

===== Proposta A =====

Função: anali.estat()

Essa proposta tem o intuito de facilitar estudos taxonômicos, unindo na mesma função os testes estatísticos mais frequentemente usados em comparações para apontar as diferenças e semelhanças entre grupos. A função começaria exibindo uma saída de “Estatística Descritiva dos Grupos” que seria representada por uma tabela que conteria os diferentes caracteres morfométricos (variáveis de interesse) separados por unidade operacional taxonômica (UTO - grupos de interesse) e sexo. Em estudos taxonômicos delimitamos UTOS essencialmente de acordo com semelhanças, como por exemplo semelhanças morfométricas, e analisamos estatisticamente se essas semelhanças são significativas ou não – para mais discussões sobre UTOS e conceitos de espécie principalmente em ornitologia, segue link nas referências bibliográficas – A estatística descritiva exibiria os valores mínimos, máximos, média, variância, desvio padrão e n amostral para cada caráter morfométrico. Na sequência a função testaria a normalidade das amostras (teste *Shapiro-Wilks*), e a igualdade de variâncias (teste *Levene*). Os resultados de ambos os testes seriam apresentados ao usuário de modo que o mesmo pudesse avaliar de acordo com a normalidade e igualdade de variâncias qual teste de dimorfismo sexual iria adotar em seu estudo (teste-t de *Student* ou *Mann-Whitney*). Após a escolha do usuário, a função iria prosseguir retornando os resultados do teste de dimorfismo, dando a opção novamente ao usuário escolher qual teste de comparação entre grupos irá utilizar (*One-way ANOVA* ou *Kruskal-Wallis*).

- Critérios de entrada

Um arquivo .txt ou .csv contendo uma tabela com dados de caracteres morfométricos, separados por sexo e unidade operacional taxonômica (UTO). Dados faltantes serão removidos da análise.

- Retorno dos resultados

Serão preferencialmente apresentados em formato de tabela, tanto a estatística descritiva, quanto os resultados dos testes de normalidade, igualdade de variâncias, dimorfismo sexual e comparação entre grupos. A função também retornará gráficos de boxplot com a exibição dos resultados de dimorfismo sexual e de comparações entre grupos.

- Bibliografia recomendada

Aleixo, A. 2007. Conceitos de espécie e o eterno conflito entre continuidade e operacionalidade: uma proposta de normatização de critérios para o reconhecimento de espécies pelo Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Revista Brasileira de Ornitologia 15 (2): 297-310, disponível em: http://www4.museu-goeldi.br/revistabornito/revista/index.php/BJO/article/viewFile/2914/pdf_483, acessado em 01 de junho de 2017.

===== Proposta B =====

Função: polig.dist()

Essa proposta utilizaria uma tabela de dados para plotar coordenadas geográficas de uma determinada espécie em estudo (ou espécies) em um mapa com registros de ocorrências, e posteriormente adicionaria como uma segunda camada um polígono com a área de distribuição geográfica da espécie em questão, que seria construído basicamente usando os registros de ocorrência extremos interligados entre si por uma linha. Esse polígono visualmente se assemelha a uma “nuvem de distribuição” que seria muito útil para estimarmos outros pontos de ocorrências para a espécie em estudo, que não os já previamente coletados pelo pesquisador. Adicionalmente, um

argumento poderia ser criado junto ao polígono para evidenciar as áreas com mais registros de ocorrência, como “pontos de calor” que gerassem um gradiente de cores mais escuras para mais claras, ou de cores mais quentes para mais frias respectivamente. Posteriormente esse polígono poderá ser comparado visualmente com outras ferramentas semelhantes já existentes, como por exemplo em estudos com aves, o “*BirdLife’s species range maps*”. Tal ferramenta foi desenvolvida pela *BirdLife International* juntamente com a *NatureServe* para exibir a distribuição das aves do mundo de acordo com os dados do “*BirdLife Datazone*”. Esses mapas são disponibilizados também mediante solicitação, em formato shapefile (.shp) para fins não comerciais para qualquer pesquisador que deseje consultar a distribuição geográfica de uma ou mais espécies de aves (ver um exemplo abaixo). Um shapefile como esse por exemplo poderá ser adicionado como uma terceira camada ao mapa e ao polígono de distribuição de uma determinada espécie já criados pelo usuário com a função `polig.dist()`, com o intuito de confrontar a distribuição já conhecida em literatura para a espécie em questão.



(fonte: <http://datazone.birdlife.org/species/factsheet/spectacled-owl-pulsatrix-perspicillata/distribution>)

- Critérios de entrada

Um arquivo .txt ou .csv contendo uma tabela com coordenadas geográficas (em formato decimal), onde a latitude e longitude estarão dispostas em colunas separadas, e em uma terceira coluna as respectivas espécies estudadas.

- Retorno dos resultados

A função retornará dentro do ambiente do R um mapa plotando todos os registros geográficos apresentadas para cada espécie. Considerando que poderão ser diversas espécies estudadas, diversos mapas serão então exibidos em janelas separadamente. Ademais, será adicionado um polígono sobre o mapa que unirá todos os pontos extremos de ocorrência de cada espécie, que representará finalmente a área total de distribuição de sua respectiva espécie. Um argumento adicional poderia criar um arquivo em formato shapefile (.shp) ou uma imagem (p.ex. .JPEG, .TIFF) para que pudesse ser exportado para outros programas.

- Bibliografia utilizada

BirdLife International (2017) Species factsheet: *Pulsatrix perspicillata*. Downloaded from <http://www.birdlife.org> on 01/06/2017.

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2017:alunos:trabalho_final:aline.h.correa:trabalho_final

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

