#########################################################

##IBI5986 – 2023

##DCA: Delineamento Completamente Aleatorizado

##Exemplo apresentado em Aula

##Delineamento com 1 fator em 4 níveis: T1, T2, T3 e T4

#########################################################

dados = read.table('C:/Users/jpsol/OneDrive/Documents/Julia/Bioinformatica/IBI5086-2023/Aula04-310823/ExemploT4.csv', head=T, sep=";", dec=".")

dados

str(dados)

dados$Trat = factor(dados$Trat)

attach(dados)

boxplot(Resp ~Trat, main="Boxplot")

# n=6 réplicas em cada grupo

#mais apropriado construir dotplot

summary(dados[,1:4])

tapply(Resp,Trat,mean)

tapply(Resp,Trat,sd)

am<-tapply(Resp,Trat,mean)

#Grafico com o perfil das médias

plot(am, type="l", main="Perfil de médias")

points(am, pch="x", col=2, cex=1.5)

#Ajuste do Modelo ANOVA-DCA

# Usando o comando aov

mod1 <- aov(Resp ~ Trat, data = dados)

names(mod1)

summary(mod1)

anova(mod1)

model.matrix(mod1)

mod1$coefficients

# Matriz de delineamento com o intercepto (casela de referência)

#interprete os coeficientes do modelo

#interprete descritivamente o valor F

#interprete as somas de quadrados

#QMRes estima qual parâmetro?

#há evidência para efeito significante de trat?

#Quais suposições devem estar satisfeitas?

fit1<-anova(mod1)

round(fit1, digits=2)

dim(fit1)

fit1[1,]

fit1[,2]

model.tables(mod1, "means", se = TRUE)

#interprete os valores QMRes=3.31 e o valor 1.05

names(mod1)

#construindo a coluna de tratamentos

trat<-gl(4,6) ##gl(k,r)=gera 1 fator em em k níveis com r réplicas

trat

newdat<-cbind(dados$Resp,trat)

colnames(newdat)<-c("cla","trat")

newdat

# Diagnóstico - Análise de resíduos

par(mfrow=c(2,2))

plot(mod1)

plot(mod1$fit, mod1$res, xlab="Valores Ajustados", ylab="Resíduos")

title("Resíduos vs Preditos")

qqnorm(mod1$residuals,ylab="Residuos", main=NULL)

qqline(mod1$residuals)

title("Gráfico Normal de Probabilidade dos Resíduos")

# Teste de normalidade de Shapiro-Wilk

# H0: distribuição é normal

# p-valor > 0.05 não rejeita H0

shapiro.test(mod1$residuals)

# Compações Múltiplas

summary(mod1)

model.matrix(mod1) #parametrização casela de referência

mod1$coefficients #interpretar

model.tables(mod1, "means", se = TRUE)

# Tukey HSD bands

# Teste Tukey de comparações múltiplas

fit.tu1 <- TukeyHSD(mod1)

fit.tu1

plot(fit.tu1) # Conclusão?

# Calculando o valor crítico do método de Tukey

qtu <- qtukey(0.95,nmeans=9,df=54-9)

qtu

# Teste de Dunnett

#para comparações múltiplas com um grupo de referência

library(multcomp)

set.seed(12149890)

Dunnet1 <- glht(mod1, linfct=mcp(Trat="Dunnett"))

summary(Dunnet1) #compare com Tukey

plot(Resp~Trat, data=dat)

#testes t bicaudais

pt.12 <-t.test(Resp[Trat=="1"],Resp[Trat=="2"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

pt.13 <-t.test(Resp[Trat=="1"],Resp[Trat=="3"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

pt.14 <-t.test(Resp[Trat=="1"],Resp[Trat=="4"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

pt.23 <-t.test(Resp[Trat=="2"],Resp[Trat=="3"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

pt.24 <-t.test(Resp[Trat=="2"],Resp[Trat=="4"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

pt.34 <-t.test(Resp[Trat=="3"],Resp[Trat=="4"],var.equal=TRUE,data=dat1)$p.value

results <- c(pt.12,pt.13,pt.14,pt.23,pt.24,pt.34)

results.o <- sort(results)

results.o

# Obtendo valores-p ajustados

p.adjust.methods

adjustb <- p.adjust(results.o,method="bonferroni")

cbind(results.o,adjustb) #p.ajustado=p.t \* 6

results.o\*6

adjustfdr <- p.adjust(results.o,method="fdr")

cbind(results.o,adjustfdr)

adjusth <- p.adjust(results.o,method="holm")

cbind(results.o,adjusth)

cbind(results.o,adjustb,adjusth,adjustfdr)

##Teste de Aleatorização para o DCA

library(lmPerm)

anova(lmp(Resp ~ Trat, data = dados))