

Lista 3

Nome: Renato Junio Martins

Dada a seguinte tabela, de um experimento conduzido no delineamento completamente casualizado, com 5 repetições,

Tabela 8: Tensão sobre fibras de algodão em lb/pol²

Percentual de Algodão	Repetições					Total
	I	II	III	IV	V	
15	7	7	15	11	9	49
20	12	17	12	18	18	77
25	14	18	18	19	19	88
30	19	25	22	19	23	108
35	7	10	11	15	11	54
Total						376

1. Definir as hipóteses.

Verificar se existe diferença significativa entre pelo menos duas médias de tratamentos.

$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_a$

$H_1: \mu_i \neq \mu_j$ Pelo menos duas médias de tratamentos diferem entre si

2. Construir o quadro da Anova

```
plots t_fibra trat
1      1      7  15
2      2      7  15
3      3     15  15
4      4     11  15
5      5      9  15
6      6     12  20
7      7     17  20
8      8     12  20
9      9     18  20
10     10     18  20
11     11     14  25
12     12     18  25
13     13     18  25
14     14     19  25
15     15     19  25
16     16     19  30
17     17     25  30
18     18     22  30
19     19     19  30
20     20     23  30
21     21      7  35
22     22     10  35
23     23     11  35
24     24     15  35
25     25     11  35
```

```

> anova(t_fibra.av)
Analysis of Variance Table

Response: t_fibra
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)    
trat         4  475.76   118.94   14.757 9.128e-06 ***
Residuals    20  161.20     8.06                      
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
>

```

3. Concluir a respeito do test F

Como o p-valor foi quase 0, ou seja, bem abaixo dos 5%, temos $H_1: \mu_i \neq \mu_j$.

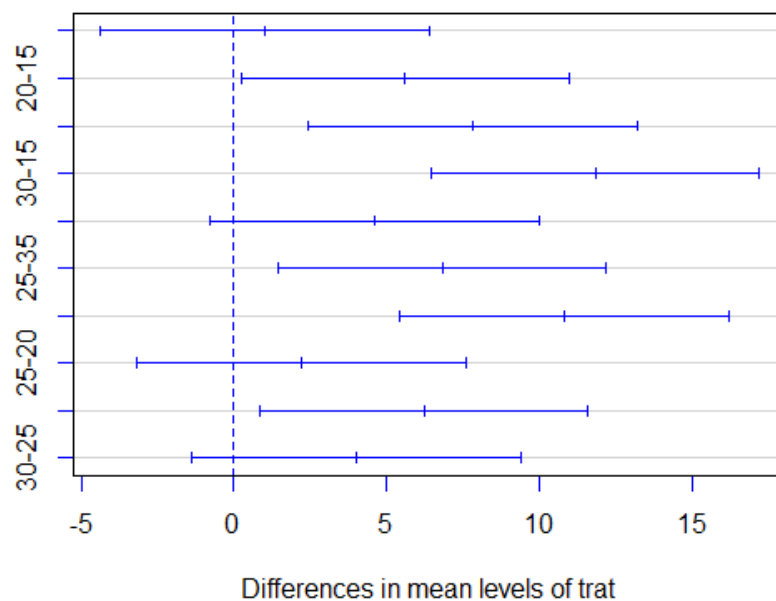
4. Se necessário, aplicar um teste de comparações múltiplas

```

$trat
      diff      lwr      upr    p adj
35-15  1.0 -4.3729583  6.372958 0.9797709
20-15  5.6  0.2270417 10.972958 0.0385024
25-15  7.8  2.4270417 13.172958 0.0025948
30-15 11.8  6.4270417 17.172958 0.0000190
20-35  4.6 -0.7729583  9.972958 0.1162970
25-35  6.8  1.4270417 12.172958 0.0090646
30-35 10.8  5.4270417 16.172958 0.0000624
25-20  2.2 -3.1729583  7.572958 0.7372438
30-20  6.2  0.8270417 11.572958 0.0188936
30-25  4.0 -1.3729583  9.372958 0.2101089

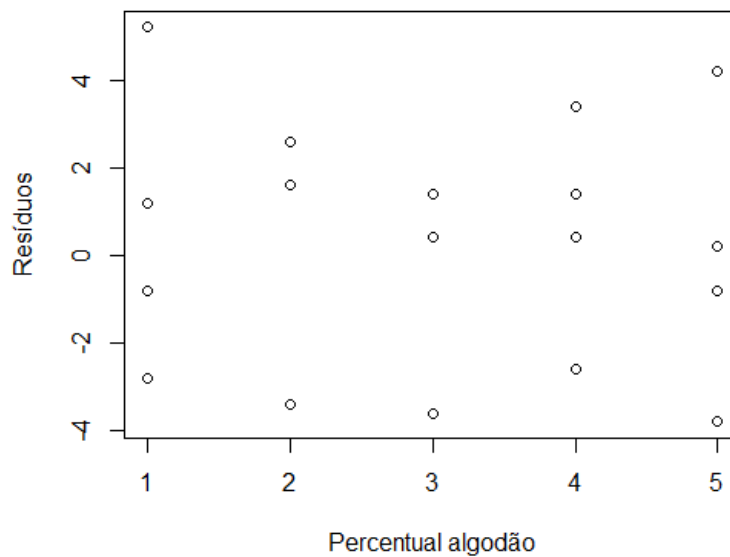
```

95% family-wise confidence level



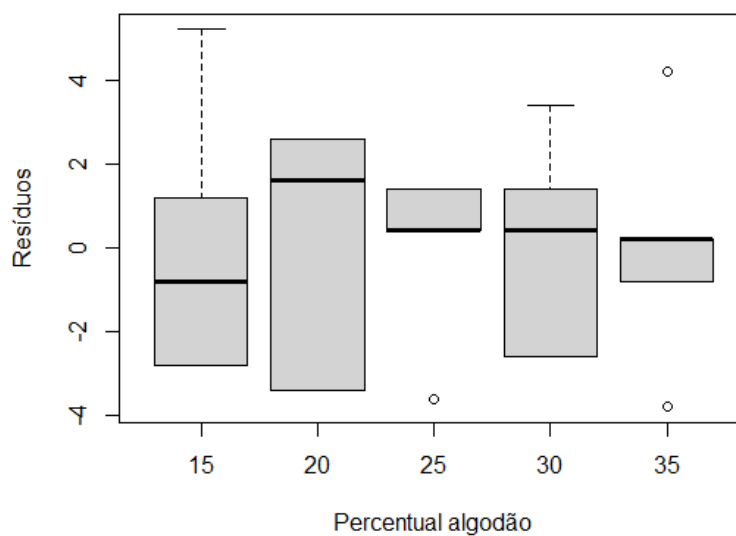
O gráfico e a tabela mostram que 20-15, 20-35, 25-20 e 30-25 não diferem a média. O resto diferem, tendo 30-15 e 30-35 diferindo muito.

