



Universidade de Brasília  
Departamento de Estatística

# Análise de variância por medidas repetidas: aplicação a dados de infestação de tomateiros

Iago Marçal Costa dos Santos

Orientador: Prof. Dr. Eduardo Monteiro de Castro Gomes

Brasília  
2021



**Iago Marçal Costa dos Santos**

**Análise de variância por medidas repetidas: aplicação a dados de infestação  
de tomateiros**

Orientador:

Prof. Dr. Eduardo Monteiro de Castro Gomes

Relatório apresentado para o Departamento de Estatística, Instituto de Ciências Exatas, Universidade de Brasília, como parte dos requisitos necessários para o grau de Bacharel em Estatística.

**Brasília**

**2021**



# Resumo

A análise de variância por medidas repetidas é uma técnica estatística de grande aplicabilidade que possibilita a verificação do efeito temporal sobre os experimentos. Assim, este trabalho pretende destrinchar essa técnica, expondo suas vantagens, desvantagens e implicações. Para isso, aplicou-se a análise de variância por medidas repetidas a dados de infestação de tomateiros por *Bemisia tabaci* biótipo B, de forma a avaliar se o plantio em associação com um genótipo de tomateiro resistente é capaz de reduzir a incidência dessa praga ao longo de um período de 9 semanas. A partir dos resultados obtidos, verificou-se que, apesar de o genótipo resistente exercer um efeito de não-preferência sobre a *Bemisia tabaci* biótipo B, o plantio em associação não é suficiente para proteger as plantas suscetíveis às pragas e reduzir a incidência de *Bemisia tabaci* biótipo B sobre o cultivo de tomates.

**Palavras-chave:** Análise de variância por medidas repetidas; plantio em associação; *Bemisia tabaci* biótipo B.



# Lista de ilustrações

1	Decomposição da variabilidade da RMANOVA . . . . .	17
2	Composição das parcelas . . . . .	25
3	Croqui do experimento . . . . .	26
4	Histograma da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas .	29
5	Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas . . .	30
6	Evolução semanal da média de moscas brancas capturadas nas armadilhas	30
7	Evolução semanal da média de moscas brancas capturadas nas armadilhas por tratamento . . . . .	31
8	Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas por tratamento . . . . .	32
9	Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas em armadilhas por bloco . . . . .	33
10	Evolução semanal da quantidade de moscas brancas capturadas nas arma- dilhas por bloco . . . . .	35
11	Boxplot dos ranques por tratamento - armadilhas . . . . .	36
12	Boxplot dos ranques por bloco - armadilhas . . . . .	36
13	Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas por armadilha por tratamento . . . . .	38
14	Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas por armadilha por bloco . . . . .	38
15	Histograma da quantidade de moscas brancas encontradas sobre os toma- teiros . . . . .	39
16	Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas sobre os tomateiros	40
17	Evolução semanal do número de moscas brancas encontradas sobre os to- mateiros . . . . .	41
18	Evolução da quantidade média de moscas brancas encontradas por toma- teiro por tratamento . . . . .	41
19	Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento . . . . .	42

20	Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento . . . . .	45
21	Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento . . . . .	48
22	Histograma da quantidade de frutos produzidos por tomateiro . . . . .	49
23	Boxplot da quantidade de frutos produzidos por tomateiro . . . . .	50
24	Boxplot da produção de tomates por tratamento . . . . .	51
25	Boxplot da produção de tomates por bloco . . . . .	51
26	Quantidade média de tomates produzidos por tratamento e bloco . . . . .	52
27	Gráfico QQplot para os resíduos do modelo (5.3.1) e envelope simulado . . . . .	54
28	parâmetros do modelo linear - armadilhas . . . . .	59
29	parâmetros do modelo linear - armadilhas . . . . .	63
30	parâmetros do modelo linear - plantas . . . . .	67
31	parâmetros do modelo linear - plantas (ranques) . . . . .	70



# Lista de tabelas

1	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas presas nas armadilhas	29
2	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas coletadas nas armadilhas por semana . . . . .	31
3	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas presas nas armadilhas por tratamento . . . . .	32
4	Análise de variância entre sujeitos - armadilhas . . . . .	33
5	Teste de Mauchly para esfericidade - armadilhas . . . . .	33
6	Correções para a análise dentro dos sujeitos - armadilhas . . . . .	34
7	Análise de variância dentre os sujeitos - armadilhas . . . . .	34
8	Ranques médios dos tratamentos - armadilhas . . . . .	35
9	Análise de variância entre sujeitos - armadilhas (ranques) . . . . .	36
10	Teste de Mauchly para esfericidade da matriz de covariâncias - armadilhas (ranques) . . . . .	37
11	Correções para a análise dentre sujeitos - armadilhas (ranques) . . . . .	37
12	Análise de variância dentre os sujeitos - armadilhas (ranques) . . . . .	37
13	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nas plantas	39
14	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nas plantas por semana . . . . .	40
15	Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento . . . . .	42
16	Análise de variância entre sujeitos - plantas . . . . .	43
17	Procedimento de Scott-Knott - plantas . . . . .	43
18	Teste de Tukey para comparações múltiplas - plantas (apenas diferenças significativas) . . . . .	44
19	Teste de Mauchly para esfericidade - plantas . . . . .	44
20	Correções nos graus de liberdade para a análise dentre sujeitos - plantas .	44
21	Análise de variância dentre os sujeitos - plantas . . . . .	44
22	Análise de variância entre sujeitos - plantas (ranques) . . . . .	45

23	Procedimento de Scott-Knott - plantas (ranques) . . . . .	46
24	Teste de Tukey para comparações múltiplas - plantas (ranques) . . . . .	46
25	Teste de Mauchly para esfericidade - plantas (ranques) . . . . .	47
26	Análise de variância entre sujeitos - plantas (ranques) . . . . .	47
27	Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro . . .	49
28	Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por tratamento . . . . .	50
29	Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por bloco . . . . .	51
30	Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por bloco e tratamento . . . . .	52
31	Critérios AIC para escolha do melhor modelo linear de Poisson . . . . .	53
32	Modelo linear de Poisson . . . . .	53
33	Resíduos Deviance para diagnóstico do modelo linear de Poisson . . . . .	53

---

## Lista de siglas e abreviações

<b>AIC</b>	Critério de informação de Akaike
<b>ANOVA</b>	Análise de variância
<b>bl.</b>	bloco
<b>C. Mauchly</b>	Critério de Mauchly
<b>FAO</b>	Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura
<b>FV</b>	Fonte de variação
<b>G-G</b>	Greenhouse e Geisser
<b>GL</b>	Graus de liberdade
<b>GLE</b>	Graus de liberdade do erro
<b>H-F-L</b>	Huynh, Feldt e Lecoutre
<b>IC</b>	Intervalo de confiança
<b>QM</b>	Quadrados médios
<b>RMANOVA</b>	Análise de variância por medidas repetidas
<b>SQ</b>	Soma de quadrados
<b>trat.</b>	tratamento

## Sumário

<b>1 Introdução</b> . . . . .	13
<b>2 Revisão Bibliográfica</b> . . . . .	15
2.1 Tomate e controle de pragas . . . . .	15
2.2 <i>Bemisia tabaci</i> . . . . .	16
2.3 Análise de variância por medidas repetidas . . . . .	16
2.3.1 Correções nos graus de liberdade . . . . .	20
2.4 Análise não-paramétrica . . . . .	21
2.5 Regressão de Poisson. . . . .	22
<b>3 Objetivos</b> . . . . .	24
3.1 Objetivo Geral . . . . .	24
3.2 Objetivos específicos . . . . .	24
<b>4 Materiais e métodos</b> . . . . .	25
4.1 Construção do experimento . . . . .	25
<b>5 Resultados</b> . . . . .	29
5.1 Armadilhas . . . . .	29
5.2 Plantas . . . . .	39
5.3 Colheita . . . . .	49
<b>6 Considerações finais</b> . . . . .	55
<b>Referências</b> . . . . .	57

# 1 Introdução

A análise de variância (ANOVA), de forma geral, é um procedimento estatístico que permite a comparação de médias de populações por meio da divisão de variabilidade total do estudo em variância sistemática, inerente ao efeito das variáveis explicativas sobre a variável resposta, e a variância aleatória (GIRDEN, 1992).

Tradicionalmente, a análise de variância é construída a partir da atribuição aleatória de fatores de interesse, chamados de tratamentos, às unidades experimentais, e então, o efeito desses fatores pode ser avaliado (GIRDEN, 1992). Por extensão, em diversas áreas, tais quais Agronomia, Psicologia e Medicina, é comum o interesse na aplicação de vários tratamentos a uma unidade experimental ou sua tendência temporal de resposta.

Nesse contexto, temos a análise de variância por medidas repetidas (RMANOVA). Em delineamentos com medidas repetidas, cada unidade experimental é avaliada sequencialmente sob diferentes condições, por exemplo: em tempos distintos ou perante diversos tratamentos.

Essa derivação da técnica tradicional da análise de variância traz vantagens como a redução da quantidade de unidades experimentais necessárias para a realização do experimento e o aumento na eficiência da análise, devido a uma menor variabilidade produzida por uma única unidade experimental (KUEHL, 2000; GIRDEN, 1992).

Em contrapartida, a RMANOVA requer algumas suposições adicionais, além das já tradicionais normalidade, homogeneidade de variâncias e independência das observações da ANOVA. Para o teste F da RMANOVA ser válido, é necessário que haja simetria composta ou esfericidade, rígidas suposições acerca da estrutura de covariância das medidas repetidas (KUEHL, 2000), que serão discutidas na seção 2.3.

Caso as suposições clássicas não sejam atendidas, é necessário utilizar técnicas não-paramétricas para contornar as violações dos pressupostos da RMANOVA. Em relação a esfericidade, Box e outros pesquisadores (KUEHL, 2000; ABDI, 2010; LECOUTRE, 1991) desenvolveram métodos corretivos para o teste F da RMANOVA, tornando mais difícil a rejeição da hipótese de igualdade dos efeitos dos diferentes tratamentos.

Diante da ampla aplicabilidade da RMANOVA em diversos contextos, surge a necessidade de vasto material de referência sobre essa técnica. Assim, este trabalho trará uma breve discussão e aplicação da técnica de análise de variância por medidas repetidas e teste decorrentes a dados agronômicos relativos a infestação de tomateiros por *Bemisia tabaci* biótipo B, popularmente conhecida como mosca branca.

Neste âmbito, RMANOVA tem propósito de verificar se o plantio em associação de genótipos resistentes com genótipos suscetíveis, técnica alternativa de controle de pragas

(BASTOS et al., 2015), é capaz de reduzir a incidência e o impacto da *Bemisia tabaci* biótipo B no cultivo de tomates.

## 2 Revisão Bibliográfica

### 2.1 Tomate e controle de pragas

O tomate, *Solanum lycopersicum*, fruto originário da América Latina (JENKINS, 1948), é um importante componente da economia brasileira. Segundo os dados da FAO (2019), em 2018, o Brasil foi o 10º maior produtor de tomates do mundo, sendo responsável por 2,5% da produção mundial. Existem registros de cultivos por todo o território nacional, principalmente nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste.

O tomate é composto principalmente por água, em torno de 94%, sendo nos 6% restantes encontram-se açúcares, ácidos orgânicos, compostos inorgânicos, vitaminas e outros elementos (SILVA, 2020). Dentre esses compostos, destaca-se o licopeno, um carotenoide importante na prevenção de doenças crônicas (MORITZ; TRAMONTE, 2006).

O controle de pragas, especialmente da *Bemisia tabaci* biótipo B, é parte importante do processo produtivo do tomate. Atualmente, o controle químico é a prática mais utilizada para o combate desta praga, porém o uso desenfreado de agrotóxicos provoca seleção de indivíduos resistentes e acarreta danos ao meio ambiente e à saúde dos consumidores e produtores (MOURA et al., 2014).

Alternativamente, para uma produção agrícola mais sustentável, adota-se o manejo integrado de pragas, uma filosofia de controle que tem por base o monitoramento das pragas para a tomada de decisão sobre a necessidade de intervenção e que integra os diferentes métodos de controle (controle cultural, biológico, químico e legislativo) (MOURA et al., 2014). Além dessas práticas, também é possível buscar a proteção de cultivos por meio do plantio associado de plantas suscetíveis e resistentes, onde as plantas suscetíveis são menos atacadas devido a proteção exercida pelas plantas resistentes (BASTOS et al., 2015).

Devido à ausência de variedades de tomates comerciais com alto grau de resistência à *B. tabaci*, é necessária a associação com genótipos selvagens, tal como a PI-134417 de *S. habrochaites* (BALDIN; VENDRAMIM; LOURENÇÃO, 2005). Relata-se que esse genótipo possui elevada resistência devido à presença do aleloquímico 2-tridecanona, um composto orgânico que apresenta efeito de não-preferência, além de ser tóxico às pragas (WILLIAMS et al., 1980). Este composto é expelido por meio dos tricomas glandulares da planta, popularmente conhecidos como pelos, interferindo na oviposição, fixação e alimentação da *B. tabaci* (TOSCANO et al., 2002).

## 2.2 *Bemisia tabaci*

A *Bemisia tabaci*, popularmente conhecida como mosca branca, é um inseto da ordem Hemiptera. Esses insetos são de pequeno porte, medindo até 2 milímetros, e voo curto. Sua reprodução é sexuada ou partenogênica e seu ciclo de vida tem três fases: ovo, ninfa e adulto. Nas primeiras fases, o indivíduo fixa-se na face abaxial das folhas e apenas na fase adulta, quando desenvolve dois pares de asas membranosas, é capaz de migrar para outras plantas (HAJI; BLEICHER, 2004).

Os principais prejuízos econômicos causados pela *Bemisia tabaci* são decorrentes da sucção de seiva das plantas, transmissão de fitoviroses, inoculação de toxinas e excreção de substâncias açucaradas que favorecem o surgimento de fungos. É esperado que tomateiros infestados com moscas brancas virulíferas produzam frutos isoporizados e com amadurecimento irregular (MICHEREFF; INOUE-NAGATA, 2015; HAJI; BLEICHER, 2004).

O controle químico é a principal técnica de combate a *Bemisia tabaci*, porém, a utilização de medidas de controle em conjunto, tais como controle biológico, legislativo e cultural podem ser adotadas para um cultivo mais sustentável (HAJI; BLEICHER, 2004).

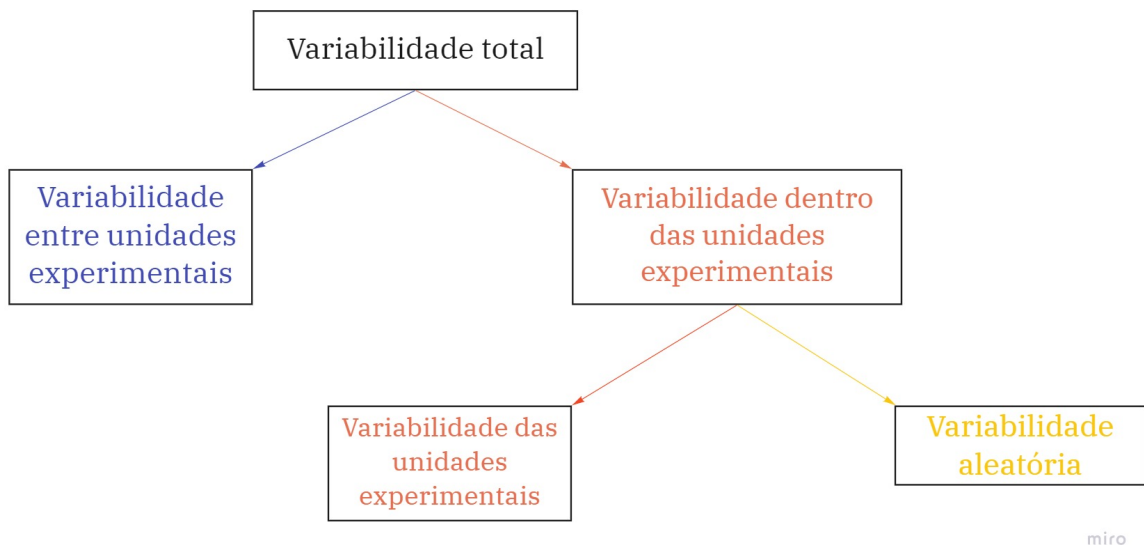
## 2.3 Análise de variância por medidas repetidas

A análise de variância por medidas repetidas é uma técnica paramétrica de comparação de médias em que as unidades experimentais são avaliadas periodicamente, fornecendo informações sobre tendências temporais do experimento, tais quais quanto tempo um tratamento leva para fazer efeito ou quanto tempo esse efeito dura. A repetida avaliação sobre uma mesma unidade experimental é mais eficiente para comparar a ação do tempo sobre os tratamentos, já que as medidas obtidas sob uma única unidade são menos variáveis do que as obtidas com várias unidades experimentais. (KUEHL, 2000; GIRDEN, 1992)

Nesse contexto, temos que a RMANOVA investiga os dados sob dois aspectos: entre unidades experimentais e dentro das unidades experimentais. A análise entre unidades experimentais, também chamadas de sujeitos, trata sobre a variabilidade produzida pelo efeito da estrutura de tratamentos e blocos, chamados de condições do experimento. Já a análise dentro das unidades experimentais é focada na variabilidade produzida pelas medidas repetidas, ou seja, proveniente das avaliações periódicas. Além disso, podemos separar a variabilidade dentro das unidades experimentais em variabilidade inerente às unidades experimentais e variabilidade aleatória.



Figura 1: Decomposição da variabilidade da RMANOVA



miro

Fonte: Laerd Statistics, 2018. Tradução própria.

Disponível em:

<https://statistics.laerd.com/statistical-guides/repeated-measures-anova-statistical-guide.php>

Como existem dois níveis de mensuração das unidades experimentais, a variabilidade aleatória é expressa por meio de dois erros diferentes e duas somas de quadrados, uma para análise entre sujeitos e outra para a análise dentro dos sujeitos (KUEHL, 2000).

A RMANOVA requer que quatro suposições sobre a população sejam atendidas para garantir que o teste  $F$  e o modelo atrelado são adequados aos dados, sendo elas: normalidade dos erros, homogeneidade de variâncias entre os grupos estudados (homoscedasticidade), independência das observações e simetria composta da matriz de covariâncias das medidas repetidas (KUEHL, 2000).

A condição de simetria composta é definida como a situação onde as medidas repetidas possuem a mesma variância e covariância, resultando na seguinte matriz de covariâncias:

$$\Sigma_{m \times m} = \begin{matrix} & \begin{matrix} Y_1 & Y_2 & \dots & Y_m \end{matrix} \\ \begin{matrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \vdots \\ Y_m \end{matrix} & \begin{bmatrix} \sigma^2 & \rho\sigma^2 & \dots & \rho\sigma^2 \\ \rho\sigma^2 & \sigma^2 & \dots & \rho\sigma^2 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \rho\sigma^2 & \rho\sigma^2 & \dots & \sigma^2 \end{bmatrix} \end{matrix}, \quad (2.3.1)$$

em que

- $m$  é o número de medidas repetidas,
- $\sigma^2$  é a variância das medidas repetidas,
- $\rho$  é a correlação entre as medidas repetidas.

