

Barbara Henning



Mestrando em Ecologia, Instituto de Biociências, USP.

Proposta

Principal

Minha proposta é criar uma função que calcule o IRI (Índice de importância relativa) de cada espécie-presa. Este índice, quando utilizado para a análise de hábitos alimentares, leva em conta a porcentagem da abundância numérica da espécie-presa (%N), a porcentagem do peso reconstituído (por equação de regressão) da espécie-presa (%W) e a porcentagem de ocorrência em conteúdos dos estômagos (%O). Dado por: $IRI = (\%N + \%W) * \%O$. A função de partir dos dados brutos da planilha de triagem com os valores de ocorrência de cada item alimentar, calcular os parâmetros e depois o índice.

Basso, M. 2005. Feeding ecology of franciscana dolphin, *Pontoporia blainvillei* (Cetacea: Pontoporidae), and oceanographic processes on the Southern Brazilian coast. PhD Dissertation submitted to the Graduate School Of National Oceanography Centre, Southampton, United Kingdom.

Comentários

Ale: Acho interessante, poste tb o formato de saída. A saída é uma lista de espécies-presa e os respectivos índices?? Vai retornar os valores N, W, O e o índice? O índice é calculado para várias amostras de estômagos ou apenas um??

Página de Ajuda

?imprel
Documentation

package:bie5782_curso2009

R

Tabela com IRI (Índice de Importancia Relativa) e seus parâmetros, para análise de hábitos alimentares.

Description:

Produz um data frame com o nome das espécies-presa e seu respectivo IRI, além dos valores

dos parâmetros utilizados para o cálculo do índice.

Usage:

```
imprel(arq)
```

```
imprel(arq=FALSE, sp=col.esp, st=col.est, pe=col.pes)
```

Arguments:

arq: data frame, em que cada linha representa o evento de um otólito;
a primeira coluna deve conter o nome das espécie(se repetindo para cada evento);
a segunda coluna deve conter o índice que indica em qual estomago o item alimentar foi encontrado;
a terceira coluna deve conter o peso reconstituído do item alimentar, obtido previamente por equação de regressão.
sp: vetor de dados da classe "character" contendo a sequência/repetições de nomes das espécies de cada evento.
st: vetor de dados da classe "character" contendo a sequência/repetições de índices de indicação do estômago de cada evento.
pe: vetor de dados da classe "numeric" contendo a sequência de pesos de cada evento.

Details:

O Índice de Importância Relativa, para análise de hábitos alimentares pode ser calculado através de:

$$IRI = (\%N + \%W) * \%O$$

onde:

N= quantidade de eventos para a mesma espécie/quantidade de eventos total

W= peso da especie/peso total de todas as especies

O= numero de estomagos que a especie ocorreu / numero total de estomagos

Na tabela produzida serão apresentados os valores destes parametros para cada espécie-presa, assim como o seu respectivo IRI.

Value:

Um data frame é gerado.

Além disso, também são gerados mas não exibidos os seguintes objetos:

especie.fat: objeto criado a partir da primeira coluna(especie),

como fator, para indexação.

 especie.niveis: a partir da função "levels" para o objeto
"especie.fat"

 especie.tab: tabula número de eventos para cada especie.

 estomago.fat: objeto criado a partir da segunda coluna(estomago),
como fator.

 estomago.niveis: a partir da função "levels" para o objeto
"estomago.fat".

 estomago.tab: tabula número de eventos para cada estomago.

 eventos: conta número de eventos total.

 n.especies: conta número de espécies.

Warning:

Esta tabela fornece dados de Importancia Relativa de Espécies para hábitos alimentares.

Author(s):

Barbara Henning

barbara.henning@gmail.com

References:

Basso, M. 2005. Feeding ecology of franciscana dolphin, *Pontoporia blainvillei*

(Cetacea: Pontoporidae), and oceanographic processes on the Southern Brazilian coast.

PhD Dissertation submitted to the Graduate School Of National Oceanography Centre,
Southampton, United Kingdom.

See Also:

Examples:

```
dados.teste<-
```

```
read.table("teste3.txt",header=TRUE,sep="\t",dec=",",as.is=TRUE)
```

```
impres(dados.teste)
```

```
col.esp<- (dados.teste$especie)
```

```
col.est<- (dados.teste$estomago)
col.pes<- (dados.teste$peso)
imprel(arq=FALSE,sp=col.esp,st=col.est,pe=col.pes)
```

Código da Função

```
imprel<-function (arq,sp=FALSE,st=FALSE,pe=FALSE)
{
  classe.arq<-class(arq) #####verificação da
  classe de entrada de dados, se for leitura de arquivo,
  if(classe.arq=="data.frame") #####+ a partir
  deste cria um objeto da classe data.frame chamado "frame".
  {
    frame<-data.frame(arq)
  }
  else{}
  classe.sp<-class(sp) #####se forem vetores
  com dados, cria objeto data.frame concatenando os 3 vetores.
  classe.st<-class(st)
  classe.pe<-class(pe)
  if(classe.sp=="character" & classe.st=="character" &
  classe.pe=="numeric")
  {
    frame<-data.frame(sp,st,pe,stringsAsFactors = FALSE)
  }
  else{}

  names(frame)<-c("especie","estomago","peso") ##### nomeia as
  3 colunas do "frame"
  especie.fat<-factor(frame$especie) ##### cria objeto
  da primeira coluna(especie), como fator, para indexação.
  especie.niveis<-levels(especie.fat)
  especie.tab<-table(especie.fat) #####tabula número de
  eventos para cada especie.
  estomago.fat<-factor(frame$estomago)
  estomago.niveis<-levels(estomago.fat)
  estomago.tab<-table(estomago.fat)
  eventos<-nrow(frame) #####verifica número de
  eventos total.
  n.especies<-length(especie.tab) #####conta número de
  especies(fatores)

  riqueza<- function (x) #####fórmula para
  contagem de fatores
  {
    length(unique(x))
  }
```

```
        resulta<-data.frame(Especie=especie.niveis)      #####objeto para
guardar respostas.
        for (i in 1:n.especies)
        {
            Ni=round((sum(especie.tab[i])/sum(especie.tab))*100,digits=2)
#####cálculo de %N para cada espécie
            resulta[i,2]=Ni
Wi=round(((tapply(frame$peso,INDEX=frame$especie,FUN=sum))/sum(frame$peso))*
100,digits=2)      #####cálculo de %W para cada espécie
            resulta[,3]=Wi

Oi=round(((tapply(frame$estomago,INDEX=frame$especie,FUN=riqueza))/riqueza(f
rame$estomago))*100,digits=2)      #####cálculo de %W para cada espécie
            resulta[,4]=Oi

            IRIi=round(((resulta$V2+resulta$V3)*resulta$V4),digits=2)
#####cálculo de IRI para cada espécie
            resulta[,5]=IRIi
        }
        colnames(resulta)<-c("ESPECIE", "%N", "%W", "%O", "IRI")
##### nomeando colunas de respostas
        return(resulta)
    }
```

Arquivo da Função

[imprel](#)

[teste3](#) #####arquivo de dados para teste da função

From:

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

Permanent link:

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



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