5. Fazer um gráfico de dispersão dos resíduos vs tratamento (avaliar homoscedasticidade).



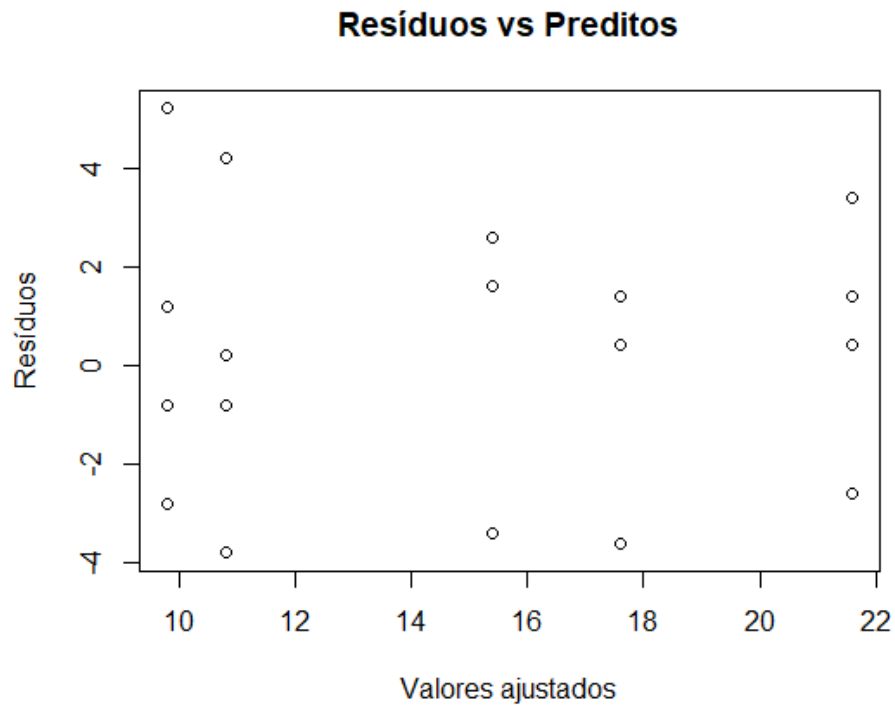
Existe homoscedasticidade.

6. Fazer um box-plot dos resíduos vs tratamentos (avaliar homoscedasticidade).



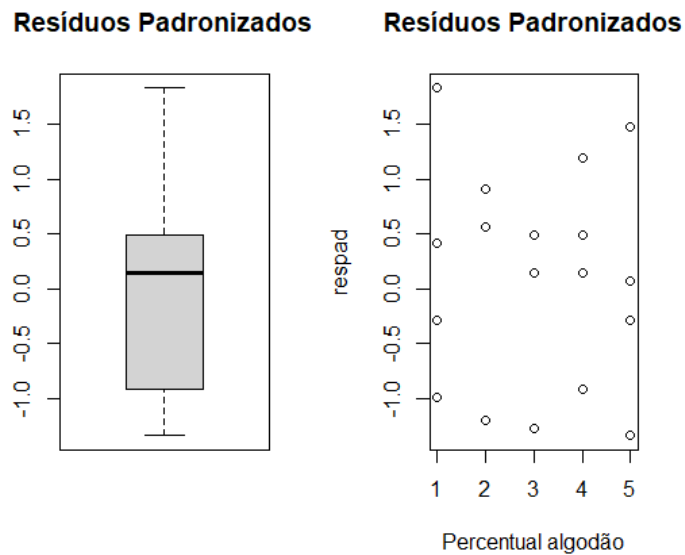
Existe homoscedasticidade.

7. Fazer um gráfico dos resíduos vs preditos.



Existe homoscedasticidade.

8. Verifique se existem candidatos a outlier.



Utilizando o critério de +3 ou -3 desvios padronizados, nesse caso não existe candidato a outlier pois não ultrapassa +2 ou -2.

9. Substitua o valor 11, do tratamento 35, repetição V por 50 e repita a análise.

1. Verificar se existe diferença significativa entre pelo menos duas médias de tratamentos.

H0: $\mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_a$

H1: $\mu_i \neq \mu_j$ Pelo menos duas médias de tratamentos diferem entre si

2.

```
plots t_fibra trat
1      1      7    15
2      2      7    15
3      3     15    15
4      4     11    15
5      5      9    15
6      6     12    20
7      7     17    20
8      8     12    20
9      9     18    20
10     10     18    20
11     11     14    25
12     12     18    25
13     13     18    25
14     14     19    25
15     15     19    25
16     16     19    30
17     17     25    30
18     18     22    30
19     19     19    30
20     20     23    30
21     21      7    35
22     22     10    35
23     23     11    35
24     24     15    35
25     25     50    35
```

```
> anova(t_fibra.av)
Analysis of Variance Table

Response: t_fibra
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
trat        4  388.4    97.10  1.3935 0.2721
Residuals  20 1393.6    69.68
```

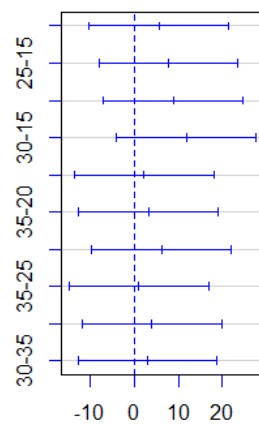
3. Temos o p-valor de 0.27, ou seja, maior que 5%, temos

H0: $\mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_a$

4. Não precisaria fazer porque pela a ANOVA já se sabe que as médias dos tratamentos não diferem. Para provar isso usarei o teste de Tukey.