É infactível assumir que essa rigorosa suposição seja cumprida pelos dados, visto que, intuitivamente, pares de observações de uma mesma unidade experimental pegos em tempos adjacentes tendem a ter uma maior correlação que observações medidas em uma distância temporal maior (KUEHL, 2000).

Por consequência, Huynh e Feldt demonstraram que a condição necessária para a RMANOVA é menos severa do que a simetria composta (KUEHL, 2000). Assim, para que o teste  $F$  da RMANOVA seja válido, é necessário que a variância da diferença de todos os pares de medidas repetidas da matriz de covariâncias seja igual. Essa característica é denominada esfericidade e pode ser definida matematicamente como:

$$\sigma_{(y_i - y_j)}^2 = 2\lambda, \quad (2.3.2)$$

em que

- $\lambda$  é uma constante qualquer maior que 0.

Uma matriz de covariâncias que atenda a essa condição é conhecida como matriz do tipo H (HUYHN; FELDT, 1970), que também pode ser definida pela equação abaixo:

$$\Sigma_{n \times n} = A_{n \times n} + A'_{n \times n} + \lambda I_{n \times n}, \quad (2.3.3)$$

em que

- $A_{n \times n}$  é uma matriz quadrada qualquer,
- $I_{n \times n}$  é a matriz identidade de ordem  $n$ .

Como demonstrado em Huyhn e Feldt (1970), ao multiplicar  $\Sigma$  por uma matriz de contrastes ortogonais normalizados  $C$ , na forma  $C\Sigma C'$ , temos que

$$AC' = CA' = 0. \quad (2.3.4)$$

Portanto, baseado em (2.3.4), em caso de esfericidade,

$$C\Sigma C' = \lambda I. \quad (2.3.5)$$

Destaca-se que uma matriz  $\lambda I$  é uma matriz esférica que cumpre a suposição rígida de simetria composta.

Assim, utilizando a matriz de covariâncias estimada  $S$  e uma matriz de contrastes ortogonais  $C$ , a hipótese de que a matriz de covariâncias populacional é uma matriz  $H$  esférica pode ser avaliada pelo teste de Mauchly (KUEHL, 2000). Matematicamente, podemos escrever a hipótese nula deste teste como (2.3.6) e a estatística do teste é dada por (2.3.7).

$$H_0 : C\Sigma C' = \lambda I \quad (2.3.6)$$

$$\chi^2 = -\gamma \times \ln(W). \quad (2.3.7)$$

Em (2.3.7),  $W$  é chamado de critério de Mauchly e é calculado como (2.3.8). Já  $\gamma$  é uma constante baseada na quantidade de graus de liberdade do erro da análise entre sujeitos, como é possível observar em (2.3.9).

$$W = \frac{(m-1)^{m-1} \times \det(CSC')}{tr(CSC')^{m-1}}. \quad (2.3.8)$$

$$\gamma = GLE - \frac{2m^2 - 3m + 3}{6(m-1)}. \quad (2.3.9)$$

Em que:

- $m$  é a quantidade de medidas repetidas,
- $CSC'$  é a matriz de covariâncias estimadas,
- $GLE$  é o número de graus de liberdade do erro da análise entre sujeitos,
- $tr(.)$  é função matricial traço e,
- $\det(.)$  é a função matricial determinante.

A estatística do teste de Mauchly tem distribuição  $\chi^2$  com  $\frac{m(m-1)}{2} - 1$  graus de liberdade sob a hipótese nula (KUEHL, 2000).

Ressalta-se que toda análise de variância está atrelada a um modelo linear que relaciona a variável resposta  $y$  às variáveis explicativas  $x_1, x_2, \dots, x_p$  por meio de um conjunto de parâmetros  $\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p$  na forma

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_p X_p. \quad (2.3.10)$$

Para um experimento com medidas repetidas, Kuehl (2000) indica que o modelo linear tem a mesma forma de um experimento em parcelas subdivididas. Portanto, o modelo atrelado as RMANOVAs pode ser escrito como:

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \epsilon_{ik} + m_k + (\tau m)_{ik} + (\beta m)_{jk} + \varepsilon_{ijk}, \quad (2.3.11)$$

$$i = 1, 2, 3, \dots, t \quad j = 1, 2, 3, \dots, m \quad k = 1, 2, 3, \dots, r$$

em que:

- $\tau_i$  é o efeito dos  $t$  tratamentos,
- $\beta_j$  é o efeito dos  $j$  blocos,
- $\epsilon_{ij}$  é o erro da análise entre sujeitos,
- $m_k$  é o efeito das  $m$  medidas repetidas,
- $(\tau m)_{ik}$  é a interação entre os  $t$  tratamentos e as  $m$  medidas repetidas,
- $(\beta m)_{jk}$  é a interação entre os  $j$  blocos e as  $m$  medidas repetidas e,
- $\varepsilon_{ijk}$  é o erro da análise dentre sujeitos.

### 2.3.1 Correções nos graus de liberdade

Um índice  $\varepsilon$  sugerido por Box (ABDI, 2010) é capaz de medir o nível de esfericidade de uma matriz de covariâncias estimada. Essa medida varia de 0 a 1, sendo o valor máximo um indicativo de que os dados são perfeitamente esféricos. Quando existem indícios de que a hipótese de esfericidade não está sendo atendida, os graus de liberdade do teste  $F$  dentre as unidades experimentais da RMANOVA são corrigidos multiplicando-os pelo índice  $\varepsilon$ . Portanto, com as correções nos graus de liberdade, a estatística do teste  $F$  da Análise de variância por medidas repetidas terá distribuição, sob a hipótese nula,

$$F \sim F(\varepsilon\nu_1; \varepsilon\nu_2). \quad (2.3.12)$$

Em que:

- $\nu_1$  e  $\nu_2$  indicam os graus de liberdade da distribuição de probabilidade  $F$  de Snedecor.

Baseando-se nessa abordagem, Greenhouse e Geisser (ABDI, 2010) desenvolveram medidas de correção que utilizam os valores da diagonal principal da matriz de covariâncias

estimada. Assim, a correção de Greenhouse-Geisser é definida por

$$\hat{\varepsilon}_{gg} = \frac{\left( \sum_{i=1}^{m-1} a_{ii} \right)^2}{(m-1) \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=1}^{m-1} a_{ij}^2}, \quad (2.3.13)$$

em que:

- $a_{ij}$  é o valor da  $i$ -ésima linha da  $j$ -ésima coluna da matriz de variâncias e covariâncias estimada.

Huyhn e Feldt (1976) demonstraram que a correção de Greenhouse e Geisser é muito conservadora. Assim, solução proposta é a correção de Huyhn e Feldt, posteriormente modificada por Lecoutre (1991) para incluir delineamentos com fatores entre sujeitos, baseada na correção anterior:

$$\hat{\varepsilon}_{hfl} = \frac{(GLE + 1) \times (m - 1) \hat{\varepsilon}_{gg} - 2}{(m - 1) \times (GLE - (m - 1) \hat{\varepsilon}_{gg})}. \quad (2.3.14)$$

em que:

- $GLE$  é o número de graus de liberdade do erro da análise entre sujeitos,

## 2.4 Análise não-paramétrica

Em dados reais, frequentemente, as suposições de normalidade, homogeneidade de variâncias e independência das observações não são atendidas. Nesse caso, é necessário transformar os dados por meio de funções ou utilizar técnicas não-paramétricas. Uma técnica não-paramétrica é um procedimento que não assume uma distribuição para os dados, geralmente baseando-se nos ranques dos valores das observações (CONOVER; IMAN, 1981).

Assim, a literatura indica que o teste de Friedman é o correspondente não paramétrico do teste  $F$  da análise de variância por medidas repetidas. Esse teste consiste no ranqueamento dos valores dentro de cada medida repetida e o cálculo de uma estatística do teste derivada desses ranques (SHELDON; FILLYAW; THOMPSON, 1996).

Por outro lado, Zimmerman e Zumbo (1993) evidenciam as deficiências do teste de Friedman, apontando que sua eficiência relativa assintótica é pequena comparada com o teste  $F$  da análise de variância por medidas repetidas. A eficiência relativa assintótica é uma medida que avalia quantas observações são necessárias para que dois testes tenham o mesmo poder. Portanto, o teste de Friedman é menos poderoso que o teste  $F$  dado um

número fixo de observações.

A solução sugerida para contornar a falta de poder do teste de Friedman é uma técnica semi-paramétrica, onde substitui-se os valores das observações por ranques dentro de cada medida repetida e aplica-se o teste  $F$  da RMANOVA. Ou seja, o cálculo da soma de quadrados e quadrados médios ocorre normalmente, sendo a única diferença os ranques variando de 1 a ao número de medidas repetidas multiplicado pelo número de unidades experimentais substituindo os valores originais do experimento (ZIMMERMAN; ZUMBO, 1993).

## 2.5 Regressão de Poisson

Modelos lineares generalizados são uma classe de modelos mais abrangente que a regressão linear. De forma geral, a ideia dessa técnica é transformar a esperança condicional da variável resposta dado as variáveis explicativas em um valor contínuo que seja modelável por um preditor linear (GARCÍA-PORTUGUÉS, 2021):

$$g[E(Y|X_i = x_i)] = \eta = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \dots + \beta_p X_p, \quad i = 1, 2, 3, \dots, p. \quad (2.5.1)$$

Para construir um modelo linear generalizado, é necessário assumir uma distribuição da família exponencial para a variável resposta e escolher uma função de ligação, denotada por  $g(\cdot)$  em (2.5.1), que liga o preditor linear a média e gera a esperança condicional transformada,  $\eta$ .

As distribuições da família exponencial são distribuições que podem ter suas funções de densidade de probabilidade escritas como (GARCÍA-PORTUGUÉS, 2021; DOBSON; BARNETT, 2002):

$$f_Y(y; \theta; \phi) = \exp \left[ \frac{y\theta - b(\theta)}{a(\phi)} + c(y, \phi) \right], \quad (2.5.2)$$

Em que:

- $\theta$  é o parâmetro de locação da distribuição,
- $\phi$  é o parâmetro de escala da distribuição e,
- $a(\cdot)$ ,  $b(\cdot)$  e  $c(\cdot)$  são funções reais conhecidas.

Pertencem a família exponencial as distribuições de Poisson, Normal, Gama, Exponencial, Binomial etc. Para cada uma dessas distribuições, existe uma função de ligação,

denominada canônica, que transforma o termo  $b(\theta)$  da fórmula (3.4.2) no parâmetro de locação  $\theta$ , na forma

$$g\left(\frac{\partial}{\partial\theta}b(\theta)\right) = \theta. \quad (2.5.3)$$

Para modelar dados de contagem, temos a regressão de Poisson, uma série de modelos lineares generalizados cuja variável resposta tem distribuição de Poisson. Para esses modelos, a função de ligação canônica é a função de logaritmo natural (GARCÍA-PORTUGUÉS, 2021), mas também é possível utilizar a função identidade ou a função raiz quadrada. Para a função de distribuição de Poisson, a função  $b(\theta)$  corresponde ao termo  $\ln(\theta)$  e a função  $a(\theta)$  é igual a 1 (DOBSON; BARNETT, 2002).

## 3 Objetivos

### 3.1 Objetivo Geral

Avaliar o impacto do genótipo selvagem, PI-134417, ao cultivá-lo utilizando a técnica de plantio em associação com os genótipos comerciais Tospodoro e Tyão por meio da RMANOVA, modelos lineares e testes adjacentes.

### 3.2 Objetivos específicos

- Verificar se a presença de um genótipo resistente é fator determinante para a redução da incidência de *Bemisia tabaci* biótipo B no cultivo do tomate;
- Avaliar e modelar o efeito da presença do genótipo selvagem na produção dos genótipos comerciais;
- Comparar resultados obtidos utilizando técnicas paramétricas e não paramétricas.



## 4 Materiais e métodos

O conjunto de dados a ser utilizado neste trabalho é resultado de um experimento conduzido em casas de vegetação na Fazenda Água Limpa entre dezembro de 2018 e fevereiro de 2019.

### 4.1 Construção do experimento

Os genótipos alvo do experimento são Tospodoro, Tyão e PI-134437, dois comerciais e um selvagem, respectivamente. Esses genótipos foram plantados individualmente e em associação, compondo 5 tratamentos, listados a seguir:

- I. Tospodoro;
- II. Tyão;
- III. PI-134417;
- IV. Tospodoro e PI-134417;
- V. Tyão e PI-134417.

Cada parcela do experimento foi organizada de forma a conter 25 tomateiros, dispostos em um quadrado 5x5. Em tratamentos compostos por dois genótipos, foram usados 16 tomateiros PI-134417 de modo a circundar as 9 plantas dos genótipos comerciais, mantendo-se 15 centímetros de distância entre as unidades experimentais, de acordo com o seguinte esquema, onde S representa a genótipo selvagem e C representa os genótipos comerciais:

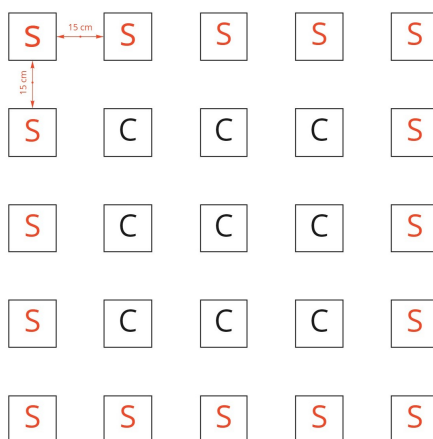


Figura 2: Composição das parcelas

Fonte: própria, 2021

Essa estrutura foi reproduzida 3 vezes para cada tratamento e disposta em um delineamento ao acaso com 3 blocos, resultando em 45 parcelas. Manteve-se uma distância de 50 centímetros entre cada unidade experimental e entre os blocos, 60 centímetros.

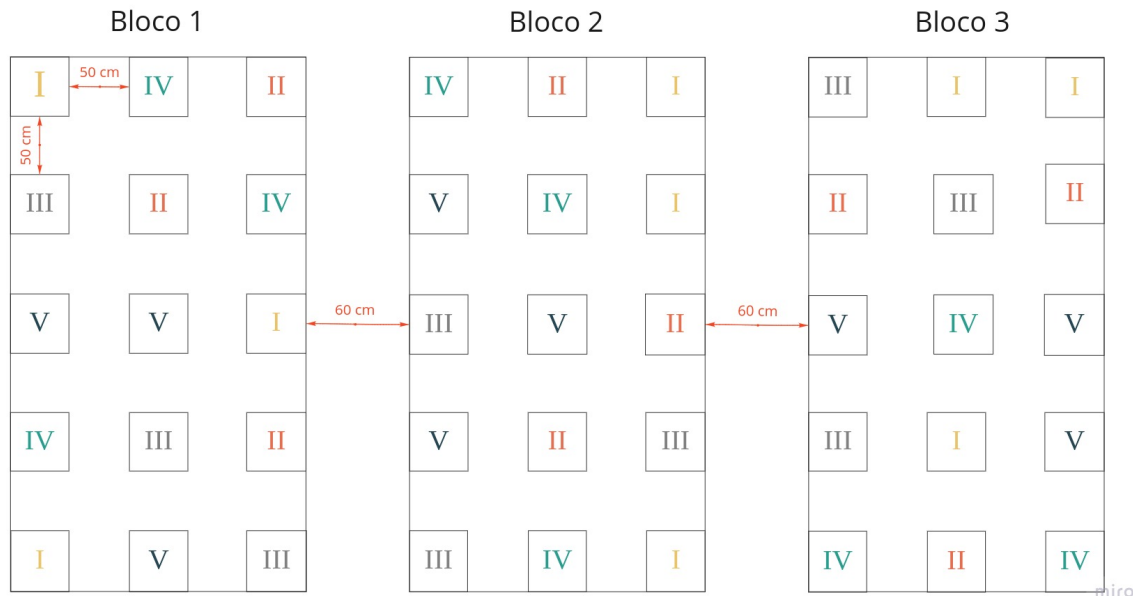


Figura 3: Croqui do experimento

Fonte: própria, 2021

Decorridos 14 dias do transplante das mudas de tomateiro para os vasos nas casas de vegetação, houve a liberação de 3000 indivíduos de *B. tabaci* biotipo B virulíferas, infectadas com o Tomato Severe Rugose Virus (ToSRV), um dos vírus de grande prevalência nos cultivos de tomate do Brasil (MICHEREFF; INOUE-NAGATA, 2015). Aos 21 dias após o transplante, houve uma nova infestação com 2000 indivíduos de *B. tabaci* biotipo B, totalizando 5000 vetores do ToSRV.

Buscando analisar o impacto da introdução de um genótipo resistente às pragas sob diferentes aspectos, o estudo foi dividido em três partes: armadilhas, plantas e colheita. Cada uma dessas partes é responsável por expor as propriedades e deficiências da técnica de plantio em associação no controle de pragas.

A primeira parte, armadilhas, estuda o efeito de não-preferência exercido pelo genótipo selvagem por meio da dispersão aérea das pragas de voo curto. Para este fim, foram instaladas, em cada uma das parcelas, armadilhas constituídas por painéis amarelos, revestidas de uma cola especial, que permite a fixação e quantificação dos insetos.

Cada painel foi suspenso de forma a coincidir com altura da planta, e assim, permitir a contagem de pragas de voo curto dispersas ao redor dela. Esses painéis foram recolhidos semanalmente, por um período de 9 semanas, de dezembro de 2018 a fevereiro de 2019, e enviados para a quantificação de indivíduos adultos de *B. tabaci* biotipo B.

Considerando os 5 tratamentos, descritos anteriormente, foram avaliadas ao todo 135 armadilhas.

Em seguida, em plantas, temos novamente a avaliação da influência do genótipo selvagem sobre a incidência de *Bemisia tabaci* biótipo B. Dessa vez, houve a quantificação do número de adultos e ninfas de *B. tabaci* biótipo B encontrados sobre as plantas em um período de 7 semanas.

Nessa parte do experimento, foram sorteadas 5 plantas de cada parcela para compor as unidades experimentais dos tratamentos, avaliadas semanalmente. Em tratamentos com plantio associado, foram selecionadas 5 plantas de cada genótipo, resultando nos 7 tratamentos descritos abaixo, onde o nome em negrito indica os tomateiros do genótipo selecionado:

- I. **Tospodoro**;
- II. **Tyão**;
- III. **PI-134417**;
- IV. **Tospodoro** e PI-134417;
- V. **Tyão** e PI-134417;
- VI. **PI-134417** e Tospodoro;
- VII. **PI-134417** e Tyão;

Ao todo, foram feitas 735 contagens sobre as plantas.

Ressalta-se que os tomateiros avaliados nos tratamentos IV e VI pertencem a mesma parcela, porém, no tratamento IV avaliou-se o genótipo comercial Tospodoro e no tratamento VI o genótipo selvagem. O mesmo ocorre com os tratamentos V e VII.

Dado que o objetivo do estudo é averiguar se o plantio associado é capaz de reduzir a incidência de *B. tabaci* Biótipo B nos tomateiros, o foco será a análise entre sujeitos. Assim, quando o efeito dos tratamentos na análise de variância entre sujeitos for significativo será aplicado o procedimento de Scott-Knott para agrupamento dos tratamentos (SCOTT; KNOTT, 1974) e o teste de Tukey para comparações múltiplas (KUEHL, 2000).

