

Daniela Zanelato

✖ Iniciei meu mestrado em Ecologia neste ano, pelo LabTrop, com o título **“Demandas conflitantes entre sobrevivência e crescimento em ambientes com diferentes disponibilidades de recurso e sua interação com a micro-biota do solo”**. Minha área de estudo são duas florestas de restinga, na Ilha do Cardoso, litoral sul de São Paulo.

Link para minha página no LabTrop: [Dani_LabTrop](#)

Meus Exercícios

[Exercício 1](#)

[Exercício 2](#)

[Exercício 3_parcial](#)

[Exercício 3_final](#)

[Exercício 4_parcial](#)

[Exercício 4 final](#)

[Exercício 5](#)

[Exercício 6_parcial](#)

[Exercício 7 parcial](#)

[Exercício 8 parcial](#)

[Exercício 9 parcial](#)

[Exercício 9](#)

Proposta de Trabalho Final

Plano A

Contextualização

O sucesso reprodutivo final das plantas depende de uma série de fases consecutivas (Nathan & Muller-Landau 2000), sendo que o fluxo de sementes e o estágio de plântula os estágios mais críticos no ciclo de vida das plantas, (Terborgh 1990). Além disso, estudos sobre o recrutamento de plântulas permitem aprofundar o entendimento dos fatores que geram a diversidade em florestas tropicais (Harms et al 2000).

Neste contexto, descrever a comunidades de plântulas de em diferentes áreas, e para uma mesma área em diferentes intervalos de tempo é o primeiro passo para se procurar explicações sobre quais fatores atuam sobre a estruturação de plântulas destas áreas. Alguns parâmetros básicos para se descrever a comunidade de plântulas são: n° de indivíduos, n° de espécies, e n° médio de espécies por amostra, além do índice de diversidade de Shannon. Além disso, para comparação da diversidade de plântulas entre diferentes é bastante útil a construção de diagramas de Whitaker.

Proposta

Desse modo, minha proposta é construir uma função que gere esta descrição básica (n° de indivíduos, n° de espécies e n° médio de espécies por amostra) da comunidade de plântulas de uma determinada área, para cada intervalo de tempo, permitindo a comparação entre diferentes áreas. E ainda que gere diagramas de Whitaker para cada intervalo de tempo.

Uma função com estas características é bastante útil, principalmente porque as planilhas de entrada de dados contém milhares de linhas (indivíduos) e várias colunas (re-censos), e a cada re-censo (geralmente realizados a cada 6 meses) aumenta muito a quantidade de dados. No LabTrop já temos planilhas de acompanhamento de parcelas de plântulas arbóreas com 4 intervalos de tempo, para duas áreas de floresta de restinga, geradas por Faria (2008), e uma parte do meu mestrado pretende continuar estes censos.

Exemplo

Exemplo da estrutura das planilhas de entrada de dados (1: viva; 0: morta; NA: o indivíduo ainda não existia em um determinado tempo) 

Bibliografia

Nathan, R. & Muller-Landau, H. C. 2000. Spatial patterns of seed dispersal, their determinants and consequences for recruitment. *Trends in Ecology and Evolution* 15(7):278-285.

Terborgh, J. 1990. Seed and Fruit dispersal – Commentary. In: Bawa, K. S. Hadley, M (eds.). *Reproductive Ecology of Tropical Forest Plants*. Volume 7. Pp. 181-190. Paris: UNESCO

Harms, K. E., Wright, S. J., Calderón, O., Hernández, A. & Herre, E. A. 2000. Pervasive density-dependent recruitment enhances seedling diversity in a tropical forest. *Nature*. 404:493-495.

Faria, M. B. B. C. 2008. Diversidade e regeneração natural de árvores em Florestas de Restinga na Ilha do Cardoso, Cananéia, SP, Brasil. Dissertação de mestrado. Instituto de Biociências. Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

Comentários PI

Muito boa. Só não ficou claro quais seriam as saídas. Isto é importante pq há um monte de possibilidades (gráficos, resumos numéricos, etc), cada uma delas com muitos formatos possíveis

(p.ex. vários gráfico em uma página, etc). Então, antes de começar, certifique-se que vc tem clareza do que quer retornar ao usuário.

