

PRIOR

```
###Cria a função prior e seus argumentos
prior = function(x,saveprior=TRUE){
  ###verificar se há NA's no dataframe
  if(sum(is.na(iprior))){
    ###mensagem de alerta, sem interromper função
    warning("espécies com NA desconsideradas")
    ###remover linhas com NA
    iprior <- na.omit(iprior)
  }
  ###fazer com que todos os nomes das colenas estejam em minúsculo
  colnames(iprior) <- tolower(colnames((iprior)))
  ###verificar se há espécies cujo status na IUCN seja NE
  if("NE" %in% iprior$iucn){
    ###mensagem de alerta, sem interromper função
    warning("espécies com NE desconsideradas")
    ###remover linhas com NE
    iprior <- subset(iprior, iprior$iucn!="NE")
  }
  ###verificar se há espécies cujo status na IUCN seja DD
  if("DD" %in% iprior$iucn){
    ###mensagem de alerta, sem interromper função
    warning("espécies com DD desconsideradas")
    ###remover linhas com DD
    iprior <- subset(iprior, iprior$iucn!="DD")
  }
  ###RESIGNIFICAÇÃO DAS SIGLAS DAS VARIÁVEIS CATEGÓRICAS####
  ###Variável acasalamento
  ###Cálculo da frequência de espécies monogâmicas
  freq.M <- (nrow(iprior[iprior$acasalamento=="M",]))/nrow(iprior)
  ###Cálculo da frequência de espécies poligâmicas
  freq.P <- (nrow(iprior[iprior$acasalamento=="P",]))/nrow(iprior)
  ###Se a frequência de monogâmicas for maior do que a de poligâmicos
  if(freq.M>freq.P){
    ###atribuir valor 2 para espécies monogâmicas
    M.maior <- gsub("M",2,iprior$acasalamento)
    ###atribuir valor 1 para espécies poligâmicas
    iprior$acasalamento <- as.numeric(gsub("P",1,M.maior))
    ###Se a frequência de monogâmicas for menor do que a de poligâmicos
  }else{
    ###atribuir valor 1 para espécies monogâmicas
    M.menor <- gsub("M",1,iprior$acasalamento)
    ###atribuir valor 2 para espécies poligâmicas
    iprior$acasalamento <- as.numeric(gsub("P",2,M.menor))
  }
  ###Variável Dieta
  ###Cálculo da frequência de espécies com dietas especialistas
  freq.E <- (nrow(iprior[iprior$dieta=="E",]))/nrow(iprior)
  ###Cálculo da frequência de espécies com dietas generalistas
```

```
freq.G <- (nrow(iprior[iprior$dieta=="G",]))/nrow(iprior)
###Se a frequência de especialistas for maior do que a de generalistas
if(freq.E>freq.G){
  ###atribuir valor 2 para espécies especialistas
  E.maior <- gsub("E",2,iprior$dieta)
  ###atribuir valor 1 para espécies generalistas
  iprior$dieta <- as.numeric(gsub("G",1,E.maior))
  ###Se a frequência de especialistas for menor do que a de
generalistas
}else{
  ###atribuir valor 1 para espécies especialistas
  E.menor <- gsub("E",1,iprior$dieta)
  ###atribuir valor 2 para espécies generalistas
  iprior$dieta <- as.numeric(gsub("G",2,E.menor))
}
###Variável Habitat
###Cálculo da frequência das espécies de área aberta
freq.A <- (nrow(iprior[iprior$habitat=="A",]))/nrow(iprior)
###Cálculo da frequência das espécies de área fechada
freq.F <- (nrow(iprior[iprior$habitat=="F",]))/nrow(iprior)
###Se a frequência de espécies de áreas abertas for maior do que a de
áreas fechadas
if(freq.A>freq.F){
  ###atribuir valor 2 para espécies de área aberta
  A.maior <- gsub("A",2,iprior$habitat)
  ###atribuir valor 1 para espécies de área fechada
  iprior$habitat <- as.numeric(gsub("F",1,A.maior))
  ###Se a frequência de espécies de áreas abertas for menor do que a
de áreas fechadas
}else{
  ###atribuir valor 1 para espécies de área aberta
  A.menor <- gsub("A",1,iprior$habitat)
  ###atribuir valor 2 para espécies de área fechada
  iprior$habitat <- as.numeric(gsub("F",2,A.menor))
}
###Variável Atividade
###Cálculo da frequência de espécies diurnas
freq.D <- (nrow(iprior[iprior$atividade=="D",]))/nrow(iprior)
###Cálculo da frequência de espécies noturnas
freq.N <- (nrow(iprior[iprior$atividade=="N",]))/nrow(iprior)
###Se a frequência de espécies diurnas for maior do que a de noturnas
if(freq.D>freq.N){
  ###atribuir valor 2 para espécies diurnas
  D.maior <- gsub("D",2,iprior$atividade)
  ###atribuir valor 1 para espécies noturnas
  iprior$atividade <- as.numeric(gsub("N",1,D.maior))
  ###Se a frequência de espécies diurnas for menor do que a de
noturnas
}else{
  ###atribuir valor 1 para espécies diurnas
```

```

    D.menor <- gsub("N",1,iprior$atividade)
    ###atribuir valor 2 para espécies noturnas
    iprior$atividade <- as.numeric(gsub("N",2,D.menor))
  }
  ###Variável Sociabilidade
  ###Cálculo da frequência de espécies solitárias
  freq.Sl <- (nrow(iprior[iprior$sociabilidade=="Sl",]))/nrow(iprior)
  ###Cálculo da frequência de espécies sociais
  freq.So <- (nrow(iprior[iprior$sociabilidade=="So",]))/nrow(iprior)
  ###Se a frequência de espécies solitárias for maior do que a de sociais
  if(freq.Sl>freq.So){
    ###atribuir valor 2 para espécies solitárias
    Sl.maior <- gsub("Sl",2,iprior$sociabilidade)
    ###atribuir valor 1 para espécies sociais
    iprior$sociabilidade <- as.numeric(gsub("So",1,Sl.maior))
    ###Se a frequência de espécies solitárias for menor do que a de
socialis
  }else{
    ###atribuir valor 1 para espécies solitárias
    Sl.menor <- gsub("Sl",1,iprior$sociabilidade)
    ###atribuir valor 2 para espécies sociais
    iprior$sociabilidade <- as.numeric(gsub("So",2,Sl.menor))
  }
  ###RESIGNIFICAÇÃO DAS CATEGORIAS DA IUCN
  ###atribuir valor 5 para espécies com status LC na IUNC
  iucn.lc <- gsub("LC",5,iprior$iucn)
  ###atribuir valor 4 para espécies com status NT na IUNC
  iucn.nt <- gsub("NT",4,iucn.lc)
  ###atribuir valor 3 para espécies com status VU na IUNC
  iucn.vu <- gsub("VU",3,iucn.nt)
  ###atribuir valor 2 para espécies com status EN na IUNC
  iucn.en <- gsub("EN",2,iucn.vu)
  ###atribuir valor 1 para espécies com status CR na IUNC
  iprior$iucn <- as.numeric(gsub("CR",1,iucn.en))
  ###CÁLCULO DAS DIFERENÇAS DOS VALORES DAS VARIÁVEIS PARA SUAS MÉDIAS
  ###diferenças entre cada tamanho e a média dos tamanhos
  iprior$tamanho <- iprior$tamanho-mean(iprior$tamanho)
  ###Rankeamento destas médias, da maior para a menor
  iprior$tamanho <- rank(-iprior$tamanho)
  ###diferenças entre cada longevidade e a média das longevidades
  iprior$longevidade <- iprior$longevidade-mean(iprior$longevidade)
  ###Rankeamento destas médias, da maior para a menor
  iprior$longevidade <- rank(-iprior$longevidade)
  ###diferenças entre cada distribuicao e a média das distribuicoes
  iprior$distribuicao <- iprior$distribuicao-mean(iprior$distribuicao)
  ###Rankeamento destas médias, da menor para a maior
  iprior$distribuicao <- rank(iprior$distribuicao)
  ###diferenças entre cada latitude e a média das latitudes
  iprior$latitude <- iprior$latitude-mean(iprior$latitude)
  ###Rankeamento destas médias, da maior para a menor
  iprior$latitude <- rank(iprior$latitude)

