

# Bárbara Maria de Andrade Costa



Doutoranda em Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biologia, USP. O título da minha tese é: “Evolução e integração morfológica dos roedores da subfamília Sigmodontinae Wagner, 1843 (RODENTIA, CRICETIDAE)”, orientada pelo professor Gabriel Marroig.

## Exercícios

[exercicio1\\_F](#)

[exercicio2\\_F](#)

[exercicio3\\_F](#)

[exercicio4\\_F](#)

[exercicio5\\_F](#)

[exercicio6\\_F](#)

[exercicio7\\_F](#)

[exercicio8\\_F](#)

[exercicio9\\_F](#)

## Trabalho Final

Meu projeto de doutorado tem como objetivo analisar a integração morfológica dos roedores da subfamília Sigmodontinae. Na coleta de dados, registro 21 pontos de referência nos crânios dos roedores utilizando um digitalizador Microscribe 3D MX . Com base nesses pontos calculo 35 distâncias lineares que descrevem a morfologia craniana dos indivíduos. Todos os espécimes são medidos duas vezes, o que permite calcular a repetibilidade, a fim de avaliar o erro das medidas.

A repetibilidade é definida como sendo a porcentagem da variação total das medidas que é “real” e não está associada, portanto, ao erro de observação (diferença entre a primeira e a segunda medição). Este cálculo costuma ser realizado através de Análise de Variância, em que os indivíduos representam a variável independente e cada distância representa a variável dependente. Isso acaba se tornando um processo lento, uma vez que deve ser realizada uma ANOVA para cada uma das 35 distâncias.

Dessa maneira, pretendo criar uma função no R que calcule de uma só vez a repetibilidade de todas as distâncias em todos os indivíduos medidos . Pretendo escrever essa função a partir de um data frame (indivíduos e distâncias).

## Comentários PI

Ótima proposta! Perfeita para aprofundar-se na partição de variância que uma ANOVA faz, e também em como extrair estas informações de um objeto `lm` ou `aov` no R. Veja também as funções que já existem para partição de variância. Talvez seja mais fácil obter delas a informação que vc precisa.

Tente fazer a função o mais genérica possível, e não apenas para seus ratinhos ok?

## Código da Função

```
repet<-function(dados)
{
  ID<-as.factor(dados$ID)
  distancias<-dim(dados)[2]
  repetibilidade = c()
  for(i in 2:distancias)
  {
    result.1=lm(dados[,i]~ID)
    result.2=anova(result.1)
    Ve=result.2[1,3]
    repetibilidade[i-1]=Ve/sum(result.2[,3])
  }
  names(repetibilidade)<-colnames(dados)[2:distancias]
  return(repetibilidade)
}
```

## Arquivo da Função

[repetibilidade](#)

## Página de Ajuda

```
repet{}                                package:repetibilidade                R Documentation

      Calculo da repetibilidade das amostras

Description:

      A função calcula a repetibilidade das amostras para cada variável
tomada.

Usage:
```

repet(x)

#### Arguments:

x um data frame. Objeto contendo os dados para a análise de repetibilidade

#### Details:

no objeto (x) a primeira coluna deve conter a variável independente e as seguintes as variáveis dependentes. No exemplo, os indivíduos podem ser considerados como a variável independente e as medidas (distâncias) são as variáveis dependentes.

#### Value:

A função retorna um vetor numérico que informa a repetibilidade das variáveis dependentes presentes no objeto inicial. Cada variável aparecerá com o seu nome associado para identificação do leitor.

#### Warning:

A função está adequada para receber um data.frame no qual a primeira coluna contém a variável independente e está identificada como ID. A função criada transforma essa primeira coluna em fator para análise. Os objetos de entrada da função, portanto, devem estar nesse formato (título: ID). Caso o título da variável da primeira coluna seja diferente deve-se alterar na função. Exemplo, o nome da primeira coluna do novo objeto criado é INDIVIDUOS. Onde consta na função o código: `ID<-as.factor(dados$ID)`, deve ser alterado para `INDIVIDUO <- as.factor(dados$INDIVIDUO)`.

Para as colunas seguintes (variáveis dependentes) a função não tem problemas quanto a modificação dos nomes e da quantidade das variáveis.

#### Author(s):

Bárbara Maria de Andrade Costa  
Guilherme Garcia  
Harley Sebastião da Silva  
Gabriel Marroig

#### References:

Falconer, D.S. & Mackay TFC (1996). Introduction to Quantitative Genetics. Fourth edition. Addison

Wesley Longman, Harlow, Essex, UK.

Sokal, R. R. and F. J. Rohlf. 1995. Introduction to the analysis of variance. In: Biometry: the principles and practice of statistics in biological research. 3rd edition. W. H. Freeman and Co.: New York. 887 pp.  
ISBN:0-7167-2411-1.

Examples:

#Exemplo simples de um data.frame com cinco indivíduos e apenas uma variável dependente (distancia ISPM):

```
ID<-c(1,1,2,2,3,3,4,4,5,5)#5 indivíduos medidos duas vezes
```

```
ID
```

```
ISPM<-c(1.78039231926814,1.80526479797148,1.8181259854412,
```

```
1.738829393,1.713498071,1.655614264,1.879311396,
```

```
1.785834126,1.777409623,1.883790524) # distancia (ISPM),      #duas para
```

cada individuo

```
ISPM
```

```
morcegos<-data.frame(ID,ISPM)
```

```
morcegos
```

```
repet(morcegos)
```

#Exemplo com o arquivo "dados" (link logo abaixo) usado como modelo para criar a função de repetibilidade.

Nesse caso, o numero de variáveis dependentes é maior. Dica: para facilitar, salve o arquivo dados, como csv

(e nao txt). O cabeçalho do arquivo da função está como csv, separado por ";" (ou seja: ".csv2" no R)

[dados](#)

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

[http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05\\_curso\\_antigo:r2010:alunos:trabalho\\_final:tafinha:start](http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2010:alunos:trabalho_final:tafinha:start)



Last update: **2020/08/12 06:04**