prod <- c(450, 750, 750, 650, 750,
        620, 990, 910, 890, 720,
        680, 750, 690, 835, 850,
        620, 660, 990, 850, 770,
        780, 830, 760, 875, 890)

dados <- data.frame(Grau, Teor, Bacilo, Prod)
dados
```

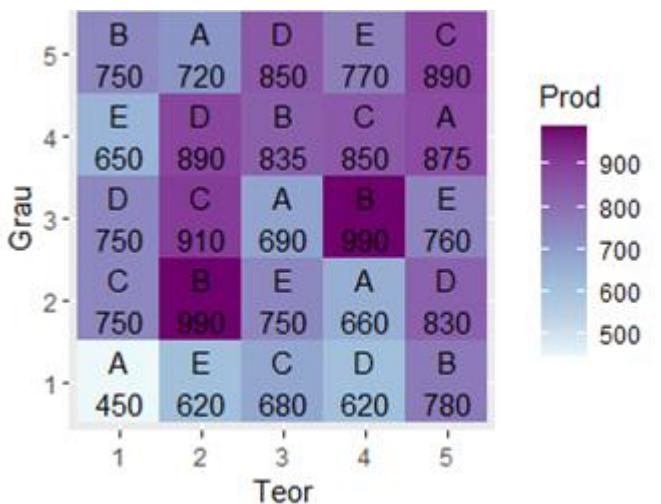
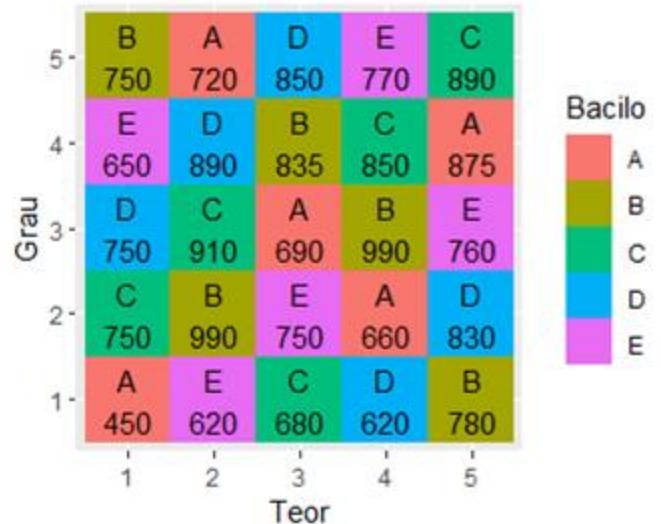
## Resolução: Visualização do croqui

```
#Gráfico
require(ggplot2)
g1<-ggplot(data=dados,
            mapping = aes(x=Teor,
                           y=Grau,
                           fill=Bacilo))+

geom_tile() +
geom_text(mapping = aes(label = sprintf("%s\n%g", Bacilo, Prod))) +
coord_equal()

g2<-ggplot(data=dados,
            mapping = aes(x=Teor,
                           y=Grau,
                           fill=Prod))+

geom_tile() +
geom_text(mapping = aes(label = sprintf("%s\n%g", Bacilo, Prod))) +
scale_fill_distiller(palette="BuPu", direction = 1) + coord_equal();
gridExtra::grid.arrange(g1, g2, nrow = 1)
```



## Resolução: Fazendo a análise de variância

```
#Análise de variância
modelo<-aov(Prod~Grau+Teor+Bacilo, data=dados)
anova(modelo)
```

### Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Prod

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
Grau	4	129616	32404	10.5614	0.0006648	***
Teor	4	82506	20626	6.7227	0.0044431	**
Bacilo	4	120466	30117	9.8158	0.0009206	***
Residuals	12	36818	3068			

---

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

Como p-valor = 0,0009 < 0,001, conclui-se que há uma diferença significativa entre as médias de volume de iogurte de pelo menos dois bacilos.

## Resolução: Fazendo o Teste de Duncan

```
#Teste de Duncan
require(ExpDes.pt)
dq1(dados$Bacilo, dados$Grau, dados$Teor, dados$Prod,
     mcomp="duncan", sigF = 0.05)
```

### Saída do software:

Quadro da análise de variância

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	4	120466	30116	9.8158	0.0009206
Linha	4	129616	32404	10.5614	0.0006648
Coluna	4	82506	20627	6.7227	0.0044431
Resíduo	12	36818	3068		
Total	24	369406			

CV = 7.17 %

Teste de normalidade dos resíduos (Shapiro-Wilk)

valor-p: 0.8891074

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

### Teste de Duncan

Grupos	Tratamentos	Medias
a	B	869
ab	C	816
b	D	788
c	E	710
c	A	679

Pelo teste de Duncan, conclui-se que:

O bacilo B teve maior produção média que os bacilos D, E e A;

Os bacilos C e D tiveram maior produção que E e A;

Os bacilos E e A apresentaram as menores produções que o demais.

**Exercício 6.** Num experimento de competição de variedades de cana forrageira foram usadas 5 variedades: A=CO290; B=CO294; C=CO297; D=CO299 e E=CO295, dispostas em um quadrado latino 5x5. O controle feito através de blocos horizontais e verticais teve por objetivo eliminar influências devidas a diferenças de fertilidade em duas direções. As produções, em kg/parcela, foram as seguintes:

Linhas	Colunas					Totais
	1	2	3	4	5	
1	432 (D)	518 (A)	458 (B)	583 (C)	331 (E)	2322
2	724 (C)	478 (E)	524 (A)	550 (B)	400 (D)	2676
3	489 (E)	384 (B)	556 (C)	297 (D)	420 (A)	2146
4	494 (B)	500 (D)	313 (E)	486 (A)	501 (C)	2294
5	515 (A)	660 (C)	438 (D)	394 (E)	318 (B)	2325
Totais	2654	2540	2289	2310	1970	11763

**Exercício 6.** Num experimento de competição de variedades de cana forrageira foram usadas 5 variedades: A=CO290; B=CO294; C=CO297; D=CO299 e E=CO295, dispostas em um quadrado latino 5x5. O controle feito através de blocos horizontais e verticais teve por objetivo eliminar influências devidas a diferenças de fertilidade em duas direções. As produções, em kg/parcela, foram as seguintes:

Considerando  $\alpha = 5\%$ , pede-se:

- a) A análise de Variância;
- b) Teste se a variedade C (CO297) difere-se das demais variedades de canas forrageiras.

**Resolução:** As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há diferença significativa entre as produções médias das variedades de cana forrageira

$H_a$ : Há diferença significativa entre pelo menos duas produções médias das variedades de cana forrageira

## Resolução: Inserindo os dados

```
#Banco de Dados
Coluna <- rep(c("1", "2", "3", "4", "5"), each=5)
Linha <- rep(c("1", "2", "3", "4", "5"), times=5)
Trat <- as.factor(c("D", "C", "E", "B", "A",
                     "A", "E", "B", "D", "C",
                     "B", "A", "C", "E", "D",
                     "C", "B", "D", "A", "E",
                     "E", "D", "A", "C", "B"))
Prod <- c(432, 724, 489, 494, 515,
        518, 478, 384, 500, 660,
        458, 524, 556, 313, 438,
        583, 550, 297, 486, 394,
        331, 400, 420, 501, 318)

dados <- data.frame(Linha, Coluna, Trat, Prod)
dados
```

## Resolução: Visualização do croqui

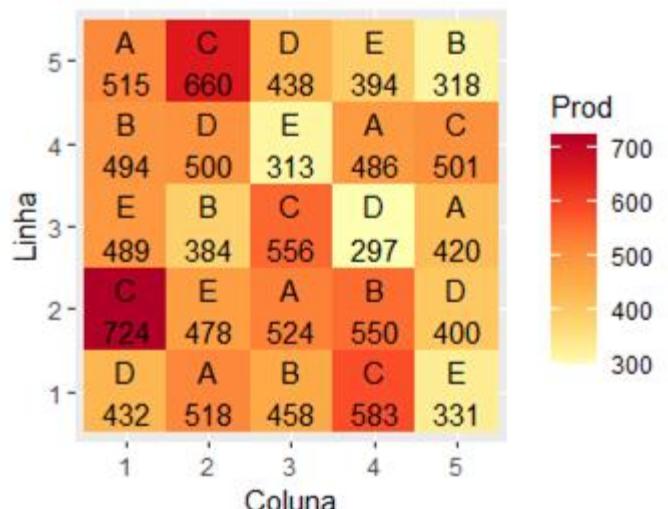
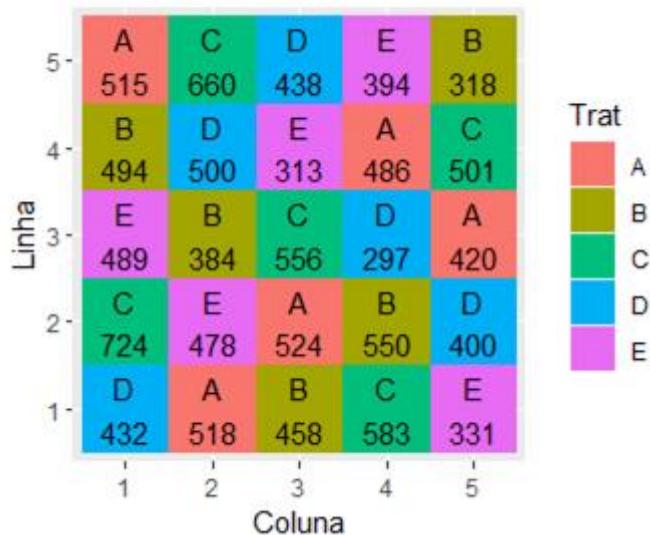
```
#Gráfico
require(ggplot2)
g1<-ggplot(data=dados,
            mapping = aes(x=Coluna,
                           y=Linha,
                           fill=Trat))+

  geom_tile() +
  geom_text(mapping = aes(label = sprintf("%s\n%g", Trat, Prod))) +
  coord_equal()

g2<-ggplot(data=dados,
            mapping = aes(x=Coluna,
                           y=Linha,
                           fill=Prod))+

  geom_tile() +
  geom_text(mapping = aes(label = sprintf("%s\n%g", Trat, Prod))) +
  scale_fill_distiller(palette="YlOrRd", direction = 1) + coord_equal()

gridExtra::grid.arrange(g1, g2, nrow = 1)
```



## Resolução: Fazendo a análise de variância

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

### Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Prod

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Linha	4	30481	7620	2.6804	0.0831343 .
Coluna	4	55641	13910	4.8930	0.0142293 *
Trat	4	137488	34372	12.0905	0.0003585 ***
Residuals	12	34115	2843		
---					
signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

Como p-valor = 0,0003585 < 0,001, conclui-se que as médias de pelo menos duas variedades diferem entre si.

## Resolução: Fazendo o Teste de Dunnett

```
#Teste de Dunnett
require(multcomp)
summary(glht(modelo, linfct = mcp(Trat = c("A-C=0",
                                             "B-C=0",
                                             "D-C=0",
                                             "E-C=0"))))
```

### Saída do software:

```
Simultaneous Tests for General Linear Hypotheses
Multiple Comparisons of Means: User-defined Contrasts
Fit: aov(formula = Prod ~ Linha + coluna + Trat, data = dados)

Linear Hypotheses:
Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
A - C == 0   -112.20    33.72  -3.327 0.01956 *
B - C == 0   -164.00    33.72 -4.863 0.00133 **
D - C == 0   -191.40    33.72 -5.676 < 0.001 ***
E - C == 0   -203.80    33.72 -6.044 < 0.001 ***
---
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
(Adjusted p values reported -- single-step method)
```

Analisando o **teste de Dunnett**, ao nível de 5% de significância, pode-se concluir que a variedade de cana forrageira C (CO297) teve uma produção média significativamente maior que as demais variedades.

**Exercício 7.** Em um experimento de fenação num delineamento inteiramente casualizado foram medidas as produções de matéria seca de cinco variedades de aveia, cujos resultados, em toneladas/ha, são apresentados a seguir. Baseando-se nesses dados, construa um quadro de análise de variância e conclua sobre a diferença entre as produções médias das variedades de aveia (Use  $\alpha = 5\%$ ).

Variedades	Repetições					
	1	2	3	4	5	6
A	10,34	10,63	9,64	12,63	11,27	9,30
B	7,30	7,69	7,01	8,14		
C	4,94	6,56	5,13	6,97	6,27	
D	8,77	9,67	8,36			
E	7,38	8,42	7,40	6,81	8,62	8,52

# DIC desbalanceado



Resolução: Inserindo os dados e fazendo a análise de variância