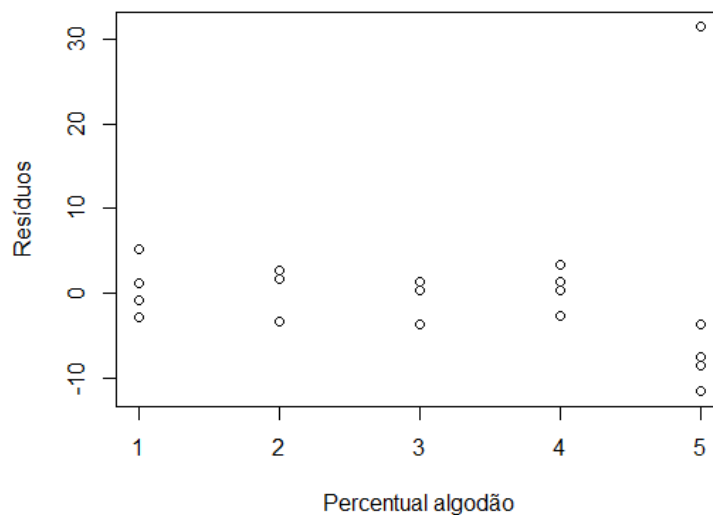
\$trat	diff	lwr	upr	p adj
20-15	5.6	-10.197924	21.39792	0.8239660
25-15	7.8	-7.997924	23.59792	0.5878212
35-15	8.8	-6.997924	24.59792	0.4751086
30-15	11.8	-3.997924	27.59792	0.2075367
25-20	2.2	-13.597924	17.99792	0.9931733
35-20	3.2	-12.597924	18.99792	0.9724729
30-20	6.2	-9.597924	21.99792	0.7654079
35-25	1.0	-14.797924	16.79792	0.9996856
30-25	4.0	-11.797924	19.79792	0.9396975
30-35	3.0	-12.797924	18.79792	0.9782252

95% family-wise confidence interval



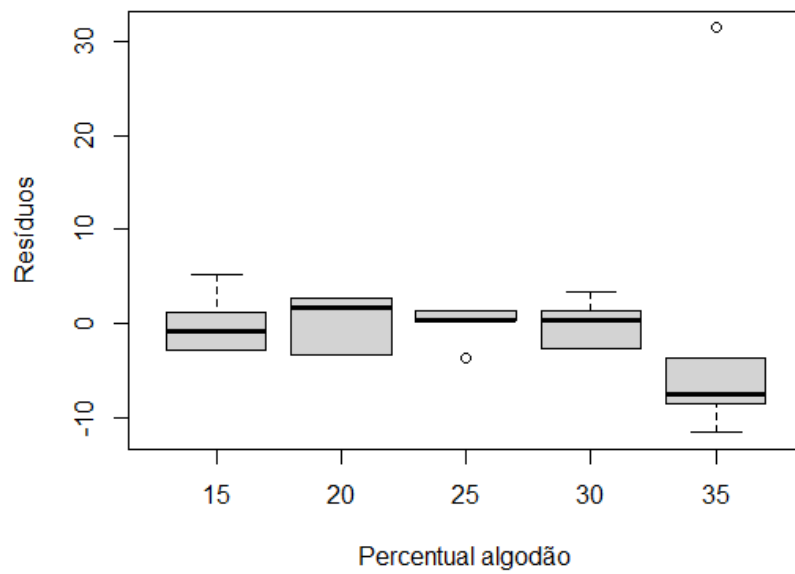
Differences in mean levels of trat

5.



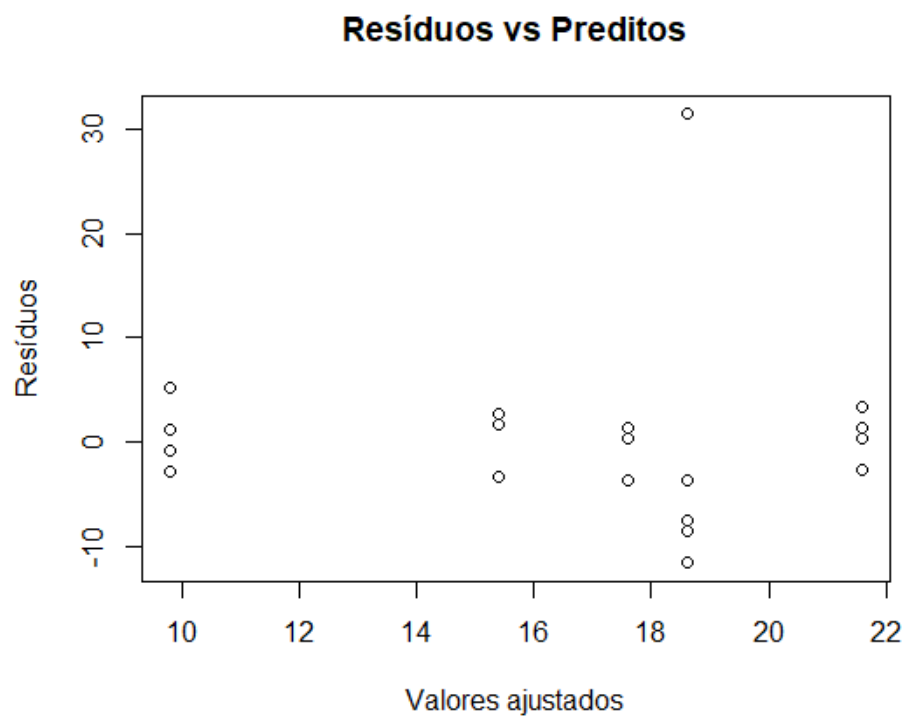
Não existe homoscedasticidade.

6.



Não existe homoscedasticidade.

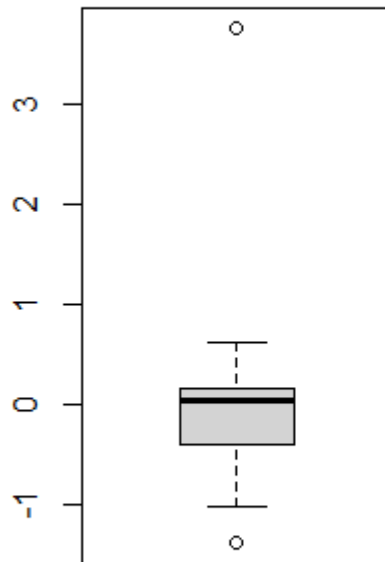
7.



