

Nathália Helena Azevedo



Mestranda no Departamento de Ecologia do IB-USP, no [Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais](#)

Meus exercícios

[exec](#)

Propostas de Trabalho Final

Proposta A

A descrição de comunidades constitui etapa importante nos estudos de ecologia, representando o primeiro passo para a compreensão dos processos subjacentes aos padrões observados e permitindo, potencialmente, um melhor entendimento dos mecanismos estruturadores da comunidade em estudo. A caracterização de comunidades vegetais geralmente resulta em planilhas extensas e que contém vários tipos de medidas dos indivíduos (altura, dap, tamanho de copa, entre outras) bem como informações temporais e do ambiente em que foram amostrados.

Nesse contexto, minha proposta é construir uma função que simplifique a etapa de descrição básica da comunidade, automatizando algumas comparações corriqueiras. A entrada seria uma tabela de dados contendo: **(i)** a identificação da espécie, **(ii)** as medidas de tamanho dos indivíduos, **(iii)** as parcelas (ou ambientes) em que eles foram encontrados e **(iv)** o número do censo (informação temporal).

A função geraria uma descrição básica da comunidade em cada intervalo de tempo. Contendo: **(a)** o número total de espécies, **(b)** o número total de indivíduos, **(c)** índices de diversidade e **(d)** uma comparação de **a-d** para diferentes tipos de ambiente e/ou tempo). A função também calcularia um índice alométrico (a ser escolhido ainda e com base na literatura) por indivíduo e faria diferentes comparações entre as demais informações da tabela de dados brutos. Seria útil também separar os indivíduos por classes (baseado nos valores do índice alométrico) de acordo com a localidade e em diferentes tempos.

Proposta B

Também no contexto de descrição inicial de comunidades vegetais, é comum transformarmos os dados espaciais (de ocorrência de indivíduos) em tabelas. Entretanto, em alguns casos, é preciso plotar esses dados em mapas para compará-los com outros (contendo variáveis ambientais por exemplo) ou para retomar informações perdidas.

Minha proposta é criar uma função que plote a localização dos indivíduos em diferentes mapas. A entrada seria uma tabela contendo **(i)** identificação da espécie (possivelmente um número, para que a imagem final não fique muito poluída), **(ii)** as coordenadas de localização da espécie e **(iii)** a informação temporal (número do censo). Junto com essa tabela também seria fornecida a imagem na qual as espécies devem ser plotadas.

A função retornaria o número de mapas equivalentes ao número de censos e em cada mapa as espécies estariam indicadas com um ponto e seu respectivo número. (Se eu conseguir chegar até aqui 😊, também acho interessante gerar um mapa adicional de mortes e nascimentos ao longo dos censos).

A proposta A parece boa e factível. Você poderia seguir com ela sem problemas.
A proposta B também é interessante, mas vou pedir para alguém que entenda de trabalhar com mapas no R comentar em mais detalhe. Não tenho experiência no assunto para avaliar a proposta. — [Débora](#)

Mais Comentários

Comentários As duas propostas estão ótimas, muito bem explicadas e interessantes. Só acho que na **A** vc. se entusiasmou demais no final. Como assim incluir tb. alometria de indivíduos? Só a parte de comunidade já está de bom tamanho, juntar coisas demais em diferentes níveis organizacionais deixa a proposta muito mega... logo mais está construindo a função para “dominar o mundo”.
Na **B** faltou apenas definir que tipo de coordenadas a função requer. Sugiro que restrinja, a principio, para coordenadas cartesianas (x, y) planas, para não entrar na complicação de projeções das coordenadas geográficas, isso pode ser um argumento depois que faça a transformação entre coordenadas... (um outro momento!)

Fique a vontade para escolher qq uma das duas e bom trabalho.

— Alexandre Adalardo de Oliveira 2014/04/25 18:35

Proposta executada: A

Página de Ajuda

cbc package:bie5782_2014 R Documentation

cbc

Description:

Fornecer um resumo com a caracterização básica de uma comunidade acompanhada ao longo de um tempo e considerando estados ambientais distintos.

A função pede para o usuário digitar o tamanho da área monitorada (em ha).