```
#Banco de dados
Trat<-rep(c("A", "B", "C", "D", "E"), c(6, 4, 5, 3, 6))
Prod<-c(10.34, 10.63, 9.64, 12.63, 11.27, 9.30,
      7.30, 7.69, 7.01, 8.14, 4.94, 6.56, 5.13,
      6.97, 6.27, 8.77, 9.67, 8.36, 7.38, 8.42,
      7.40, 6.81, 8.62, 8.52)

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

```
#Análise de Variância
modelo<-lm(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	4	64.394	16.0985	20.477	1.124e-06 ***
Residuals	19	14.937	0.7862		

---

signif. codes: 0 ‘\*\*\*’ 0.001 ‘\*\*’ 0.01 ‘\*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Como o p-valor < 0,05, conclui-se que há uma diferença significativa entre as médias de pelo menos duas produções.

## 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
  0.7861747 19 8.240417 10.75995

$parameters
  test name.t ntr StudentizedRange alpha
  Tukey   Trat    5        4.252831  0.05

$means
  Prod      std r      se  Min   Max   Q25   Q50   Q75
A 10.635000 1.2035406 6 0.3619795 9.30 12.63 9.8150 10.485 11.1100
B  7.535000 0.4902040 4 0.4433325 7.01  8.14 7.2275  7.495  7.8025
C  5.974000 0.8950587 5 0.3965286 4.94  6.97 5.1300  6.270  6.5600
D  8.933333 0.6700995 3 0.5119162 8.36  9.67 8.5650  8.770  9.2200
E  7.858333 0.7577972 6 0.3619795 6.81  8.62 7.3850  7.910  8.4950
```

Resolução: Fazendo o Teste de Tukey pelo pacote agricolae

Saída do *software*:

```
$comparison
```

```
NULL
```

```
$groups
```

Prod	groups
A	10.635000 a
D	8.933333 ab
E	7.858333 b
B	7.535000 bc
C	5.974000 c

```
attr(),"class")  
[1] "group"
```

Conclui-se que, ao nível de 5% de significância, as variedades que proporcionaram as maiores médias de produção de matéria seca foram as A e D.

# DIC desbalanceado



## Resolução: Visualização do Teste de Tukey

```
#Gráfico  
  
require(tidyverse)  
  
(tukey_resumo <- tukey$groups %>%  
  rownames_to_column(var = "Trat") %>%  
  rename(Prod = Prod, Letras=groups))  
  
(resumo_std<-tukey$means %>%  
  rownames_to_column(var = "Trat") %>%  
  select(Prod, std))  
  
(erros<- merge(tukey_resumo, resumo_std, by ="Prod"))
```

```
> (tukey_resumo <- tukey$groups %>%  
+   rownames_to_column(var = "Trat") %>%  
+   rename(Prod = Prod, Letras=groups))  
    Trat      Prod Letras  
1   A 10.635000     a  
2   D  8.933333   ab  
3   E  7.858333     b  
4   B  7.535000   bc  
5   C  5.974000     c  
  
> (resumo_std<-tukey$means %>%  
+   rownames_to_column(var = "Trat") %>%  
+   select(Prod, std))  
    Prod      std  
1 10.635000 1.2035406  
2  7.535000 0.4902040  
3  5.974000 0.8950587  
4  8.933333 0.6700995  
5  7.858333 0.7577972  
  
> (erros<- merge(tukey_resumo, resumo_std, by ="Prod"))  
    Prod Trat Letras      std  
1  5.974000   C     c 0.8950587  
2  7.535000   B   bc 0.4902040  
3  7.858333   E     b 0.7577972  
4  8.933333   D   ab 0.6700995  
5 10.635000   A     a 1.2035406
```

# DIC desbalanceado

USP 90 ANOS  
1934 2024

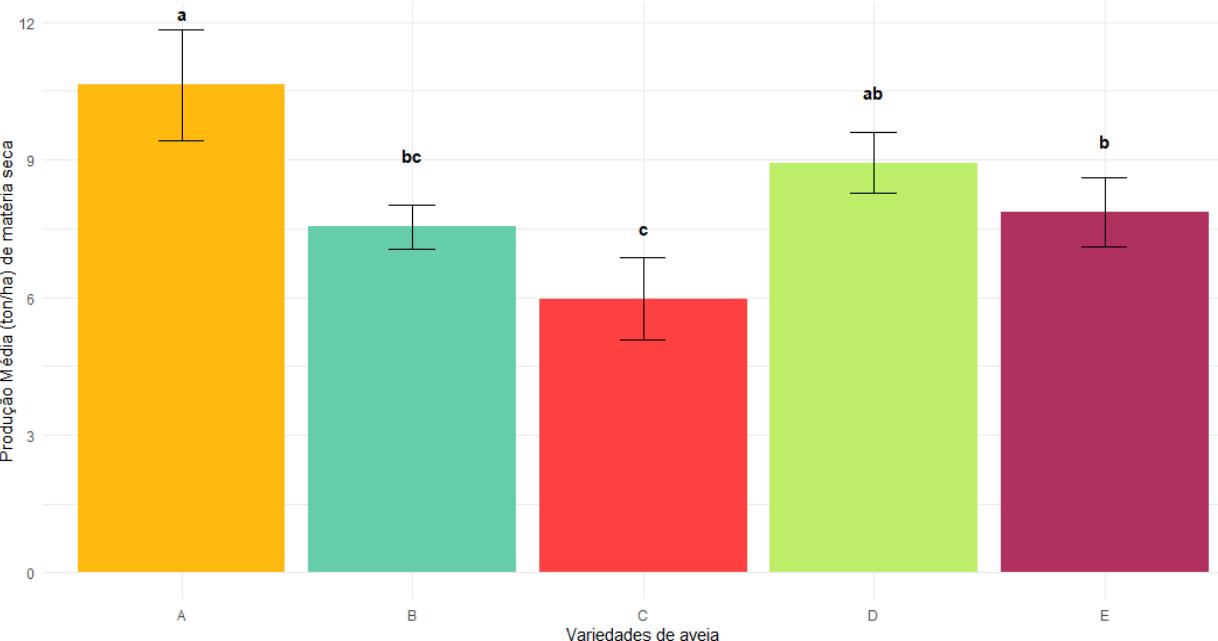


## Resolução: Visualização do Teste de Tukey

```
ggplot(erros, aes(x = Trat, y = Prod, fill = Trat)) +  
  geom_bar(stat = "identity") +  
  geom_errorbar(aes(ymin = Prod - std, ymax = Prod + std), width = 0.2) +  
  geom_text(aes(label = Letras), vjust = -4.5, fontface = "bold") +  
  labs(title = "",  
       x = "Variedades de aveia", y = "Produção Média (ton/ha) de matéria seca") +  
  scale_fill_manual(values = c("A" = "darkgoldenrod1", "B" = "aquamarine3",  
                             "C" = "brown1", "D" = "darkolivegreen2",  
                             "E" = "maroon")) +  
  theme_minimal() +  
  theme(legend.position = "none") +  
  theme(plot.title=element_text(face="bold",size="15")) +  
  ggtitle("Produções de matéria seca segundo variedades",  
          subtitle = "Médias seguidas de letras distintas diferem entre si,  
                      pelo teste de Tukey (p<0.05)")
```

Produções de matéria seca segundo variedades

Médias seguidas de letras distintas diferem entre si,  
pelo teste de Tukey ( $p<0.05$ )



**Exercício 8.** O objetivo do experimento foi estudar o desenvolvimento de mudas avaliando a altura, em cm, aos 80 dias de idade, utilizando 3 recipientes ( $R_1$ : saco plástico pequeno,  $R_2$ : saco plástico grande e  $R_3$ : saco laminado) e 2 espécies de eucaliptos ( $E_1$ : *Eucalyptus citriodora* e  $E_2$ : *Eucalyptus grandis*). A partir dos dados apresentados a seguir, realize a análise de variância.

Repetição	$R_1$		$R_2$		$R_3$	
	$E_1$	$E_2$	$E_1$	$E_2$	$E_1$	$E_2$
1	26.2	24.8	25.7	19.6	22.8	19.8
2	26.0	24.6	26.3	21.1	19.4	21.4
3	25.0	26.7	25.1	19.0	18.8	22.8
4	25.4	25.2	26.4	18.6	19.2	21.3

Resolução: As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há interação entre os níveis de Recipientes e Espécies.

$H_a$ : Há interação entre os níveis de Recipientes e Espécies.

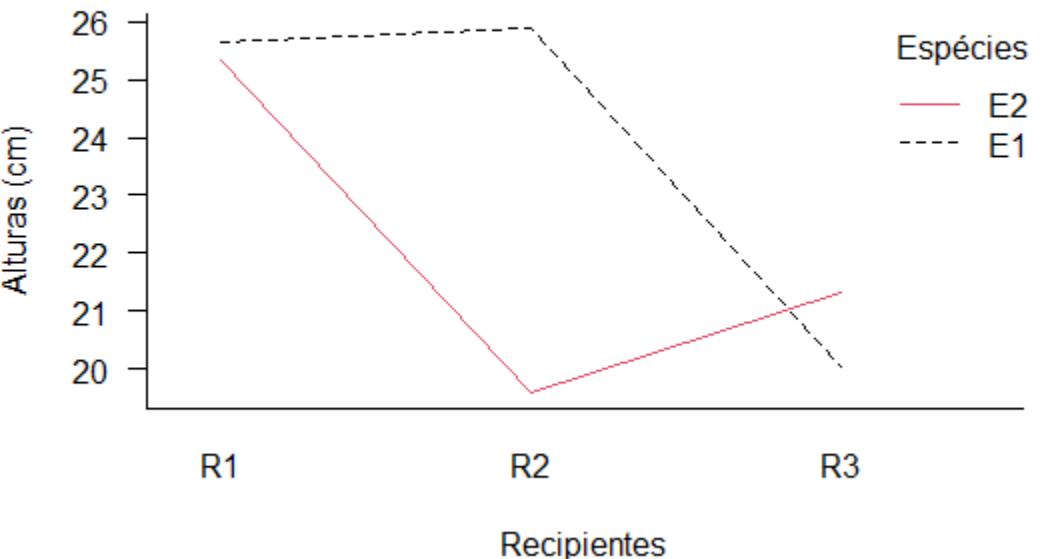
Resolução: Inserindo os dados e fazendo a análise exploratória dos dados

```
#Banco de dados
(Recip=rep(c("R1","R2","R3"),each=8))
(Especie=rep(c("E1","E2"),each=4,3))
(Altura=c(26.2,26,25,25.4,
         24.8,24.6,26.7,25.2,
         25.7,26.3,25.1,26.4,
         19.6,21.1,19,18.6,
         22.8,19.4,18.8,19.2,
         19.8,21.4,22.8,21.3))
```

```
dados=data.frame(Recip,Especie,Altura)
dados
```