Por último, em colheita, foi avaliado se a intervenção no cultivo dos genótipos comerciais afetou a produção dos tomateiros em meio a uma infestação de *Bemisia tabaci* Biótipo B, contaminadas com o vírus *ToSRV*. Foram contabilizados frutos normais, isoporizados, com deficiências e outros problemas produzidos pelos mesmos tomateiros analisados anteriormente.

A quantidade de frutos foi modelada por uma regressão de Poisson com todos os efeitos e suas interações. O melhor modelo foi escolhido pelo critério AIC. Também foi feita uma análise de diagnóstico, para verificar se o modelo se ajusta bem aos dados.

Nesta parte do experimento, o tratamento PI-134417, composto apenas por tomateiros selvagens, foi ignorado, tendo em vista que esse genótipo não produz fruto com interesse comercial. Assim, foram contados os frutos dos 60 tomateiros analisados anteriormente, provenientes dos tratamentos Tospodoro, Tyão, **Tospodoro** + PI-134417 e **Tyão** + PI-134417.

Todas as análises foram feitas com um nível de significância de 5% na linguagem R software RStudio versão 4.0.0 e SAS University Edition. Os efeitos foram considerados como aditivos.

## 5 Resultados

### 5.1 Armadilhas

Ao todo, foram coletados 199.543 indivíduos adultos de *Bemisia tabaci* biótipo B nas 135 armadilhas analisadas. Em média, são 1478,1 por armadilha, como apresentado pela tabela 1:

Tabela 1: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas presas nas armadilhas

Média	Mediana	Variância	Total	Máximo	Mínimo
1478,1	717	2365444	199543	6250	74

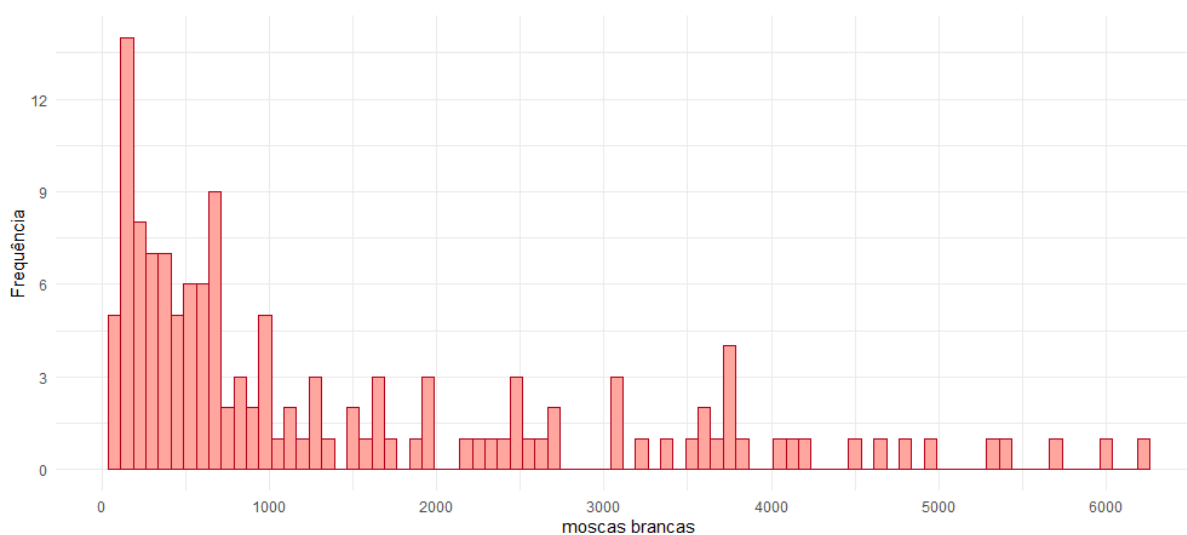


Figura 4: Histograma da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas

Fonte: própria, 2021

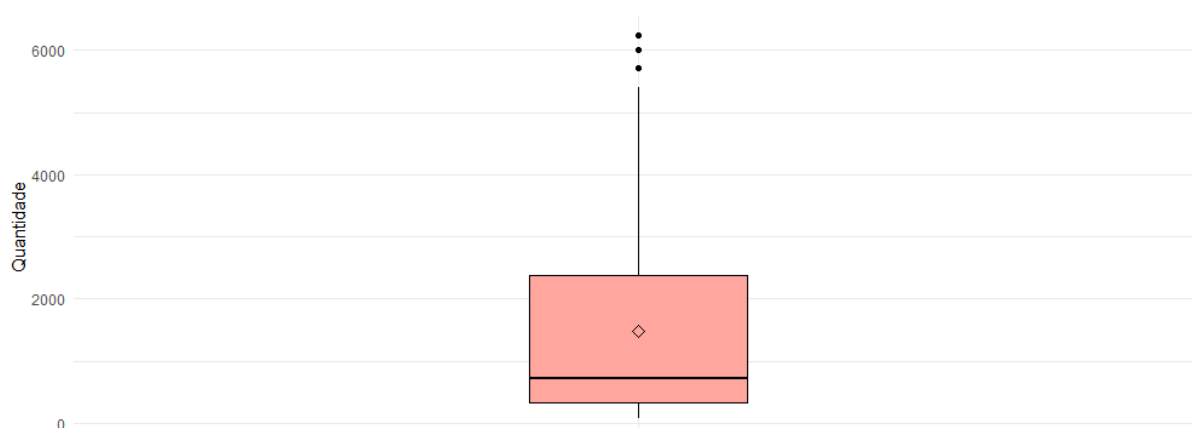


Figura 5: Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas

Fonte: própria, 2021

Podemos observar, pelas figuras 4 e 5 e pela diferença entre média e mediana, que a distribuição das moscas brancas presas em armadilhas é assimétrica à esquerda. No Boxplot, nota-se que a variância dos registros é muito alta e existem 3 pontos discrepantes, que elevam a média geral dos dados.

Acompanhando a evolução dos dados por semana de avaliação, observa-se que a média do número de *B. tabaci* biótipo B coletadas nos painéis adesivos cresceu lentamente até que houve um grande aumento na semana 5. Em seguida, nas semanas 6 e 7 houveram pequenas variações, e por fim, um novo crescimento na semana 8 e queda na última avaliação.

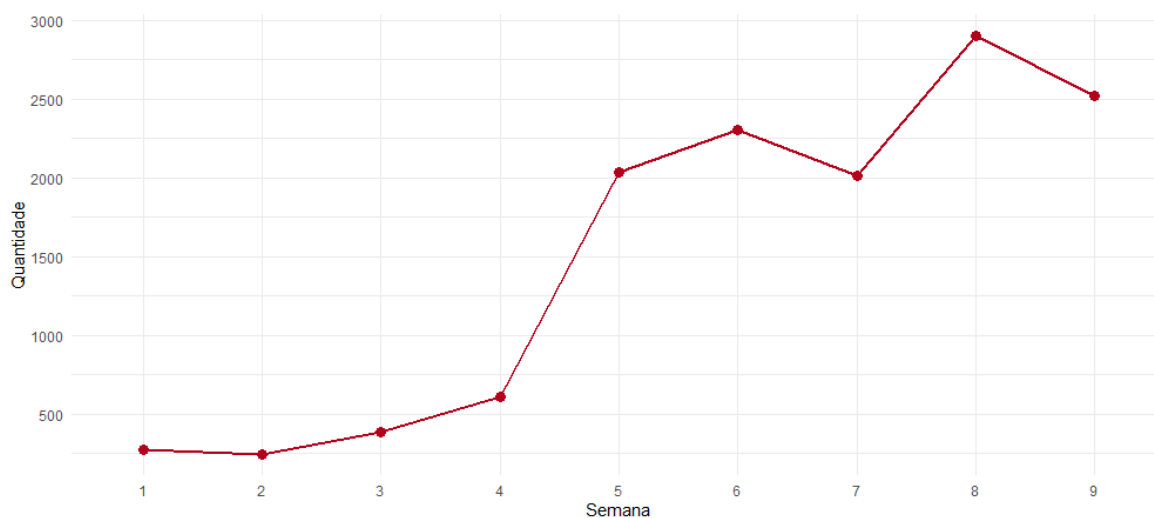


Figura 6: Evolução semanal da média de moscas brancas capturadas nas armadilhas

Fonte: própria, 2021

Além disso, a variância semanal, Tabela 2, também cresce com o passar do tempo. Na primeira semana, a variância ficou em torno de 18371 insetos ao quadrado e na última semana, ultrapassou 1856515 indivíduos ao quadrado.

Tabela 2: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas coletadas nas armadilhas por semana

Semana	Média	Mediana	Variância	Total
1	276,53	271	18372	4148
2	243,8	172	30139	3657
3	385,46	275	104831	5782
4	608,13	635	67093	9122
5	2038,4	1523	2270618	30576
6	2309	1892	3204666	34635
7	2011,4	1466	1859215	30171
8	2905,47	3064	3230144	43582
9	2524,67	2287	1856524	37870

A maior diferença entre a armadilha com mais pragas capturadas e a com menos pragas foi registrada na 6ª semana, onde houve o maior número de indivíduos em uma única armadilha, 6250. A amplitude nesta semana foi de 6056. Vale ressaltar que a variância na semana 6 é a segunda maior registrada no estudo, em torno de 3230143 indivíduos ao quadrado.

Na Figura 7, é apresentada a distribuição das quantidades discriminadas por tratamentos. Podemos observar que o tratamento PI-134417 registra a menor incidência de *B. tabaci* biótipo B em 6 das 9 semanas.

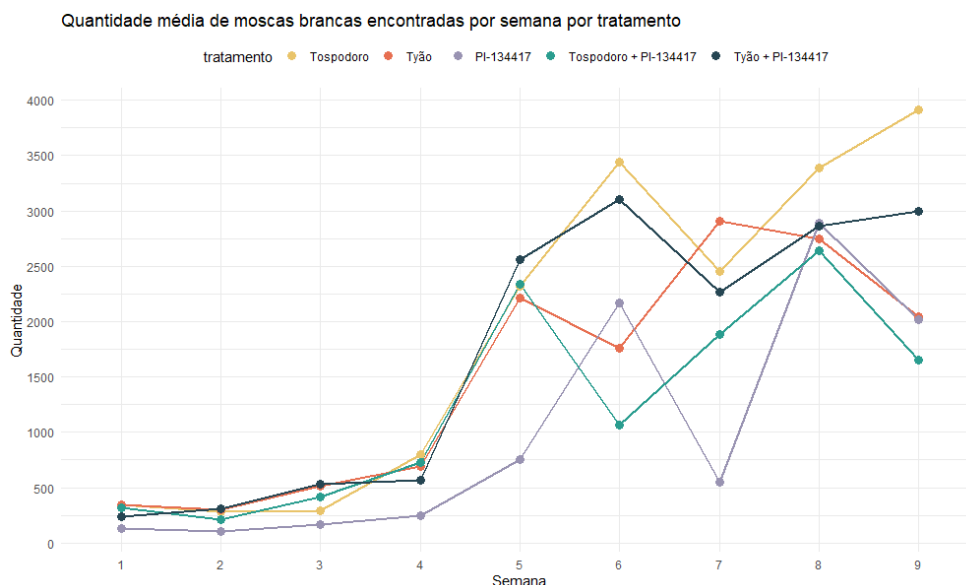


Figura 7: Evolução semanal da média de moscas brancas capturadas nas armadilhas por tratamento

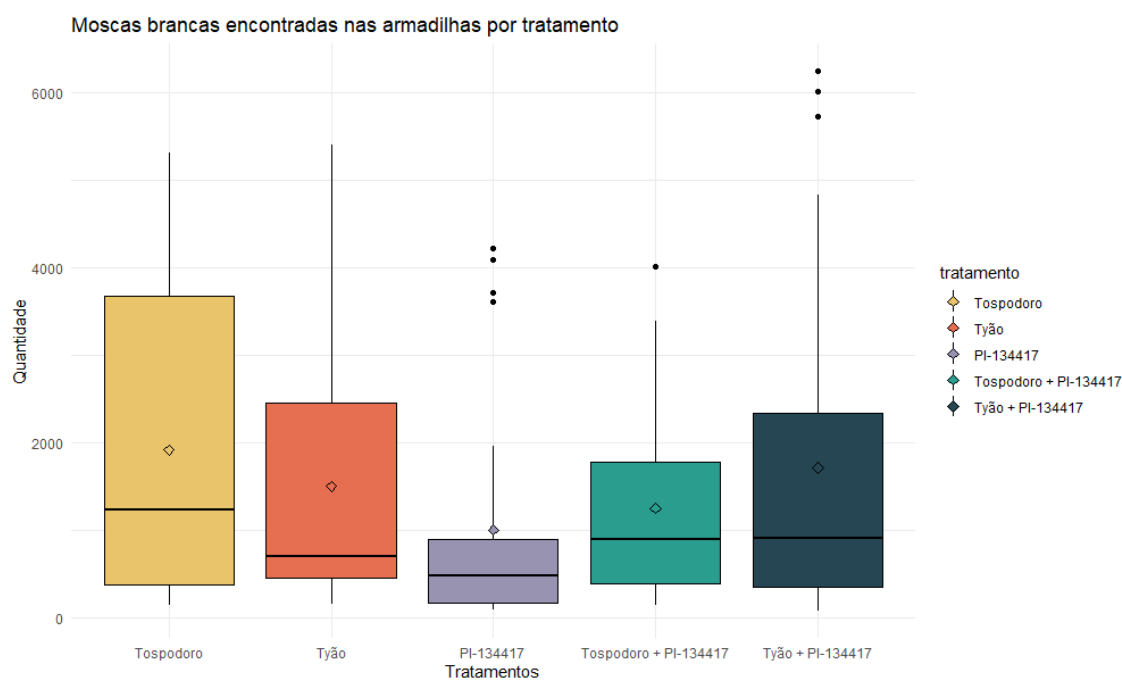


Figura 8: Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas por tratamento

Fonte: própria, 2021

Tabela 3: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas presas nas armadilhas por tratamento

Tratamento	Média	Mediana	Variância	Total
Tospodoro	1916,74	1232	2990613	51752
Tyão	1501,85	694	1915878	40550
PI-134417	1004,96	479	1738067	27134
Tospodoro + PI-134417	1252,18	891	1264612	33809
Tyão + PI-134417	1714,74	911	3741931	46298

Os resultados relativos à média semanal (Figura 7) e totalizados para as semanas de avaliação por tratamentos (Tabela 3 e Figura 8) permitem concluir que enquanto o genótipo selvagem (tratamento PI-134417) é naturalmente mais repelente à *B. tabaci* biótipo B, os tomateiros comerciais (tratamento Tospodoro e Tyão) não possuem defesas contra esses insetos.

No cultivo em associação, o genótipo Tospodoro (tratamento Tospodoro + PI-134417) apresenta uma redução na quantidade de *B. tabaci* biótipo B, porém, o genótipo Tyão (tratamento Tyão + PI-134417) registra um aumento em relação a seu cultivo isolado (Tratamento Tyão).

Partindo para a análise de variância entre sujeitos, que consiste em verificar diferenças nas condições do experimento, tais como tratamentos e blocos, temos:



Tabela 4: Análise de variância entre sujeitos - armadilhas

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor
Tratamento	4	14144351	3536088	1,00	0,4609
Bloco	2	11941969	5970985	1,69	0,2445
Erro	8	282897081	3536213		

Da Tabela 4, retira-se que, a um *p-valor* de 0,46, não existem evidências suficientes para rejeitar a hipótese nula de igualdade entre os tratamentos. Portanto, desconsiderando as medidas repetidas, não é possível afirmar que a inserção do genótipo selvagem foi capaz de reduzir a incidência de *B. tabaci* biótipo B nas armadilhas situadas na altura das tomateiros. O mesmo ocorre com os blocos, como podemos ver pelo *p-valor* de 0,24 e pela Figura 9.

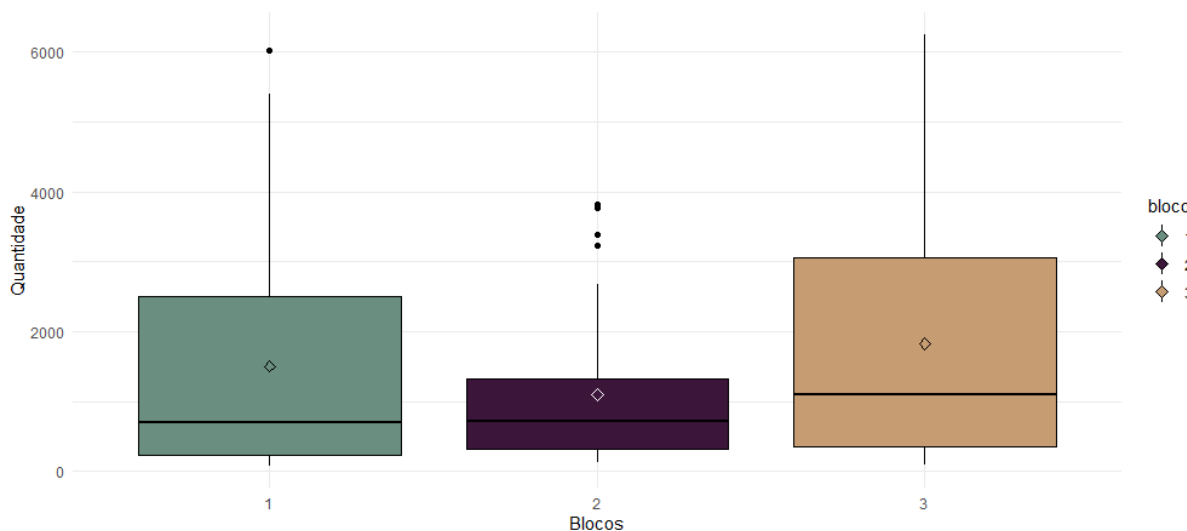


Figura 9: Boxplot da quantidade de moscas brancas capturadas em armadilhas por bloco

Fonte: própria, 2021

A análise de variância por medidas repetidas não atende o pressuposto de esfericidade necessário para validar o teste F dentro as unidades experimentais, como podemos ver pelo teste de Mauchly, apresentado abaixo:

Tabela 5: Teste de Mauchly para esfericidade - armadilhas

Contrastes	GL	C. Mauchly	$\chi^2$	P-valor
Ortogonais	35	$8,8 \times 10^{-11}$	118,64607	<,0001*

Pela Tabela 5, rejeitamos a hipótese nula de que a matriz de covariâncias das

medidas repetidas é esférica, a um *p-valor* menor que 0,001. Portanto, é necessário utilizar correções nos graus de liberdade para validar o teste F da análise entre sujeitos. As correções de Greenhouse-Geisser e Huynh-Feldt-Lecoutre encontram-se na Tabela 6:

Tabela 6: Correções para a análise dentro dos sujeitos - armadilhas

Correção	Valor
Greenhouse-Geisser Epsilon	0,2778
Huynh-Feldt-Lecoutre Epsilon	0,3894

Assim, aplicando-se as correções nos graus de liberdade de acordo com a Tabela 6, a análise de variância dentro dos sujeitos se dá por:

Tabela 7: Análise de variância dentre os sujeitos - armadilhas

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor	P-valor corrigido	
						G-G	H-F-L
Semana	8	140090486	17511311	20,4	<,0001*	<,0001*	<,0001*
Semana×trat.	32	25450002	795313	0,92	0,5867	0,5264	0,5405
Semana×bl.	16	42111529	2631971	3,06	0,0008*	0,0402*	0,0210*
Erro(sem.ana)	64	55044915	860077				

Pelos *p-valores* indicados na Tabela 7, utilizando ambas correções, existem indícios suficientes para rejeitar a hipótese nula de igualdade entre as semanas, como também é evidenciado pela Figura 6. É evidente que nas semanas finais do estudo, a quantidade de *B. tabaci* biótipo B é significativamente maior do que nas semanas iniciais do estudo.