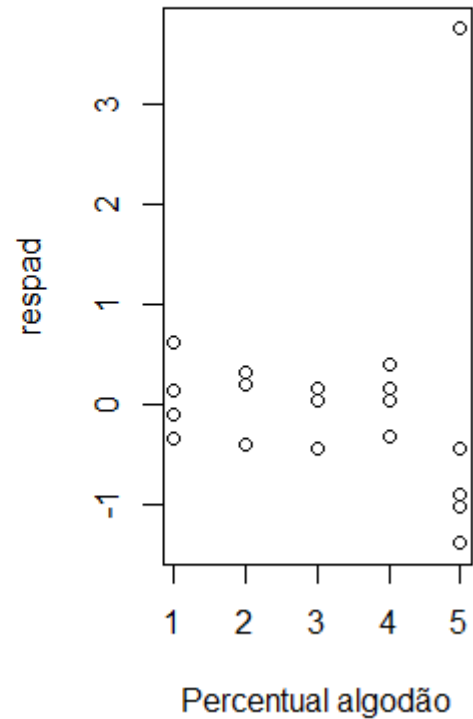
Não existe homoscedasticidade.

8.

Resíduos Padronizados



Resíduos Padronizados



Utilizando o critério de +3 ou -3 desvios padronizados, nesse caso existe candidato a outlier pois ultrapassa +3, nesse caso foi o valor 50 que foi adicionado no tratamento 35 e repetição V no lugar do 11.

Considere o seguinte experimento, onduzido no delineamento completamente casualizado, onde foram medidos os rendimentos (em %) de uma solução química sob diferentes temperaturas de preparo.

Tabela 9: Rendimento, em %, de uma solução química sob diferentes temperaturas.

Temperatura	Repetições			
	1	2	3	4
1	98	97	99	96
2	91	90	93	92
3	96	95	97	95
4	95	96	99	98

Refazer as análises do exercício anterior.

1. Definir as hipóteses.

Verificar se existe diferença significativa entre pelo menos duas médias de tratamentos.

$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_a$

$H_1: \mu_i \neq \mu_j$ Pelo menos duas médias de tratamentos diferem entre si

2. Construir o quadro da Anova

```
plots temp trat
1      1    98    1
2      2    97    1
3      3    99    1
4      4    96    1
5      5    91    2
6      6    90    2
7      7    93    2
8      8    92    2
9      9    96    3
10     10    95    3
11     11    97    3
12     12    95    3
13     13    95    4
14     14    96    4
15     15    99    4
16     16    98    4

> anova(temp.av)
Analysis of Variance Table

Response: temp
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
trat         3  89.188  29.7292   15.681 0.0001878 ***
Residuals   12  22.750   1.8958
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

3. Concluir a respeito do test F

Como o p-valor foi quase 0, ou seja, bem abaixo dos 5%, temos

$H_1: \mu_i \neq \mu_j$.

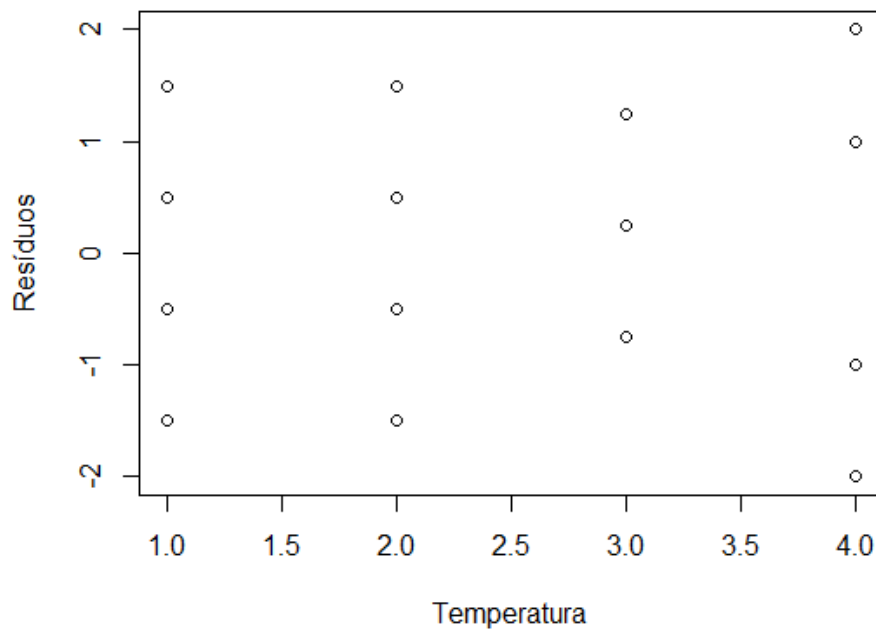
4. Se necessário, aplicar um teste de comparações múltiplas