Resposta DZ

As saídas são resumos numéricos ("tabela" com os parâmetros retornados em cada linha e as colunas sendo os intervalos de tempo) e gráficos (acho que é melhor um em cada página, porque se forem muitos vai ficar ruim de ler).

Plano B

Comentários PI

Cadê o plano B?

Resposta

É verdade, faltou. Acho que uma versão simplificada do plano A... que não retorne os gráficos por exemplo.

Página de Ajuda

descr.basica package:bie5782_curso2010 R Documentation

Descrição Básica da Comunidade de Plântulas

Description:

Produz uma matriz com a descrição básica (número de indivíduos, número espécies, número médio de indivíduos e número médio de espécies) para cada intervalo de tempo, além de Diagramas de Whittaker.

Usage:

```
descr.basica(x)
```

Arguments:

x: data.frame em que cada linha representa um indivíduo;
a primeira coluna contém a data em que o indivíduo apareceu pela primeira vez;
a segunda coluna contém a identificação

da parcela dentro da Parcela Permanente;
a terceira coluna contém o número da parcela;
a quarta coluna contém o número da subparcela;
a quinta coluna contém o número do indivíduo;
a sexta coluna contém o nome da espécie;
a sétima coluna contém o nome da família;
a oitava coluna em diante contém um número que
indica presença ou ausência do indivíduo em cada intervalo
de tempo (censo);

Details:

Usar 1 para indivíduo vivo, 0 para morto, NA para
quando o indivíduo ainda não existia
num determinado intervalo de tempo

Value:

Uma matriz e uma série de gráficos são gerados.
Na matriz as colunas representam cada intervalo de
tempo e as linhas representam: o número de indivíduos,
número de espécies, número médio de indivíduos e desvio
padrão, número médio de espécies e desvio padrão.
O gráfico de cada intervalo de tempo é salvo em
um arquivo .jpg

Warning:

In `xy.coords(x, y, xlabel, ylabel, log)` :
N y values ≤ 0 omitted from logarithmic plot
(sendo N o número de zeros omitidos em cada gráfico,
devido à escala logarítmica)

Author

Daniela Zanelato

References:

Faria, M. B. B. C. 2008. Diversidade e regeneração
natural de árvores em Florestas de Restinga na Ilha do
Cardoso, Cananéia, SP, Brasil. Dissertação de mestrado.
Instituto de Biociências. Universidade de São Paulo,
São Paulo, SP.

Examples:

```
read.table("plra.txt",header=T,sep="\t")->plantula
head(plantula)
descr.basica(plantula)
```