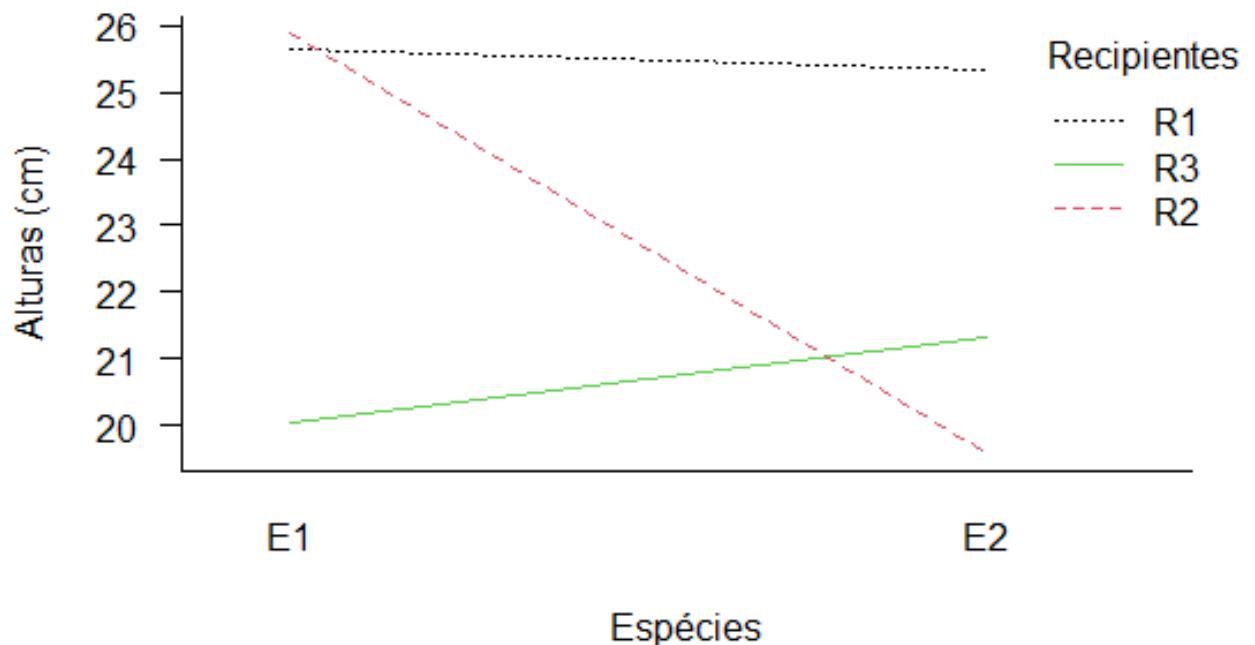
```
#Gráficos exploratórios
```

```
##### R BÁSICO
with(dados, interaction.plot(Recip, Especie, Altura, las=1, col=1:6, bty='1',
                           xlab='Recipientes', ylab='Alturas (cm)',
                           trace.label="Espécies"))
```



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

```
with(dados, interaction.plot(Especie, Recip, Altura, las=1, col=1:6, bty='1',
                             xlab='Espécies', ylab='Alturas (cm)',
                             trace.label="Recipientes"))
```



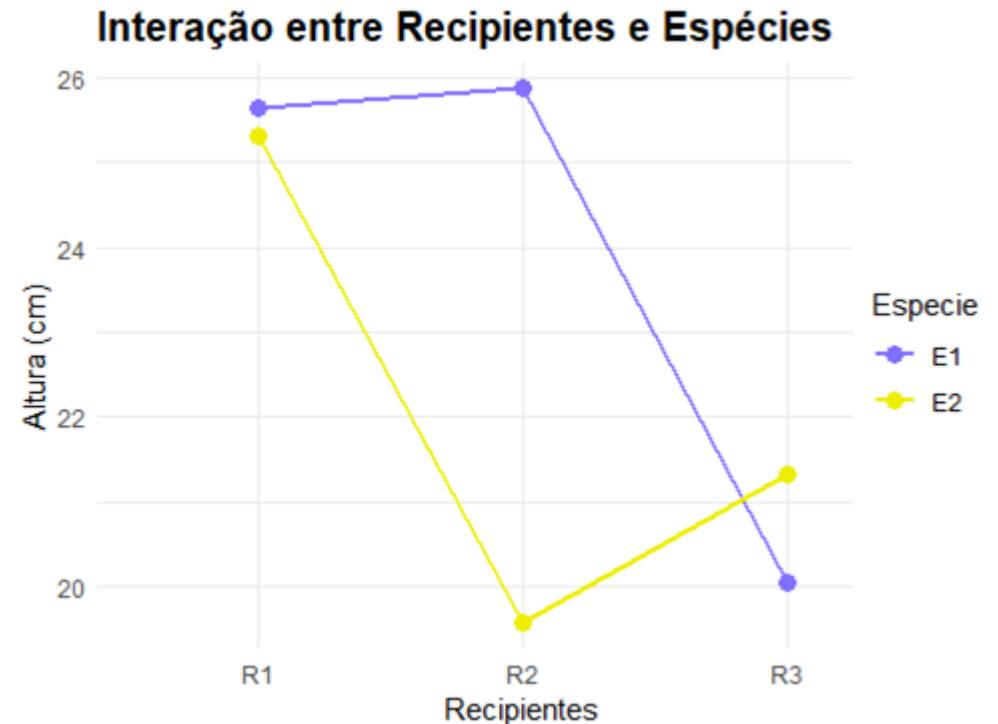
# DIC em Esquema Fatorial



## Resolução: Gráficos de interação

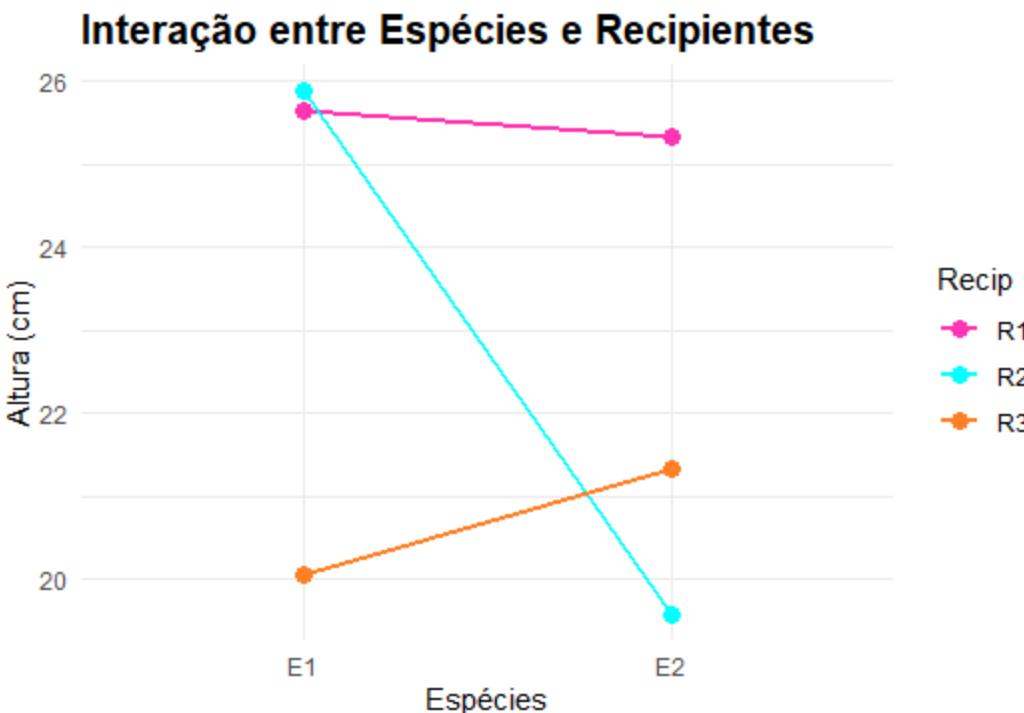
```
##### USANDO GGPLOT2
library(ggplot2)

# Recipientes x Espécies
ggplot(dados, aes(x = Recip, y = Altura, color = Especie, group = Especie)) +
  stat_summary(fun = mean, geom = "line", size = 1) +
  stat_summary(fun = mean, geom = "point", size = 3) +
  scale_color_manual(values = c("E1" = "lightslateblue", "E2" = "yellow2")) +
  labs(title = "Interação entre Recipientes e Espécies",
       x = "Recipientes", y = "Altura (cm)") +
  theme_minimal()+
  theme(plot.title=element_text(face="bold",size="15"))
```



## Resolução: Gráficos de interação

```
# Espécies x Recipientes
ggplot(dados, aes(x = Espécie, y = Altura, color = Recip, group = Recip)) +
  stat_summary(fun = mean, geom = "line", size = 1) +
  stat_summary(fun = mean, geom = "point", size = 3) +
  scale_color_manual(values = c("R1" = "maroon1", "R2" = "cyan", "R3" = "chocolate1")) +
  labs(title = "Interação entre Espécies e Recipientes",
       x = "Espécies", y = "Altura (cm)") +
  theme_minimal()+
  theme(plot.title=element_text(face="bold",size="15"))
```



## Resolução: Fazendo a análise de variância

#Análise de variância

```
modelo = with(dados, aov(Altura~Recip*Especie))
anova(modelo)
```

Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Altura

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Recip	2	92.861	46.430	36.195	4.924e-07 ***
Especie	1	19.082	19.082	14.875	0.001155 **
Recip:Especie	2	63.761	31.880	24.853	6.635e-06 ***
Residuals	18	23.090	1.283		
---					
Signif. codes: 0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1					

Como o p-valor < 0,0001, rejeita-se a hipótese de não interação, ou seja, há interação significativa entre os níveis de Recipientes e Espécies na altura das mudas. Deve-se então fazer os desdobramentos da interação.

## Resolução: Desdobrando a interação

```
#Desdobramento da interação
library(ExpDes.pt)
fat2.dic(dados$Recip, dados$Especie, dados$Altura,
          quali=c(TRUE,TRUE), mcomp="tukey",
          fac.names=c("Recipientes","Espécies"), sigF=0.05)
```

### Saída do software:

Legenda:

FATOR 1: Recipientes

FATOR 2: Espécies

Teste de normalidade dos resíduos (Shapiro-Wilk)

valor-p: 0.09401682

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

### Quadro da análise de variância

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Recipientes	2	92.861	53.6195	0.00000049	
Espécies	1	19.082	14.875	0.00115535	
Recipientes*Espécies	2	63.761	24.853	0.00000664	
Resíduo	18	23.090	2		
Total	23	198.793	1		

CV = 4.93 %

# DIC em Esquema Fatorial



Resolução: Desdobrando Recipientes em Espécies

Para cada Espécie:

$H_0$ : As alturas médias das mudas plantadas nos três recipientes são iguais.

$H_a$ : As médias de pelo menos dois recipientes diferem entre si.

Saída do software:

Interacao significativa: desdobrando a interacao

Desdobrando Recipientes dentro de cada nível de Espécies

Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr. Fc
Espécies	1	19.08167	19.08167	14.8753	0.0012
Recipientes:Espécies E1	2	87.12167	43.56083	33.9582	0
Recipientes:Espécies E2	2	69.50000	34.75000	27.0896	0
Residuo	18	23.09000	1.28278		
Total	23	198.79333	8.64319		

Recipientes dentro do nível E1 de Espécies

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	R2	25.875
a	R1	25.65
b	R3	20.05

Recipientes dentro do nível E2 de Espécies

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	R1	25.325
b	R3	21.325
b	R2	19.575

Para as duas espécies analisadas, pode-se concluir que as médias de pelo menos dois recipientes diferem entre si, pois o p-valor < 0,0001.

Dentro de E1, os melhores recipientes foram R2 e R1. Já em E2, R1 apresentou o melhor resultado.

## Resolução: Desdobrando Espécies e Recipientes

Para cada Recipiente:

$H_0$ : As alturas médias das duas espécies são iguais

$H_a$ : As alturas médias das duas espécies são diferentes

Saída do *software*:

Desdobrando Espécies dentro de cada nível de Recipientes

-----  
Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
Recipientes	2	92.86083	46.43042	36.1952	0
Espécies:Recipientes R1	1	0.21125	0.21125	0.1647	0.6897
Espécies:Recipientes R2	1	79.38000	79.38000	61.8813	0
Espécies:Recipientes R3	1	3.25125	3.25125	2.5345	0.1288
Residuo	18	23.09000	1.28278		
Total	23	198.79333	8.64319		

Espécies dentro do nível R1 de Recipientes

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

-----  
Niveis Medias

1	E1	25.650
2	E2	25.325

## Resolução: Conclusões

Espécies dentro do nível R2 de Recipientes

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	E1	25.875
b	E2	19.575

Espécies dentro do nível R3 de Recipientes

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

Níveis Medias

1	E1	20.050
2	E2	21.325

Existe diferença ( $p\text{-valor} < 0,0001$ ) entre as alturas das duas variedades somente para o recipiente R2. Nos outros dois recipientes, isso não ocorreu.