Para cada censo, a função calcula: o número total de indivíduos amostrados, o número total de espécies, a densidade absoluta de indivíduos e

os índices de diversidade de Shannon-Weiner (H') e de equitabilidade de Pielou (J').

Também calcula: as densidades, frequências e dominâncias relativas e absolutas e o Índice de Valor de Importância das espécies para cada censo e ambiente.

Usage:

```
cbc(dados)
```

Arguments:

```
dados: data.frame contendo seis colunas;  
  a primeira coluna contém os eventos do censo da coleta (censo) e  
  deve ser preenchida com letras minúsculas;  
  a segunda coluna contém o número da parcela em que foram coletados  
  os dados (parcela);  
  a terceira coluna contém o nome da espécie (especie);  
  a quarta coluna contém o número de indivíduos da espécie por parcela  
  (indivíduos);  
  a quinta coluna contém a média dos valores de dap, em centímetros,  
  por espécie amostrada (dap);  
  a sexta coluna contém os diferentes estados ambientais do local de  
  amostragem (ambiente) e deve ser preenchido com letras maiúsculas.  
area: corresponde ao tamanho da área do local de amostragem, deve ser
```

colocado em hectares quando solicitada pela função.

Details:

Usar zero para dados faltantes

Value:

Os parâmetros calculados de acordo com os diferentes estados ambientais e censos são:

Uma matrix de resumo, contendo:

Indivíduos: Total de Indivíduos - Número total de indivíduos por estado ambiental e por censo

Espécies: Total de Espécies - Número total de espécies por estado ambiental e por censo

Dens_Ind: Densidade de Indivíduos - Número total de indivíduos por unidade de área amostrada

Shannon: índice de diversidade de Shannon-Weiner (H')

Pielou: índice de equitabilidade de Pielou (J')

Um data.frame detalhado por ambiente e censo com informações por espécie, contendo:

AMB: o ambiente em que a espécie foi encontrada

CENSO: em que a espécie foi amostrada

N.IND.:total de indivíduos

DA: Densidade Absoluta - Número de indivíduos por espécie por unidade de área amostrada

DR: Densidade Relativa - Porcentagem da espécie em relação ao total de indivíduos amostrados

FA: Frequência Absoluta - Porcentagem de parcelas (unidades amostrais) onde foi amostrada a espécie

FR: Frequência Relativa - Porcentagem de ocorrência de uma espécie com relação ao total de ocorrências

DA: Dominância Absoluta - Área basal total (em m²) que uma espécie ocupa na área amostrada

DR: Dominância Relativa - Porcentagem da área basal total ocupada por indivíduos de uma espécie

IVI: Índice de valor de Importância - Expressa numericamente a importância de uma espécie para a comunidade amostrada

Warning:

A nomeação das colunas para a tabela de entrada dos dados deve respeitar a grafia citada e o nome do arquivo deve ser "dados"

As categorias de ambiente e de censo devem ser preenchidas com letras na tabela de entrada dos dados, sendo o ambiente preenchido com letras maiúsculas e o censo com letras minúsculas.

