

# trabalho final

Abaixo segue o script da minha função realizada, pensando na proposta A.

```
develop <- function(x, temp, data){ #CRIANDO A FUNÇÃO

##### PRIMEIRA FASE. CRIAR OS DATAFRAMES COM OS
VALORES QUE PODERÃO SER CHAMADOS PELO USUÁRIO
#####
  dados.cmac25 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,12,24,36,48,60,72,84,96,108,12,24,36,48,60,72,
84,96,108,120,132,144),
                           Temperatura = rep(25, 30),
                           Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(9,9,12))),
                           Peso = c(0.0006, 0.0029, 0.0101,
0.0202, 0.0478, 0.0557, 0.0591, 0.0491, 0.0442, 0.0004,
0.0021, 0.0093, 0.0181, 0.035, 0.0501,
0.0571, 0.0538, 0.0499,
0.0004, 0.0017, 0.0063, 0.0152, 0.0258, 0.0363, 0.0551,
0.0568, 0.0543, 0.0512, 0.0453, 0.0425)) #criar o objeto com os
valores da espécie macellaria na temp de 25
  dados.cmac25$Idade <- as.factor(dados.cmac25$Idade) #alterando a idade
para fator
  dados.cmac30 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,10
8),
                           Temperatura = rep(30,25),
                           Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(8,8,9))),
                           Peso = c(0.0013, 0.0034, 0.0147,
0.0491, 0.0651, 0.0741, 0.0809, 0.0689, 0.0011, 0.0019,
0.0101, 0.0255, 0.0421, 0.0601, 0.0785,
0.0799, 0.0009, 0.0015,
0.0048, 0.0122, 0.0199, 0.0241, 0.0489, 0.0587, 0.058))
#criar o objeto com os valores da espécie macellaria na temp de 30
  dados.cmac30$Idade <- as.factor(dados.cmac30$Idade) #alterando a idade
para fator
  dados.cmac35 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,10
8),
                           Temperatura = rep(35, 25),
                           Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(8,8,9))),
                           Peso = c(0.0016, 0.0042, 0.0162,
0.0518, 0.0679, 0.0761, 0.0829, 0.0754, 0.0013, 0.0025,
0.0117, 0.0352, 0.0621, 0.0815, 0.0811,
0.0759, 0.0011, 0.0025,
```

```
0.0116, 0.0284, 0.0552, 0.0718, 0.0806, 0.0854, 0.0786))  
#criar o objeto com os valores da espécie macellaria na temp de 35  
  dados.cmac35$Idade <- as.factor(dados.cmac35$Idade) #alterando a idade  
para fator  
  dados.cmeg25 <- data.frame(Idade =  
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,12,24,36,48,60,72,84,96,108,12,24,36,48,60,72,  
84,96,108,120,132,144),  
  Temperatura = rep(25, 30),  
  Substrato = rep(c("Musculo", "Fígado",  
"Intestino"), c(9,9,12)),  
  Peso = c(0.0011, 0.0027, 0.0111,  
0.0396, 0.0616, 0.0697, 0.0817, 0.0698, 0.0641, 0.0009,  
0.0023, 0.01, 0.035, 0.0612, 0.0799,  
0.0805, 0.069, 0.0638, 0.0007,  
0.002, 0.029, 0.03, 0.0552, 0.07, 0.0799, 0.08, 0.0731,  
0.0699, 0.0654, 0.0647)) #criar o objeto com os valores da espécie  
megacephala na temp de 25  
  dados.cmeg25$Idade <- as.factor(dados.cmeg25$Idade) #alterando a idade  
para fator  
  dados.cmeg30 <- data.frame(Idade =  
c(12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,10  
8),  
  Temperatura = rep(30, 25),  
  Substrato = rep(c("Musculo", "Fígado",  
"Intestino"), c(8,8,9)),  
  Peso = c(0.0015, 0.0037, 0.0151,  
0.0496, 0.0656, 0.0747, 0.0817, 0.0698, 0.0013, 0.0023,  
0.0114, 0.035, 0.0612, 0.0799, 0.0805,  
0.069, 0.0011, 0.0029,  
0.0069, 0.0289, 0.0552, 0.0711, 0.0799, 0.0878, 0.073))  
#criar o objeto com os valores da espécie megacephala na temp de 30  
  dados.cmeg30$Idade <- as.factor(dados.cmeg30$Idade) #alterando a idade  
para fator  
  dados.cmeg35 <- data.frame(Idade =  
c(12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,10  
8),  
  Temperatura = rep(35, 25),  
  Substrato = rep(c("Musculo", "Fígado",  
"Intestino"), c(8,8,9)),  
  Peso = c(0.0016, 0.0041, 0.0161,  
0.0516, 0.0677, 0.0757, 0.0825, 0.0691, 0.0014, 0.0027,  
0.0121, 0.0359, 0.0622, 0.0819, 0.0805,  
0.0694, 0.0011, 0.0029,  
0.0114, 0.0287, 0.0558, 0.0714, 0.0801, 0.0878, 0.0739))  
#criar o objeto com os valores da espécie megacephala na temp de 35  
  dados.cmeg35$Idade <- as.factor(dados.cmeg35$Idade) #alterando a idade  
para fator  
  dados.calb25 <- data.frame(Idade =  
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,144,156,168,12,24,36,48,60,72,84,96,10  
8,120,132,144,156,168,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,144,156,168,180,19
```

```

2,204,216),
      Temperatura = rep(25, 46),
      Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(14,14,18)),
      Peso =