**Exercício 9.** Com o objetivo de avaliar a utilização do farelo bruto na alimentação de frangos, foi realizado um experimento com uma duração de 28 dias, envolvendo 4 tratamentos (0, 10, 20 e 30% de substituição) e 5 repetições por tratamento, num delineamento inteiramente casualizado. Cada repetição foi constituída de 50 pintos de um dia de idade da linhagem Ross, sendo 25 machos e 25 fêmeas. Os ganhos de peso médio (em kg) de cada parcela estão apresentados a seguir:

0%	10%	20%	30%
0,60	0,82	0,79	0,72
0,62	0,85	0,83	0,71
0,61	0,78	0,82	0,69
0,64	0,79	0,81	0,70
0,63	0,80	0,82	0,69

**Resolução:** As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Não há diferença significativa em relação a concentração de farelo bruto aplicada na ração com o ganho de peso dos frangos.

$H_a$ : Há diferença significativa em relação a concentração de farelo bruto aplicada na ração com o ganho de peso dos frangos.

# Regressão Polinomial



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

```
## Banco de dados
(Farelo<-rep(c(0,10,20,30),each=5))
(Ganho<-c(0.60,0.62,0.61,0.64,0.63,
  0.82,0.85,0.78,0.79,0.80,
  0.79,0.83,0.82,0.81,0.82,
  0.72,0.71,0.69,0.70,0.69))

dados<-data.frame(Farelo,Ganho)
dados
```

```
## Análise Exploratória

# Estatísticas descritivas por grupo
library(tidyverse)
(Resumo_Farelo <- dados %>%
  group_by(Farelo) %>%
  summarise(n = length(Ganho),
            Media = mean(Ganho),
            Var = var(Ganho),
            Desvio = sd(Ganho),
            CV = 100*sd(Ganho)/mean(Ganho)))
```

# A tibble: 4 × 6

	Farelo	n	Media	Var	Desvio	CV
	<dbl>	<int>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	0	5	0.62	0.000250	0.0158	2.55
2	10	5	0.808	0.000770	0.0277	3.43
3	20	5	0.814	0.000230	0.0152	1.86
4	30	5	0.702	0.000170	0.0130	1.86

# Regressão Polinomial



Resolução: Fazendo a análise de variância

```
# Análise de variância
modelo<-aov(Ganho~as.factor(Farelo), data=dados)
anova(modelo)
```

Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: Ganho

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
as.factor(Farelo)	3	0.12940	0.043133	121.5	3.201e-11 ***
Residuals	16	0.00568	0.000355		
---					
Signif. codes:	0	'***'	0.001 '**'	0.01 '*'	0.05 '.'
				0.1 ' '	1

Ao nível de 5% de significância, com p-valor < 0,0001, conclui-se que a hipótese nula é rejeitada e, portanto, há diferença significativa entre as médias de concentração de farelo. Como o fator é quantitativo não é indicado realizar comparações de médias por testes como Tukey e Duncan e sim, realizar um estudo de regressão para saber qual o grau do polinômio que melhor explica o comportamento analisado.

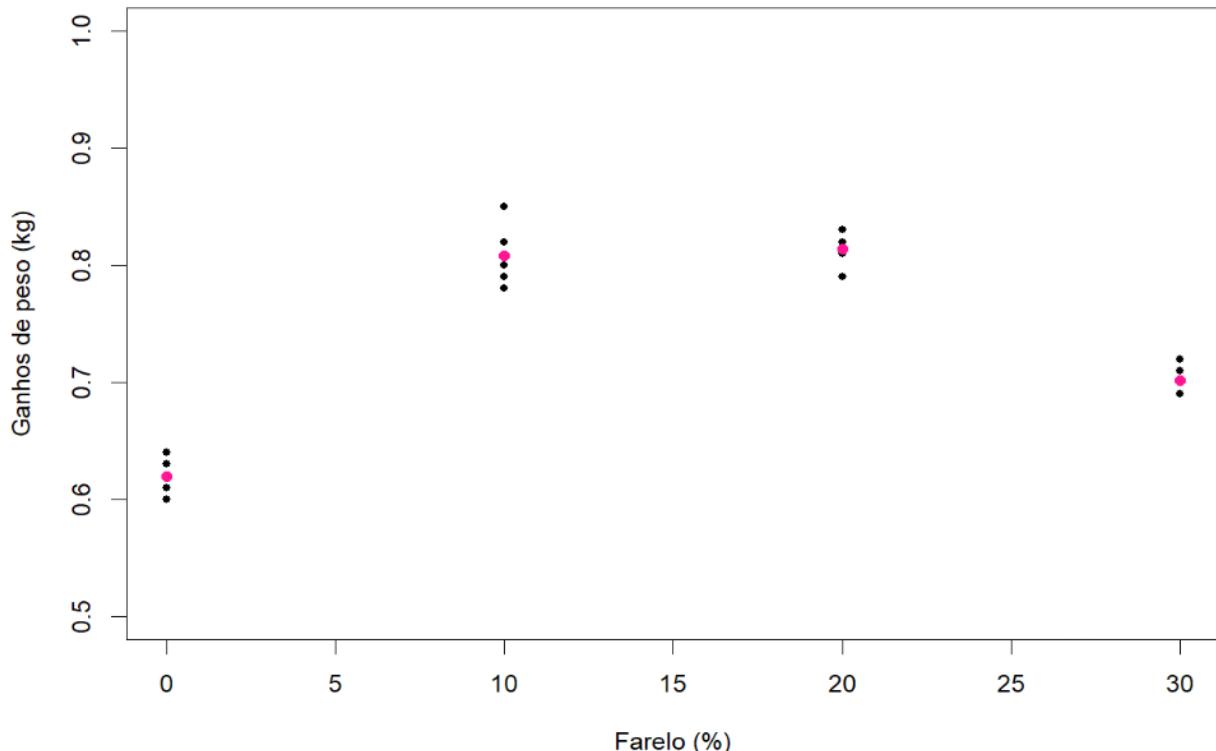
# Regressão Polinomial



Resolução: Fazendo o gráfico de dispersão

```
# Gráfico de dispersão
require(lattice)
plot(dados$Farelo,dados$Ganho, xlab="Farelo (%)", ylab="Ganhos de peso (kg)",
      pch=20, ylim=c(0.5,1))

(media=tapply(dados$Ganho,dados$Farelo,mean))
points(media ~ unique(Farelo),col="deeppink",pch=19)
```



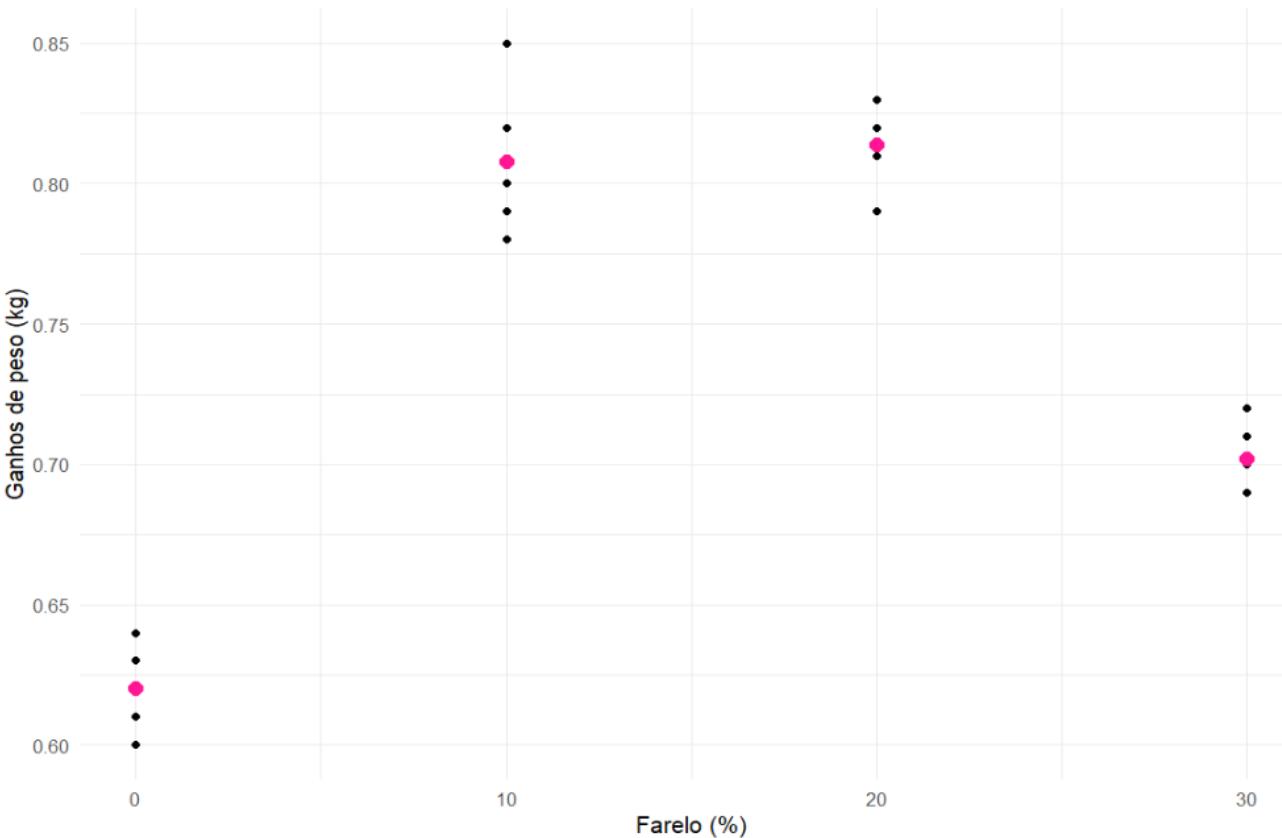
# Regressão Polinomial



Resolução: Fazendo o gráfico de dispersão

```
# Gráfico de dispersão
ggplot(dados, aes(x = Farelo, y = Ganho)) +
  geom_point() +
  stat_summary(fun = mean, geom = "point", size = 3, color = "deeppink") +
  labs(x = "Farelo (%)", y = "Ganhos de peso (kg)",
       title = "Relação entre Farelo na Alimentação e Ganhos de Peso
       em Frangos") +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title=element_text(face="bold",size="15"))
```

Relação entre Farelo na Alimentação e Ganhos de Peso em Frangos



**Resolução:** As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : O efeito linear da resposta é nulo

$H_a$ : O efeito linear da resposta não é nulo

$H_0$ : O efeito de segundo grau da resposta é nulo.

$H_a$ : O efeito de segundo grau da resposta não é nulo.

$H_0$ : O efeito de terceiro grau da resposta é nulo.

$H_a$ : O efeito de terceiro grau da resposta não é nulo.