Deve-se usar "." como separador de decimais na coluna "dap".


```
#=====#
#####

cbc<-function(dados) #criação da função

{

  readinteger<-function() #função interativa
  {
    area.cal<-readline(prompt="Digite o valor da área em hectares: ")
    return(as.integer(area.cal))->area #criação do objeto com a resposta
do usuário
  }
  print(readinteger())->area #exibe o valor da área digitada e salva em
um objeto

  #criação de uma função para contar os valores diferentes de zero em
uma coluna
  contagem<-function(x)
  {
    return(length(which(x!=0)))
  }

#dados$especie,dados$ambiente,dados$censo-> sequencia de ordenação que
quero manter para que o vetor de somatório faça a ciclagem correta sem
perda de dados

#adição de uma coluna chamada daptotal ao df de entrada e que calcula a
soma dos daps de uma espécie
dados$daptotal<-dados$dap*dados$individuos

#criação da saída resultado e da coluna de soma dos indivíduos, coluna x
resultado<-
aggregate(dados$individuos,by=list(dados$ambiente,dados$censo,dados$espe
cie),FUN=sum)

#criação da coluna de dap total de cada espécie, por ambiente e censo e
inserção no df de saída
resultado$daptotal<-
aggregate(dados$daptotal,by=list(dados$ambiente,dados$censo,dados$especi
e),FUN=sum)$x

#criação da coluna com os novos valores de dap da espécie e inserção no
df de saída
resultado$dap<-resultado$daptotal/resultado$x

#=====#
##DENSIDADES##
#=====#
#criação da coluna de densidade absoluta de indivíduos na área fornecida
```

```
pele usuário e inserção no df de saída
resultado$da<-resultado$x/area

#criação do objeto nindiv, que é o número de indivíduos por censo e
ambiente
nindiv<-
aggregate(resultado$x,by=list(resultado$Group.1,resultado$Group.2),FUN=
sum)$x

#criação da coluna de densidade relativa por espécie espécie
resultado$dr<-100*(resultado$x/nindiv)

#Calculo da densidade total
sum(dados$individuos)/area->dens.total

#=====#
##FREQUÊNCIAS##
#=====#
#criação da coluna de frequência absoluta por espécie e inserção no df
de saída, considera as parcelas que a especie aparece e divide pela soma
das parcelas, usando a função contagem
resultado$fa<-
aggregate(dados$individuos,by=list(dados$ambiente,dados$censo,dados$espe
cie),FUN=contagem)$x/length(unique(dados$parcela)) #inserção no df de
saída do calculo da frequência absoluta, considerando o numero de
parcelas que a espécie aparece dividido pelo total de parcelas, com a
função unique e lenght

#calculo da frequência relativa e inserção no df de saída
resultado$fr<-100*(resultado$fa/sum(resultado$fa))

#=====#
##DOMINÂNCIAS##
#=====#
#calculo da área basal e conversão dela de cm2 para m2 e inserção no df
de saída
resultado$abasal<-((resultado$dap/2)^2)*pi/10000

#calculo da dominância absoluta e inserção no df de saída
resultado$doa<-resultado$abasal/area

#criação da coluna abasal.camb que é a área basal total da espécie por
censo e ambiente
abasal.camb<-
aggregate(resultado$abasal,by=list(resultado$Group.1,resultado$Group.2),
FUN=sum)$x

#calculo da dominância relativa
resultado$dor<-100*(resultado$abasal/abasal.camb)

#=====#
```

```
##ÍNDICE DE VALOR DE IMPORTÂNCIA##
#=====#
#calculo do índice de valor de importância das espécies
resultado$ivi<-resultado$dor+resultado$dr+resultado$fr

#=====#
##ÍNDICE DE DIVERSIDADE DE SHANNON-WINER##
#=====#
aggregate(dados$individuos, FUN=sum, by=list(dados$especie))->abund.spp
#total de indivíduos por espécie
sum(dados$individuos)->total.ind #total de indivíduos
abund.spp$x/total.ind->shan1 #calculo da abundancia das espécies
-sum(log(shan1)*shan1)->H #indice de shannon

#=====#
##ÍNDICE DE EQUITABILIDADE DE PIELOU##
#=====#
#total de espécies
length(unique(dados$especie))->total.sp
log(total.sp)->Hmax
H/Hmax->J

#=====#
##SAÍDA DOS DADOS##
#=====#
#nomeia as colunas do df de saída
colnames(resultado)<-c("AMB","CENSO","SP","N.IND.", "DAP.TOTAL",
"NEW.DAP", "DA", "DR","FA","FR","ABasal","DomA","DomR","IVI")
resultado[, -c(5,6,11)]

#matrix com saida de resultados resumo
list(total.ind,total.sp,dens.total,H,J)->resultado.resumo #agrupa os
resultados do resumo
resultado.resumo<-matrix(resultado.resumo,nrow=1, ncol=5) #cria uma
matriz
colnames(resultado.resumo)<-
c("Indivíduos","Espécies","DensInd","Shannon","Pielou") #nomeia as
colunas da matriz
rownames(resultado.resumo)<-(" ") #nomeia as linhas da matriz

#resultados da função
return(list(resultado.resumo, resultado))

}

cbc(dados)
```

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2014:alunos:trabalho_final:helena.nathalia:start 

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