Protocolo para búsqueda y registro de datos

Monday, June 4, 2018

1:10 PM

Realizar setup con Git y github (sólo la primera vez que se abre Git):

Set up de cuenta y nombre de usuario

Abrir Git Bash:

$ git config --global user.name "Your name here"

$ git config --global user.email "your\_email@example.com"

(Si tienen problemas con Git consultar: <http://kbroman.org/github_tutorial/pages/first_time.html> o

<https://www.ntu.edu.sg/home/ehchua/programming/howto/Git_HowTo.html> )

1. Abrir Git Bash:

$ git clone <https://github.com/cristinacarmona/extinction_data.git> #Sólo la primera vez que se trabaje, después usar:

$ cd "/c/Users/cris.carmona/Documents/MEGAsync/Projects/Post-doc/Riesgo de extinción y selección sexual/extinction\_data"

$ git pull master #sólo cuando estén en la branch master

$ git status

$ git branch Reptiles #Sólo la primera vez cuando se crea la rama

$ git checkout Reptiles #para cambiar a la rama y trabajar en esa rama

$ git status #muestra archivos para controlar o no controlar

……….trabajar (dejar abierto Git bash)

1. Abrir archivo "Fill database.R" en Rstudio
2. Elegir Clase con la que se va a trabajar, y comenzar con aquellas especies que tienen datos para peso (mamíferos y aves) o tamaño corporal (reptiles y anfibios) tanto para machos como para hembras

1. Elegir especie y buscar en google scholar con los siguientes patrones de búsqueda:

("scientific name" OR "common name") AND

* ("mating system" OR "mating systems" OR "monogamy" OR "monogamous" OR "polygamy" OR "polygamous" OR "polygyny" OR "polyandry")
* (“paternity”) #Esto nos puede ayudar a determinar si son monógamos o polígamos en caso de que se encuentren estudios de paternidad y se sepa si las camadas/puestas tienen más de un padre.
* ("ASR" OR "sex ratio" OR “MARK” OR “capture-mark-recapture” OR “recapture”) #algunos estudios de captura-recaptura dan el número de ADULTOS capturados machos y hembras y esos números nos pueden servir para estimar ASR
* ("ASR" OR "sex ratio")
* ("dimorphism" OR "ornament" OR “ornaments” OR “weaponry”) #éste después de buscar ASR ya que en ésta búsqueda a veces pueden aparecer artículos útiles para conteos de adultos que pueden servir para calcular ASR
* ("sexual size dimorphism" OR "body size" OR "body mass" OR "svl" OR "weight" OR "svl") #Esto no se usará hasta la segunda ronda de búsquedas

1. Ir paper por paper buscando la información deseada

1. Al encontrar un paper con info relevante inmediatamente guardar cita en Mendeley (en grupo chordata\_iucn) y revisar que la cita esté en formato adecuado (títulos y nombres sin todas mayúsculas, nombres científicos en cursivas [en Mendeley esto se logra poniendo <em> Nombre especie </em>]).

1. Registrar datos en base de datos directamente en el archivo de excel "merged\_iucn\_and\_db\_v4.xlsx". Usando los filtros buscar la especie requerida para que sea la única fila que se muestra y no pueda haber errores en el registro de los datos.

IMPORTANTE: revisar criterio para uso de datos y unidades de medición

Para Mating system: Registrar preferentemente las categorías siguientes cuidando que mayúsculas coincidan

* + Monogamous
  + Polygamous
  + Polygynandrous
  + Polygynous
  + Polyandrous

Para sexual dimorphism (se refiere a diferencias sexuales en coloración o armamentos no tanto en tamaño ya que para tamaño tenemos registrado el tamaño o peso de machos y hembras), registrar preferentemente las categorías siguientes cuidando mayúsculas :

* + Sexes alike
  + Sexes colored or patterned differently
  + Male more colorful
  + Female more colorful
  + Male with weapons
  + Female with weapons

Para ASR: revisar que sean estudios en donde el individuo fue contado SOLO una vez, por ejemplo, aquellos que marcan a los individuos o que los capturan y no los devuelven. Ver que ambos sexos hayan tenido probabilidades similares de captura. Si los autores mencionan que sus datos podrían no ser representativos de la población o si los métodos no entran en mucho detalle para saber qué tan confiable es el ASR entonces omitir. Siempre registrar datos usando la fórmula:

Cuando más de un conteo esté disponible obtener el promedio usando la siguiente fórmula:

Para svl y/o body mass: svl debe estar en centímetros y body mass en gramos, hacer las conversiones necesarias.

1. Al registrar un dato registrar también la referencia en formato (Autor1 & Autor2, año) o (Autor1 et al., año) en el campo debido

1. Registrar comentarios en caso de haber algo relevante, por ejemplo, si ASR se estimó a partir de conteos de captura y recaptura mencionarlo en comentarios y poner los números a partir de los cuáles se estimó ASR. También agregar el porcentaje de camadas/puestas en donde se encontró paternidad múltiple.

1. Si no se encontró información relevante para la especie, dejar NA en el campo donde no se encontró información y anotar en la columna de comentarios: "no data available (CCI 01/06/2018)" Cambiando CCI por sus iniciales y la fecha en que lo buscaron, por favor usar exactamente ese mismo formato cuidando mayúsculas y minúsculas y formato de fecha .

1. Al finalizar el día de trabajo o algún avance importante:

Guardar trabajo en el archivo de Rstudio y en el excel, cerrar los programas.

1. Regresar a Git Bash:

$ git status #para ver qué archivos han cambiado

$ git add . #agrega todos los archivos a control

$ git diff #Si se quiere ver qué cambió en los archivos (para salir presionar q)

$ git commit -m "mensaje que diga qué se trabajó"

$git remote set-url origin https://cristinacarmona@github.com/cristinacarmona/extinction\_data.git #Probar

si es necesario o no

$ git config http.postBuffer 524288000 #esto es para incrementar la memoria que usa git y que no se trabe al hacer los siguientes comandos, sólo se tiene que hacer la primera vez.

(IMPORTANTE: para poder hacer los siguientes comandos es necesario que yo los haya agregado como colaboradores al proyecto, por favor enviarme su nombre de usuario en Github para poder agregarlos)

$ git push #si la branch ya existía

$ git push origin Reptiles #si la branch se creó en esa sesión