Em relação a interação entre semanas e tratamentos, para todas as correções, não é possível rejeitar a hipótese de igualdade com um *p-valor* em torno de 0,55. Pela Figura 7, nota-se que o crescimento da quantidade de pragas capturadas nas armadilhas se dá de forma parecida em todos os tratamentos. Nas semanas finais do estudo, as diferenças entre as interações aumentam, porém não existe uma tendência significativa a ponto de rejeitar a hipótese nula de igualdade de interações. O mesmo não ocorre em relação aos blocos, onde o comportamento de pelo menos um bloco difere dos demais, de acordo com a Figura 10:

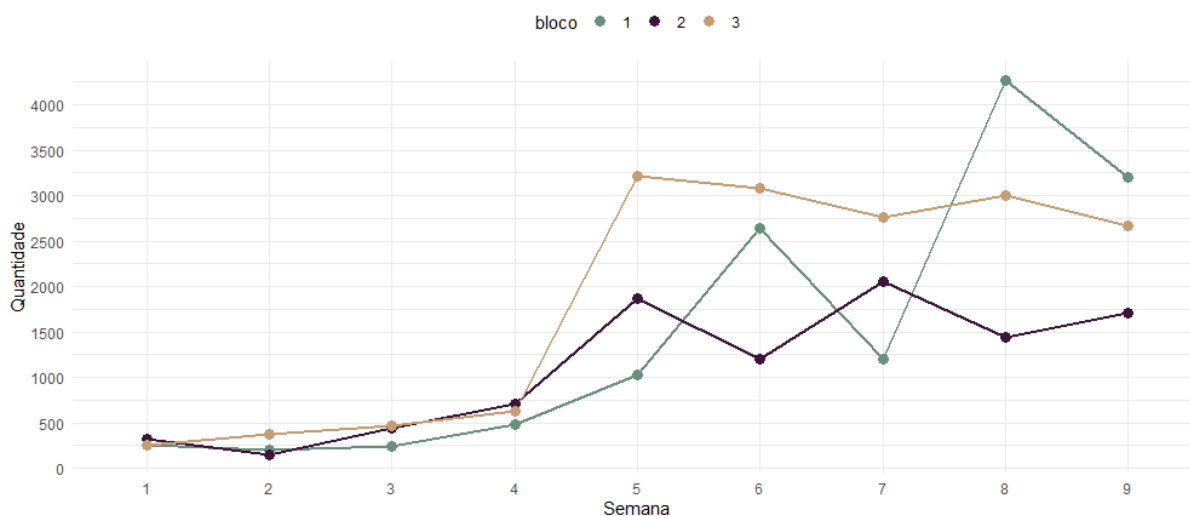


Figura 10: Evolução semanal da quantidade de moscas brancas capturadas nas armadilhas por bloco

Fonte: própria, 2021

Além do pressuposto de esfericidade da matriz de covariâncias não ser atendido, a análise de variância anterior não atende aos pressupostos de normalidade, a um  $p$ -valor menor que 0,001 pelo teste de Shapiro Wilk. Portanto, é necessário utilizar a técnica semi-paramétrica indicada por Zimmerman e Zumbo (1993). Assim, ranqueou-se, dentro de cada medida repetida (Tabela 8), os valores obtidos pelas 15 armadilhas e refez-se a análise de variância (Tabela 9).

Tabela 8: Ranques médios dos tratamentos - armadilhas

Tratamento	Ranque médio	Variância
Tospodoro	10,26	11,12
Tyão	9,33	15,92
PI-134417	4,26	11,81
Tospodoro + PI-134417	8,00	13,15
Tyão + PI-134417	8,15	23,20

Conforme verificado em relação aos resultados observados na análise paramétrica, não houve efeitos significativos na análise entre sujeitos com os ranques, como é possível ver pela Tabela 9 e Figuras 11 e 12. Isto é, não existem evidências suficientes para considerar que exista algum tratamento ou bloco que produza resultados diferentes dos demais.

Tabela 9: Análise de variância entre sujeitos - armadilhas (ranques)

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor
Tratamento	4	562,13	140,53	2,28	0,15
Bloco	2	86,88	43,44	0,71	0,52
Erro	8	492,71	61,59		

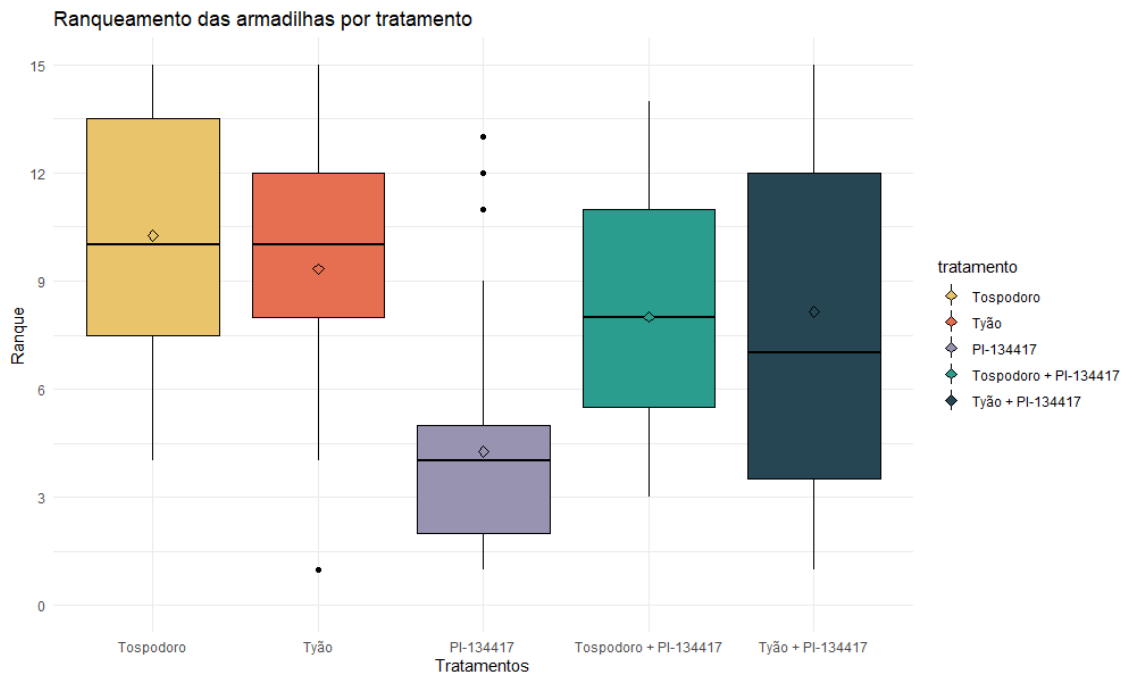


Figura 11: Boxplot dos ranques por tratamento - armadilhas

Fonte: própria, 2021

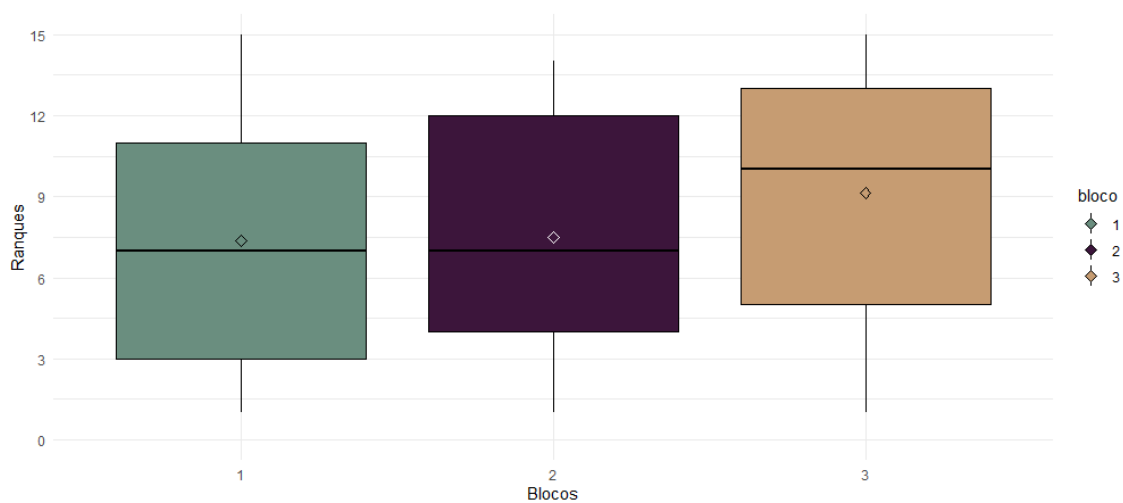


Figura 12: Boxplot dos ranques por bloco - armadilhas

Fonte: própria, 2021

Vale ressaltar que existem 3 pontos discrepantes que elevam a média do tratamento PI-134417 para um nível mais próximo dos outros tratamentos, apesar de seu boxplot estar em nível abaixo dos demais.

O teste de Mauchly para os ranques também rejeita a hipótese de esfericidade da matriz de covariâncias (Tabela 10), portanto é necessário usar correções nos graus de liberdade do teste F da análise dentre sujeitos (Tabela 11).

Tabela 10: Teste de Mauchly para esfericidade da matriz de covariâncias - armadilhas (ranques)

Contrastes	GL	C. Mauchly	$\chi^2$	P-valor
Ortogonais	35	$7,55 \times 10^{-10}$	105,647	<,0001*

Tabela 11: Correções para a análise dentre sujeitos - armadilhas (ranques)

Correção	Valor
Greenhouse-Geisser Epsilon	0,2914
Huynh-Feldt-Lecoutre Epsilon	0,4185

Na construção da análise de variância entre sujeitos com os ranques, não existe o efeito temporal, visto que, semanalmente, todos os ranques variam de 1 a 15 e as médias semanais são sempre iguais a 8. Assim, não existe soma de quadrados para a fonte de variação "Semana", conforme verifica-se pela Tabela 12:

Tabela 12: Análise de variância dentre os sujeitos - armadilhas (ranques)

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor	P-valor corrigido	
						G-G	H-F-L
Semana	8	0,00	0,00	0,00	1,00	1,00	1,00
Semana $\times$ trat.	32	384,37	12,01	1,69	0,039*	0,16	0,12
Semana $\times$ bl.	16	539,42	33,71	4,75	<,0001*	0,0064*	0,0016*
Erro(sem.ana)	64	453,99	7,09				

De acordo com a Tabela 12, desconsiderando-se as correções de esfericidade, temos que a hipótese de igualdade da evolução temporal dos tratamentos é rejeitada a um *p-valor* de 0,039. Porém, corrigindo o *p-valor*, não é possível rejeitar a hipótese de igualdade de interações. Portanto, todos os tratamentos têm a mesma evolução temporal, como demonstrado na Figura 13. Em relação aos blocos (Figura 14), existe pelo menos um bloco que tem comportamento temporal diferente dos outros.

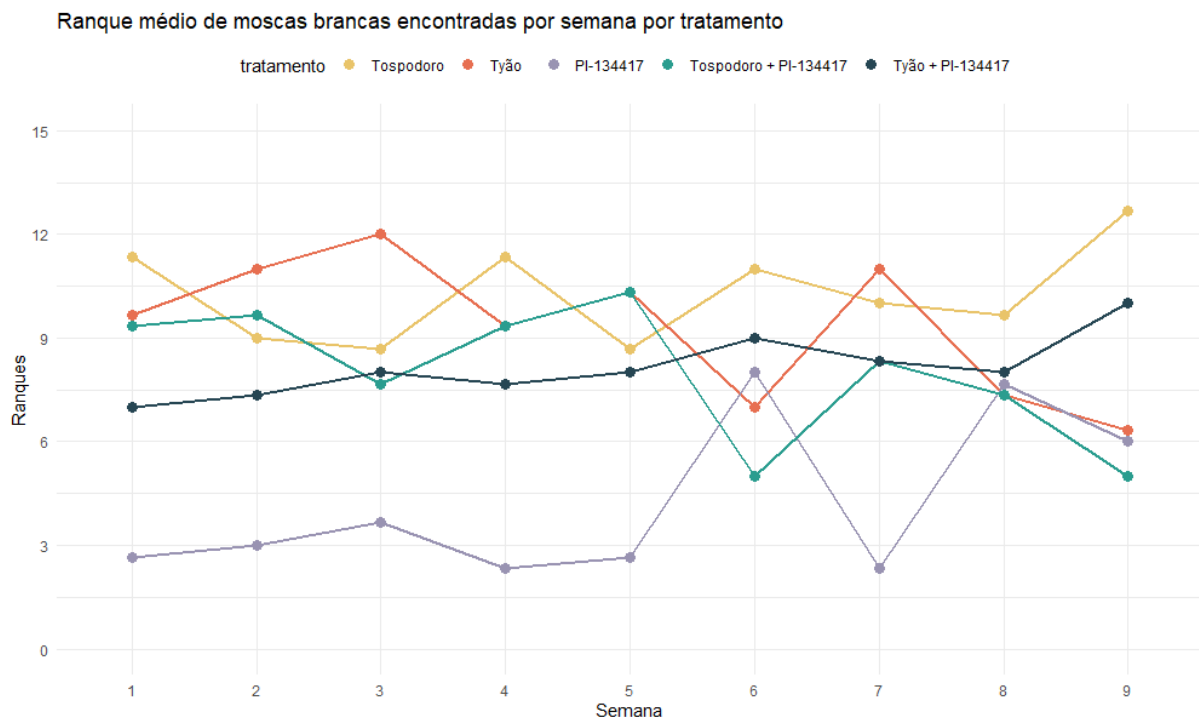


Figura 13: Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas por armadilha por tratamento

Fonte: própria, 2021

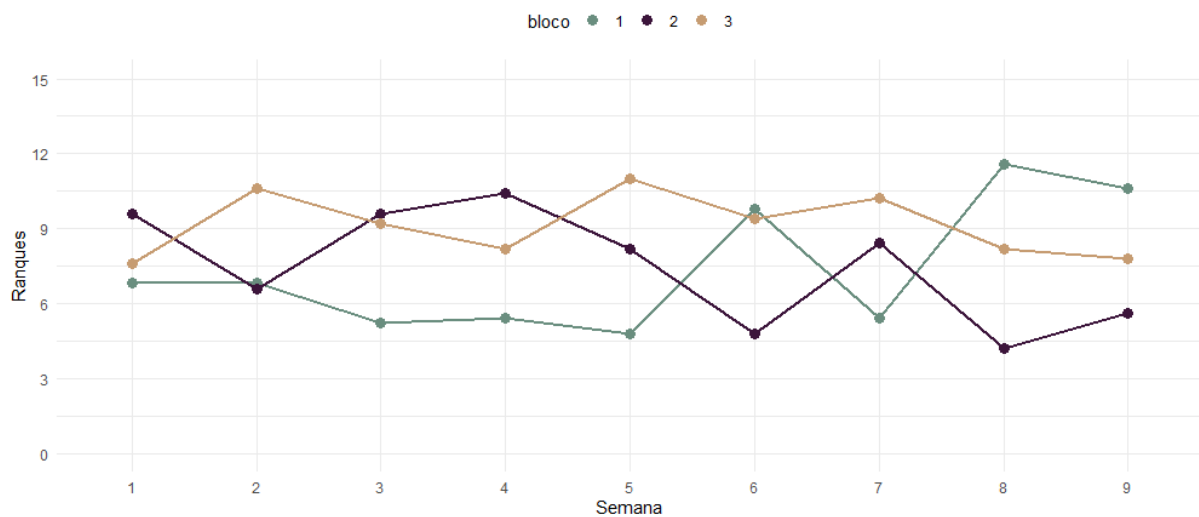


Figura 14: Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas por armadilha por bloco

Fonte: própria, 2021

## 5.2 Plantas

Ao todo, foram encontrados 12718 indivíduos de *B. tabaci* biótipo B nas 735 avaliações. A média foi de 17,3 indivíduos por planta e variância de 1989,16:

Tabela 13: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nas plantas

Média	Mediana	Variância	Total	Máximo	Mínimo
17,3	4	1989,16	12718	480	0

A partir da análise dos dados representados no histograma e boxplot abaixo (Figuras 15 e 16), a distribuição do número de *B. tabaci* biótipo B é assimétrica à esquerda e possui muitos pontos discrepantes:

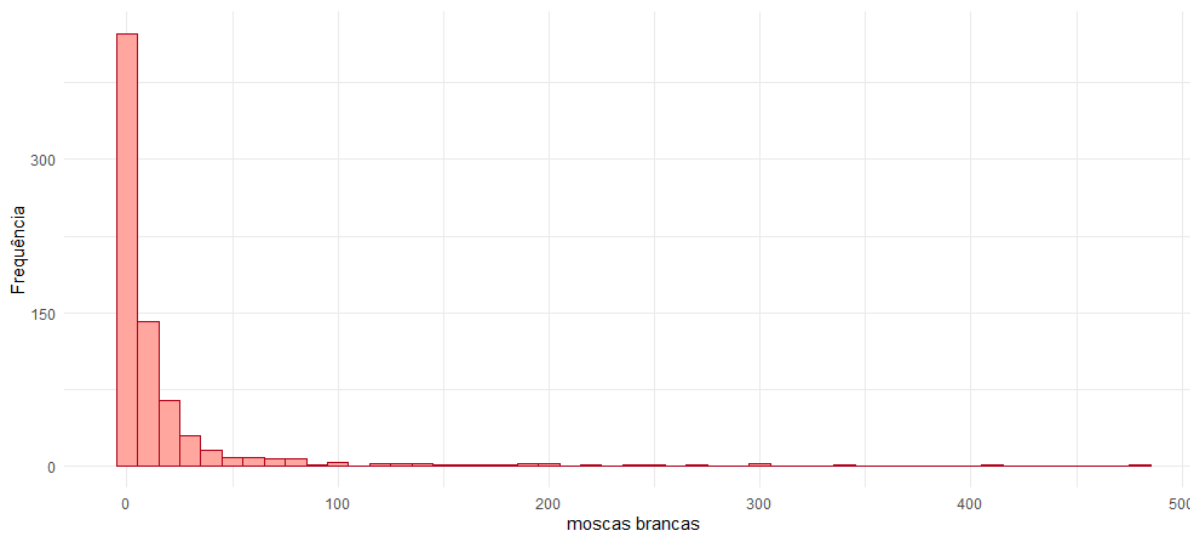


Figura 15: Histograma da quantidade de moscas brancas encontradas sobre os tomateiros

Fonte: própria, 2021

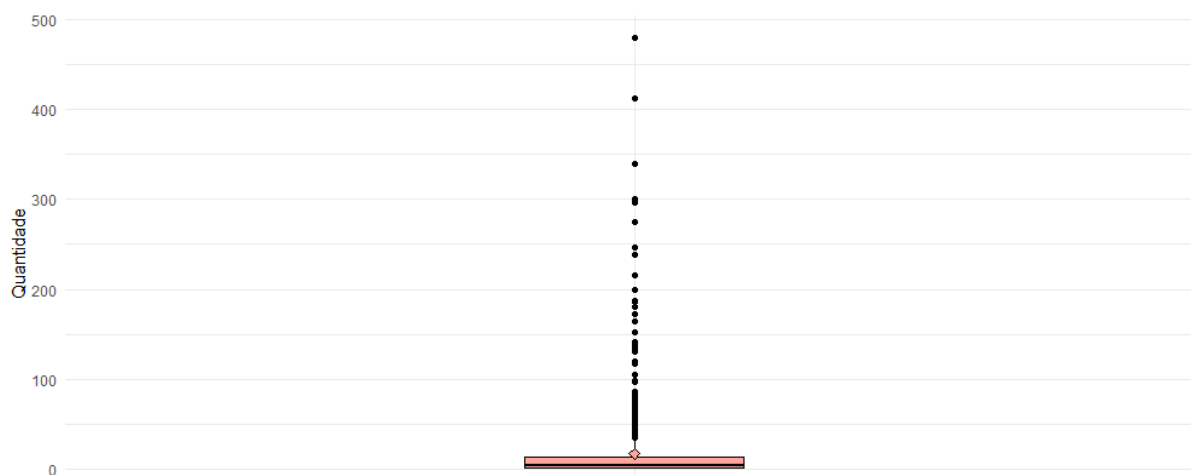


Figura 16: Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas sobre os tomateiros

Fonte: própria, 2021

Semanalmente, o aumento da incidência de *B. tabaci* biótipo B é praticamente permanente, ou seja, quase todas as medições apresentam crescimento na média, mediana, total e variância em relação ao período anterior, a exceção da semana 3 (Tabela 14 e Figura 17).