Código da Função

```
descr.basica<-function(x)
{
  x[x==0]<-NA # substitui zeros por NAs, isso facilita lá na frente
  resultados<-list() # crio objeto onde vão resultados de objetos
intermediários
  resul.final<-matrix(NA,nrow=4, ncol=dim(x)[2]-7) # matriz de saída
  colnames(resul.final)<-paste("Censo",0:(dim(x)[2]-8),sep="")
  rownames(resul.final)<-c("Nº total de Indivíduos","Nº total de
Espécies","Nº Médio de Indivíduos","Nº Médio de Espécies")
  for(i in 8:dim(x)[2])
  {
    resultados[[i-7]]<-table(x$Espécie,x[,i])
  }

  resultados2<-list() ## calcula nº total de indivíduos para cada
tempo
  for(i in 1:(dim(x)[2]-7))
  {
    resultados[[i]]->f
    soma.f<-sum(f)
    resultados2[[i]]<-soma.f
  }

  resultados3<-list() ## calcula nº total de sp para cada tempo
  for(i in 1:(dim(x)[2]-7))
  {
    resultados[[i]]->f
    f[f>1]=1
    soma.f<-sum(f)
    resultados3[[i]]<-soma.f
  }

  resu<-data.frame(par=aggregate(x[,8],
by=list(x$Parcela),sum,na.rm=T)[,1]) # nº médio ind. em cada tempo
  for(i in 8:dim(x)[2])
  {
    resu[,i-6]<-aggregate(x[,i], by=list(x$Parcela),sum,na.rm=T)[,2]
  }
  resu2<-data.frame(med=(resu)[1,2])
  for(i in 2:dim(resu)[2])
  {
    resu2[,i]<-round(mean(resu[,i]),digits=2)
```

```
    }  
    resu2<-resu2[, -1]  
  
    resu.sd<-data.frame(med=(resu)[1,2]) ## desvio padrão do n° médio  
ind. em cada tempo  
    for(i in 2:dim(resu)[2])  
    {  
        resu.sd[,i]<-round(sd(resu[,i]),digits=2)  
    }  
    resu.sd<-resu.sd[, -1]  
  
    resu3<-list() ## N° médio sps em cada tempo  
    for(i in 8:dim(x)[2])  
    {  
        resu3[[i-7]]<-table(x$Espécie,x$Parcela,x[,i])  
    }  
    resu4<-list()  
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))  
    {  
        m<-resu3[[i]]  
        m[m>1]=1  
        s<-apply(m,2,sum)  
        resu4[[i]]<-s  
    }  
    resu5<-list()  
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))  
    {  
        n<-resu4[[i]]  
        s2<-mean(n)  
        resu5[[i]]<-round(s2,digits=2)  
    }  
  
    resu6<-list() ## desvio padrão do n° médio de sps em cada tempo  
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))  
    {  
        n<-resu4[[i]]  
        s3<-sd(n)  
        resu6[[i]]<-round(s3,digits=2)  
    }  
  
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7)) # substitui objetos intermediários no  
objeto de saída  
    {  
        resul.final[1,i]<- resultados2[[i]][1]  
    }  
  
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))  
    {  
        resul.final[2,i]<- resultados3[[i]][1]
```

```

    }
    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))
    {
        resul.final[3,i]<-paste(resu2[,i],"dp",resu.sd[,i])
    }

    for(i in 1:(dim(x)[2]-7))
    {
        resul.final[4,i]<-paste(resu5[[i]][1],"dp",resu6[[i]][1])
    }

    n.col=dim(x)[2]    ### Gráficos!
    n.lin=dim(x)[1]
    resultados=data.frame(sp=aggregate(x[,8],by=list(x$Espécie),sum,na.rm=T)[,1]
)
    for(i in 8:dim(x)[2])
    {
        resultados[,i-6]<-
aggregate(x[,i],by=list(x$Espécie),sum,na.rm=T)[,2]
    }
    resultados[,dim(resultados)[2]+1]<- seq(1:dim(resultados)[1])
    vetor0<-resultados[,dim(resultados)[2]]
    res<-data.frame(resultados)
    for(i in 1:dim(resultados)[2])
    {
        res[i]<-sort(resultados[,i],decreasing=T)
    }
    jpeg(filename="graf%02d.jpg")
    for(i in 2:(dim(res)[2]-1)) # como faço pra ciclar fazendo
vários gráficos?
    {
        par(bty="l",pch=16)
        plot(res[,i]~vetor0,log="y",xlab="Espécies", ylab="Nº de
Indivíduos",type="b",main=paste("Censo",i-2))
    }
    dev.off()
    cat("\t","ATENÇÃO:Os gráficos de cada censo estão salvos em um arquivo
.jpg, dentro do seu diretório de trabalho\n","\t","Como há espécies com
nenhum indivíduo em algum dos censos\n","\t", "e os eixos y estão em log:
podem aparecer as seguintes mensagens warning\n\n\n" )
    return(resul.final)    ### Avisos
}

```

Arquivo da Função

[Função](#)

[Arquivo_para_teste](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2010:alunos:trabalho_final:daniela.zanelato:start 

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