## Resolução: Fazendo a regressão polinomial

Saída do software:

```
# Regressão Polinomial
require(ExpDes.pt)
dic(Farelo, Ganho, quali=FALSE)
```

Quadro da analise de variancia

---

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Tratamento	3	0.12940	0.043133	121.5	3.2013e-11
Residuo	16	0.00568	0.000355		
Total	19	0.13508			

---

CV = 2.56 %

---

Teste de normalidade dos residuos ( Shapiro-Wilk )  
Valor-p: 0.8220038

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: 0.439348

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

---

# Regressão Polinomial



## Saída do software:

Ajuste de modelos polinomiais de regressao

### Modelo Linear

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
--	------------	-------------	----	---------

b0	0.6982	0.0070	99.0380	0
b1	0.0025	0.0004	6.6874	0.00001

### R2 do modelo linear

0.122689

### Análise de variância do modelo linear

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.0159	0.0159	44.72	1e-05
Desvios de Regressao	2	0.1135	0.0568	159.89	0
Resíduos	16	0.0057	0.0004		

### Modelo quadrático

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
--	------------	-------------	----	---------

b0	0.6232	0.0082	75.8816	0
b1	0.0250	0.0013	18.9703	0
b2	-0.0008	0.00004	-17.8017	0

### R2 do modelo quadrático

0.992087

### Análise de variância do modelo quadrático

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.0159	0.0159	44.72	1e-05
Efeito quadrático	1	0.1125	0.1125	316.9	0
Desvios de Regressão	1	0.0010	0.0010	2.88	0.10879
Resíduos	16	0.0057	0.0004		

# Regressão Polinomial

Saída do software:

Modelo cubico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	0.6200	0.0084	73.5805	0
b1	0.0300	0.0032	9.2894	0
b2	-0.0012	0.0003	-4.3045	0.0006
b3	0.00001	0.00001	1.6984	0.1088

R2 do modelo cubico

-  
1  
-

Analise de variancia do modelo cubico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	0.0159	0.0159	44.72	1e-05
Efeito quadratico	1	0.1125	0.1125	316.9	0
Efeito cubico	1	0.0010	0.0010	2.88	0.10879
Desvios de Regressao	0	0	0	0	1
Resíduos	16	0.0057	0.0004		

O modelo quadrático apresenta p-valor < 0,001, assim rejeita-se a hipótese de que o efeito de segundo grau seja nulo e, portanto, considera-se que o efeito de segundo grau é significativo.

# Regressão Polinomial



## Resolução: Fazendo o ajuste do modelo

```
# Gráfico da curva ajustada
plot(media ~ unique(Farelo), xlab="Farelo (%)",
      ylab="Ganhos de peso (kg)", xlim=c(0,30), ylim=c(0.5,1), pch=19)

modeloaj= lm(Ganho ~ Farelo + I(Farelo^2), dados)

coef(modeloaj)
summary(modeloaj)

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

## Saída do software:

```
> coef(modeloaj)
(Intercept)      Farelo  I(Farelo^2)
0.62320        0.02502 -0.00075
```

A equação é dada por:  
 $y = -0,00075x^2 + 0,02502x + 0,6232$

```
call:
lm(formula = Ganho ~ Farelo + I(Farelo^2), data = dados)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max 
-0.0336 -0.0099 -0.0034  0.0079  0.0516 

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)    
(Intercept) 0.6232000  0.0086560   72.00 < 2e-16 ***
Farelo       0.0250200  0.0013901   18.00 1.66e-12 ***
I(Farelo^2) -0.0007500  0.0000444  -16.89 4.64e-12 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘ ’ 1

Residual standard error: 0.01986 on 17 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9504,    Adjusted R-squared:  0.9445 
F-statistic: 162.8 on 2 and 17 DF,  p-value: 8.2e-12
```

# Regressão Polinomial



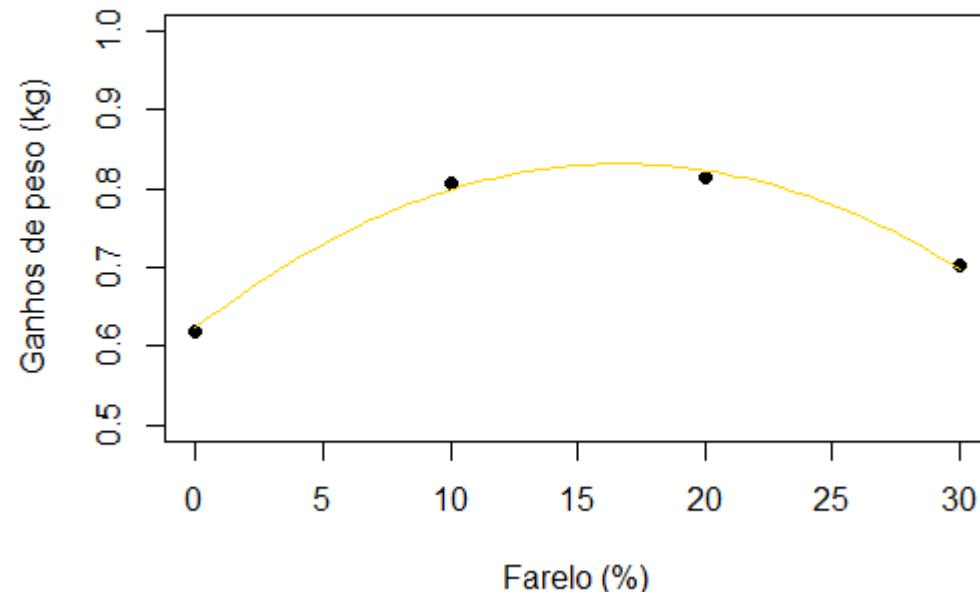
Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado

```
# Gráfico da curva ajustada
plot(media ~ unique(Farelo), xlab="Farelo (%)",
      ylab="Ganhos de peso (kg)", xlim=c(0,30), ylim=c(0.5,1), pch=19)

modeloaj= lm(Ganho ~ Farelo + I(Farelo^2), dados)

coef(modeloaj)
summary(modeloaj)

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

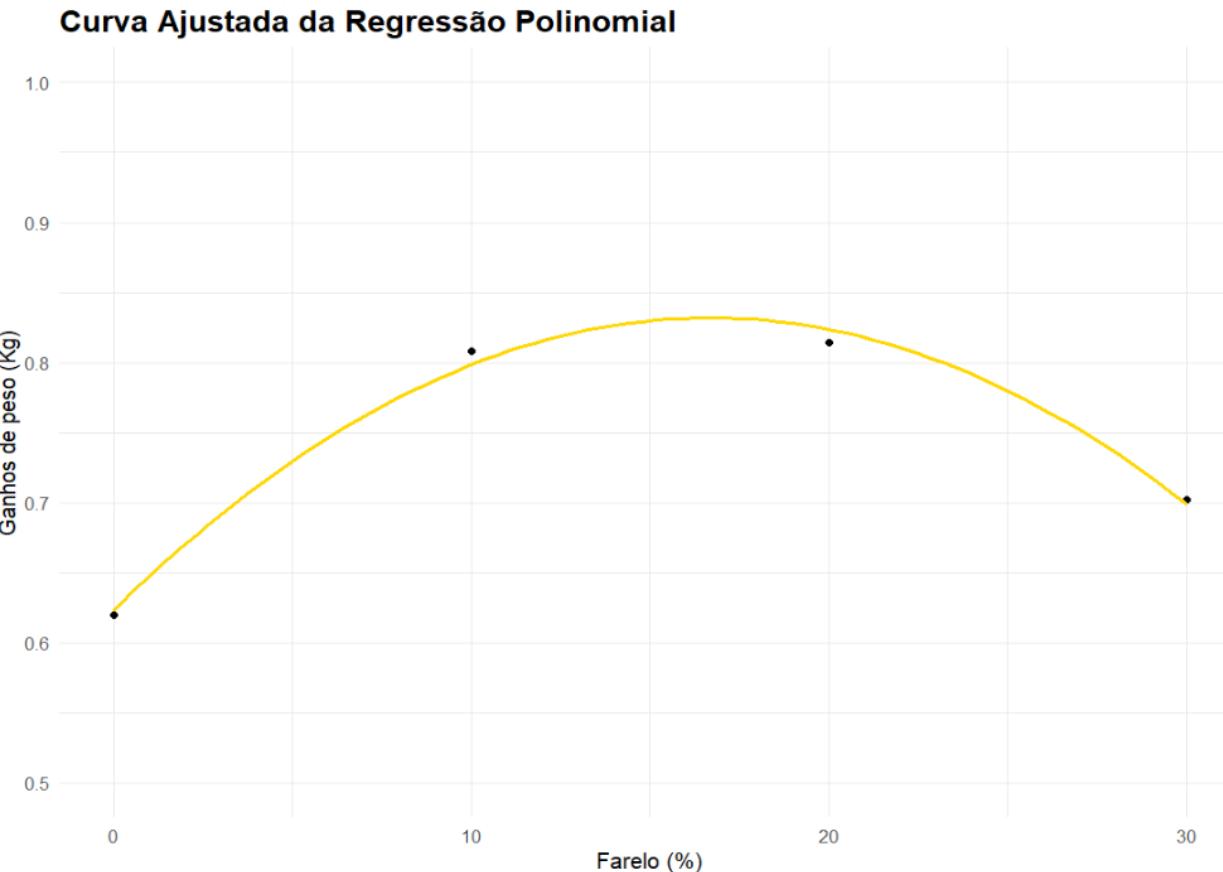


# Regressão Polinomial



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado

```
# Gráfico da curva ajustada
ggplot(media_ganho, aes(x = Farelo, y = mean_Ganho)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2), se = FALSE, color = "gold") +
  labs(x = "Farelo (%)", y = "Ganhos de peso (Kg)",
       title = "Curva Ajustada da Regressão Polinomial") +
  xlim(0, 30) + ylim(0.5, 1) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title=element_text(face="bold",size="15"))
```



**Exercício 10.** Em um experimento de substituição do farelo de soja pelo farelo de girassol na ração de suínos, montou-se um experimento fatorial 2x5, com os fatores Sexo (S=1: macho e S=2: fêmea) e Ração com substituição de farelo de soja por farelo de girassol ( $G = 0, 25, 50, 75$  e  $100\%$ ), utilizando-se 30 suínos (15 machos e 15 fêmeas) castrados da raça Duroc-Jersey, num delineamento em blocos casualizados com 3 repetições, formados de acordo com os grupos de pesos iniciais. Os resultados de ganho de peso dos animais aos 112 dias de experimento estão apresentados na tabela a seguir. Realize uma análise completa do experimento.

Bloco	Machos					Fêmeas				
	G0	G25	G50	G75	G100	G0	G25	G50	G75	G100
1	85,0	94,5	99,5	93,0	83,0	77,9	71,5	67,5	71,5	89,5
2	86,0	96,0	98,0	96,0	80,0	83,2	73,5	63,5	70,8	91,8
3	84,0	95,8	104,0	90,5	78,5	83,5	70,5	65,0	72,5	92,9

**Resolução:** As hipóteses testadas neste caso são:

$H_0$ : Os fatores testados **não** provocam efeitos significativos no ganho médio de peso dos animais.

$H_a$ : Os fatores testados provocam efeitos significativos no ganho médio de peso dos animais.