c(0.12,1.18,4.33,9.47,10.72,18.87,80.04,80.93,83.94,87.31,86.51,80.39,80.18,
62.99,0.15,0.23,2.61,5.16,6.47,17.48,27.2,51.6,51.9,
62.61,58.93,58.79,41.43,40.97,0.17,0.93,3.73,17.63,18.13,30.48,66.57,66.87,7
1.17,74.29,80.55,73.59,73.58,54.49,0.17,0.93,3.73,
17.63)) #criar o objeto com os valores
da espécie albiceps na temp de 25
  dados.calb25$Idade <- as.factor(dados.calb25$Idade) #alterando a idade
para fator
  dados.calb30 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,12,24,36,4
8,60,72,84,96,108,120,132),
      Temperatura = rep(30, 31),
      Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(10,10,11)),
      Peso =
c(1.21,1.62,6.71,14.35,31.92,68.69,80.5,97.47,78.05,59.44,1.58,3.45,12.96,25
.99,64.65,86.82,89.17,82.34,73.72,55.27,1.45,
1.81,6.36,9.13,29.39,31.4,57.08,61.2,55.27,47.75,46.51)) #criar o objeto com
os valores da espécie albiceps na temp de 30
  dados.calb30$Idade <- as.factor(dados.calb30$Idade) #alterando a idade
para fator
  dados.calb35 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,12,24,36,48,60
,72,84,96,108),
      Temperatura = rep(35, 28),
      Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(9,10,9)),
      Peso = c(1.89, 7.02, 41.57, 64.92,
104.87, 92.91, 85.71, 68.48, 61.21, 6.21, 6.99, 33.17,
66.08, 86.51, 78.99, 74.43, 74, 69.19,
51.15, 2.1, 9.93, 42.9,
65.73, 80.96, 81.86, 88.56, 69.81, 58.06)) #criar o objeto
com os valores da espécie albiceps na temp de 35
  dados.calb35$Idade <- as.factor(dados.calb35$Idade) #alterando a idade
para fator
  dados.lexi25 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,144,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,13
2,144,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,144,156,168,180),
      Temperatura = rep(25, 39),
      Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(12,12,15)),
      Peso = c(0.0003, 0.0023, 0.0137,
0.0308, 0.0307, 0.0299, 0.0291, 0.0281, 0.0267, 0.0283,
0.0256, 0.0233, 0.0002, 0.0021, 0.0132,
0.0301, 0.0305, 0.0299,
0.0292, 0.0285, 0.0272, 0.0264, 0.0257, 0.0251, 0.0001,

```

```
0.0014, 0.0121, 0.0258, 0.0309, 0.0315,
0.0312, 0.0291, 0.0284,
0.0271, 0.0265, 0.0252, 0.0247, 0.0242, 0.0242)) #criar o
objeto com os valores da espécie eximia na temp de 25
dados.lexi25$Idade <- as.factor(dados.lexi25$Idade) #alterando a idade
para fator
dados.lexi30 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,12,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,12
,24,36,48,60,72,84,96,108,120,132,144),
Temperatura = rep(30, 34),
Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(11,11,12)),
Peso = c(0.0009, 0.0025, 0.0141,
0.0322, 0.0329, 0.0334, 0.0299, 0.0294, 0.0286, 0.0281,
0.0272, 0.0007, 0.0035, 0.0158, 0.0254,
0.0329, 0.0341, 0.0298,
0.0295, 0.0287, 0.0278, 0.0271, 0.0002, 0.0018, 0.0129,
0.0268, 0.0314, 0.0329, 0.0328,
0.0297, 0.0291, 0.0284,
0.0276, 0.0268)) #criar o objeto com os valores da espécie eximia na temp
de 30
dados.lexi30$Idade <- as.factor(dados.lexi30$Idade) #alterando a idade
para fator
dados.lexi35 <- data.frame(Idade =
c(12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,12,24,36,48,60,72,84,96,10
8),
Temperatura = rep(35, 25),
Substrato = rep(c("Musculo", "Figado",
"Intestino"), c(8,8,9)),
Peso = c(0.0027, 0.0167, 0.0357,
0.0313, 0.0317, 0.0301, 0.0291, 0.0289, 0.0025, 0.0165,
0.0351, 0.0302, 0.0318, 0.0298, 0.0275,
0.0256, 0.0021, 0.0151,
0.0287, 0.0359, 0.0373, 0.0299, 0.0287, 0.0278, 0.0269))
#criar o objeto com os valores da espécie eximia na temp de 35
dados.lexi35$Idade <- as.factor(dados.lexi35$Idade) #alterando a idade
para fator
##### SEGUNDA FASE. DEIXAR O ANOVA de cada
espécie por temperatura já pronta #####
aov.calb25 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.calb25) #anova
em albiceps na temperatura 25
tabela.calb25 <- summary(aov.calb25) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.calb30 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.calb30) #anova
em albiceps na temperatura 30
tabela.calb30 <- summary(aov.calb30) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.calb35 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.calb35) #anova
em albiceps na temperatura 35
tabela.calb35 <- summary(aov.calb35) #jogar a tabela anova para dentro de
```

```
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmac25 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmac25) #anova
em macellaria na temperatura 25
tabela.cmac25 <- summary(aov.cmac25) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmac30 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmac30) #anova