```

```
####diferenças entre cada densidade e a média das densidades
iprior$densidade <- iprior$densidade-mean(iprior$densidade)
####Rankeamento destas médias, da menor para a maior
iprior$densidade <- rank(iprior$densidade)
####diferenças entre cada área de vida e a média das áreas de vida
iprior$area.de.vida <- iprior$area.de.vida-mean(iprior$area.de.vida)
####Rankeamento destas médias, da maior para a menor
iprior$area.de.vida <- rank(-iprior$area.de.vida)
####diferenças entre cada gestação e a média das gestações
iprior$gestacao <- iprior$gestacao-mean(iprior$gestacao)
####Rankeamento destas médias, da maior para a menor
iprior$gestacao <- rank(-iprior$gestacao)
####diferenças entre cada tamanho de prole a média dos tamanhos de prole
iprior$prole <- iprior$prole-mean(iprior$prole)
####Rankeamento destas médias, da menor para a maior
iprior$prole <- rank(iprior$prole)
####criação do objeto Ecological Oddity (eo) contendo a média dos
rankings das variáveis tamanho, longevidade, distribuição, latitude,
densidade, área de vida, gestação, prole, sistema de acasalamento, dieta,
hábitat, atividade e sociabilidade por espécie
####Soma dos rankings de todas as variáveis, exceto IUCN, por espécie
sum.eo <- apply(iprior[, -ncol(iprior)], 1, sum)
####Cálculo do Ecological Oddity (eo), que é a média dos rankings por
espécie
eo <- sum.eo/(ncol(iprior)-1)
####Tranformação de E0 em dataframe
eo <- data.frame(eo)
####Rankeamento das espécies com base nos valores de E0
eo <- rank(eo)
####Une a coluna E0 ao dataframe iprior
iprior <- cbind(iprior, eo)
####Reordena as colunas, colocando E0 antes do status da IUCN
iprior <- iprior[, c(1:(ncol(iprior)-2), ncol(iprior), (ncol(iprior)-1))]
####CÁLCULO DO ÍNDICE DE PRIORIZAÇÃO, A PARTIR DA MÉDIA ENTRE E0 E O
STATUS DA IUCN
index <- iprior$eo+iprior$iucn/2
####Transforma o índice em dataframe
index <- data.frame(index)
#### Faz o ranqueamento das espécies de acordo com o índice de priorização
index <- rank(index)
####Une a coluna do índice de priorização ao dataframe iprior
iprior <- cbind(iprior, index)
####Altera o nome do dataframe final para prior
prior <- iprior
if(saveprior != TRUE){
  ####armazena o arquivo prior no Work Space
  return(prior)
}else{
  ####Salva o dataframe prior contendo os resultados em formato csv
  write.table(iprior, "prior.csv", sep=";", col.names=NA)
```

```
    ###armazena o arquivo prior no Work Space  
    return(prior)  
  }  
}
```

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:karina.banci:prior 

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