```
$trat
      diff      lwr      upr      p adj
3-2  4.25  1.359448  7.140552  0.0044029
4-2  5.50  2.609448  8.390552  0.0005377
1-2  6.00  3.109448  8.890552  0.0002455
4-3  1.25 -1.640552  4.140552  0.5894146
1-3  1.75 -1.140552  4.640552  0.3209518
1-4  0.50 -2.390552  3.390552  0.9542581
```



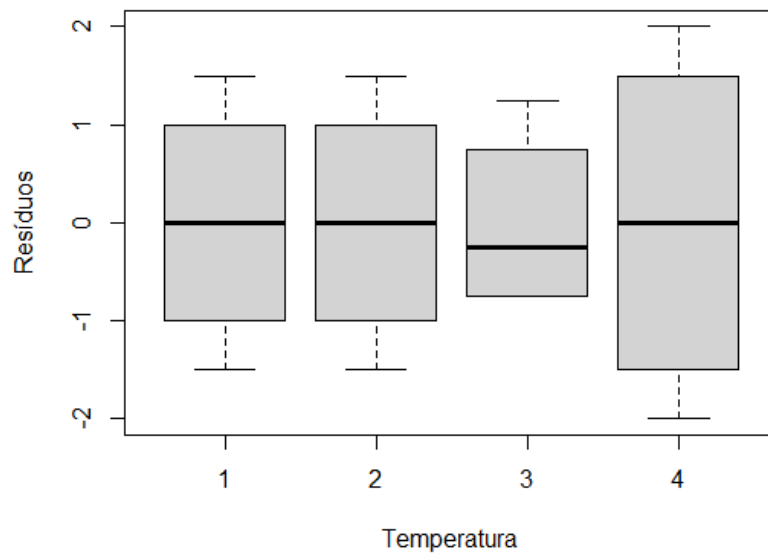
A média dos tratamentos 1-2, 4-2 e 3-2 se diferem. O que não ocorrem nos 1-4, 1-3 e 4-3, como podemos ver na tabela e gráfico acima.

5. Fazer um gráfico de dispersão dos resíduos vs tratamento (avaliar homoscedasticidade).



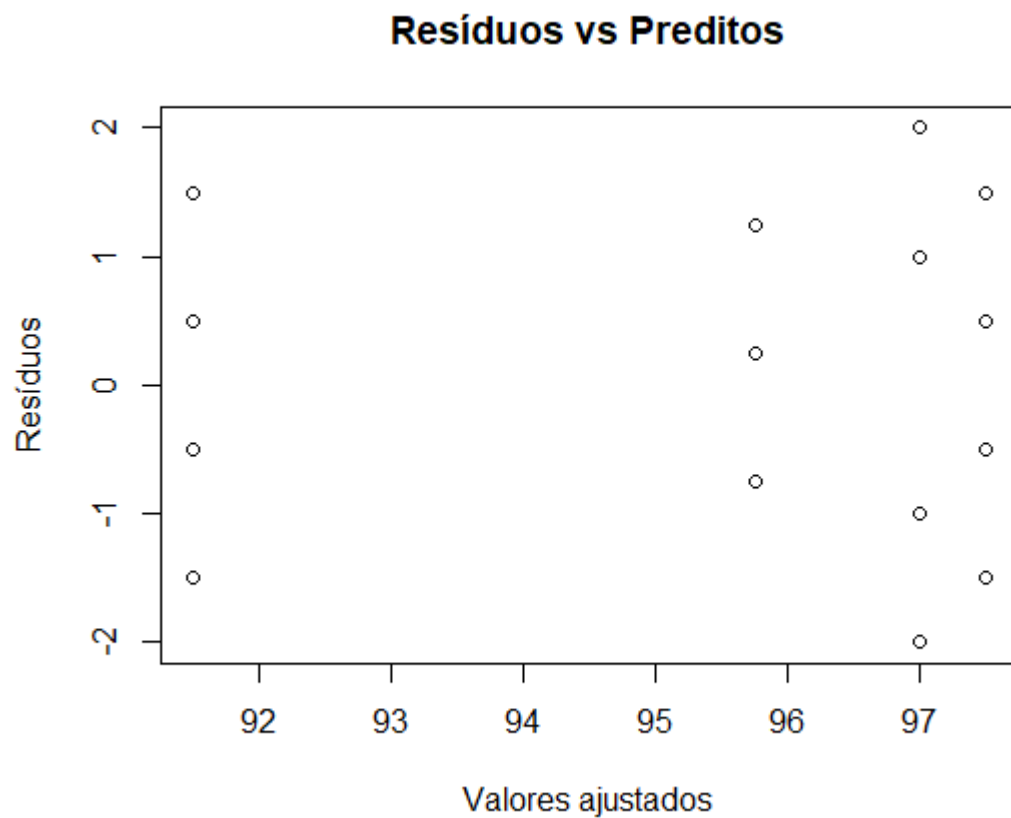
Possui homoscedasticidade.

6. Fazer um box-plot dos resíduos vs tratamentos (avaliar homoscedasticidade).

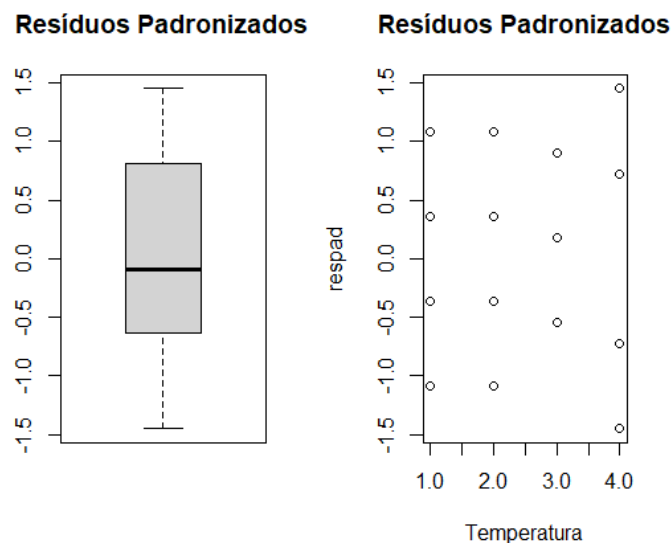


Possui homoscedasticidade.

7. Fazer um gráfico dos resíduos vs preditos.



8. Verifique se existem candidatos a outlier.



Utilizando o critério de +3 ou -3 desvios padronizados, nesse caso não existe candidato a outlier pois não ultrapassa +1.5 ou -1.5.

Blocos completos Casualizados

Dados os dois conjuntos de dados de dois experimentos conduzidos no delineamento em blocos completos casualizados, verifique os pressupostos e faça a análise de variância.

