

## Delineamento em blocos casualizados em R

Exemplo com variável resposta binária e três tratamentos com dois, três e três níveis, respectivamente.

```
## Exemplo 4.4, p. 93
## Demétrio, C. G. B. (2002), "Modelos Lineares Generalizados em
## Experimentação Agronômica", ESALQ
```

```
# Dados (Tabela 31, p. 94)
```

```
y <- c(1, 1, 0, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 1,
       0, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 1,
       0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0,
       1, 1, 1, 0, 0, 1, 1, 0, 1, 1,
       1, 0, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1,
       0, 0, 1, 1, 1, 0, 1, 0, 0, 0,
       0, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 0,
       0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1,
       1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 1, 1, 1,
       0, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1)
```

```
n <- length(y)
tipo <- factor(c(rep("BAP", n / 2), rep("TDZ", n / 2)))
nivel <- factor(rep(c(5, 1, 0.1), each = n / 6, 2))
auxina <- factor(rep(c("NAA", "IBA", "2-4D"), each = n / 18, 6))
blocos <- factor(rep(1:10, n / 10))
```

**Nota 1.** Explique o código acima, verificando que `y` corresponde às linhas da tabela em um vetor.

```
# Modelos
mnulo <- glm(y ~ 1, family = binomial)
mblocos <- update(mnulo, .~. + blocos)
mbtipo <- update(mblocos, .~. + tipo)
mbnivel <- update(mblocos, .~. + nivel)
mbauxina <- update(mblocos, .~. + auxina)
mbtnivel <- update(mbtipo, .~. + nivel)
mbtauxina <- update(mbtipo, .~. + auxina)
mbnauxina <- update(mbnivel, .~. + auxina)
mbtnivel2 <- update(mbtnivel, .~. + tipo:nivel)
mbtauxina2 <- update(mbtauxina, .~. + tipo:auxina)
mbnauxina2 <- update(mbnauxina, .~. + nivel:auxina)
mbtnivel2auxina <- update(mbtnivel2, .~. + auxina)
mbtauxina2nivel <- update(mbtauxina2, .~. + nivel)
mbnauxina2tipo <- update(mbnauxina2, .~. + tipo)
mbtnivel2auxina2 <- update(mbtnivel2auxina, .~. + tipo:auxina)
mbtnivel2auxina3 <- update(mbtnivel2auxina, .~. + nivel:auxina)
mbtauxina2nivel2 <- update(mbtauxina2nivel, .~. + nivel:auxina)
mbtnauxina3 <- update(mbtauxina2nivel2, .~. + tipo:nivel + tipo:nivel:auxina)
```

**Nota 2.** Compare os modelos ajustados acima com os modelos da Tabela 32. Por exemplo, para o modelo `mbtipo`, a desviância e os graus de liberdade podem ser obtidos usando `mbtipo$deviance` e `mbtipo$df.residual` ou `deviance(mbtipo)` e `df.residual(mbtipo)`.

```
## Outros modelos
mbtnauxina <- update(mbtnivel, .~. + auxina) # tipo + nivel + auxina
# sem interação de segunda ordem
mbtnauxina2o <- update(mbtnauxina3, .~. - tipo:nivel:auxina)

# Tabela ANODEV
anova(mnulo, mblocos, mbtipo, mbtnivel, mbtnauxina, mbtnivel2auxina,
      mbtnivel2auxina2, mbtnauxina2o, mbtnauxina3, test = "Chi")
```

Analysis of Deviance Table

```
Model 1: y ~ 1
Model 2: y ~ blocos
Model 3: y ~ blocos + tipo
Model 4: y ~ blocos + tipo + nivel
Model 5: y ~ blocos + tipo + nivel + auxina
Model 6: y ~ blocos + tipo + nivel + auxina + tipo:nivel
Model 7: y ~ blocos + tipo + nivel + auxina + tipo:nivel + tipo:auxina
Model 8: y ~ blocos + tipo + auxina + nivel + tipo:auxina + auxina:nivel +
      tipo:nivel
Model 9: y ~ blocos + tipo + auxina + nivel + tipo:auxina + auxina:nivel +
      tipo:nivel + tipo:auxina:nivel
```

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)
1	179	202.44			
2	170	193.79	9	8.6495	0.470237
3	169	165.65	1	28.1394	1.129e-07 ***
4	167	160.83	2	4.8175	0.089929 .
5	165	152.46	2	8.3751	0.015184 *
6	163	149.03	2	3.4250	0.180414
7	161	138.66	2	10.3706	0.005598 **
8	157	132.65	4	6.0143	0.198079
9	153	127.00	4	5.6453	0.227252

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

**Nota 3.** Compare os resultados acima com a Tabela 33. Com base na tabela acima, justifique que o efeito do nível de citocina (`nivel`) não é significativo, mas os efeitos do tipo de citocina (`tipo`), tipo de auxina (`auxina`) e da interação entre estes dois são significativas a um nível de 5%. Assim, foi selecionado o modelo `mbtauxina2`. Cada termo deste modelo é analisado em seguida testando modelos encaixados.

```
# Tabela ANODEV
anova(mnulo, mblocos, mbtipo, mbtauxina, mbtauxina2, test = "Chi")
```

## Analysis of Deviance Table

```
Model 1: y ~ 1
Model 2: y ~ blocos
Model 3: y ~ blocos + tipo
Model 4: y ~ blocos + tipo + auxina
Model 5: y ~ blocos + tipo + auxina + tipo:auxina
```

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	Pr(>Chi)	
1	179	202.44				
2	170	193.79	9	8.6495	0.4702	
3	169	165.65	1	28.1394	1.129e-07	***
4	167	157.57	2	8.0795	0.0176	*
5	165	147.82	2	9.7530	0.007624	**

---

Signif. codes:

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

Nota 4. Compare os resultados acima com a Tabela 34.

Nota 5. Para o modelo `mbtauxina2`, apresente as estimativas dos coeficientes e interprete-as.

Nota 6. Para o modelo, apresente o gráfico de quantis (QQ) para o resíduo componentes da desviância com envelope simulado.

Nota 7. Obtenha a Tabela 35.

Nota 8. Qual função de ligação foi utilizada para ajustar os modelos? Repita o exemplo utilizando outras funções de ligação e procure identificar diferenças importantes nos resultados.