Tabela 14: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nas plantas por semana

Semana	Média	Mediana	Variância	Total	Máximo	Mínimo
1	5,05	2	66,09	530	48	0
2	9,32	6	116,64	979	58	0
3	5,61	2	116,64	589	77	0
4	16,87	3	1735,56	1771	297	0
5	18,5	3	3428,10	1943	480	0
6	26,37	10	1941,28	2769	239	0
7	39,4	11	5716,87	4137	412	0



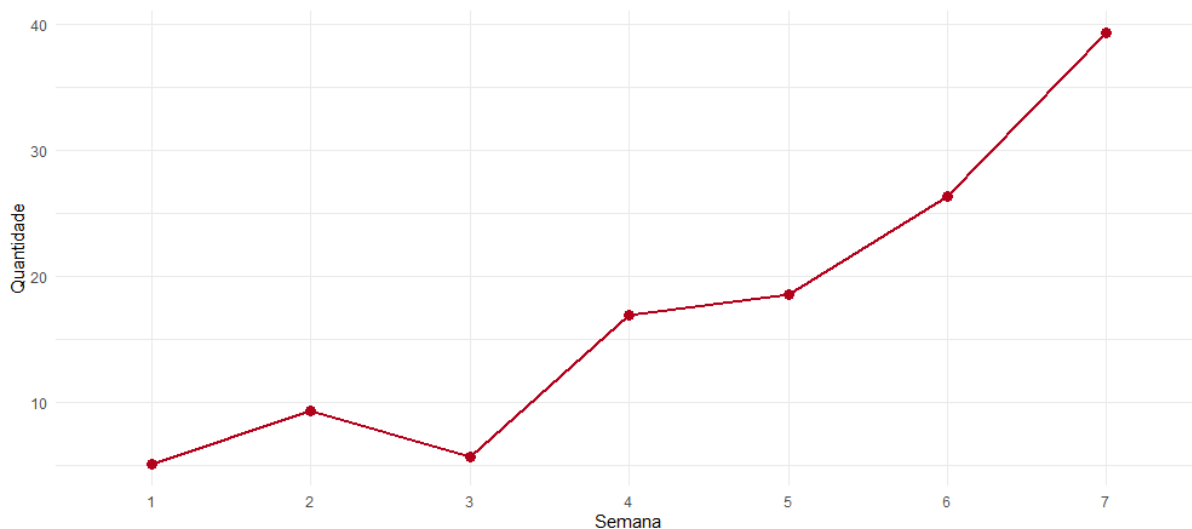


Figura 17: Evolução semanal do número de moscas brancas encontradas sobre os tomateiros

Fonte: própria, 2021

Separando os valores semanais anteriores por tratamentos, nota-se que os tratamentos quem continham o genótipo selvagem, PI-134417, **PI-134417** + Tospodoro e **PI-134417** + Tyão, mantém a incidência de *B. tabaci* biótipo B baixa em toda a extensão do estudo, como demonstrado na Figura 18 e baixa dispersão e pontos discrepantes, como observa-se na Figura 19.

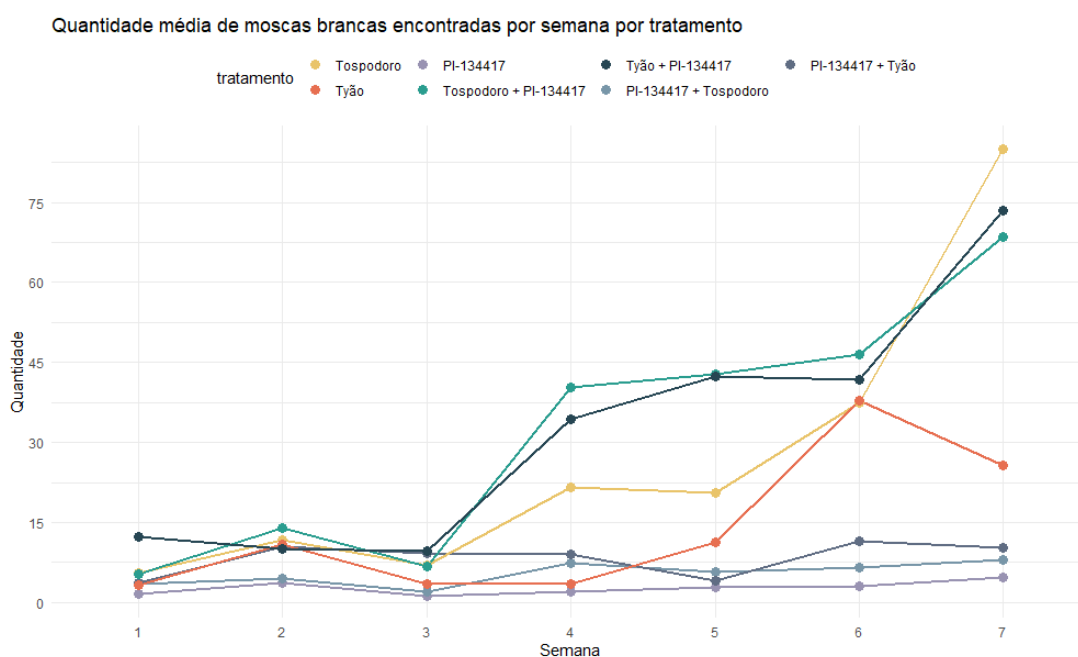


Figura 18: Evolução da quantidade média de moscas brancas encontradas por tomateiro por tratamento

Fonte: própria, 2021

Pela figura anterior, nota-se que os tratamentos contendo genótipos comerciais, Tospodoro, Tyão, **Tospodoro** + PI-134417 e **Tyão** + PI-134417, são mais afetados pela *B. tabaci* biótipo B no decorrer do experimento. Além disso, esses tratamentos, apresentam alta dispersão e por vezes médias maiores que o terceiro quartil, como exibido na Figura 19 e Tabela 15.

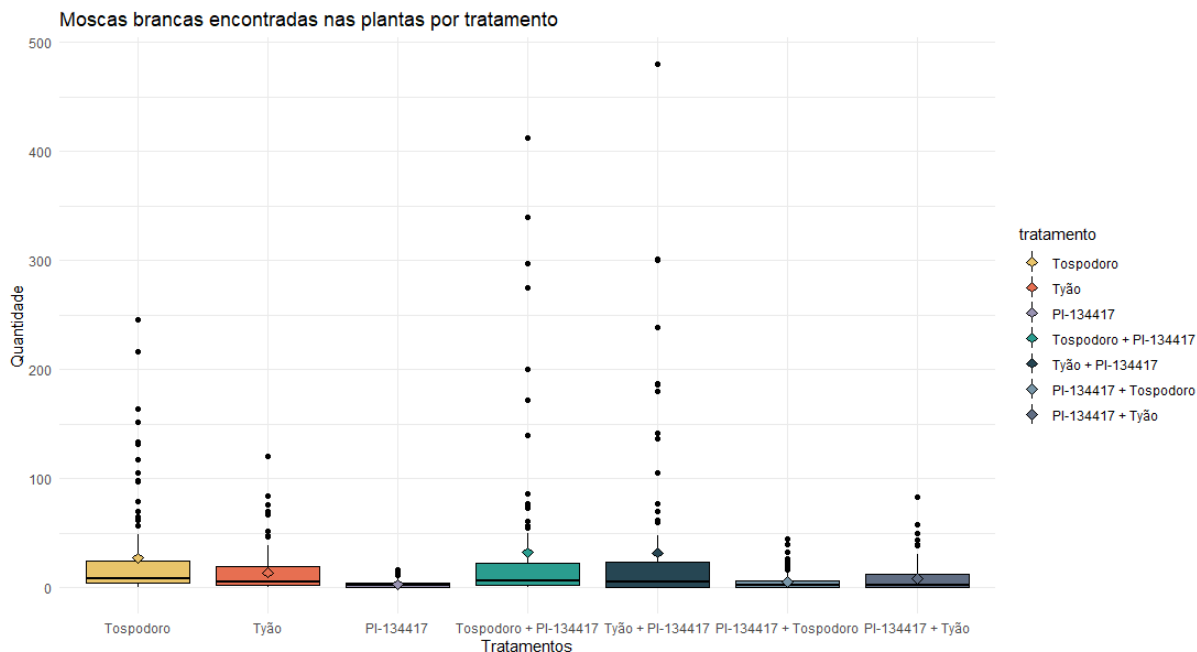


Figura 19: Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento

Fonte: própria, 2021

Tabela 15: Medidas descritivas da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento

Tratamento	Média	Mediana	Variância	Total
Tospodoro	26,98	8	1989,04	2833
Tyão	13,71	5	405,92	1440
PI-134417	2,73	2	12,29	3362
<b>Tospodoro</b> + PI-134417	32,02	6	5075,69	3354
<b>Tyão</b> + PI-134417	31,94	5	5328,76	566
<b>PI-134417</b> + Tospodoro	5,39	2	73,83	566
<b>PI-134417</b> + Tyão	8,34	2	186,15	876

A análise de variância entre sujeitos para as plantas (Tabela 16), indica que a hipótese de igualdade entre tratamentos é rejeitada a um *p-valor* menor que 0,001. Portanto, como também se vê na Figura 19, existe pelo menos um tratamento que tem

resultado médio diferente dos demais:

Tabela 16: Análise de variância entre sujeitos - plantas

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor
Tratamento	6	102049	17008	4,8	<0,001
Bloco	2	63473	31736	8,96	<0,001
Erro	8	340068	3542		

Como desdobramento da ANOVA (Tabela 16), o procedimento de agrupamento dado por Scott-Knott (Tabela 17), permitiu que fossem formados dois agrupamentos, sendo um composto pelos tratamentos **Tospodoro** + PI-134417, **Tyão** + PI-134417 e Tospodoro, com as maiores médias de indivíduos de *B. tabaci* biótipo B. O segundo grupo formado, com as menores médias de indivíduos de *B. tabaci* biótipo B encontrados é formado pelos tratamentos Tyão, **PI-134417** + Tyão, **PI-134417** + Tospodoro e PI-134417.

Tabela 17: Procedimento de Scott-Knott - plantas

Tratamento	Grupo	Média
<b>Tospodoro</b> + PI-134417	A	32,02
<b>Tyão</b> + PI-134417	A	31,94
Tospodoro	A	26,98
Tyão	B	13,71
<b>PI-134417</b> + Tyão	B	8,34
<b>PI-134417</b> + Tospodoro	B	5,39
PI-134417	B	2,73

Ainda pela Tabela 17, observa-se que o tratamento contendo o genótipo comercial Tyão foi agrupando junto com os tratamentos contendo o genótipo selvagem, o que indica que a quantidade média de indivíduos encontrados sobre os tomateiros desse genótipo é compatível com a quantidade encontrada nos tomateiros de genótipos selvagens.

Apesar disso, o teste de Tukey para comparações múltiplas indica que nem todos os tratamentos de grupos distintos tem valores significativamente diferentes. Para que dois tratamentos sejam significativamente diferentes, suas médias devem ter diferença absoluta mínima de 24,7 unidades. Portanto, pela Tabela 18, apenas os tratamentos PI-134417 e **PI-134417** + Tospodoro diferem significativamente dos tratamentos com genótipos comerciais **Tospodoro** + PI-134417 e **Tyão** + PI-134417.

Tabela 18: Teste de Tukey para comparações múltiplas - plantas (apenas diferenças significativas)

Tratamento 1	Tratamento 2	Diferença abs.	GL	P-valor
PI-134417	<b>Tospodoro</b> + PI-134417	29,28	96	0,001*
PI-134417	<b>Tyão</b> + PI-134417	29,21	96	0,001*
<b>PI-134417</b> + Tospodoro	<b>Tospodoro</b> + PI-134417	26,63	96	0,026*
<b>PI-134417</b> + Tospodoro	<b>Tyão</b> + PI-134417	26,55	96	0,027*

A matriz de covariâncias das medidas repetidas aplicadas aos dados número de adultos encontrados sobre os tomaeiros não atendeu ao pressuposto de esfericidade, como demonstrado pelo teste de Mauchly na tabela 19. Portanto, é necessário usar correções nos graus de liberdade para que a análise entre sujeitos seja válida.

Tabela 19: Teste de Mauchly para esfericidade - plantas

Contrastes	GL	C. Mauchly	$\chi^2$	P-valor
Ortogonais	20	0,003	548,9	<,0001*

Tabela 20: Correções nos graus de liberdade para a análise dentre sujeitos - plantas

Correção	Valor
Greenhouse-Geisser Epsilon	0,52
Huynh-Feldt-Lecoutre Epsilon	0,54

Tabela 21: Análise de variância dentre os sujeitos - plantas

FV	GL	SQ	QM	F	P-valor	P-valor corrigido	
						G-G	H-F-L
Semana	6	96889	16148	12,68	<0,001*	<0,001*	<0,001*
Semana $\times$ trat.	36	90594	2517	1,98	<0,001*	0,01*	0,009*
Semana $\times$ bl.	12	34722	2893	2,27	0,008*	0,03*	0,03*
Erro(sem.ana)	576	733709	1274				

Conforme a Tabela 21, existe pelo menos uma semana em que a quantidade de *B. tabaci* biótipo B encontradas nas plantas foi significativamente diferente das demais semanas de avaliação. Esse resultado está de acordo com os dados representados na figura 18 e tabela 14, onde se vê que a média semanal de insetos encontrados foi de 5 no começo do estudo e se modificou para em torno de 40 indivíduos de *B. tabaci* biótipo B por planta, na última semana.

Os efeitos da interação de semanas de avaliação e tratamentos também foram

significativos, ou seja, existe pelo menos um tratamento que tem comportamento semanal diferente dos demais. Pela figura 18, observa-se que os tratamentos com genótipos selvagens mantêm níveis baixos de *B. tabaci* biótipo B por todo o estudo, enquanto que os tratamentos com genótipos comerciais têm aumento na quantidade de insetos a partir da semana 4.

O pressuposto de normalidade não foi atendido, a um *p-valor* menor que 0,001 pelo teste de Shapiro Wilk. Portanto, recomenda-se usar a técnica semi-paramétrica para o estudo dos dados.

Ranqueando os tomateiros de 1 a 105 pela quantidade de *B. tabaci* biótipo B encontradas sobre as plantas em cada semana e repetindo a análise de variância por medidas repetidas, o resumo da análise entre sujeitos está representado na Tabela 22:

Tabela 22: Análise de variância entre sujeitos - plantas (ranques)

	FV	GL	SQ	QM	F	P-valor
Tratamento	6	86918	14486	7,08	7,08	<0,001*
Bloco	2	83934	41967	20,51	20,51	<0,001*
Erro	96	196385	25046			

Para os ranques, houve efeito significativo tanto de tratamentos quanto de blocos, ou seja, existe pelo menos um tratamento e bloco que tenham quantidade de insetos diferentes dos demais. Pela Figura 20, observa-se que os tratamentos compostos pelo genótipo selvagem, PI-134417, **PI-134417** + Tospodoro e **PI-134417** + Tyão, tem ranques médios menores que os demais tratamentos:

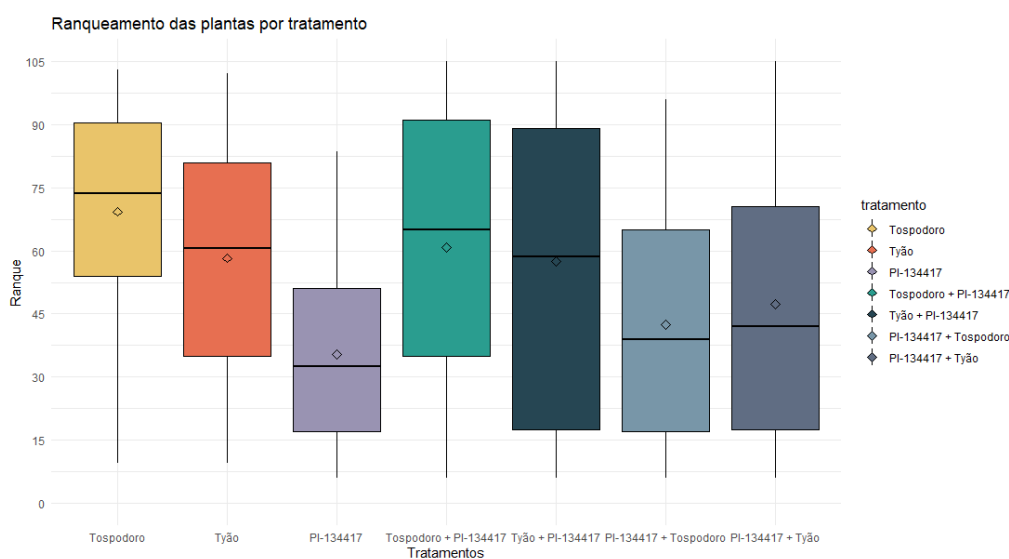


Figura 20: Boxplot da quantidade de moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento

De acordo com a análise fornecida pelo procedimento de agrupamento de Scott-Knott, os tratamentos Tospodoro, **Tospodoro** + PI-134417, Tyão e **Tyão** + PI-134417 tiveram as maiores infestações de *B. tabaci* biótipo B, enquanto que os tratamentos PI-134417, **PI-134417** + Tyão e **PI-134417** + Tospodoro registraram menores infestações (Tabela 23).

