

Memória reunião Ale e Thayná 27 março 2013 - Análise de dados.

BANDEJAS:

Script: scripbandejas09abril13.R

Dados: "BANDEJAS.csv"

Revisamos a análise dos dados de germinação nas bandejas com GLM:

Call:

```
glm(formula = ybin ~ leu, family = binomial, data = band)
```

Deviance Residuals:

| Min | 1Q | Median | 3Q | Max |
|---------|---------|--------|--------|--------|
| -3.8839 | -0.2756 | 0.3232 | 1.0349 | 1.8489 |

Coefficients:

| | Estimate | Std. Error | z value | Pr(> z) | |
|-------------|----------|------------|---------|----------|-----|
| (Intercept) | 1.1684 | 0.1257 | 9.297 | <2e-16 | *** |
| leu | 0.4898 | 0.1925 | 2.545 | 0.0109 | * |

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

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

| | | | |
|--------------------|--------|-------|--------------------|
| Null deviance: | 52.072 | on 19 | degrees of freedom |
| Residual deviance: | 45.494 | on 18 | degrees of freedom |
| AIC: | 118.25 | | |

Number of Fisher Scoring iterations: 4

Nesta análise, encontramos efeito significativo da presença de Leucena no solo, aumentando a probabilidade de germinação. Comparação com o modelo nulo:

| | AIC | df | dAIC |
|----------|-------|----|------|
| glm.leu | 118.3 | 2 | 0.0 |
| glm.null | 122.8 | 1 | 4.6 |

Decidimos testar a análise incorporando a bandeja como variável randômica, usando modelos mistos:

Generalized linear mixed model fit by the Laplace approximation

Formula: suc ~ leu + (1 | ban)

Data: germ1

| AIC | BIC | logLik | deviance |
|-------|-------|--------|----------|
| 686.1 | 699.7 | -340 | 680.1 |

Random effects:

| Groups | Name | Variance | Std.Dev. |
|--------|-------------|----------|----------|
| ban | (Intercept) | 0.24234 | 0.49228 |

Number of obs: 700, groups: ban, 20

Fixed effects:

| | Estimate | Std. Error | z value | Pr(> z) | |
|-------------|----------|------------|---------|----------|-----|
| (Intercept) | 1.2264 | 0.2021 | 6.068 | 1.29e-09 | *** |
| leu1 | 0.5169 | 0.2963 | 1.745 | 0.081 | . |

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

Correlation of Fixed Effects:

| | |
|--------|--------|
| (Intr) | |
| leu1 | -0.682 |

Andamento:

Havia um erro na preparação do código para o modelo nulo, pois cada planta não estava sendo considerada individualmente. Corrigi este erro e rodei novamente os modelos. Falta conferir com Ale se está correto (os valores não mudam!):

```
> summary(misto.leu)
Generalized linear mixed model fit by the Laplace approximation
Formula: suc ~ leu + (1 | ban)
Data: germ1
   AIC   BIC logLik deviance
686.1 699.7  -340   680.1
Random effects:
Groups Name          Variance Std.Dev.
ban      (Intercept) 0.24234  0.49228
Number of obs: 700, groups: ban, 20

Fixed effects:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.2264      0.2021   6.068 1.29e-09 ***
leu          0.5169      0.2963   1.745  0.081 .
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:
      (Intr)
leu -0.682
> misto.nulo<-glmer(suc~1+(1|ban), data=germ1,family=binomial)
> summary(misto.nulo)
Generalized linear mixed model fit by the Laplace approximation
Formula: suc ~ 1 + (1 | ban)
Data: germ1
   AIC   BIC logLik deviance
686.9 696  -341.5   682.9
Random effects:
Groups Name          Variance Std.Dev.
ban      (Intercept) 0.29613  0.54418
Number of obs: 700, groups: ban, 20

Fixed effects:
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  1.4812      0.1565   9.467 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> AICtab(misto,misto.nulo)
      dAIC df
misto     0.0  3
misto.nulo 0.9  2
```

BLOCOS:**Germinação:**

Script: germ blocos misto 09 abril 13.R

Dados: "sobrAg2012.csv"

Revisamos as análises que foram realizadas até agora usando GLM, mas decidimos que incorporar o efeito do bloco é importante, então vamos refazer as análises destes dados usando modelos mistos.

Andamento:

Escrevi o script para seleção de modelos usando glmer, precisamos conferir se está correto.

Sobrevivência:

Formato planilha Cris:

Script: sobrevivencia blocos.R

Dados: "survival.csv"

Fazer gráfico com média de sobrevivência nos blocos por tratamento. Fazer bootstrap e colocar "envelope" de confiança nas linhas.

Iremos usar o mesmo formato de planilha usado pela Cris, identificando cada censo por um número e relacionando todas as plantas que estavam vivas em cada censo. A análise será feita com GLM Misto.

Andamento:

O formato de planilha usado pela Cris não deu certo para fazer o bootstrap por que os zeros sumiam. Acho que isso afeta o cálculo da média. Criei uma planilha com a contagem de vivas por parcela incluindo o zero, aí funcionou para o bootstrap, mas não vai funcionar pra um glmm (pq ficou por parcela, não por planta individualmente).

Formato planilha original:

Script: sobrevivencia VM.R

Dados: "SOBREVIVENCIAJANEIRO13.csv"

Tentei fazer com o formato original da planilha, com V/M e cada censo em uma coluna, mas não consegui fazer o gráfico com a variável resposta nas colunas, nem transformar as colunas em linhas... "será se dá?"

Crescimento:

Ainda não discutimos como estes dados serão analisados.

Em relação aos gráficos, pensamos em buscar exemplos nos trabalhos da Liza Comita.

Mas isso seria para o glm, não para o glmer, certo?