

Camila Gastaldi Blanco

Mestranda em Zoologia, Instituto de Biociência de Botucatu, UNESP. Trabalho com ecologia de costões rochosos e minha tese é: "Macrofauna associada aos bancos de mexilhão Perna perna: padrões naturais, pressão de predação e o efeito da pesca", orientação: Profa.Dra. Tânia Marcia Costa e Prof.Dr. Ronaldo Adriano Christofolletti

Meus Exercícios

[aula_1.r](#) [aula_2.r](#) [aula_3.r](#) [aula_4.r](#) [aula_5.r](#) [aula_6.r](#) [aula_7.r](#) [aula_8.r](#)

Proposta de Trabalho Final

Percebi com meu tcc, que possuía muitos dados não paramétricos, a dificuldade de analisá-los com os programas e análises estatísticas recorrentes, e necessidade de embasar minhas conclusões com outros tipos de análises, que poderiam até ser um pouco mais subjetivas, mas tão esclarecedoras quanto. Por isso minhas propostas se baseiam em análises multivariadas e exploratórias.

Principal

Criar uma função de análise de Permanova de três vias, para fatores fixos ou aleatórios, ortogonais ou aninhados, sobre uma matriz de dados (muitos dados)(biomassa ou abundância, por exemplo).

Plano B

Com os mesmos parâmetros da proposta anterior criar uma função de análise exploratória, como o MDS ou SIMPER, para melhor visualização da distribuição dos dados.

Comentários

Ale: acho interessante fazer uma função para uma análise de Permutação da MANOVA. Só acho que é um desafio grande demais para pouco tempo. A base para isso é a aula de hoje sobre Monte-Carlo e a aula sobre ANOVA... Uma sugestão seria iniciar fazendo um teste de anova por permutação uma (peranova) e depois, passado esse primeiro desafio investir em um PERMANOVA! Para o curso uma pernova (Não acho que exista esse termo!) já é um bom desafio... O livro do Manly tem algumas dicas...

Paulo: Após ver seu código, faltaria permitir diferentes tipos de permutações, e não apenas embaralhar todos os valores da matriz. Por exemplo, vc poderia colocar a opção de embaralhar dentro de linhas ou dentro de colunas

Minha Função (dif.community)

```
dif.community<-function(matrix, dim=(matrix))
{
  med.total=mean(matrix)
  dif.obs=sum(abs(apply(matrix,2,mean)-med.total))
  resultado <-rep(NA,4000)
  resultado [1]<-dif.obs
  for(i in 2:4000)
  {
    permutação<-matrix(sample(matrix),ncol=dim(matrix),
nrow=dim(matrix))
    dif.simulada=sum(abs(apply(permutação,2,mean)-med.total))
    resultado[i]<-dif.simulada
  }
  hipotese=(sum(resultado<=dif.obs))/4000
  plot(density(resultado),xlab="Diferença entre
locais",ylab="Frequencia",main="")
  abline(v=dif.obs, col="green")
  return(hipotese)
}
```

Página de Ajuda

dif.community

package:nenhum

R Documentation

A função é um teste por permutação que analisa diferença estatística de parâmetros entre diferentes amostragens

Description:

Retorna o resultado estatístico da diferença de valores pré-estabelecidos (parâmetros ecológicos: abundância, riqueza, biomassa, diversidade, etc), entre diferentes locais ou amostras. Essa análise utiliza a permutação (4000 vezes) dos valores observados e não possui premissas de distribuição de testes de hipóteses. Produz, também, um gráfico(densidade) para melhor visualização dos resultados obtidos, que possui uma linha demarcando a diferença observada.

Usage:

```
dif.community (matrix, dim(matrix))
```

Arguments:

`x`: matrix (numérica).
`dim()`: retornar as dimensões da matriz, número de linhas e colunas.

Details:

Os valores das amostras são organizados em matriz, sendo cada coluna uma amostra ou local, a média de cada coluna é subtraída da média total da coluna e o mesmo processo é aplicado para a matriz permutada (com a função `sample()`). Dentro do processo de ciclos (`for()`) esses valores são armazenados em um resultado que será testado em relação ao valor da diferença observado (`dif.obs`) e aplicados dentro de um gráfico (`plot`), inserindo uma linha (`abline`) representando o valor da diferença observada.

Value:

Valor obtido refere-se ao p unicaudal referente ao teste de significancia das diferenças e o gráfico gerado apresenta todos os 4000 valores, 3999 simulados comparados com o observado ,esse explicitado pela linha verde (`abline`).

Obs : valores da amostra formatados em matriz (parâmetros=linhas, locais/amostras=colunas)

Author(s):

Camila Gastaldi Blanco

gb.camila@gmail.com

References:

Manly, B.F.J (2004) Randomization, Bootstrap and Monte Carlo Methods in Bioloy, Second edition, University of Otago, New Zeland.

See Also:

'sample' do pacote base, utilizado para as permutações

'for' para produção dos ciclos de repetição

'plot' e 'abline' utilizados para o

Examples:

Diferença dos valores de riqueza de espécies animais em
seis costões rochosos diferentes:

```
dif.community(matrix)
```

```
matrix<-matrix(c(5,5,3,5,7,4,11,6,8,5,4,8,10,12,8,7,10,7,3,4,9,4,6,9,7,  
6,7,9,7,3,9,9,7,6,7,9,7,3,9,9,10,7,6,8,8,9,9,6),ncol=6,nrow=8)
```

Arquivo da Função

[funcao_final_dif.community_.r](#) [pagina_de_ajuda.r](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:camila_blanco:start 

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