Tabela 23: Procedimento de Scott-Knott - plantas (ranques)

Tratamento	Grupo	Ranque médio
Tospodoro	A	69,27
<b>Tospodoro</b> + PI-134417	A	60,85
Tyão	A	58,25
<b>Tyão</b> + PI-134417	A	57,50
<b>PI-134417</b> + Tyão	B	47,28
<b>PI-134417</b> + Tospodoro	B	42,43
PI-134417	B	35,41

A comparação dos tratamentos pelo teste Tukey (Tabela 24), indica que o tratamento Tospodoro tem incidência significativamente maior do que todos os tratamentos com genótipos selvagens. Além disso, o tratamento PI-134417 tem incidência de moscas brancas significativamente menor do que todos os tratamentos compostos por genótipos comerciais.

Tabela 24: Teste de Tukey para comparações múltiplas - plantas (ranques)

Tratamento 1	Tratamento 2	Diferença abs.	GL	P-valor
Tospodoro	PI-134417	33,86	96	<0,001*
Tospodoro	<b>PI-134417</b> + <b>Tospodoro</b>	26,84	96	<0,001*
Tospodoro	<b>PI-134417</b> + Tyão	22,00	96	0,01*
Tyão	PI-134417	22,82	96	0,01*
<b>Tospodoro</b> + PI-134417	PI-134417	25,43	96	0,002*
<b>Tyão</b> + PI-134417	PI-134417	22,08	96	0,01*

Tendo em vista os resultados obtidos através da comparação dos tratamentos entre si, observa-se que a associação dos genótipos comerciais com o genótipo selvagem não proporcionou proteção aos genótipos comerciais, uma vez que não houve diferenças significativas entre as médias de *B. tabaci* biótipo B incidentes sobre os genótipos comerciais cultivados exclusivamente e de maneira associada com o genótipo selvagem.

Por outro lado, é notável que o genótipo selvagem exerce um efeito de não-preferência, dado que os tomateiros PI-134417 quando cultivadas de maneira isolada ou

em associação com os genótipos comerciais, continham menor densidade de *B. tabaci* biótipo B.

Para a análise dentre sujeitos, o teste de Mauchly indica que não é possível rejeitar a hipótese de esfericidade da matriz de covariâncias. Portanto, não é necessário usar correções nos graus de liberdade, como representado na Tabela 25.

Tabela 25: Teste de Mauchly para esfericidade - plantas (ranques)

<b>Contrastes</b>	<b>GL</b>	<b>C. Mauchly</b>	$\chi^2$	<b>P-valor</b>
Ortogonais	20	0,84	16,32	0,70

Como os ranques estão sempre entre 1 e 105 e o ranque médio das medidas repetidas é sempre 53, não se verifica efeito das semanas de avaliação, conforme pode ser observado na tabela 26:

Tabela 26: Análise de variância entre sujeitos - plantas (ranques)

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>SQ</b>	<b>QM</b>	<b>F</b>	<b>P-valor</b>
Semana	6	0	0	1	1
Semana×trat.	36	27251	757	1,73	0,006*
Semana×bl.	12	15366	1281	2,93	<0,001*
Erro	96	252103	438		

Os efeitos da interação de blocos ou tratamentos e as avaliações semanais foram significativos, portanto, os ranques médios dos tratamentos se comportam de forma heterogênea ao longo do estudo, como mostra a Figura 21:

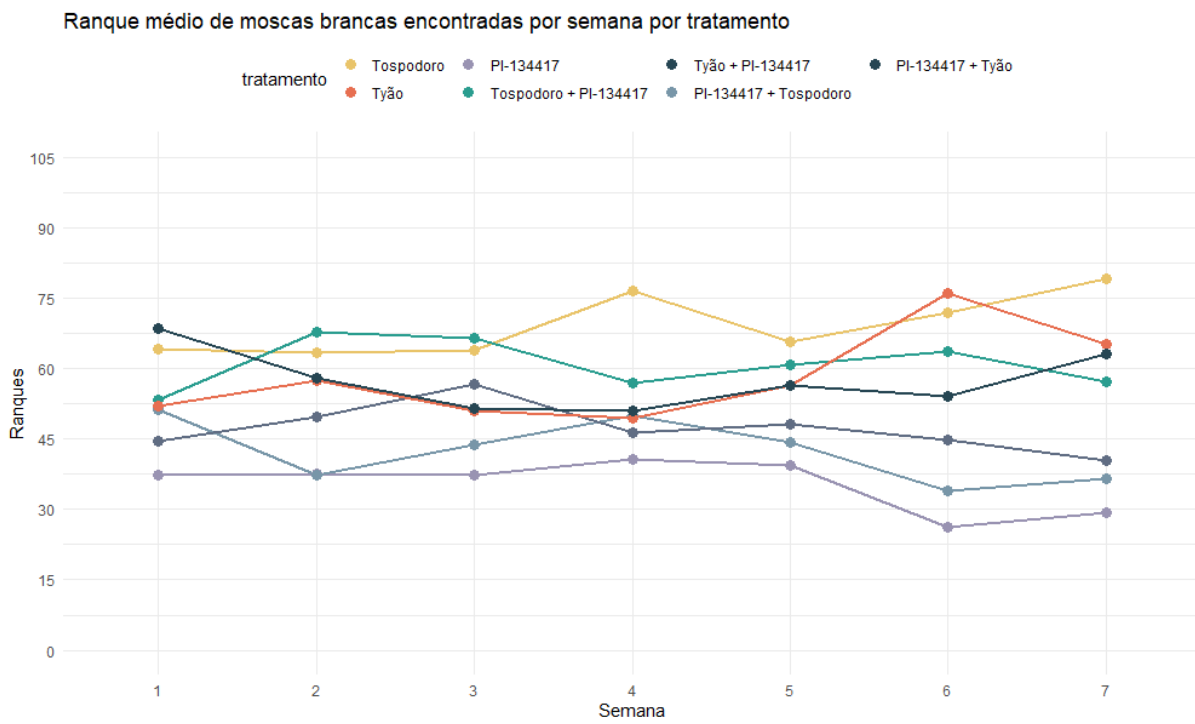


Figura 21: Evolução dos ranques médios da quantidade moscas brancas encontradas nos tomateiros por tratamento

Fonte: própria, 2021



### 5.3 Colheita

Ao todo, foram produzidos 409 tomates pelos 60 tomateiros comerciais analisados. A média por planta está em torno de 6,8 e a mediana foi 7 tomates, o que indica uma distribuição simétrica. A dispersão também é baixa, dado que a variância é 6,4. O tomateiro mais produtivo produziu 14 tomates e o menos produtivo apenas 2. Não há sobredispersão nos dados, visto que a média e variância estão próximas, como pode-se observar na Tabela 27 e Figura 22:

Tabela 27: Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro

Média	Mediana	Variância	Total	Máximo	Mínimo
6,82	7	6,4	409	14	2

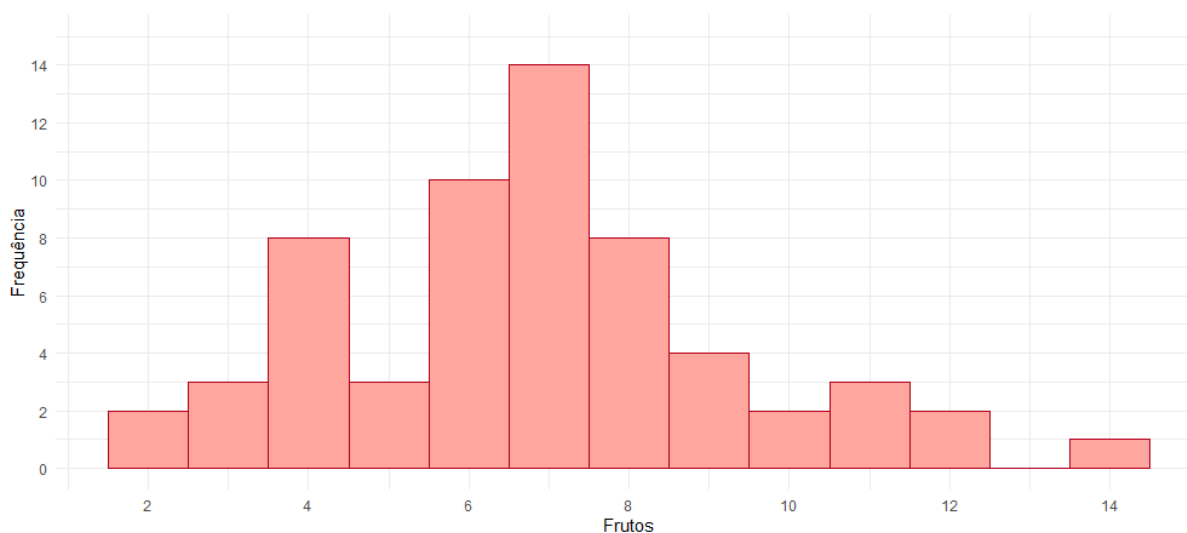


Figura 22: Histograma da quantidade de frutos produzidos por tomateiro

Fonte: própria, 2021

Pelo boxplot na figura 23, nota-se que o tomateiro que produziu 14 tomates é um ponto discrepante. O intervalo de 95% de confiança para o número médio de tomates produzidos por planta é de (6,17; 7,45) frutos por tomateiro.

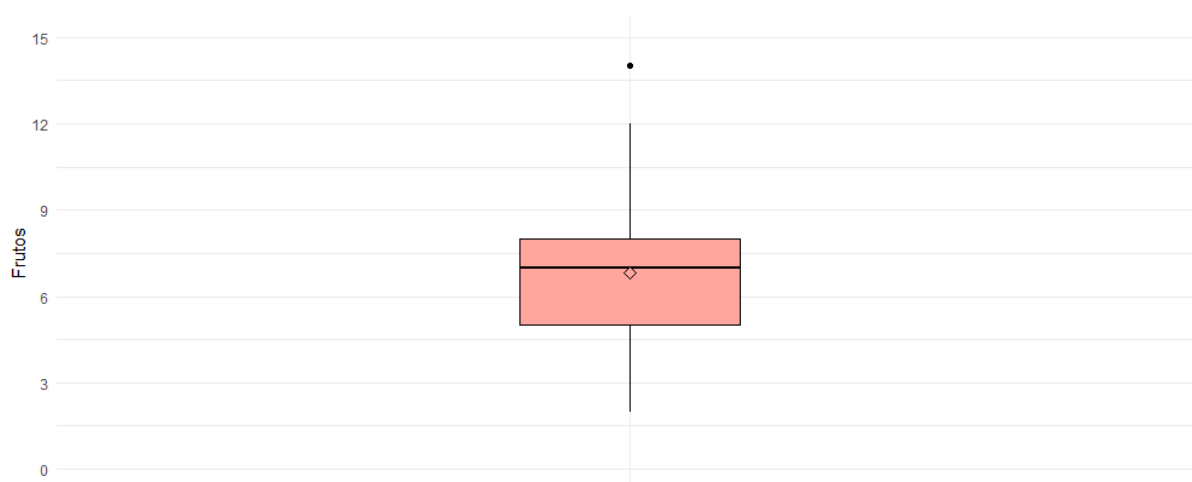


Figura 23: Boxplot da quantidade de frutos produzidos por tomateiro

Fonte: própria, 2021

Em relação a quantidade de tomates produzidos por tratamento, o genótipo Tospodoro produz mais frutos do que o genótipo Tyão. Porém, a dispersão entre os tomateiros do genótipo Tospodoro é maior, ou seja, existem tomateiros desse genótipo que produzem muitos tomates e outros que quase não produzem.

Também se percebe, pelos valores representados na Tabela 28 e na Figura 24, que a presença do genótipo selvagem no plantio em associação não reduz ou aumenta a produção dos genótipos comerciais, já que os tratamentos compostos por genótipos em associação se comportam de forma parecida de seus pares cultivados exclusivamente.

Tabela 28: Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por tratamento

Tratamento	Média	Mediana	Variância	Total
Tospodoro	7,4	7	6,66	111
Tyão	6,13	7	2,25	92
Tospodoro + PI-134417	7,27	7	12,25	109
Tyão + PI-134417	6,47	7	4,54	97

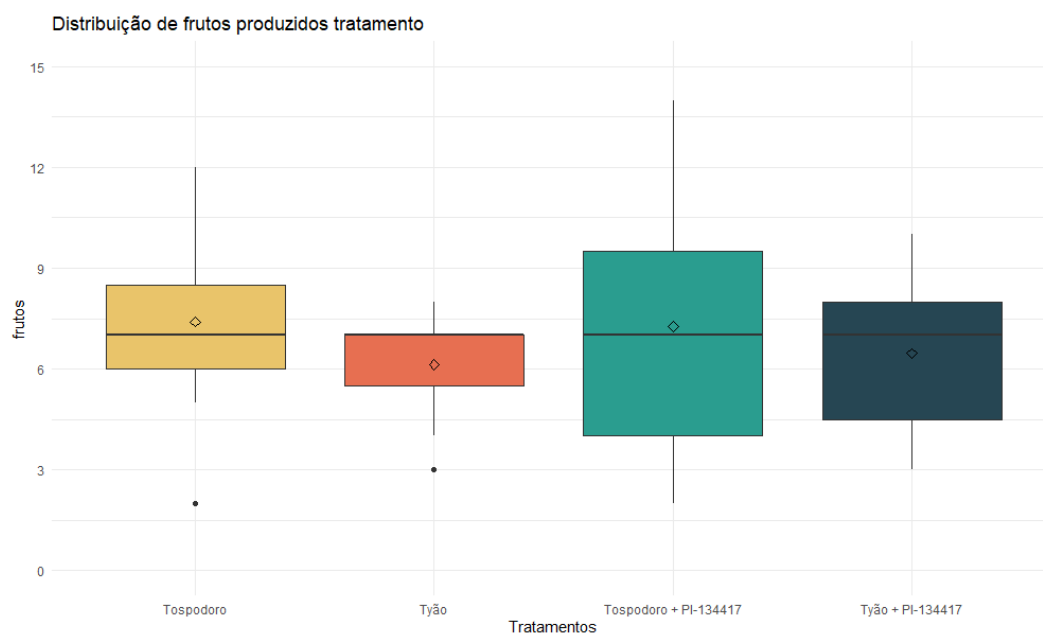


Figura 24: Boxplot da produção de tomates por tratamento

Fonte: própria, 2021

Os blocos também apresentam um comportamento parecido, apesar de o bloco 3 apresentar tomateiros com maior variação numérica de frutos produzidos:

Tabela 29: Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por bloco

Bloco	Média	Mediana	Variância	Total	IC. inferior	IC. superior
1	7	7	4,32	140	5,18	8,82
2	6,9	6	5,25	138	4,89	8,91
3	7,6	6,5	10,26	131	3,74	9,36

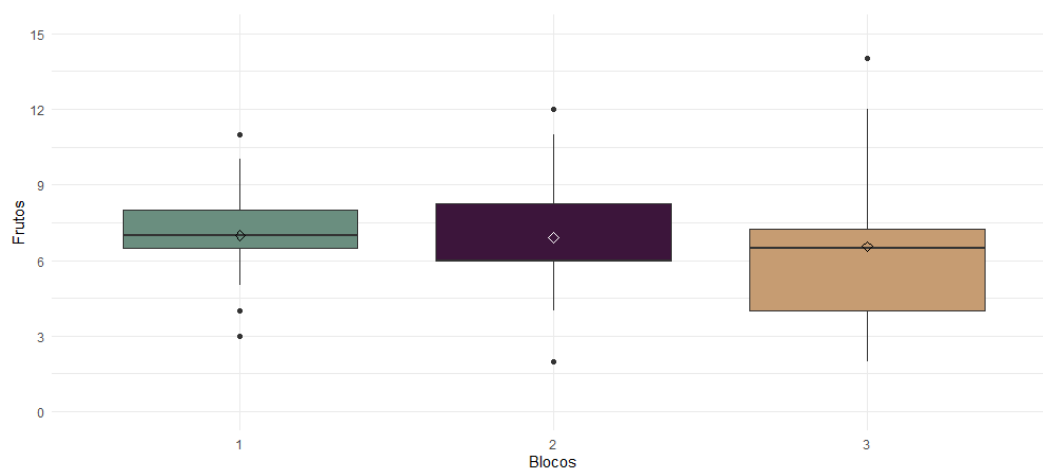


Figura 25: Boxplot da produção de tomates por bloco

Fonte: própria, 2021

As interações entre tratamentos e blocos também não apresentam significância, pela Figura 26. Apesar disso, é possível identificar que os tratamentos compostos pelo genótipo Tospodoro apresentam maior variância na quantidade de frutos produzidos por seus tomateiros constantemente.

Tabela 30: Medidas descritivas da quantidade de frutos produzidos por tomateiro por bloco e tratamento

Bloco	Tratamento	Média	Variância	IC. inferior	IC. superior
1	Tospodoro	7,4	2,3	6,07	8,73
1	Tyão	7,2	0,2	6,81	7,59
1	Tospodoro + PI-134417	8,0	7,5	5,60	10,40
1	Tyão + PI-134417	5,4	5,8	3,29	7,51
2	Tospodoro	7,4	16,8	3,81	10,99
2	Tyão	6,0	0,5	5,38	6,62
2	Tospodoro + PI-134417	6,8	3,7	5,11	8,49
2	Tyão + PI-134417	7,4	2,3	6,07	8,73
3	Tospodoro	7,4	4,3	5,58	9,22
3	Tyão	5,2	4,7	3,29	7,10
3	Tospodoro + PI-134417	7,0	31	2,12	11,88
3	Tyão + PI-134417	6,6	5,3	4,58	8,61

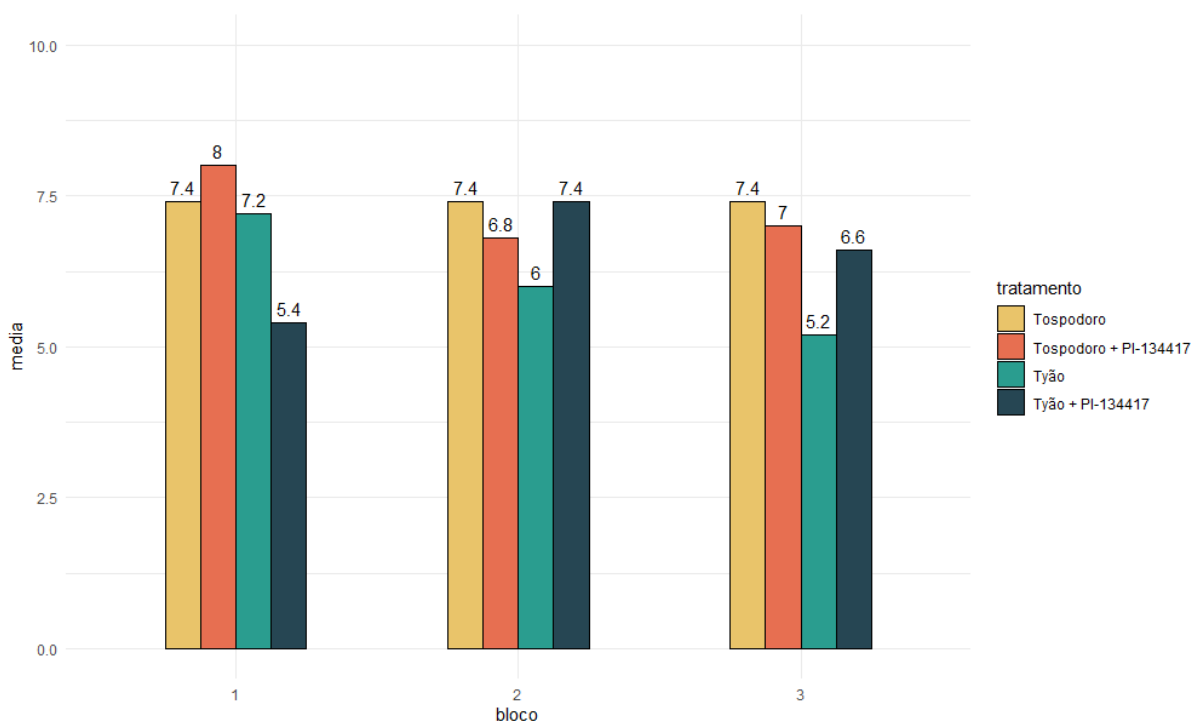


Figura 26: Quantidade média de tomates produzidos por tratamento e bloco

Fonte: própria, 2021

Partindo para a regressão de Poisson, a tabela 31 indica todos os modelos testados e seus critérios de informação de Akaike (AIC), utilizados para escolha do melhor modelo:

Tabela 31: Critérios AIC para escolha do melhor modelo linear de Poisson

<b>Modelo</b>	<b>Preditor linear</b>	<b>AIC</b>
Completo	intercepto + tratamentos + blocos + interações	296,90
Efeitos	intercepto + tratamentos + blocos	288,36
Tratamentos	intercepto + tratamentos	284,39
Blocos	intercepto + blocos	284,86
Vazio	intercepto	281,19

O melhor modelo é aquele que possui menor critério AIC. Portanto, o melhor modelo linear de Poisson para modelar a produção de frutos por tomateiro é o modelo vazio, o modelo apenas com o intercepto.