em macellaria na temperatura 30
tabela.cmac30 <- summary(aov.cmac30) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmac35 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmac35) #anova
em macellaria na temperatura 35
tabela.cmac35 <- summary(aov.cmac35) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmeg25 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmeg25) #anova
em megacephala na temperatura 25
tabela.cmeg25 <- summary(aov.cmeg25) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmeg30 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmeg30) #anova
em megacephala na temperatura 30
tabela.cmeg30 <- summary(aov.cmeg30) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.cmeg35 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.cmeg35) #anova
em megacephala na temperatura 35
tabela.cmeg35 <- summary(aov.cmeg35) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.lexi25 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.lexi25) #anova
em eximia na temperatura 25
tabela.lexi25 <- summary(aov.lexi25) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.lexi30 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.lexi30) #anova
em eximia na temperatura 30
tabela.lexi30 <- summary(aov.lexi30) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
aov.lexi35 <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.lexi35) #anova
em eximia na temperatura 35
tabela.lexi35 <- summary(aov.lexi35) #jogar a tabela anova para dentro de
um objeto para que depois eu possa pegar o valor de p
##### TERCEIRA FASE. DEIXAR O TUKEY (JÁ QUE
TODOS DERAM DIFERENÇAS SIGNIFICATIVAS)
PRONTO.#####
tukey.calb25 <- TukeyHSD(aov.calb25) #tukey em albiceps na temperatura 25
tukey.calb25 #ver as relações
tukey.calb30 <- TukeyHSD(aov.calb30) #tukey em albiceps na temperatura 30
tukey.calb30 #ver as relações
tukey.calb35 <- TukeyHSD(aov.calb35) #tukey em albiceps na temperatura 35
tukey.calb35 #ver as relações
tukey.cmeg25 <- TukeyHSD(aov.cmeg25) #tukey em megacephala na temperatura
25
tukey.cmeg25 #ver as relações
tukey.cmeg30 <- TukeyHSD(aov.cmeg30) #tukey em megacephala na temperatura
30
```

```
tukey.cmeg30 #ver as relações
tukey.cmeg35 <- TukeyHSD(aov.cmeg35) #tukey em megacephala na temperatura
35
tukey.cmeg35 #ver as relações
tukey.cmac25 <- TukeyHSD(aov.cmac25) #tukey em macellaria na temperatura
25
tukey.cmac25 #ver as relações
tukey.cmac30 <- TukeyHSD(aov.cmac30) #tukey em macellaria na temperatura
30
tukey.cmac30 #ver as relações
tukey.cmac35 <- TukeyHSD(aov.cmac35) #tukey em macellaria na temperatura
35
tukey.cmac35 #ver as relações
tukey.lexi25 <- TukeyHSD(aov.lexi25) #tukey em eximia na temperatura 25
tukey.lexi25 #ver as relações
tukey.lexi30 <- TukeyHSD(aov.lexi30) #tukey em eximia na temperatura 30
tukey.lexi30 #ver as relações
tukey.lexi35 <- TukeyHSD(aov.lexi35) #tukey em eximia na temperatura 35
tukey.lexi35 #ver as relações
##### QUARTA FASE. USO DOS
IFs #####
if (x == 1 & temp == 25){ #se x for 1 (que será equivalente a calb)
juntamente com temp sendo 25 (25 devido a temperatura ser 25°C)
  cat("O valor de p é:", tabela.calb25[[1]]$"Pr(>F)"[1],"\n") #mostre para
o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será printado a
tabela de tukey
  print(tukey.calb25) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-calb25.jpg", width = 480, height = 480,
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE COMANDO
NA APOSTILA DO CURSO)
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
  par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
  boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.calb25, #o gráfico em si
          main="Curvas de crescimento em C.albiceps \n sob temperatura de
25°C",
          xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 25, 45), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3 traços
no eixo x enfatizando qual substrato é
  mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com o
substrato fígado
  mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=25,cex=1) #legenda no eixo x com
o substrato intestino
  mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=45,cex=1) #legenda no eixo x linha
com o substrato músculo
  dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
  return("Chrysomya albiceps - 25°C") #finalizar a função e retornar esta
mensagem para o usuário
```

```
} else if (x == 1 & temp == 30){ #se x for 1 (que será equivalente a calb)
