

# Talita Soares Reis



Doutoranda em Ecologia da UNICAMP

Atualmente trabalhando no projeto “Demografia e genética de populações de *Bathysa australis* (A.St.-Hil.) & Hook. na Floresta Ombrófila Densa Montana e Submontana do Parque Estadual da Serra do Mar, SP”

Orientador: Flavio Antonio Maës dos Santos

## Exercicios

exec

## Trabalho Final

### Plano A

A função K de Ripley descreve um padrão de pontos (e.g. coordenadas x, y de uma árvore dentro de uma unidade amostral) sob uma variedade de escalas de distância. Esta função  $K(r)$  corresponde ao número esperado de pontos dentro de um círculo de raio r centrado em um ponto referência arbitrário (que não entra na contagem) dividido pela intensidade  $\lambda$  do padrão. Substituindo estes círculos por anéis de raio r se obtém a estatística O-ring, que detecta agregação ou dispersão para uma dada distância r, diferente da função cumulativa  $K(r)$ . Neste contexto, propõe-se adaptar a função kfun do pacote ‘ads’ para que ao invés de calcular de forma cumulativa os pontos dentro de um círculo de raio r, calcule-se apenas os pontos dentro de um anel correspondente à uma distância específica r.



### Plano B

Construir uma função para o cálculo da taxa de mortalidade anual (Sheil et al. 1995):  $m = 1 - (N_t/N_0)^{1/t}$  onde,  $N_t$  = número de indivíduos vivos no final do intervalo,  $N_0$  = número de indivíduos no início do intervalo e t = intervalo em anos. Outra para a taxa de recrutamento anual (Sheil et al. 2000):  $r = 1 - (1 - n_r/N_t)^{1/t}$  onde,  $n_r$  = número de recrutas por intervalo,  $N_t$  = número de indivíduos vivos ao final do intervalo, t = intervalo em anos. E uma para a taxa de crescimento relativo (à princípio em altura, mas também poderia ser diâmetro, etc.) usando a fórmula de Evans (1972).  $RGR = (\ln V_2 - \ln V_1) / (t_2 - t_1)$  onde,  $V_2$  = valor final da medida,  $V_1$  = valor inicial da medida,  $t_2$  = final do intervalo e  $t_1$  = início do intervalo, medido em anos. O arquivo de entrada seria um data frame com

pelo menos quatro vetores correspondendo às amostras (unidades amostrais para as quais serão calculadas as taxas), os indivíduos, a medida no tempo t1 (V1) e a medida no tempo t2 (V2) e n linhas para os n indivíduos. O output seria uma tabela com as unidades amostrais nas linhas e as taxas de mortalidade e recrutamento nas colunas, sendo uma coluna para cada taxa (tentativa de agrupar tudo em uma única função para que o output seja uma tabela única). Para o RGR o output seria um único vetor com as taxas de crescimento por indivíduo.

## Plano C

Plotar com apenas uma função um gráfico de superfície (persp, MASS package) com dimensões x, y, z (descrevendo a variação topográfica de uma área, por ex.) juntamente com um gráfico de contorno (inclui uma outra variável biótica em função de uma escala de cores, utilizando um grid como base) e um scatterplot (mapeamento dos indivíduos na área de estudo). Tentativa de avaliar visualmente padrões espaciais de organismos em função da topografia e de uma segunda variável descritora abiótica.

## Comentários das propostas (Leo)

As três propostas parecem úteis e factíveis, ou seja, bem dimensionadas para o trabalho final. Se ficar muito trivial, tente complicá-las um pouco mais. Por exemplo, no plano C você poderia gerar uma nuvem de pontos distribuídos aleatoriamente no grid topográfico e talvez atribuir o valor de altitude para cada observação e depois gerar um box-plot para comparar se existe alguma “preferência de habitat” pela espécie, comparando os dados simulados com as observações. Como a proposta A é somente adaptar um função existente, sugiro investir nos planos B e C. Mas fique à vontade pra decidir.

