

Ivan Réus Viana



Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais da Universidade do Extremo Sul Catarinense. Pesquisador bolsista do Laboratório de Ecologia de Paisagem e de Vertebrados (ênfase em Ornitologia: Biologia reprodutiva de *Myiopsitta monachus*; Ecologia de Paisagem voltada para conectividade e manejo de ecossistemas alterados.

[exec](#)

Trabalho Final

Proposta A

Há algum tempo venho estudando uma espécie de psitacídeo que esta expandindo sua área de ocupação natural e invadindo outros lugares em virtude da queda de predadores naturais e também por ter nos eucaliptos esparsos lugares propícios (altos) para instalarem suas colônias (esta é a única espécie entre os psitacídeos que constrói seu ninho com gravetos). Assim, entraria com dados da distancia entre os ninhos num raio de 100 m², número de ninhos por árvore, número de câmaras e número de indivíduos, retornando assim um gráfico da relação da distancia dos ninhos (variável resposta) repercutindo nas observações (número de ninhos por árvore, número de câmaras e número de indivíduos).

Proposta B

Todos os anos milhares de jovens que completam 18 tem que se apresentar a uma junta militar para fazer o alistamento no Exército Brasileiro e dependendo do porte físico do candidato este pode ser selecionado ou não para servir a nação como soldado. Pensando em todo o trabalho que os agentes têm na hora da entrevista seria pertinente ter uma planilha em separado dos dados cadastrais que seriam anotados o nome, peso, a altura e o índice de massa corporal que seria meu arquivo de entrada. Como é sabido que só passam jovens com altura acima de 1,70cm teríamos um arquivo de saída somente com jovens acima dessa altura e com índice de massa corporal ideal. Dessa maneira só seriam entrevistados jovens com perfis adequados agilizando o serviço.

Ivan, veja na página [Trabalho final](#) como formatar adequadamente suas propostas. Sua proposta A é muito confusa. Você quer saber o efeito da variável resposta nas variáveis preditoras? Isso é o inverso da lógica de um teste estatístico. Por favor clarifique o que sua função realmente vai fazer, formato de entrada dos dados e de saída da função. Sua Proposta B se resume a uma linha de teste lógico, pense em outras coisas que vc poderia fazer com ela

— Vitor

Mais Comentários

Comentários Concordo com os comentários do Vitor.

Veja algumas dicas de como estruturar a proposta que incluímos no wiki:

http://ecologia.ib.usp.br/bie5782/doku.php?id=bie5782:01_curso_atual:alunos:trabalho_final:start#a_proposta

Aguardamos suas correções! Avise o Vitor quando terminar via email acima para darmos uma nova olhada. — *Alexandre Adalardo de Oliveira* 2014/04/25 17:02

Proposta C A função trata uma matriz de dados de abundância de espécies e gera testes de diversidade de Shannon e índice de similaridade de Bray-Curtis. Assim em uma matriz de dados de abundância de espécies (Coluna= Espécies, Linha= Amostras), um argumento lógico de exclusão de Na, a função melhorada de shannon para calcular o índice de várias amostras ao mesmo tempo e o argumento que pede o índice de similaridade de Bray-Curtis. Retornando uma lista com os resultados de diversidade de cada local e a similaridade destes juntamente com uma saída gráfica com a dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana das amostras.

Página de ajuda da função

Simdive package:nenhum R Documentation

Simdive (Similaridade+Diversidade) fornece o Índice de diversidade de shannon para mais de uma amostra, a similaridade de Bray-Curtis e um plot da dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana.

Description:

Calcula o Índice de diversidade de shannon para cada local e a similaridade de Bray-Curtis juntamente com uma saída gráfica com a dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana das amostras.

Usage:

```
Simdive(dados, diversi=shan.me, simila=brayC)
```

Arguments:

dados	É um objeto matriz ou data.frame contendo dados amostrais (amostras nas linhas e espécies nas colunas)
diversi	Índice de Shannon melhorado para calcular vários locais ao mesmo tempo
simila	Índice de similaridade de Bray-Curtis para dados de abundância

das espécies

Details:

A função é voltada à investigação do Índice de diversidade de shannon para cada local e a similaridade de Bray-Curtis juntamente com uma saída gráfica com a dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana das amostras.