juntamente com temp sendo 30
  cat("O valor de p é:", tabela.calb30[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n") #mostre
para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será printado a
tabela de tukey
  print(tukey.calb30) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-calb30.jpg", width = 480, height = 480, #Para
salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE COMANDO
NA APOSTILA DO CURSO)
  bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
  par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
  boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.calb30, #o gráfico em si
  main="Curvas de crescimento em C.albiceps \n sob temperatura de
30°C",
  xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 17, 29), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3 traços
no eixo x enfatizando qual substrato é
  mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com o
substrato fígado
  mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=17,cex=1) #legenda no eixo x com
o substrato intestino
  mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=29,cex=1) #legenda no eixo x linha
com o substrato músculo
  dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
  return("Chrysomya albiceps - 30°C") #finalizar a função e retornar esta
mensagem para o usuário
} else if (x == 1 & temp == 35){ #se x for 1 (que será equivalente a calb)
juntamente com temp sendo 35
  cat("O valor de p é:", tabela.calb35[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n") #mostre
para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será printado a
tabela de tukey
  print(tukey.calb35) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-calb35.jpg", width = 480, height = 480, #Para
salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE COMANDO
NA APOSTILA DO CURSO)
  bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
  par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
  boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.calb35, #o gráfico em si
  main="Curvas de crescimento em C.albiceps \n sob temperatura de
35°C",
  xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3 traços
no eixo x enfatizando qual substrato é
```

```
mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com o
substrato fígado
mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1) #legenda no eixo x
com o substrato intestino
mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no eixo x linha
com o substrato músculo
dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
return("Chrysomya albiceps - 35°C") #finalizar a função e retornar esta
mensagem para o usuário
} else if (x == 2 & temp == 25){ #se x for 2 (que será equivalente a cmeg)
juntamente com temp sendo 25
  cat("O valor de p é:", tabela.cmeg25[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n") #mostre
para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
  print(tukey.cmeg25) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-cmeg25.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
  par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
  boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmeg25, #o gráfico em
si
  main="Curvas de crescimento em C.megacephala \n sob
temperatura de 25°C",
  xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 17, 30), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3
traços no eixo x enfatizando qual substrato é
  mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com
o substrato fígado
  mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=17,cex=1) #legenda no eixo x
com o substrato intestino
  mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=30,cex=1) #legenda no eixo x
linha com o substrato músculo
  dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
  return("Chrysomya megacephala - 25°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
} else if (x == 2 & temp == 30){ #se x for 2 (que será equivalente a
cmeg) juntamente com temp sendo 30
  cat("O valor de p é:", tabela.cmeg30[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n") #mostre
para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
  print(tukey.cmeg30) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-cmeg30.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
  units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
```

```
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
    bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
    par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
    par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
    boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmeg30, #o gráfico em
si
        main="Curvas de crescimento em C.megacephala \n sob
temperatura de 30°C",
        xaxt="n")
    axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3
traços no eixo x enfatizando qual substrato é
    mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com
o substrato fígado
    mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1) #legenda no eixo
x com o substrato intestino
    mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no eixo x
linha com o substrato músculo
    dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
    return("Chrysomya megacephala - 30°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
} else if (x == 2 & temp == 35){ #se x for 2 (que será equivalente a
cmeg) juntamente com temp sendo 35
    cat("O valor de p é:", tabela.cmeg35[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n") #mostre
para o usuário o valor de p
    cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
    print(tukey.cmeg35) #print da tabela de tukey
    jpeg(filename = "boxplot-cmeg35.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
    par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
    par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
    boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmeg35, #o gráfico em
si
        main="Curvas de crescimento em C.megacephala \n sob
temperatura de 35°C",
        xaxt="n")
    axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar apenas 3
traços no eixo x enfatizando qual substrato é
    mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x com
o substrato fígado
    mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1) #legenda no eixo
x com o substrato intestino
    mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no eixo x
linha com o substrato músculo
    dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
    return("Chrysomya megacephala - 35°C") #finalizar a função e
```

```
retornar esta mensagem para o usuário
    }else if (x == 3 & temp == 25){ #se x for 3 (que será equivalente a
cmac) juntamente com temp sendo 25
        cat("O valor de p é:", tabela.cmac25[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n")
#mostre para o usuário o valor de p
        cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
        print(tukey.cmac25) #print da tabela de tukey
        jpeg(filename = "boxplot-cmac25.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
        par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
        boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmac25, #o gráfico
em si
                main="Curvas de crescimento em C.macellaria \n sob
temperatura de 25°C",
                xaxt="n")
        axis(side=1, at=c(4, 17, 30), labels=F, tick=T) #colocar apenas
3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é
        mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x
com o substrato fígado
        mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=17,cex=1) #legenda no
eixo x com o substrato intestino
        mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=30,cex=1) #legenda no eixo
x linha com o substrato músculo
        dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
        return("Cochliomyia macellaria - 25°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
    } else if (x == 3 & temp == 30){ #se x for 3 (que será equivalente
a cmac) juntamente com temp sendo 30
        cat("O valor de p é:", tabela.cmac30[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n")
#mostre para o usuário o valor de p
        cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
        print(tukey.cmac30) #print da tabela de tukey
        jpeg(filename = "boxplot-cmac30.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
        par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
        boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmac30, #o gráfico
em si
                main="Curvas de crescimento em C.macellaria \n sob
```

```
temperatura de 30°C",
      xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar apenas
3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é
  mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x
com o substrato fígado
  mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1) #legenda no
eixo x com o substrato intestino
  mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no eixo
x linha com o substrato músculo
  dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
  return("Cochliomyia macellaria - 30°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
} else if (x == 3 & temp == 35){ #se x for 3 (que será equivalente
a cmac) juntamente com temp sendo 35
  cat("O valor de p é:", tabela.cmac35[[1]]$"Pr(>F)"[1], "\n")
#mostre para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que será
printado a tabela de tukey
  print(tukey.cmac35) #print da tabela de tukey
  jpeg(filename = "boxplot-cmac35.jpg", width = 480, height = 480,
#Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
  units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI ESTE
COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
  bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE) #(PEGUEI
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
  par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
  par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
  boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.cmac35, #o gráfico
em si
      main="Curvas de crescimento em C.macellaria \n sob
temperatura de 35°C",
      xaxt="n")
  axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar apenas
3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é
  mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no eixo x
com o substrato fígado
  mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1) #legenda no
eixo x com o substrato intestino
  mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no eixo
x linha com o substrato músculo
  dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
  return("Cochliomyia macellaria - 35°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
} else if (x == 4 & temp == 25){ #se x for 4 (que será
equivalente a lexi) juntamente com temp sendo 25
  cat("O valor de p é:", tabela.lexi25[[1]]$"Pr(>F)"[1],
"\n") #mostre para o usuário o valor de p
  cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que
será printado a tabela de tukey
  print(tukey.lexi25) #print da tabela de tukey
```

```
jpeg(filename = "boxplot-lexi25.jpg", width = 480, height =  
480, #Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI  
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE)  
#(PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos  
par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem  
boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.lexi25, #o  
gráfico em si  
main="Curvas de crescimento em L.eximia \n sob  
temperatura de 25°C",  
xaxt="n")  
axis(side=1, at=c(4, 21, 37), labels=F, tick=T) #colocar  
apenas 3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é  
mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no  
eixo x com o substrato fígado  
mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=21,cex=1) #legenda  
no eixo x com o substrato intestino  
mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=37,cex=1) #legenda no  
eixo x linha com o substrato músculo  
dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros  
return("Lucilia eximia - 25°C") #finalizar a função e  
retornar esta mensagem para o usuário  
} else if (x == 4 & temp == 30){ #se x for 4 (que será  
equivalente a lexi) juntamente com temp sendo 30  
cat("O valor de p é:", tabela.lexi30[[1]]$"Pr(>F)"[1],  
"\n") #mostre para o usuário o valor de p  
cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que  
será printado a tabela de tukey  
print(tukey.lexi30) #print da tabela de tukey  
jpeg(filename = "boxplot-lexi30.jpg", width = 480, height =  
480, #Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI  
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE)  
#(PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)  
par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos  
par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem  
boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.lexi30, #o  
gráfico em si  
main="Curvas de crescimento em L.eximia \n sob  
temperatura de 30°C",  
xaxt="n")  
axis(side=1, at=c(4, 17, 30), labels=F, tick=T) #colocar  
apenas 3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é  
mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no  
eixo x com o substrato fígado  
mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=17,cex=1) #legenda  
no eixo x com o substrato intestino
```

```
        mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=30,cex=1) #legenda no
eixo x linha com o substrato músculo
        dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
        return("Lucilia eximia - 30°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
    } else if (x == 4 & temp == 35){ #se x for 4 (que será
equivalente a lexi) juntamente com temp sendo 35
        cat("O valor de p é:", tabela.lexi35[[1]]$"Pr(>F)"[1],
"\n") #mostre para o usuário o valor de p
        cat(" e os resultados pelo Teste Tukey:") #Mensagem que
será printado a tabela de tukey
        print(tukey.lexi35) #print da tabela de tukey
        jpeg(filename = "boxplot-lexi35.jpg", width = 480, height =
480, #Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100, #(PEGUEI
ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE)
#(PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
        par(mar=c(3.5,4.7,3.5,3)) #tamanho da margem
        boxplot(Peso ~ Idade + Substrato, data=dados.lexi35, #o
gráfico em si
                main="Curvas de crescimento em L.eximia \n sob
temperatura de 35°C",
                xaxt="n")
        axis(side=1, at=c(4, 13, 23), labels=F, tick=T) #colocar
apenas 3 traços no eixo x enfatizando qual substrato é
        mtext("Fígado", side=1, line=0.5, at=4,cex=1) #legenda no
eixo x com o substrato fígado
        mtext("Intestino", side=1, line=0.5, at=13.5,cex=1)
#legenda no eixo x com o substrato intestino
        mtext("Músculo", side=1, line=0.5, at=23,cex=1) #legenda no
eixo x linha com o substrato músculo
        dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
        return("Lucilia eximia - 35°C") #finalizar a função e
retornar esta mensagem para o usuário
    }else if (x == 5 && temp == 0 && data == dados.user){ #se x
for 5 juntamente com temp sendo 0 e data sendo dados.user
        dados.user$Idade <- as.factor(dados.user$Idade)
#transformar a idade em fator, caso o usuário não tenha feito isso
        aov.dados.user <- aov(Peso ~ Idade + Substrato , data =
dados.user) #anova do data.frame entrado pelo usuário
        tabela.dados.user <- summary(aov.dados.user) #jogar a
tabela anova para dentro de um objeto para que depois eu possa pegar o valor
de p
        cat("O valor de p é:",
tabela.dados.user[[1]]$"Pr(>F)"[1]) #printar o valor de p para o usuário
        jpeg(filename = "boxplot-user.jpg", width = 480, height
= 480, #Para salvar o gráfico (PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
        units = "px", pointsize = 12, quality = 100,
#(PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURS0)
```

```
        bg = "white", res = NA, restoreConsole = TRUE)
#(PEGUEI ESTE COMANDO NA APOSTILA DO CURSO)
        par(las=1) #mudar a orientação dos valores dos eixos
        boxplot(Peso ~ Idade + Substrato , data = dados.user, #o
gráfico em si
        main="Curva de crescimento", xaxt="n",
ylab="Peso(g)", xlab="Substrato x Pesagem")
        dev.off() #fechar o gráfico para salvar sem erros
        } else { #se não
            return("A entrada com os argumentos não são
compatíveis com a função. Verifique no help") #retorne ao usuário esta
mensagem
        }
    if (tabela.dados.user[[1]]$"Pr(>F)"[1] < 0.05){ #se o valor de p (do anova
de dados.user) for menor que 0.05 prossiga para o tukey
        tukey.dados.user <- TukeyHSD(aov.dados.user) #tukey na anova do
usuário
        print(tukey.dados.user) #printar a tabela de tukey
        }else if (tabela.dados.user[[1]]$"Pr(>F)"[1] > 0.05){ #se o valor
de p (do anova de dados.user) for maior que 0.05:
            cat("O valor de p é:", tabela.dados.user[[1]]$"Pr(>F)"[1], "não é
sensato discatar a hipótese nula") #printar o valor de p para o usuário mais
a mensagem
        }else if (x == 5 & data != dados.user){ #se o valor de x for 5
porém data não tiver o nome "dados.user":
            cat("O conjunto de dados não é compatível com a função. Saiba
mais no help.") #printe a mensagem
        }
    }
}
```

Adicionalmente, o arquivo (.r) com o script da função: [Script Função A](#)

From:  
<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:  
[http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05\\_curso\\_antigo:r2018:alunos:trabalho\\_final:amaralgustavofaria:trabs](http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:amaralgustavofaria:trabs)

Last update: **2020/07/27 18:49**