Tabela 13: Quantidade de produto ativo, em mg, de diferentes soluções, obtidas em diferentes laboratórios

Soluções	Blocos (laboratórios)			
	1	2	3	4
1	9,3	9,4	9,6	10
2	9,4	9,3	9,8	9,9
3	9,2	9,4	9,5	9,7
4	9,7	9,6	10,0	10,2

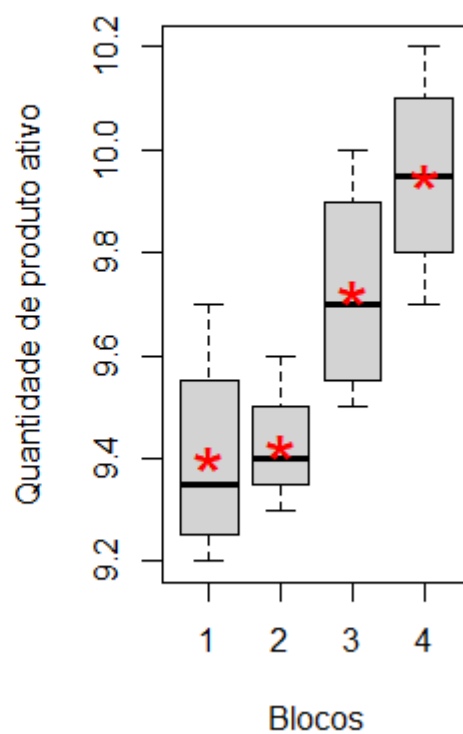
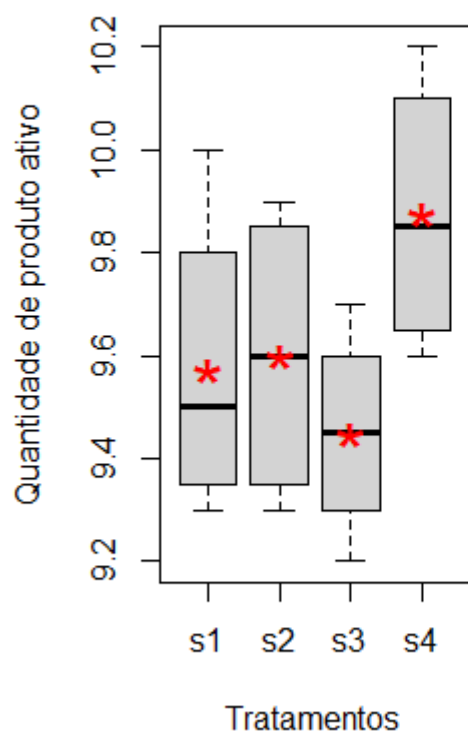
Tabela 14: Atividade enzimática de diferentes produtos, testados em diferentes dias

Produtos	Blocos (dias)			
	1	2	3	4
1	73	68	74	71
2	73	67	75	72
3	75	78	78	73
4	73	71	75	75

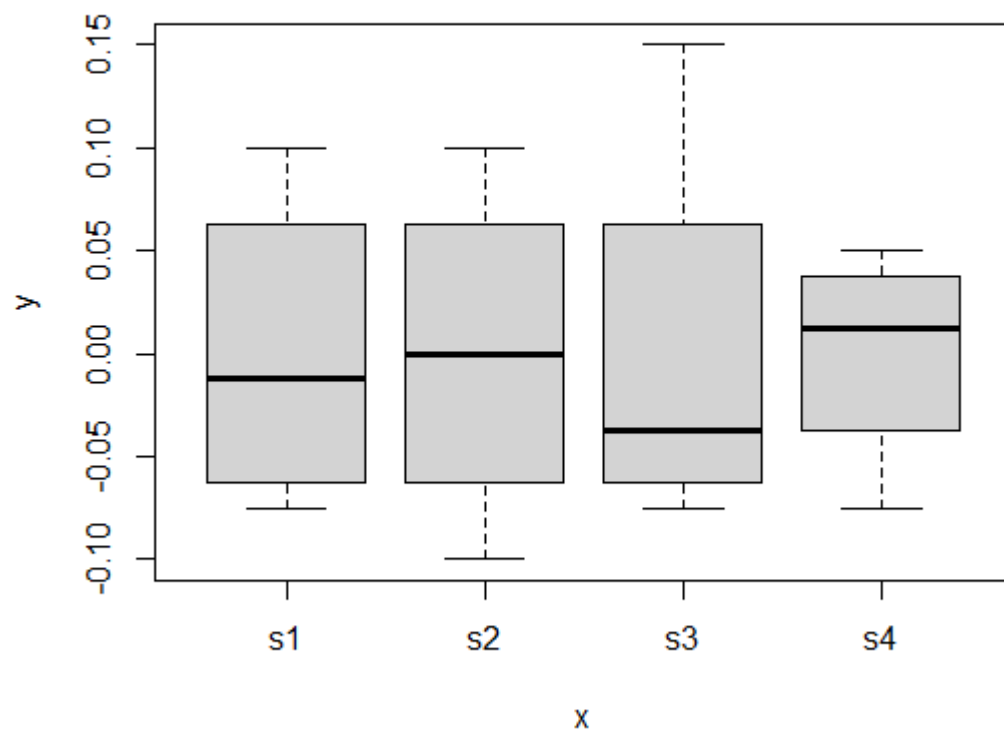
Começando pela tabela 13: Quantidade de produto ativo.

	plots	trat	blocos	resp
1	1	s1	1	9.3
2	2	s2	1	9.4
3	3	s3	1	9.2
4	4	s4	1	9.7
5	1	s1	2	9.4
6	2	s2	2	9.3
7	3	s3	2	9.4
8	4	s4	2	9.6
9	1	s1	3	9.6
10	2	s2	3	9.8
11	3	s3	3	9.5
12	4	s4	3	10.0
13	1	s1	4	10.0
14	2	s2	4	9.9
15	3	s3	4	9.7
16	4	s4	4	10.2

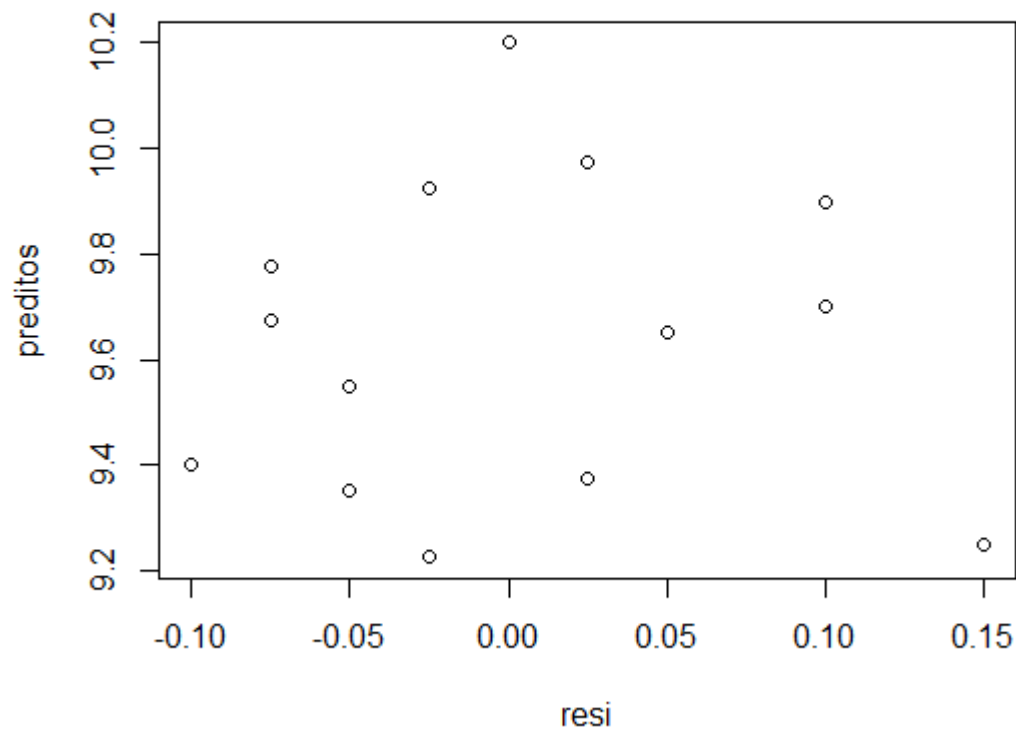
Checando a homoscedasticidade dos dados



Resíduos vs Quantidade de produto ativo Homocedasticidade



Resíduos vs Preditos Independência



Casualização bem estabelecida.

Teste de normalidade dos resíduos

shapiro-wilk normality test