O objeto deve conter espécies nas colunas e amostras nas linhas. A presença de NAs será verificada e estes serão substituídos por 1, representando a abundancia de um (1) indivíduo no local. O retorno será o Índice de diversidade de shannon para cada local e a matriz de similaridade de Bray-Curtis confrontando as amostras. A saída gráfica com a dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana das amostras retorna o agrupamento dos locais amostrados.

Value:

Retorna uma lista com o Índice de diversidade de shannon para cada local e a matriz de similaridade de Bray-Curtis confrontando as amostras. A saída gráfica com a dissimilaridade de Cophenetic em função da distancia Euclidiana das amostras retorna o agrupamento dos locais amostrados.

Author(s):

Ivan Réus Viana

email: ivanreus@unesb.net

References:

MAGURRAN, Anne E. Measuring biological diversity. 2004.

LEGENDRE, Pierre; LEGENDRE, Louis. Numerical ecology. Elsevier, 2012.

Examples:

coletas

	spp1	spp2	spp3	spp4	spp5	spp6	spp7	spp8	spp9	spp10
Amostra1	2	9	10	4	4	6	8	4	5	7
Amostra2	6	8	5	11	2	5	6	7	8	1
Amostra3	3	7	4	9	9	6	4	12	2	3
Amostra4	5	1	5	3	4	9	3	6	4	5
Amostra5	8	7	8	3	9	6	1	8	9	8
Amostra6	4	4	6	3	11	2	9	4	6	8
Amostra7	11	2	5	6	2	6	8	2	5	6
Amostra8	9	9	6	8	7	3	7	9	6	4

Simdive(coletas)

Script da Função

```
###Shannon melhorado que calcula o índice de Shannon de vários locais ao mesmo tempo ###
```

```
shan.me<-function(dados){
  nl<-nrow(dados) # número de amostras (linhas)
  nc<-ncol(dados) # número de espécies (colunas)
```

```
H<-numeric() # variável vazia que receberá os valores H de cada amostra
for(i in 1:nl){
  prop<-dados[i,]/sum(dados[i,]) ## dados do local i em proporção
  resuta<-numeric()
  for(U in 1:nc){
    resuta[U]<-if(prop[1,U]>0){prop[1,U]*log(prop[1,U])}
    else{0}
  }
  H[i]<-sum(resuta)
}
names(H)<-rownames(dados)
return(H)
}

###Índice de similaridade de Bray-Curtis para dados de abundância das
espécies###

brayC<-function(dados){
  n<-nrow(dados)
  BrayCurtis<-matrix(NA,n,n)
  for(i in 1:n){
    for(U in 1:n){
      numerador<-sum(abs(dados[i,]-dados[U,]))
      denominador<-sum(dados[i,]+dados[U,])
      BrayCurtis[i,U]<- numerador/denominador
    }
  }
  return(as.dist(BrayCurtis))
}

####Função de Diversidade e Similaridade####
Simdive<-function(dados, diversi=shan.me, simila=brayC)
{
  dados[is.na(dados)]=1 # Troca
  NAs por um (1)
  diversi<-shan.me(dados)
  #Calcula a diversidade através do índice melhorado de Shannon
  simila<-brayC(dados)
  #Calcula o índice de similaridade de Bray-Curtis
  ## Gráfico ##
  dij <- dist(scale(dados, center=TRUE, scale=TRUE))
  #Atribui o valor de distancia Euclidiana entre as amostras
  clust <- hclust(dij, method = "average")
  #Retorna o método de Cluster utilizado, a distancia e o número de amostras
  ord <- order(cutree(clust, k = 3)) #Separa
  minhas amostras em três escalas de similaridade
  coph<-cophenetic(clust) #Gera
  uma matriz de dissimilaridade de Cophenetic entre as amostras
  plot(coph ~ dij, ylab = "Dissimilaridade de Cophenetic",
```

```
xlab = "Distancia Euclidiana")
#Gráfico da representando a Dissimilaridade de Cophenetic em função da
distancia Euclidiana
###Resultados###
  resultados=list(diversi,simila) #
Resultados que retornarão para o usuário
  names(resultados)=c("Diversidade de Shannon", "Similaridade de Bray-
Curtis")
  return(resultados) #
Comando que retorna resultados
}
```

[funcao.r](#) [help.r](#) [coletas.csv](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2015:alunos:trabalho_final:ivanreus:start 

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