## Código da Função - Plano B

```
taxas.dinamica <-function(data, t)
{
  data[is.na(data)]<-0
  data[data[,2]>0,2]<-1
  data[data[,3]>0,3]<-1
  data[,1]<-as.factor(data[,1])
  mortalidade<-data[data[,2]>0,]
  N.inicio.mort<-tapply(mortalidade[,2], mortalidade[,1], FUN=sum)
  N.final.mort<-tapply(mortalidade[,3], mortalidade[,1], FUN=sum)
  tx.mortalidade = 1 - (N.final.mort/N.inicio.mort)^(1/t)
  recrutamento<-data[data[,3]>0,]
  N.final.rec<-tapply(recrutamento[,3], recrutamento[,1], FUN=sum)
  N.inicio.rec<-tapply(recrutamento[,2], recrutamento[,1], FUN=sum)
  N.recrutas<-N.final.rec-N.inicio.rec
  tx.recrutamento = 1 - (1 - N.recrutas/N.final.rec)^(1/t)
  categorias<-unique(data[,1])
}
```

```
taxas.frame<-data.frame(categorias, tx.mortalidade, tx.recrutamento)
return(taxas.frame)
}
```

## Página de Ajuda

taxas.dinamica  
Documentation

package:unknown

R

Função para calcular taxas de mortalidade e recrutamento de indivíduos por amostra.

### Description:

Retorna as taxas de mortalidade e recrutamento de várias amostras ao mesmo tempo a partir da listagem dos indivíduos por amostra com as medidas de cada indivíduo no início e no final do intervalo.

### Usage:

```
taxas.dinamica(data, t=NULL)
```

### Arguments:

|      |                                                                            |
|------|----------------------------------------------------------------------------|
| data | nome do data frame contendo as unidades amostrais e as medidas dos         |
| t    | indivíduos no início e no final do intervalo<br>intervalo de tempo em anos |

### Details:

A função se aplica a uma ou mais amostras contendo as medidas dos indivíduos no início e no final do intervalo. O arquivo de entrada precisa ter três colunas e o número de linhas correspondente ao número de indivíduos. A ordem das colunas é muito importante. A primeira coluna deve conter os códigos das unidades amostrais que será convertido em fator pela função. A segunda deve conter a medida dos indivíduos no início do intervalo e a terceira deve conter a medida dos indivíduos ao final do intervalo. Estas medidas serão convertidas em 0 e 1, onde 0 é a ausência do indivíduo e 1 a presença. O arquivo de saída também será um data frame com três colunas, sendo a primeira as unidades amostrais, a

segunda será a taxa de mortalidade  
e a terceira a taxa de recrutamento.

Author:

Talita Soares Reis  
talitasr@unicamp.br

References:

Sheil, D.; Burslem, D.F.R.P.; Alder, D. 1995. The interpretation and misinterpretation of mortality rate measures. *Journal of Ecology*, 83(2):331-333.

Sheil, D.; Jennings, S.; Savill, P. 2000. Long-term permanent plot observations of vegetation dynamics in Budongo, a Ugandan rain forest. *Journal of Tropical Ecology*, 16:765-800.

Exemples:

# Dados de 13 individuos de três áreas amostrais com intervalo de 1 ano entre as medidas

```
teste<-data.frame(plot=c(rep(1,3), rep(2,8), rep(3,2)),  
size1=c(100,950,NA,240,300,380,450,460,470,650,NA,102,145),  
size2=c(100,923,13,260,305,441,555,502,240,NA,40,106,169))
```

```
taxas.dinamica(teste, t=1)
```

[arquivo\\_da\\_funcao.r](#)

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

Permanent link:  
[http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05\\_curso\\_antigo:alunos2012:alunos:trabalho\\_final:talitasr:start](http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:alunos2012:alunos:trabalho_final:talitasr:start)

Last update: 2020/08/12 09:04