```
data: resi  
w = 0.93957, p-value = 0.3438
```

Como o p-valor é bem maior que 5%, conclui-se que os resíduos seguem a distribuição normal.

Análise de Variância

Analysis of Variance Table

Response: resp

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
blocos	3	0.825	0.275000	30.938	4.523e-05 ***
trat	3	0.385	0.128333	14.438	0.0008713 ***
Residuals	9	0.080	0.008889		

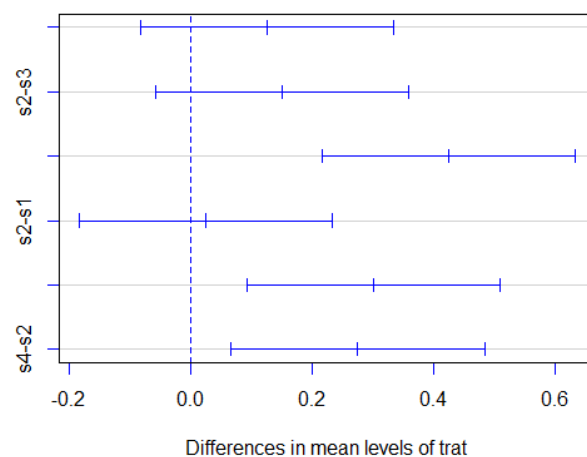
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Como os p-valores dos blocos e tratamentos foram quase 0, vem abaixo dos 5%, significa que as médias diferem.

Teste para Comparações Múltiplas

\$trat		diff	lwr	upr	p adj
s1-s3	0.125	-0.08311992	0.3331199	0.3027563	
s2-s3	0.150	-0.05811992	0.3581199	0.1815907	
s4-s3	0.425	0.21688008	0.6331199	0.0006061	
s2-s1	0.025	-0.18311992	0.2331199	0.9809005	
s4-s1	0.300	0.09188008	0.5081199	0.0066583	
s4-s2	0.275	0.06688008	0.4831199	0.0113284	

95% family-wise confidence level

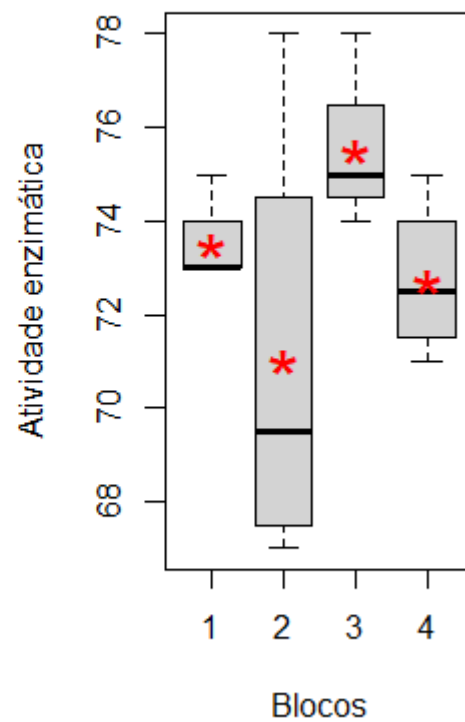
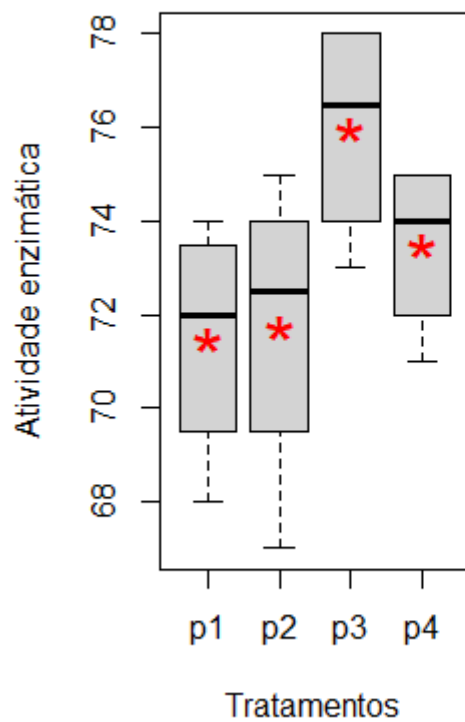


Temos s1-s3, s2-s3 e s2-s1 não de se diferem, os demais diferem.

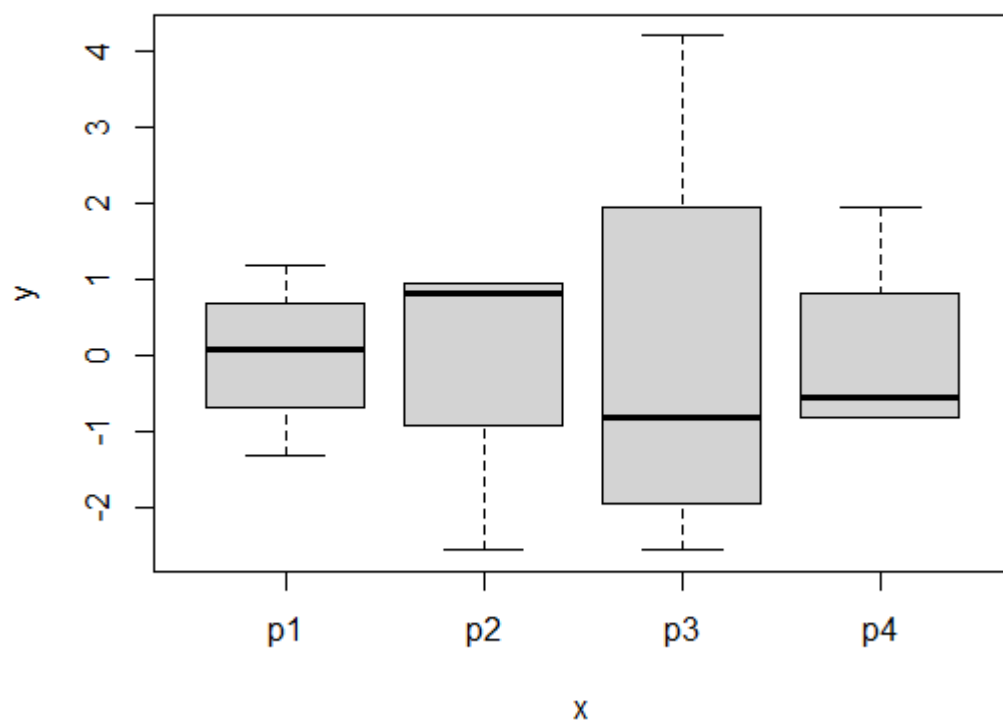
Tabela 14: Atividade enzimática de diferentes produtos.

	plots	trat	blocos	resp
1	1	p1	1	73
2	2	p2	1	73
3	3	p3	1	75
4	4	p4	1	73
5	1	p1	2	68
6	2	p2	2	67
7	3	p3	2	78
8	4	p4	2	71
9	1	p1	3	74
10	2	p2	3	75
11	3	p3	3	78
12	4	p4	3	75
13	1	p1	4	71
14	2	p2	4	72
15	3	p3	4	73
16	4	p4	4	75

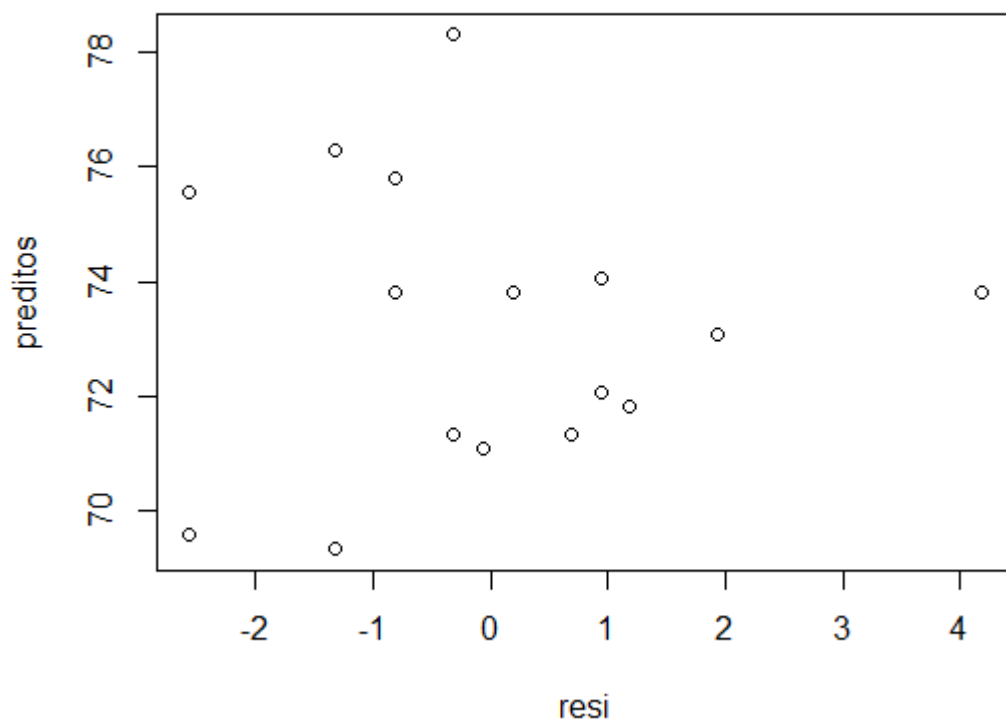
Checando a homoscedasticidade dos dados



Resíduos vs Atividade enzimática Homocedasticidade



Resíduos vs Preditos Independência



Casualização bem estabelecida.

Teste de normalidade dos resíduos

shapiro-wilk normality test