## Resolução: Inserindo os dados

```
#Banco de dados
(girassol=rep(c(0,25,50,75,100),e=3,2))
(sexo=as.factor(rep(c("macho","femea"),e=15)))
(bloco=as.factor(rep(c(1,2,3),10)))
GP=c(85.0,86.0,84.0,
     94.5,96.0,95.8,
     99.5,98.0,104.0,
     93.0,96.0,90.5,
     83.0,80.0,78.5,
     77.9,83.2,83.5,
     71.5,73.5,70.5,
     67.5,63.5,65.0,
     71.5,70.8,72.5,
     89.5,91.8,92.9)

dados<-data.frame(girassol,sexo,bloco,GP)
dados
str(dados)
```

## Resolução: Fazendo a análise de variância

#Análise de variância

```
mod = with(dados, aov(GP~bloco+sexo*as.factor(girassol)))
anova(mod)
```

## Saída do software:

Analysis of Variance Table

Response: GP

	DF	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
bloco	2	1.86	0.93	0.1931	0.8261
sexo	1	1594.32	1594.32	330.6530	4.949e-13
as.factor(girassol)	4	45.46	11.37	2.3573	0.0924
sexo:as.factor(girassol)	4	1990.08	497.52	103.1828	3.741e-12
Residuals	18	86.79	4.82		

```
bloco
sexo          ***
as.factor(girassol) .
sexo:as.factor(girassol) ***
Residuals
---
signif. codes: 0 '****' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Como o p-valor < 0,0001, rejeita-se a hipótese de não interação, ou seja, há interação significativa entre os níveis de Sexo e as doses de Farelo de Girassol. Deve-se então fazer os desdobramentos da interação.

## Resolução: Desdobrando a interação

```
#Desdobramento do esquema fatorial
library(ExpDes.pt)
fat2dbc(sexo,girassol,bloco,GP,
         quali=c(TRUE, FALSE), mcomp="tukey",
         fac.names=c("Sexo","Girassol"), sigF=0.05)
```

### Saída do software:

Legenda:

FATOR 1: Sexo

FATOR 2: Girassol

Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Bloco	2	1.9	2	0.19	0.8261
Sexo	1	1594.3	4	330.65	0.0000
Girassol	4	45.5	3	2.36	0.0924
Sexo*Girassol	4	1990.1	6	103.18	0.0000
Residuo	18	86.8	5		
Total	29	3718.5	1		

CV = 2.63 %

Teste de normalidade dos resíduos (Shapiro-Wilk)  
valor-p: 0.8733053

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

## Resolução: Desdobrando a interação

Interacao significativa: desdobrando a interacao

Desdobrando Sexo dentro de cada nivel de Girassol

Quadro da analise de variancia

	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
Bloco	2	1.86200	0.93100	0.1931	0.8261
Girassol	4	45.46467	11.36617	2.3573	0.0924
Sexo:Girassol 0	1	18.02667	18.02667	3.7386	0.0691
Sexo:Girassol 25	1	835.44000	835.44000	173.2652	0
Sexo:Girassol 50	1	1855.04167	1855.04167	384.7245	0
Sexo:Girassol 75	1	697.68167	697.68167	144.695	0
Sexo:Girassol 100	1	178.21500	178.21500	36.9607	0
Residuo	18	86.79133	4.82174		
Total	29	3718.52300	128.22493		

Sexo dentro do nivel 0 de Girassol

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

Niveis Medias

1	1	81.53333
2	2	85.00000

Sexo dentro do nivel 25 de Girassol

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	2	95.43333
b	1	71.83333

# DBC em Esquema Fatorial



Resolução: Desdobrando Sexo em Girassol

Saída do software:

Sexo dentro do nível 50 de Girassol

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	2	100.5
b	1	65.33333

Sexo dentro do nível 75 de Girassol

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	2	93.16667
b	1	71.6

Sexo dentro do nível 100 de Girassol

Teste de Tukey

Grupos Tratamentos Medias

a	1	91.4
b	2	80.5

Desdobrando Girassol dentro de cada nível de sexo

Quadro da análise de variância

	GL	SQ	QM	Fc	Pr.Fc
Bloco	2	1.86200	0.93100	0.1931	0.8261
Sexo	1	1594.32300	1594.32300	330.653	0
Girassol:Sexo femea	4	1253.09600	313.27400	64.9711	0
Girassol:Sexo macho	4	782.45067	195.61267	40.5689	0
Resíduo	18	86.79133	4.82174		
Total	29	3718.52300	128.22493		

# DBC em Esquema Fatorial



## Saída do software:

Girassol dentro do nível femea de sexo

Ajuste de modelos polinomiais de regressão

Modelo Linear

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
--	------------	-------------	----	---------

b0	72.4400	0.9820	73.7669	0
b1	0.0780	0.0160	4.8640	0.0001

R2 do modelo linear

0.091035

Análise de variância do modelo linear

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	114.0750	114.0750	23.66	0.00012
Desvios de Regressão	3	1,139.0210	379.6737	78.74	0
Resíduos	18	86.7913	4.8217		

Modelo quadrático

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
--	------------	-------------	----	---------

b0	82.6924	1.1931	69.3070	0
b1	-0.7422	0.0565	-13.1282	0
b2	0.0082	0.0005	15.1292	0

R2 do modelo quadrático

0.971788

Análise de variância do modelo quadrático

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	114.0750	114.0750	23.66	0.00012
Efeito quadrático	1	1,103.6690	1,103.6690	228.89	0
Desvios de Regressão	2	35.3522	17.6761	3.67	0.04618
Resíduos	18	86.7913	4.8217		

# DBC em Esquema Fatorial



Saída do software:

Modelo cubico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	81.6590	1.2587	64.8765	0
b1	-0.4460	0.1281	-3.4820	0.0027
b2	-0.0001	0.0032	-0.0199	0.9843
b3	0.0001	0.00002	2.5775	0.0190

R2 do modelo cubico

0.997351

Analise de variancia do modelo cubico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	114.0750	114.0750	23.66	0.00012
Efeito quadratico	1	1,103.6690	1,103.6690	228.89	0
Efeito cubico	1	32.0333	32.0333	6.64	0.01897
Desvios de Regressao	1	3.3189	3.3189	0.69	0.41761
Residuos	18	86.7913	4.8217		

Girassol dentro do nivel macho de Sexo

Ajuste de modelos polinomiais de regressao

Modelo Linear

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
b0	93.1733	0.9820	94.8800	0
b1	-0.0451	0.0160	-2.8103	0.0116

R2 do modelo linear

0.048669

Analise de varianca do modelo linear

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
Efeito linear	1	38.0813	38.0813	7.9	0.01158
Desvios de Regressao	3	744.3693	248.1231	51.46	0
Residuos	18	86.7913	4.8217		

# DBC em Esquema Fatorial



Saída do *software*:

Modelo quadrático

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
<hr/>				
b0	84.8019	1.1931	71.0751	0
b1	0.6246	0.0565	11.0490	0
b2	-0.0067	0.0005	-12.3536	0
<hr/>				

R2 do modelo quadrático

-----  
0.989110  
-----

Analise de variância do modelo quadrático

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
<hr/>					
Efeito linear	1	38.0813	38.0813	7.9	0.01158
Efeito quadrático	1	735.8486	735.8486	152.61	0
Desvios de Regressão	2	8.5208	4.2604	0.88	0.43048
Resíduos	18	86.7913	4.8217		
<hr/>					

Modelo cubico

	Estimativa	Erro.padrao	tc	valor.p
<hr/>				
b0	84.7986	1.2587	67.3708	0
b1	0.6256	0.1281	4.8845	0.0001
b2	-0.0067	0.0032	-2.0671	0.0534
b3	0.000000	0.000002	0.0083	0.9935
<hr/>				

R2 do modelo cubico

-----  
0.989111  
-----

Analise de variância do modelo cubico

	GL	SQ	QM	Fc	valor.p
<hr/>					
Efeito linear	1	38.0813	38.0813	7.9	0.01158
Efeito quadrático	1	735.8486	735.8486	152.61	0
Efeito cubico	1	0.0003	0.0003	0	0.99346
Desvios de Regressão	1	8.5204	8.5204	1.77	0.20035
Resíduos	18	86.7913	4.8217		
<hr/>					

# DBC em Esquema Fatorial



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para fêmeas

```
# Gráfico das curvas ajustadas
```

```
##### USANDO R BASICO
```

```
### Estatísticas descritivas das médias por sexo
```

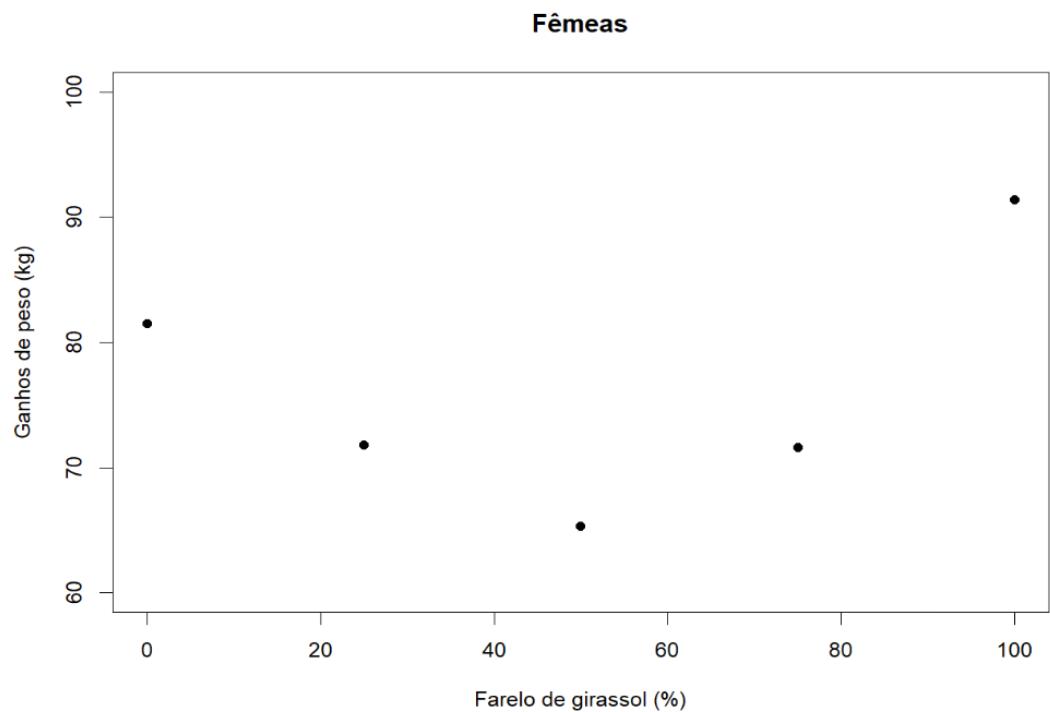
```
(media=tapply(dados$GP,list(dados$sexo,dados$girassol),mean))
```

	0	25	50	75	100
femea	81.53333	71.83333	65.33333	71.60000	91.4
macho	85.00000	95.43333	100.50000	93.16667	80.5

```
# Gráfico da curva ajustada para as fêmeas
```

```
media[1,]
plot(media[1,] ~ unique(girassol), xlab="Farelo de girassol (%)",
      ylab="Ganhos de peso (kg)", xlim=c(0,100), ylim=c(60,100),
      pch=19, main="Fêmeas")
```

```
dados1<-subset(dados, dados$sexo=="femea")
modeloaj= lm(GP ~ girassol + I(girassol^2)+ I(girassol^3), dados1)
summary(modeloaj)
```



## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para fêmeas

```
Call:  
lm(formula = GP ~ girassol + I(girassol^2) + I(girassol^3), data = dados1)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.7590	-0.9590	0.2743	1.4076	2.1695

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )	
(Intercept)	8.166e+01	1.140e+00	71.655	4.86e-16	***
girassol	-4.460e-01	1.160e-01	-3.846	0.00272	**
I(girassol^2)	-6.476e-05	2.945e-03	-0.022	0.98285	
I(girassol^3)	5.511e-05	1.936e-05	2.847	0.01589	*

---

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

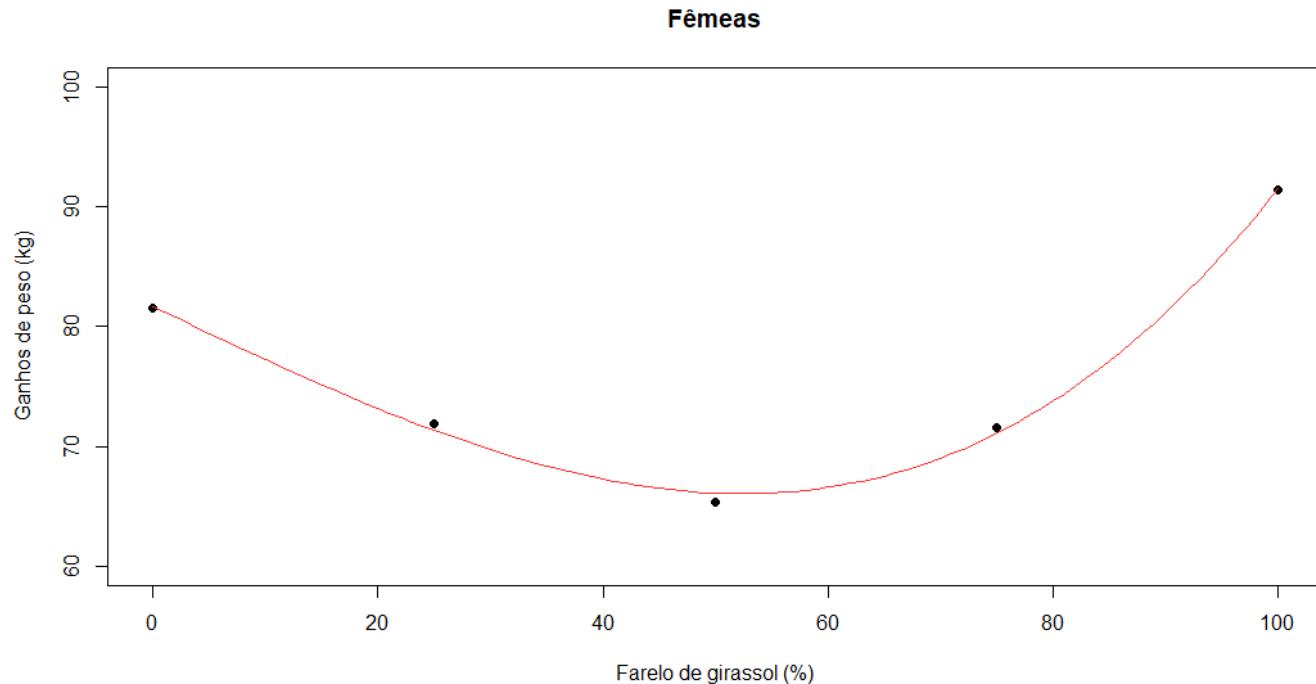
Residual standard error: 1.988 on 11 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.9664, Adjusted R-squared: 0.9572  
F-statistic: 105.4 on 3 and 11 DF, p-value: 2.191e-08

Para fêmeas foi utilizado o modelo cúbico.

Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para fêmeas

```
coef(modeloaj)
curve(coef(modeloaj)[1] + coef(modeloaj)[2]*x + coef(modeloaj)[3]*x^2+coef(modeloaj)[4]*x^3,
      add=T, col="firebrick1")
```

```
> coef(modeloaj)
(Intercept)      girassol  I(girassol^2)  I(girassol^3)
8.165905e+01 -4.459683e-01 -6.476190e-05  5.511111e-05
```



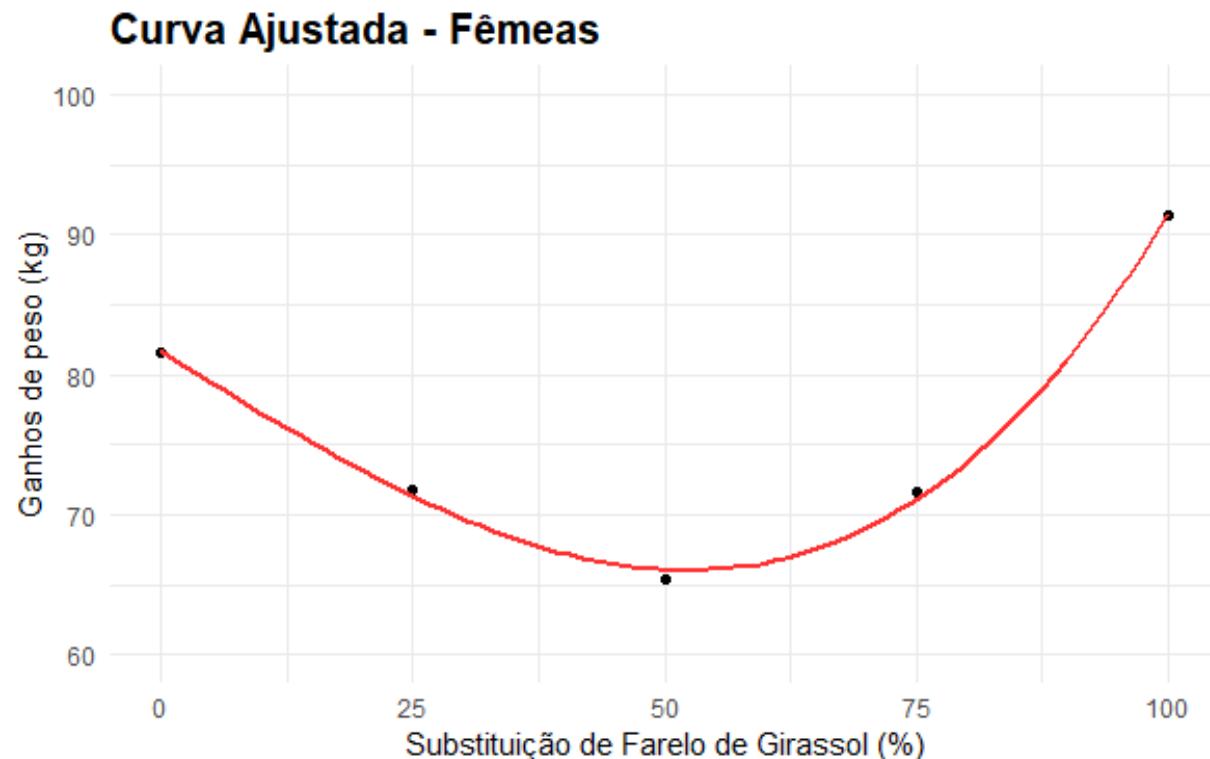
# DBC em Esquema Fatorial



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para fêmeas

```
# Gráfico para fêmeas com as médias
(media_femea <- dados1 %>%
  group_by(girassol) %>%
  summarise(mean_GP = mean(GP)))

ggplot(media_femea, aes(x = girassol, y = mean_GP)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados1, aes(x = girassol, y = GP),
              method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2) + I(x^3),
              se = FALSE, color = "firebrick1") +
  labs(x = "Substituição de Farelo de Girassol (%)",
       y = "Ganhos de peso (kg)",
       title = "Curva Ajustada - Fêmeas") +
  xlim(0, 100) + ylim(60, 100) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size =15))
```

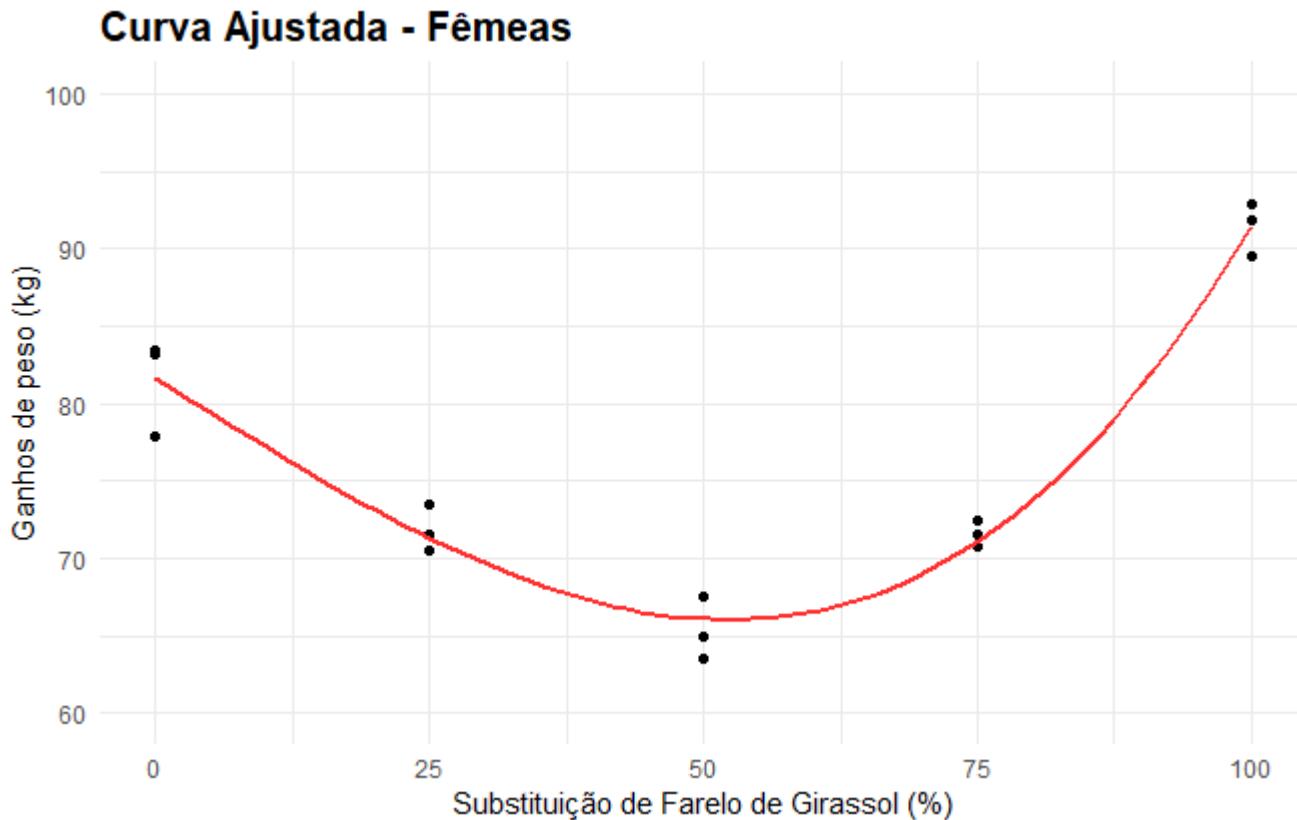


# DBC em Esquema Fatorial



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para fêmeas

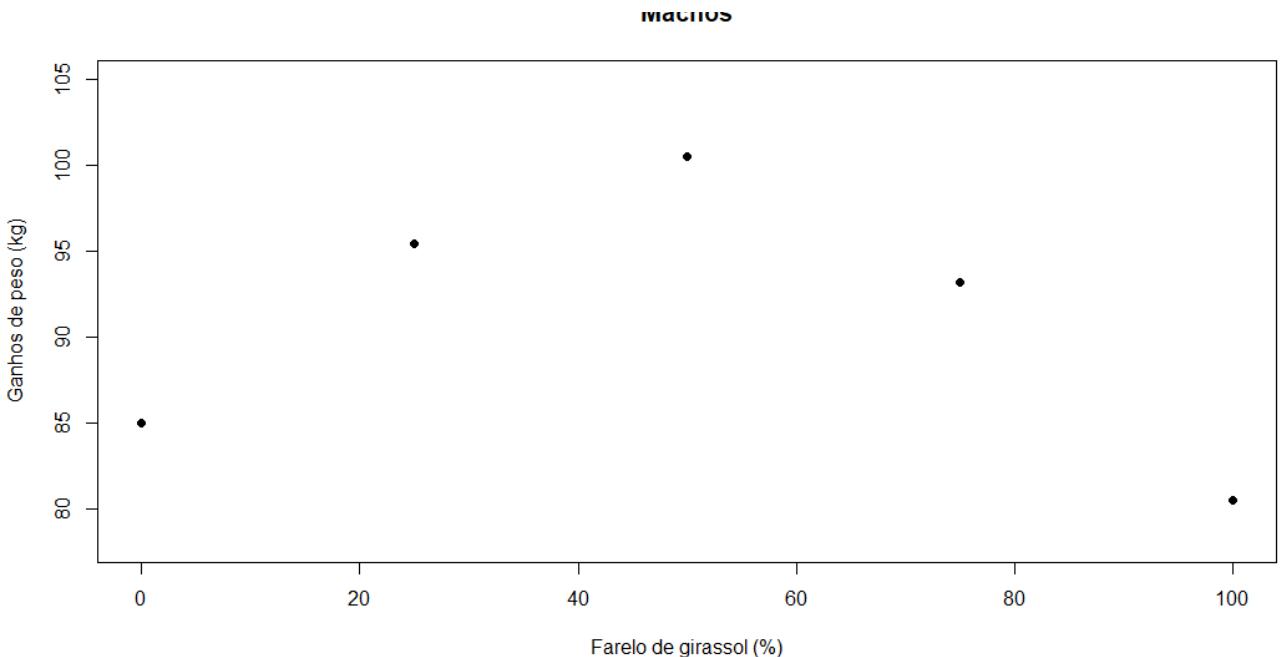
```
# Gráfico para fêmeas com todos os pontos
ggplot(dados1, aes(x = girassol, y = GP)) +
  geom_point(color = "black", pch=19) +
  geom_smooth(data = dados1, aes(x = girassol, y = GP),
              method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2) + I(x^3),
              se = FALSE, color = "firebrick1") +
  labs(x = "Substituição de Farelo de Girassol (%)",
       y = "Ganhos de peso (kg)",
       title = "Curva Ajustada - Fêmeas") +
  xlim(0, 100) + ylim(60, 100) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size =15))
```



## Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para machos

```
#Gráfico da curva ajustada para os machos
media[2,]
plot(media[2,] ~ unique(girassol), xlab="Farelo de girassol (%)",
      ylab="Ganhos de peso (kg)", xlim=c(0,100), ylim=c(78,105),
      pch=19, main="Machos")

dados2<-subset(dados, dados$sexo=="macho")
modeloaj1= lm(GP ~ girassol + I(girassol^2), dados2)
summary(modeloaj1)
```



# DBC em Esquema Fatorial



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para machos

```
Call:  
lm(formula = GP ~ girassol + I(girassol^2), data = dados2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.4790	-1.1352	-0.2952	0.7033	4.7086

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	84.8019048	1.1843681	71.60	< 2e-16 ***
girassol	0.6246476	0.0561191	11.13	1.11e-07 ***
I(girassol^2)	-0.0066971	0.0005381	-12.45	3.22e-08 ***

---

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

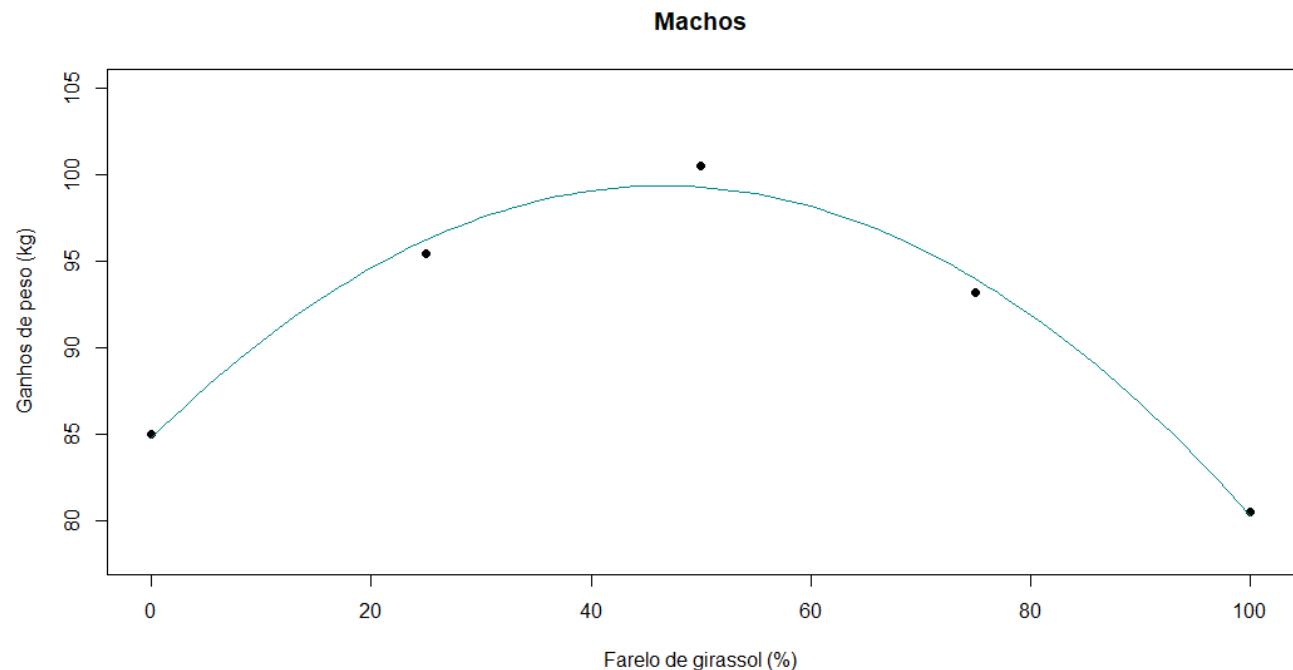
Residual standard error: 2.18 on 12 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.9314, Adjusted R-squared: 0.92  
F-statistic: 81.45 on 2 and 12 DF. p-value: 1.043e-07

Para machos foi utilizado o modelo quadrático.

Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para machos

```
coef(modeloaj1)
curve(coef(modeloaj1)[1] + coef(modeloaj1)[2]*x + coef(modeloaj1)[3]*x^2,
      add=T, col="turquoise4")
```

```
> coef(modeloaj1)
(Intercept)      girassol  I(girassol^2)
84.801904762   0.624647619 -0.006697143
```



# DBC em Esquema Fatorial

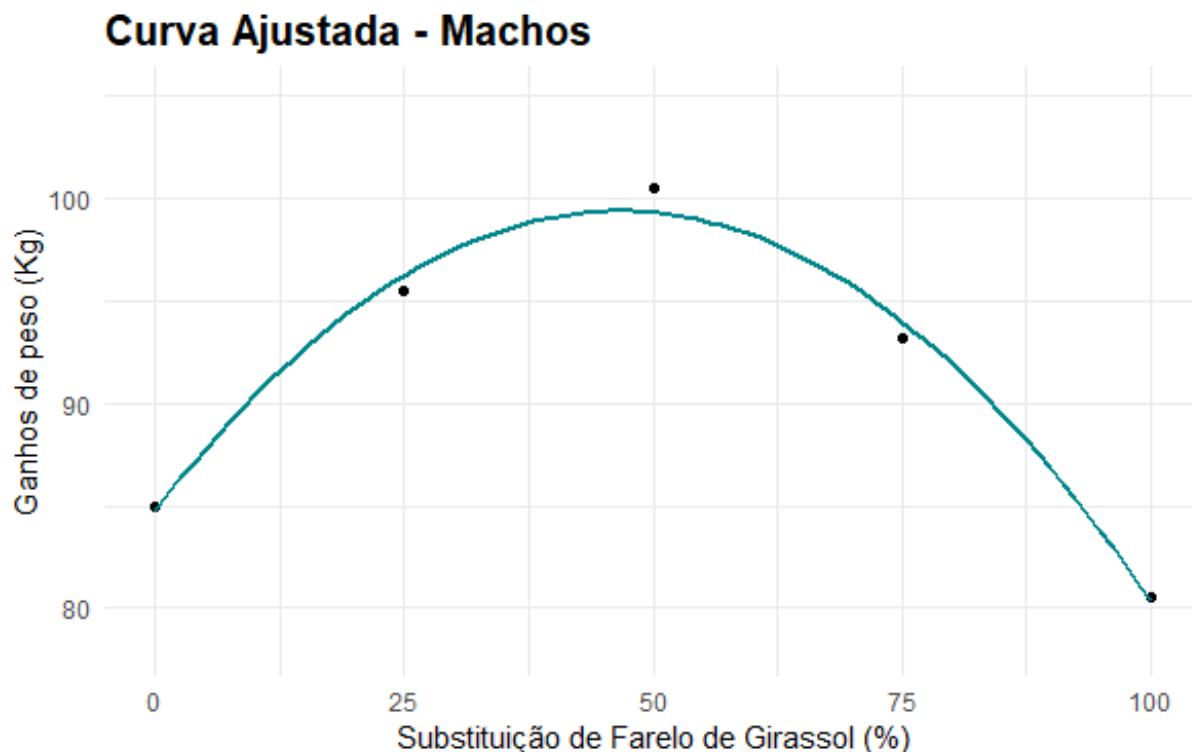
USP 90 ANOS  
1934 2024



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para machos

```
# Gráfico para machos com as médias
media_macho <- dados2 %>%
  group_by(girassol) %>%
  summarise(mean_GP = mean(GP))

ggplot(media_macho, aes(x = girassol, y = mean_GP)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados2, aes(x = girassol, y = GP),
              method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2),
              se = FALSE, color = "turquoise4") +
  labs(x = "Substituição de Farelo de Girassol (%)",
       y = "Ganhos de peso (Kg)",
       title = "Curva Ajustada - Machos") +
  xlim(0, 100) + ylim(78, 105) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```



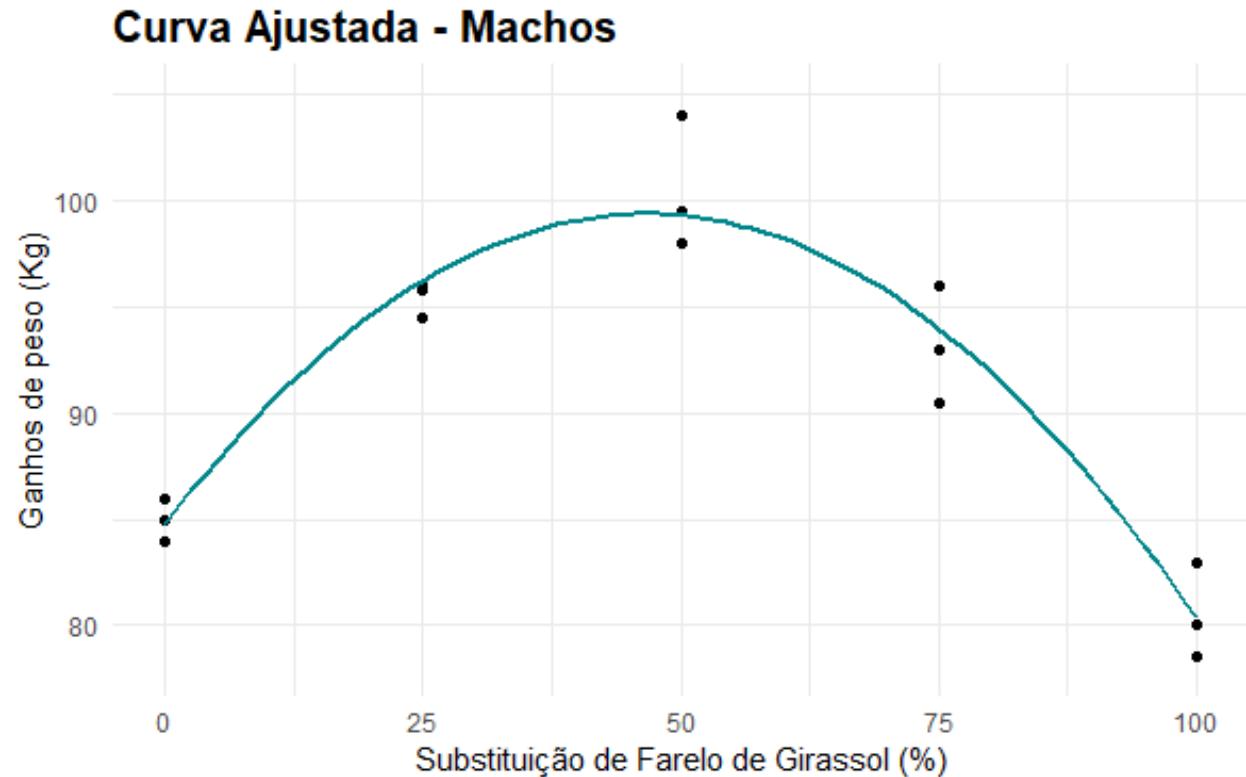
# DBC em Esquema Fatorial

USP 90 ANOS  
1934 2024



Resolução: Fazendo o gráfico do modelo ajustado para machos

```
# Gráfico para machos com todos os pontos
ggplot(dados2, aes(x = girassol, y = GP)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = dados2, aes(x = girassol, y = GP),
              method = "lm", formula = y ~ x + I(x^2),
              se = FALSE, color = "turquoise4") +
  labs(x = "Substituição de Farelo de Girassol (%)",
       y = "Ganhos de peso (Kg)",
       title = "Curva Ajustada - Machos") +
  xlim(0, 100) + ylim(78, 105) +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(face = "bold", size = "15"))
```



**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

**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 1<sup>a</sup> 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 1<sup>a</sup> 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  $\alpha = 5\%$ ).

**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

- 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.
- 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 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

- 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.