Assim, construindo o modelo apenas com intercepto e função de ligação canônica logaritmo natural, o melhor modelo é:

$$Y_i = e^{1,92} + \epsilon_i \quad (5.3.1)$$

Tabela 32: Modelo linear de Poisson

<b>Preditor</b>	<b>Estimativa</b>	<b>Desvio padrão</b>	<b>valor Z</b>	<b>P-valor</b>
Intercepto	1,92	0,05	38,82	<0,001

Com base neste modelo, espera-se que sejam produzidos 6,82 tomates por planta, independente do genótipo comercial Tospodoro ou Tyão ou se houve plantio isolado ou em associação com genótipo selvagem. Assim, o plantio em associação com o genótipo selvagem resistente não tem influência na quantidade de frutos produzidos pelos tomateiros comerciais suscetíveis.

Tabela 33: Resíduos Deviance para diagnóstico do modelo linear de Poisson

<b>Resíduo Deviance</b>	<b>Graus de liberdade</b>	<b>P-valor</b>
56,593	59	0,45

Os resíduos deviance, representados na tabela 33 e figura 27, e outras técnicas de diagnóstico não apontaram nenhuma falta grave para o modelo (5.3.1).

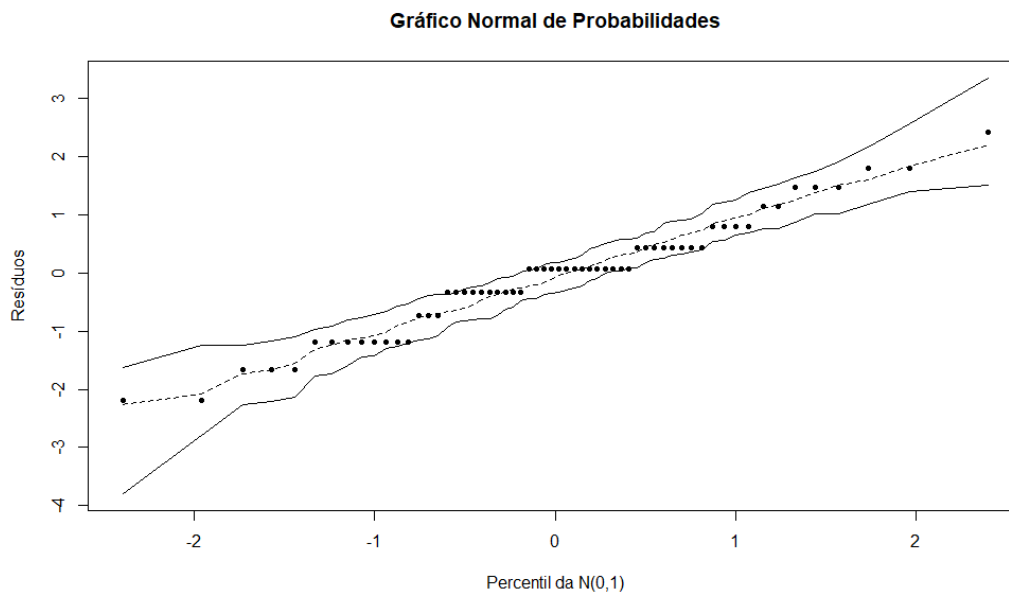


Figura 27: Gráfico QQplot para os resíduos do modelo (5.3.1) e envelope simulado

Fonte: própria, 2021

## 6 Considerações finais

Com aplicações em diversas áreas, a análise de variância por medidas repetidas é uma ferramenta útil e amplamente utilizada para averiguar a tendência temporal de resposta das unidades experimentais a um tratamento. Nesse contexto, este trabalho permitiu um aprofundamento acerca dos benefícios, pressupostos e falhas dessa técnica estatística.

Neste trabalho, mostrou-se que a RMANOVA tem suposições mais rígidas, tal como a simetria composta ou esfericidade, além das já tradicionais normalidade, homogeneidade de variâncias e independência da análise de variância clássica. Na maioria das vezes, essas suposições não são cumpridas e é necessário usar métodos alternativos para que a análise seja válida, tal qual as correções nos graus de liberdade e RMANOVA com os ranques das unidades experimentais.

Além disso, apresentou-se a aplicação em dados reais dessa técnica e testes derivados a dados reais de infestação de tomateiros. Com a RMANOVA, detectou-se que a técnica de plantio associado com genótipos selvagens resistentes não é o suficiente para reduzir a incidência de *B. tabaci* biótipo B em um cultivo de genótipos suscetíveis de tomate.

Para a dispersão aérea da *B. tabaci* biótipo B, avaliada por meio das armadilhas, não houve diferença significativas entre os plantios isolados e os plantios em associação dos genótipos, apesar de a quantidade de adultos de *B. tabaci* biótipo B nas armadilhas dos genótipos selvagens ser menor que nos demais genótipos. Portanto, o efeito de não-preferência exercido pelo genótipo selvagem não foi o suficiente para impedir que as pragas infestassem os tomateiros comerciais. Nessa parte do estudo, destacou-se a importância da suposição de esfericidade da matriz de covariâncias das medidas repetidas, quando um fator da análise dentro dos sujeitos deixou de ser significativo ao utilizar correções nos graus de liberdade.

Em relação aos indivíduos de *B. tabaci* biótipo B encontrados sobre as plantas, houve diferenças significativas entre os tratamentos. Porém, pelo teste de comparações múltiplas de Tukey e procedimento de Scott-Knott, os tratamentos compostos por genótipos comerciais Tospodoro e Tyão plantados em associação com o genótipo selvagem PI-134417 não apresentaram incidência de *B. tabaci* biótipo B significativamente menor que seus pares plantados exclusivamente.

Em ambas partes do estudo, os resultados semi-paramétricos foram quase idênticos aos seus correspondentes paramétricos, com exceção de algumas diferenças pontuais.

Sobre a quantidade de frutos produzidos por tomateiros, o modelo linear de Pois-

son indicou que não existem diferenças significativas na produção entre os tomateiros plantados em associação e os plantados exclusivamente, visto que o modelo selecionado inclui apenas o intercepto. Porém, pela análise descritiva, o genótipo Tospodoro produziu uma quantidade um pouco maior de frutos que o genótipo Tyão, independentemente do tipo de plantio.

Diante do exposto, o genótipo selvagem é naturalmente mais resistente às pragas devido a presença do aleloquímico 2-tridecanona, porém, não é capaz de conferir resistência ao cultivo de forma satisfatória em relação a dispersão de pragas pelo ar e presença sobre as plantas.



## Referências

- ABDI, H. The greenhouse-geisser correction. *Encyclopedia of Research Design*, 01 2010. 13, 20
- BALDIN, E. L.; VENDRAMIM, J. D.; LOURENÇÃO, A. L. Resistência de genótipos de tomateiro à mosca-branca *Bemisia tabaci* (Gennadius) biótipo B (Hemiptera: Aleyrodidae). *Neotropical Entomology*, scielo, v. 34, p. 435 – 441, 06 2005. 15
- BASTOS, C. S. et al. Resistência de plantas a insetos: contextualização e inserção no MIP. . *Avanços tecnológicos aplicados à pesquisa na produção vegetal.* , Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, p. 31 – 72, 2015. 14, 15
- CONOVER, W. J.; IMAN, R. L. Rank transformations as a bridge between parametric and nonparametric statistics. *The American Statistician*, [American Statistical Association, Taylor Francis, Ltd.], v. 35, n. 3, p. 124–129, 1981. 21
- DOBSON, A.; BARNETT, A. Book. *An introduction to generalized linear models*. 2nd ed.. ed. [S.l.]: Chapman Hall/CRC Boca Raton, 2002. vii, 225 p. : p. ISBN 1584881658. 22, 23
- FAO. *World Food and Agriculture – Statistical pocketbook 2019*. [S.l.]: Rome, 2019. 15
- GARCÍA-PORTUGUÉS, E. *Notes for Predictive Modeling*. [s.n.], 2021. Version 5.8.6. ISBN 978-84-09-29679-8. Disponível em: <<https://bookdown.org/egarpor/PM-UC3M/>>. 22, 23
- GIRDEN, E. R. *ANOVA: Repeated Measures*. Newbury Park, California: Sage Publications, 1992. 13, 16
- HAJI, F.; BLEICHER, E. *Avanços no manejo da mosca-branca Bemisia tabaci biótipo B (Hemiptera, Aleyrodidae)*. Petrolina, Pernambuco: Embrapa Semi-Árido, 2004. 16
- HUYHN, H.; FELDT, L. S. Conditions Under Which Mean Square Ratios in Repeated Measurements Designs Have Exact F-Distributions. *Journal of the American Statistical Association*, 1970. 18
- HUYHN, H.; FELDT, L. S. Estimation of the Box Correction for degrees of freedom from sample data in randomized block and split-plot designs. *JOURNAL OF EDUCATIONAL AND BEHAVIORAL STATISTICS*, 1976. 21
- JENKINS, J. A. The origin of the cultivated tomato. *Economic Botany*, v. 2, p. 379–392, 1948. 15
- KUEHL, R. O. *Design of experiments: statistical principles of research design and analysis*. [S.l.]: Pacific Grove, CA : Duxbury/Thomson Learning, 2000. 13, 16, 17, 18, 19, 20, 27
- LECOUTRE, B. A Correction for the  $\varepsilon$  approximate test in Repeated Measures designs with two or more independent groups. *Journal of Educational Statistics*, 1991. 13, 21

- MICHEREFF, M.; INOUE-NAGATA, A. K. Guia para o reconhecimento e manejo da mosca-branca, da geminivirose e da crinivirose na cultura do tomateiro. Embrapa, 2015. 16, 26
- MORITZ, B.; TRAMONTE, V. C. Biodisponibilidade do licopeno. *Revista de Nutrição*, v. 19, p. 265 – 273, 04 2006. 15
- MOURA, A. P. et al. Manejo integrado de pragas do tomateiro para processamento industrial. *Embrapa Hortaliças. Circular técnica, 129.*, Embrapa Semiárido (CPATSA), 2014. 15
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, [Wiley, International Biometric Society], v. 30, n. 3, p. 507–512, 1974. ISSN 0006341X, 15410420. 27
- SHELDON, M. R.; FILLIYAW, M. J.; THOMPSON, W. D. The use and interpretation of the friedman test in the analysis of ordinal-scale data in repeated measures designs. *Physiotherapy Research International*, v. 1, n. 4, p. 221–228, 1996. 21
- SILVA, J. B. C. *Cultivo de Tomate para Industrialização*. 2020. Disponível em: <[https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Tomate/TomateIndustrial\\_2ed/composicao.htm](https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Tomate/TomateIndustrial_2ed/composicao.htm)>. 15
- TOSCANO, L. C. et al. Nonpreference of whitefly for oviposition in tomato genotypes. *Scientia Agricola*, v. 59, p. 677 – 681, 12 2002. 15
- WILLIAMS, W. G. et al. 2-tridecanone: A naturally occurring insecticide from the wild tomato *Lycopersicon hirsutum f.glabratum*. *Science*, v. 207, n. 4433, p. 888–889, 1980. 15
- ZIMMERMAN, D. W.; ZUMBO, B. D. Relative power of the wilcoxon test, the friedman test, and repeated-measures anova on ranks. *The Journal of Experimental Education*, Routledge, v. 62, n. 1, p. 75–86, 1993. 21, 22, 35

## Apêndice

### A- Modelo linear - armadilhas

$$\hat{Y}_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + m_k + (\tau m)_{ki} + (\beta m)_{kj}$$

Figura 28: parâmetros do modelo linear - armadilhas

Efeito	Tratamentos	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
<b>Intercepto</b>				3136.73	734.94	8	4.27	0.0027
<b>Tratamento</b>	1			921.00	878.42	8	1.05	0.3251
<b>Tratamento</b>	2			-950.67	878.42	8	-1.08	0.3107
<b>Tratamento</b>	3			-975.33	878.42	8	-1.11	0.2991
<b>Tratamento</b>	4			-1341.67	878.42	8	-1.53	0.1652
<b>Tratamento</b>	5			0	-	-	-	-
<b>Bloco</b>		1		528.60	680.42	8	0.78	0.4596
<b>Bloco</b>		2		-956.80	680.42	8	-1.41	0.1973
<b>Bloco</b>		3		0	-	-	-	-
<b>Semana</b>			1	-2915.53	895.96	64	-3.25	0.0018
<b>Semana</b>			2	-2702.27	895.96	64	-3.02	0.0037
<b>Semana</b>			3	-2518.80	895.96	64	-2.81	0.0065
<b>Semana</b>			4	-2544.80	895.96	64	-2.84	0.0060
<b>Semana</b>			5	603.07	895.96	64	0.67	0.5033
<b>Semana</b>			6	736.73	895.96	64	0.82	0.4140
<b>Semana</b>			7	-120.53	895.96	64	-0.13	0.8934
<b>Semana</b>			8	-177.67	895.96	64	-0.20	0.8434
<b>Semana</b>			9	0	-	-	-	-
<b>Tratamento × semana</b>	1		1	-817.00	1070.87	64	-0.76	0.4483
<b>Tratamento × semana</b>	1		2	-945.00	1070.87	64	-0.88	0.3808
<b>Tratamento × semana</b>	1		3	-1158.67	1070.87	64	-1.08	0.2833
<b>Tratamento × semana</b>	1		4	-686.67	1070.87	64	-0.64	0.5237
<b>Tratamento × semana</b>	1		5	-1164.00	1070.87	64	-1.09	0.2811
<b>Tratamento × semana</b>	1		6	-584.00	1070.87	64	-0.55	0.5874

<b>Efeito</b>	<b>Tratamentos</b>	<b>Bloco</b>	<b>Semana</b>	<b>Estimativa</b>	<b>D. padrão</b>	<b>GL</b>	<b>T</b>	<b>P-valor</b>
<b>Tratamento × semana</b>	1		7	-727.67	1070.87	64	-0.68	0.4993
<b>Tratamento × semana</b>	1		8	-388.00	1070.87	64	-0.36	0.7183
<b>Tratamento × semana</b>	1		9	0	.	.	.	.
<b>Tratamento × semana</b>	2		1	1052.33	1070.87	64	0.98	0.3295
<b>Tratamento × semana</b>	2		2	946.00	1070.87	64	0.88	0.3803
<b>Tratamento × semana</b>	2		3	931.00	1070.87	64	0.87	0.3879
<b>Tratamento × semana</b>	2		4	1074.00	1070.87	64	1.00	0.3197
<b>Tratamento × semana</b>	2		5	602.00	1070.87	64	0.56	0.5760
<b>Tratamento × semana</b>	2		6	-393.00	1070.87	64	-0.37	0.7148
<b>Tratamento × semana</b>	2		7	1592.33	1070.87	64	1.49	0.1419
<b>Tratamento × semana</b>	2		8	835.33	1070.87	64	0.78	0.4382
<b>Tratamento × semana</b>	2		9	0	.	.	.	.
<b>Tratamento × semana</b>	3		1	868.67	1070.87	64	0.81	0.4203
<b>Tratamento × semana</b>	3		2	776.33	1070.87	64	0.72	0.4711
<b>Tratamento × semana</b>	3		3	609.33	1070.87	64	0.57	0.5713
<b>Tratamento × semana</b>	3		4	660.33	1070.87	64	0.62	0.5397
<b>Tratamento × semana</b>	3		5	-828.00	1070.87	64	-0.77	0.4422
<b>Tratamento × semana</b>	3		6	37.0000	1070.87	64	0.03	0.9725
<b>Tratamento × semana</b>	3		7	-742.33	1070.87	64	-0.69	0.4907
<b>Tratamento × semana</b>	3		8	1008.67	1070.87	64	0.94	0.3498
<b>Tratamento × semana</b>	3		9	0	.	.	.	.
<b>Tratamento × semana</b>	4		1	1418.67	1070.87	64	1.32	0.1900
<b>Tratamento × semana</b>	4		2	1250.00	1070.87	64	1.17	0.2474
<b>Tratamento × semana</b>	4		3	1227.33	1070.87	64	1.15	0.2560
<b>Tratamento × semana</b>	4		4	1506.33	1070.87	64	1.41	0.1644
<b>Tratamento × semana</b>	4		5	1118.67	1070.87	64	1.04	0.3001

Efeito	Tratamentos	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
Tratamento × semana	4		6	-696.67	1070.87	64	-0.65	0.5177
Tratamento × semana	4		7	966.33	1070.87	64	0.90	0.3702
Tratamento × semana	4		8	1121.33	1070.87	64	1.05	0.2990
Tratamento × semana	4		9	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		1	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		2	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		3	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		4	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		5	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		6	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		8	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		9	0	.	.	.	.
bloco × semana		1	1	-531.80	829.49	64	-0.64	0.5237
bloco × semana		1	2	-694.60	829.49	64	-0.84	0.4055
bloco × semana		1	3	-756.20	829.49	64	-0.91	0.3654
bloco × semana		1	4	-685.60	829.49	64	-0.83	0.4116
bloco × semana		1	5	-2710.20	829.49	64	-3.27	0.0017
bloco × semana		1	6	-963.40	829.49	64	-1.16	0.2498
bloco × semana		1	7	-2085.00	829.49	64	-2.51	0.0145
bloco × semana		1	8	739.80	829.49	64	0.89	0.3758
bloco × semana		1	9	0	.	.	.	.
bloco × semana		2	1	1020.40	829.49	64	1.23	0.2231
bloco × semana		2	2	742.40	829.49	64	0.90	0.3741
bloco × semana		2	3	929.60	829.49	64	1.12	0.2666
bloco × semana		2	4	1038.00	829.49	64	1.25	0.2154

Efeito	Tratamentos	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
<b>bloco × semana</b>		2	5	-395.00	829.49	64	-0.48	0.6356
<b>bloco × semana</b>		2	6	-911.80	829.49	64	-1.10	0.2758
<b>bloco × semana</b>		2	7	253.60	829.49	64	0.31	0.7608
<b>bloco × semana</b>		2	8	-610.80	829.49	64	-0.74	0.4642
<b>bloco × semana</b>		2	9	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	1	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	2	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	3	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	4	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	5	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	6	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	7	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	8	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	9	0	.	.	.	.