```
data: resi  
w = 0.95094, p-value = 0.5047
```

Como o p-valor é bem maior que 5%, conclui-se que os resíduos seguem a distribuição normal.

Análise de Variância

Analysis of Variance Table

Response: resp

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
blocos	3	41.688	13.8958	2.9042	0.09376 .
trat	3	51.687	17.2292	3.6009	0.05889 .
Residuals	9	43.063	4.7847		

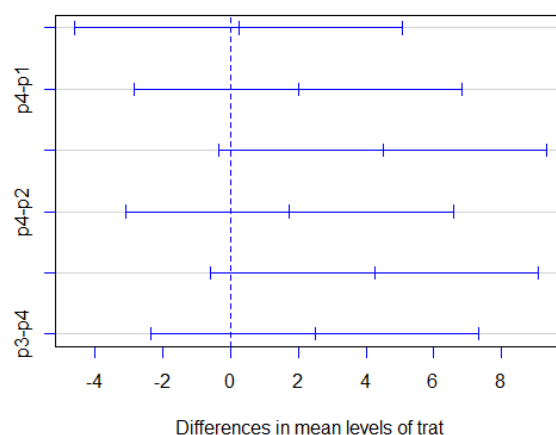
signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Como os p-valores dos blocos e tratamentos foram acima dos 5%, significa que as médias não se diferem.

Teste para Comparações Múltiplas

```
$strat  
      diff      lwr      upr      p adj  
p2-p1 0.25 -4.5785671 5.078567 0.9983821  
p4-p1 2.00 -2.8285671 6.828567 0.5891450  
p3-p1 4.50 -0.3285671 9.328567 0.0688272  
p4-p2 1.75 -3.0785671 6.578567 0.6807364  
p3-p2 4.25 -0.5785671 9.078567 0.0876860  
p3-p4 2.50 -2.3285671 7.328567 0.4169365
```

95% family-wise confidence level



Pelo gráfico e tabela comprovam o que a anova mostrou que as médias não se diferem.