## B- Modelo linear - armadilhas (ranques)

$$\hat{Y}_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + m_k + (\tau m)_{ki} + (\beta m)_{kj}$$

Figura 29: parâmetros do modelo linear - armadilhas

Efeito	Tratamentos	Blocos	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
<u>Intercept</u>				9.8000	2.4762	8	3.96	0.0042
Tratamentos	1			2.6667	2.9596	8	0.90	0.3939
Tratamentos	2			-3.6667	2.9596	8	-1.24	0.2505
Tratamentos	3			-4.0000	2.9596	8	-1.35	0.2135
Tratamentos	4			-5.0000	2.9596	8	-1.69	0.1296
Tratamentos	5			0	.	.	.	.
bloco		1		2.8000	2.2925	8	1.22	0.2567
bloco		2		-2.2000	2.2925	8	-0.96	0.3653
bloco		3		0	.	.	.	.
semana			1	-3.2000	2.5658	64	-1.25	0.2169
semana			2	0.1333	2.5658	64	0.05	0.9587
semana			3	-0.6000	2.5658	64	-0.23	0.8159
semana			4	-1.9333	2.5658	64	-0.75	0.4539
semana			5	1.2000	2.5658	64	0.47	0.6416
semana			6	0.6000	2.5658	64	0.23	0.8159
semana			7	0.7333	2.5658	64	0.29	0.7759
semana			8	-1.6000	2.5658	64	-0.62	0.5351
semana			9	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	1		1	1.6667	3.0667	64	0.54	0.5887
Tratamentos × semana	1		2	-1.0000	3.0667	64	-0.33	0.7454
Tratamentos × semana	1		3	-2.0000	3.0667	64	-0.65	0.5166
Tratamentos × semana	1		4	1.0000	3.0667	64	0.33	0.7454
Tratamentos × semana	1		5	-2.0000	3.0667	64	-0.65	0.5166
Tratamentos × semana	1		6	-0.6667	3.0667	64	-0.22	0.8286
Tratamentos × semana	1		7	-1.0000	3.0667	64	-0.33	0.7454

Efeito	Tratamentos	Blocos	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
Tratamentos × semana	1		8	-1.0000	3.0667	64	-0.33	0.7454
Tratamentos × semana	1		9	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	2		1	6.3333	3.0667	64	2.07	0.0430
Tratamentos × semana	2		2	7.3333	3.0667	64	2.39	0.0197
Tratamentos × semana	2		3	7.6667	3.0667	64	2.50	0.0150
Tratamentos × semana	2		4	5.3333	3.0667	64	1.74	0.0868
Tratamentos × semana	2		5	6.0000	3.0667	64	1.96	0.0548
Tratamentos × semana	2		6	1.6667	3.0667	64	0.54	0.5887
Tratamentos × semana	2		7	6.3333	3.0667	64	2.07	0.0430
Tratamentos × semana	2		8	3.0000	3.0667	64	0.98	0.3316
Tratamentos × semana	2		9	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	3		1	-0.3333	3.0667	64	-0.11	0.9138
Tratamentos × semana	3		2	-0.3333	3.0667	64	-0.11	0.9138
Tratamentos × semana	3		3	-0.3333	3.0667	64	-0.11	0.9138
Tratamentos × semana	3		4	-1.3333	3.0667	64	-0.43	0.6652
Tratamentos × semana	3		5	-1.3333	3.0667	64	-0.43	0.6652
Tratamentos × semana	3		6	3.0000	3.0667	64	0.98	0.3316
Tratamentos × semana	3		7	-2.0000	3.0667	64	-0.65	0.5166
Tratamentos × semana	3		8	3.6667	3.0667	64	1.20	0.2362
Tratamentos × semana	3		9	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	4		1	7.3333	3.0667	64	2.39	0.0197
Tratamentos × semana	4		2	7.3333	3.0667	64	2.39	0.0197
Tratamentos × semana	4		3	4.6667	3.0667	64	1.52	0.1330
Tratamentos × semana	4		4	6.6667	3.0667	64	2.17	0.0334
Tratamentos × semana	4		5	7.3333	3.0667	64	2.39	0.0197
Tratamentos × semana	4		6	1.0000	3.0667	64	0.33	0.7454



Efeito	Tratamentos	Blocos	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
Tratamentos × semana	4		7	5.0000	3.0667	64	1.63	0.1079
Tratamentos × semana	4		8	4.3333	3.0667	64	1.41	0.1625
Tratamentos × semana	4		9	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		1	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		2	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		3	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		4	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		5	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		6	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		8	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		9	0	.	.	.	.
bloco × semana		1	1	-3.6000	2.3755	64	-1.52	0.1346
bloco × semana		1	2	-6.6000	2.3755	64	-2.78	0.0072
bloco × semana		1	3	-6.8000	2.3755	64	-2.86	0.0057
bloco × semana		1	4	-5.6000	2.3755	64	-2.36	0.0215
bloco × semana		1	5	-9.0000	2.3755	64	-3.79	0.0003
bloco × semana		1	6	-2.4000	2.3755	64	-1.01	0.3161
bloco × semana		1	7	-7.6000	2.3755	64	-3.20	0.0021
bloco × semana		1	8	0.6000	2.3755	64	0.25	0.8014
bloco × semana		1	9	0	.	.	.	.
bloco × semana		2	1	4.2000	2.3755	64	1.77	0.0818
bloco × semana		2	2	-1.8000	2.3755	64	-0.76	0.4514
bloco × semana		2	3	2.6000	2.3755	64	1.09	0.2778
bloco × semana		2	4	4.4000	2.3755	64	1.85	0.0686
bloco × semana		2	5	-0.6000	2.3755	64	-0.25	0.8014

Efeito	Tratamentos	Blocos	Semana	Estimativa	D. padrão	GL	T	P-valor
<b>bloco × semana</b>		2	6	-2.4000	2.3755	64	-1.01	0.3161
<b>bloco × semana</b>		2	7	0.4000	2.3755	64	0.17	0.8668
<b>bloco × semana</b>		2	8	-1.8000	2.3755	64	-0.76	0.4514
<b>bloco × semana</b>		2	9	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	1	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	2	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	3	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	4	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	5	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	6	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	7	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	8	0	.	.	.	.
<b>bloco × semana</b>		3	9	0	.	.	.	.

## C- Modelo linear - plantas

$$\hat{Y}_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + m_k + (\tau m)_{ki} + (\beta m)_{kj}$$

Figura 30: parâmetros do modelo linear - plantas

Efeito	Tratamento	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	T	P-valor
Intercepto				30.2190	11.7030	96	2.58	0.0113
Tratamento	1			74.7333	14.5963	96	5.12	<.0001
Tratamento	2			15.4667	14.5963	96	1.06	0.2920
Tratamento	3			-5.7333	14.5963	96	-0.39	0.6953
Tratamento	4			58.1333	14.5963	96	3.98	0.0001
Tratamento	5			63.1333	14.5963	96	4.33	<.0001
Tratamento	6			-2.2667	14.5963	96	-0.16	0.8769
Tratamento	7			0	.	.	.	.
bloco		1		-49.8571	9.5555	96	-5.22	<.0001
bloco		2		-9.8000	9.5555	96	-1.03	0.3077
bloco		3		0	.	.	.	.
semana			1	-25.8000	14.7772	576	-1.75	0.0814
semana			2	-20.2095	14.7772	576	-1.37	0.1720
semana			3	-15.1905	14.7772	576	-1.03	0.3044
semana			4	-10.5905	14.7772	576	-0.72	0.4739
semana			5	-16.6095	14.7772	576	-1.12	0.2615
semana			6	-4.6857	14.7772	576	-0.32	0.7513
semana			7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	1		1	-72.9333	18.4304	576	-3.96	<.0001
Tratamento × semana	1		2	-73.6000	18.4304	576	-3.99	<.0001
Tratamento × semana	1		3	-77.0000	18.4304	576	-4.18	<.0001
Tratamento × semana	1		4	-62.2000	18.4304	576	-3.37	0.0008
Tratamento × semana	1		5	-58.1333	18.4304	576	-3.15	0.0017
Tratamento × semana	1		6	-48.8000	18.4304	576	-2.65	0.0083

Efeito	Tratamento	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	T	P-valor
Tratamento × semana	1		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	2		1	-15.8000	18.4304	576	-0.86	0.3916
Tratamento × semana	2		2	-15.2000	18.4304	576	-0.82	0.4099
Tratamento × semana	2		3	-21.3333	18.4304	576	-1.16	0.2475
Tratamento × semana	2		4	-21.0000	18.4304	576	-1.14	0.2550
Tratamento × semana	2		5	-8.2000	18.4304	576	-0.44	0.6565
Tratamento × semana	2		6	10.8667	18.4304	576	0.59	0.5557
Tratamento × semana	2		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	3		1	3.6667	18.4304	576	0.20	0.8424
Tratamento × semana	3		2	-1.0667	18.4304	576	-0.06	0.9539
Tratamento × semana	3		3	-2.2667	18.4304	576	-0.12	0.9022
Tratamento × semana	3		4	-1.2667	18.4304	576	-0.07	0.9452
Tratamento × semana	3		5	4.5333	18.4304	576	0.25	0.8058
Tratamento × semana	3		6	-2.7333	18.4304	576	-0.15	0.8822
Tratamento × semana	3		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	4		1	-56.4000	18.4304	576	-3.06	0.0023
Tratamento × semana	4		2	-54.6667	18.4304	576	-2.97	0.0031
Tratamento × semana	4		3	-60.6000	18.4304	576	-3.29	0.0011
Tratamento × semana	4		4	-26.9333	18.4304	576	-1.46	0.1445
Tratamento × semana	4		5	-19.4000	18.4304	576	-1.05	0.2930
Tratamento × semana	4		6	-23.2000	18.4304	576	-1.26	0.2086
Tratamento × semana	4		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	5		1	-54.4667	18.4304	576	-2.96	0.0033
Tratamento × semana	5		2	-63.6667	18.4304	576	-3.45	0.0006
Tratamento × semana	5		3	-62.8667	18.4304	576	-3.41	0.0007
Tratamento × semana	5		4	-37.9333	18.4304	576	-2.06	0.0400

Efeito	Tratamento	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	T	P-valor
Tratamento × semana	5		5	-24.8000	18.4304	576	-1.35	0.1790
Tratamento × semana	5		6	-33.0000	18.4304	576	-1.79	0.0739
Tratamento × semana	5		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	6		1	2.1333	18.4304	576	0.12	0.9079
Tratamento × semana	6		2	-3.7333	18.4304	576	-0.20	0.8395
Tratamento × semana	6		3	-5.0000	18.4304	576	-0.27	0.7863
Tratamento × semana	6		4	0.4667	18.4304	576	0.03	0.9798
Tratamento × semana	6		5	4.0667	18.4304	576	0.22	0.8254
Tratamento × semana	6		6	-2.7333	18.4304	576	-0.15	0.8822
Tratamento × semana	6		7	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		1	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		2	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		3	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		4	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		5	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		6	0	.	.	.	.
Tratamento × semana	7		7	0	.	.	.	.
bloco × semana		1	1	47.2857	12.0655	576	3.92	<.0001
bloco × semana		1	2	45.3429	12.0655	576	3.76	0.0002
bloco × semana		1	3	39.8571	12.0655	576	3.30	0.0010
bloco × semana		1	4	23.8571	12.0655	576	1.98	0.0485
bloco × semana		1	5	25.0571	12.0655	576	2.08	0.0383
bloco × semana		1	6	17.1714	12.0655	576	1.42	0.1552
bloco × semana		1	7	0	.	.	.	.
bloco × semana		2	1	10.1143	12.0655	576	0.84	0.4022
bloco × semana		2	2	15.8857	12.0655	576	1.32	0.1885

Efeito	Tratamento	Bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	T	P-valor
bloco × semana		2	3	2.5143	12.0655	576	0.21	0.8350
bloco × semana		2	4	4.1143	12.0655	576	0.34	0.7332
bloco × semana		2	5	5.7714	12.0655	576	0.48	0.6326
bloco × semana		2	6	0.4857	12.0655	576	0.04	0.9679
bloco × semana		2	7	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	1	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	2	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	3	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	4	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	5	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	6	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	7	0	.	.	.	.

## D- Modelo linear - plantas (ranques)

$$\hat{Y}_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + m_k + (\tau m)_{ki} + (\beta m)_{kj}$$

Figura 31: parâmetros do modelo linear - plantas (ranques)

Efeito	Tratamentos	bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	t Value	Pr >  t
<b>Intercepto</b>				46.3095	7.5634	96	6.12	<.0001
<b>Tratamentos</b>	1			38.7000	9.4332	96	4.10	<.0001
<b>Tratamentos</b>	2			24.6333	9.4332	96	2.61	0.0105
<b>Tratamentos</b>	3			-11.2333	9.4332	96	-1.19	0.2367
<b>Tratamentos</b>	4			16.8333	9.4332	96	1.78	0.0775
<b>Tratamentos</b>	5			22.6667	9.4332	96	2.40	0.0182
<b>Tratamentos</b>	6			-3.8667	9.4332	96	-0.41	0.6828
<b>Tratamentos</b>	7			0	.	.	.	.
<b>bloco</b>		1		-19.2286	6.1755	96	-3.11	0.0024
<b>bloco</b>		2		1.7000	6.1755	96	0.28	0.7837
<b>bloco</b>		3		0	.	.	.	.
<b>semana</b>			1	-3.6905	8.6620	576	-0.43	0.6702
<b>semana</b>			2	0.7476	8.6620	576	0.09	0.9312
<b>semana</b>			3	23.7429	8.6620	576	2.74	0.0063
<b>semana</b>			4	13.4381	8.6620	576	1.55	0.1214
<b>semana</b>			5	7.1810	8.6620	576	0.83	0.4074
<b>semana</b>			6	7.4619	8.6620	576	0.86	0.3893
<b>semana</b>			7	0	.	.	.	.
<b>Tratamentos × semana</b>	1		1	-18.9667	10.8034	576	-1.76	0.0797
<b>Tratamentos × semana</b>	1		2	-25.1333	10.8034	576	-2.33	0.0203
<b>Tratamentos × semana</b>	1		3	-31.5000	10.8034	576	-2.92	0.0037
<b>Tratamentos × semana</b>	1		4	-8.5000	10.8034	576	-0.79	0.4317
<b>Tratamentos × semana</b>	1		5	-21.2333	10.8034	576	-1.97	0.0498
<b>Tratamentos × semana</b>	1		6	-11.5667	10.8034	576	-1.07	0.2848

Efeito	Tratamentos	bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	t Value	Pr >  t
Tratamentos × semana	1		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	2		1	-16.9667	10.8034	576	-1.57	0.1169
Tratamentos × semana	2		2	-17.0000	10.8034	576	-1.57	0.1161
Tratamentos × semana	2		3	-30.3000	10.8034	576	-2.80	0.0052
Tratamentos × semana	2		4	-21.5000	10.8034	576	-1.99	0.0471
Tratamentos × semana	2		5	-16.4333	10.8034	576	-1.52	0.1288
Tratamentos × semana	2		6	6.5667	10.8034	576	0.61	0.5435
Tratamentos × semana	2		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	3		1	4.1667	10.8034	576	0.39	0.6999
Tratamentos × semana	3		2	-0.7667	10.8034	576	-0.07	0.9435
Tratamentos × semana	3		3	-8.1333	10.8034	576	-0.75	0.4518
Tratamentos × semana	3		4	5.3667	10.8034	576	0.50	0.6196
Tratamentos × semana	3		5	2.3333	10.8034	576	0.22	0.8291
Tratamentos × semana	3		6	-7.3333	10.8034	576	-0.68	0.4975
Tratamentos × semana	3		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	4		1	-8.0333	10.8034	576	-0.74	0.4574
Tratamentos × semana	4		2	1.1333	10.8034	576	0.10	0.9165
Tratamentos × semana	4		3	-7.1333	10.8034	576	-0.66	0.5093
Tratamentos × semana	4		4	-6.3667	10.8034	576	-0.59	0.5559
Tratamentos × semana	4		5	-4.3000	10.8034	576	-0.40	0.6908
Tratamentos × semana	4		6	1.8667	10.8034	576	0.17	0.8629
Tratamentos × semana	4		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	5		1	1.4000	10.8034	576	0.13	0.8969
Tratamentos × semana	5		2	-14.3667	10.8034	576	-1.33	0.1841
Tratamentos × semana	5		3	-27.9667	10.8034	576	-2.59	0.0099

Efeito	Tratamentos	bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	t Value	Pr >  t
Tratamentos × semana	5		4	-18.1333	10.8034	576	-1.68	0.0938
Tratamentos × semana	5		5	-14.5333	10.8034	576	-1.35	0.1791
Tratamentos × semana	5		6	-13.5000	10.8034	576	-1.25	0.2120
Tratamentos × semana	5		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	6		1	10.6333	10.8034	576	0.98	0.3254
Tratamentos × semana	6		2	-8.5000	10.8034	576	-0.79	0.4317
Tratamentos × semana	6		3	-9.0667	10.8034	576	-0.84	0.4017
Tratamentos × semana	6		4	7.3667	10.8034	576	0.68	0.4956
Tratamentos × semana	6		5	-0.2000	10.8034	576	-0.02	0.9852
Tratamentos × semana	6		6	-7.0667	10.8034	576	-0.65	0.5133
Tratamentos × semana	6		7	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		1	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		2	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		3	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		4	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		5	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		6	0	.	.	.	.
Tratamentos × semana	7		7	0	.	.	.	.
bloco × semana		1	1	11.5571	7.0725	576	1.63	0.1028
bloco × semana		1	2	6.5714	7.0725	576	0.93	0.3532
bloco × semana		1	3	-10.7857	7.0725	576	-1.53	0.1278
bloco × semana		1	4	-13.7571	7.0725	576	-1.95	0.0522
bloco × semana		1	5	-0.4714	7.0725	576	-0.07	0.9469
bloco × semana		1	6	-5.7286	7.0725	576	-0.81	0.4183
bloco × semana		1	7	0	.	.	.	.



Efeito	Tratamentos	bloco	Semana	Estimativa	D. padrão	DF	t Value	Pr >  t
bloco × semana		2	1	11.4143	7.0725	576	1.61	0.1071
bloco × semana		2	2	18.8857	7.0725	576	2.67	0.0078
bloco × semana		2	3	-11.5429	7.0725	576	-1.63	0.1032
bloco × semana		2	4	-8.6571	7.0725	576	-1.22	0.2214
bloco × semana		2	5	2.2286	7.0725	576	0.32	0.7528
bloco × semana		2	6	-3.3571	7.0725	576	-0.47	0.6352
bloco × semana		2	7	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	1	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	2	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	3	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	4	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	5	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	6	0	.	.	.	.
bloco × semana		3	7	0	.	.	.	.