Maíra Tir

Mestranda em Ecologia no Instituto de Biociências da USP com a tese “Polimorfismo genético e taxonomia convencional de cianobactérias da represa Billings”, orientada pelo Prof. Dr. Marcelo Luis Martins Pompêo. Estatística nunca foi o meu forte, mas nunca desanimei com os meus fracassos.

nome	projeto	email	telefone
Maíra Paula Tir Serico	Polimorfismo genético e taxonomia convencional de cianobactérias da represa Billings	mairatir@usp.br	82216056

Meus Exercícios

exec

Exercício 1: F

Exercício 2: F

Exercício 3: F

Exercício 4: F

Exercício 5: F

Exercício 6: F

Exercício 7: P

Exercício 8:

Exercício 9: P

Trabalho Final

Fiz a proposta 2

HELP

```
biovolume                       package:-                       R Documentation
```

```
Calcula o biovolume.

Descrição:

Realiza o cálculo do biovolume de células com diferentes formatos. Foi
criado
inicicialmente para células de organismos fitoplanctônicos, mas pode ser
usado
para outras situações. Utiliza médias de cada medida necesária para o
cálculo
do formato gheométrico.


Uso:

 biovolume(formato, comprimento, largura, altura, diametro, n=1)


Argumentos:

 formato: Corresponde ao formato da célulae, portanto, à equação que será
    utilizada. As possibilidades de formato são: "sphere", "prolate
spheroid",
    "ellipsoid", "cylinder", "cylinder + 2 half spheres",
    "cylinder + 2 half cones", "cone", "double cone", "cone + half sphere",
        "box", "prism on elliptic-base", "prism on parallelogram-base",
    "sickle-shaped prism", "sickle-shaped cylinder", "pyramid".
    Demais formatos podem ser feitos através de combinações dos contemplados
    pela função.

 comprimento: Valores correspondentes ao comprimento da célula.

 largura: Valores correspondentes à largura da célula.

 altura: Valores correspondentes à altura da célula.

 diametro: Valores correspondentes ao diâmetro da célula.

 n: Valor correspondente ao número de células do indivíduo medido ou da
colônia
    a qual ele pertence.


Detalhes:

O cálculo do biovolume depende da especificação do formato (forma
geométrica)
da célula, não sendo possível a sua execução sem essa definição. Para cada
formato há uma equação adequada que pode utilizar diferentes medidas. As
```

```
medidas
necessárias para cada formato podem ser consultadas na própria função.

Valor:

A função retorna primeiro exemplos de organismos fitoplanctônicos
correspondentes
à forma geométrica utilizada para os cálculos, em seguida aponta quais
medidas são
necessárias para que o cálculo possa ser feito e, por fim, mostra o
resultado do
cálculo do biovolume caso as medidads tenham sido inseridas.

Cuidado:

É preciso estar atento à correta escolha da forma geométrica que será
utilizada.
A função biovolume calcula o biovolume de apenas um indivíduo (consederando
que os
indivíduos são filamentos, colônias e organismos unicelulares), portanto,
para
obter o biovolume total da amostra deve-se saber a densidade do indivíduo na
amostra e multiplicá-la pelo biovolume.


Autor:

Maíra Paula Tir Serico


Referências:

Sun, J. & Liu, D. (2003) Geometric models for calculating cell biovolume and
surface
area for phytoplankton. Journal of Plankton Research.


Exemplos:

c <- c(1,2,3,4,5) #comprimento de 5 indivíduos
l <- c(6,7,8,9,10)  #largura de 5 indivíduos
a <- c(11,12,13,14,15)  #alturade 5 indivíduos
d <- c(16,17,18,19,20)  #diâmetro de 5 indivíduos

biovolume(formato="sphere", diametro=d, n=5)
#cálculo do biovolume para 5 indivíduos "sphere"
biovolume(formato="sickle-shaped prism", comprimento=c, largura=l, altura=a,
n =5)
#cálculo do biovolume para 5 indivíduos com formato prisma em forma de foice

biovolume(formato="sphere")
```

```
#Consulta sobre o que deve ser medido para conseguir calcular o biovolume
para o formato
"sphere"
```

Código

```
biovolume <- function(formato="", comprimento="", largura="", altura="",
diametro="", n=1)
{
#Condição para cada formato
    if(formato=="sphere")
        {
        volume <- (((pi*mean(diametro)^3)/6)*mean(n))
        algas <- data.frame(Cyanobacteria=c("Anabaena", "Chroococcus",
"Microcystis"), Chlorophyceae=c("Coelastrum", "Chlorella",
"Dictiosphaerium"))
        medidas <- c("Medir o diâmetro da célula e conte o número (n) de
células")
        }
    if(formato=="prolate spheroid")
        {
        volume <- ((pi*mean(diametro)^2*mean(altura))/6)*mean(n)
        algas <- data.frame(Cyanobacteria=c("Aphanothece", "Xenococcus"),
Chlorophyceae=c("Oocystis","Scenedesmus"),
Cryptophyceae=c("Cryptomonas","Hillea"),
Chrysophyceae=c("Mallonmonas","Dinobryon"),
Dinophyceae=c("Balechina","Ptychodiscus"))
        medidas <- c("Medir o diâmetro e a altura e conte o número (n) de
células")
        }
       if(formato=="ellipsoid")
        {
           volume <-
((pi*mean(comprimento)*mean(largura)*mean(altura))/6)*mean(n)
        algas <- data.frame(Dinophyceae=c("Peridinium", "Amphidinium",
"Gyrodinium"), Euglenophyceae=c("Trachelomonas"))
        medidas <- c("Medir comprimento, largura e altura da célula e conte
o número (n) de células")
           }
    if(formato=="cylinder")
        {
           volume <- ((pi*mean(diametro)^2*mean(comprimento))/4)*mean(n)
        algas <- data.frame(Cyanobacteria=c("Cylindrospermopsis",
"Oscillatoria"), Bacillariophyceae=c("Aulacoseira", "Cyclotella"))
        medidas <- c("Medir o diâmetro e o comprimento da célula e conte o
número (n) de células")
           }
```

```
       if(formato=="cylinder + 2 half spheres")
        {
           volume <- (pi*mean(diametro)^2*(mean(altura)/4-
mean(diametro)/12))*mean(n)
        algas <- data.frame(Bacillariophyceae=c("Chrysanthemodiscus",
"Skeletonema"))
        medidas <- c("Medir diâmetro e altura da célula e conte o número (n)
de células")
           }
       if(formato=="cylinder + 2 half cones")
        {
           volume <- (pi/4*mean(diametro)^2*(mean(altura)-
mean(diametro)/3))*mean(n)
        algas <- data.frame(Chlorophyceae=c("Actinastrum", "Ankistrodesmus",
"Closteriopsis"))
        medidas <- c("Medir diâmetro e altura da célula e conte o número (n)
de células")
           }
       if(formato=="cone")
        {
           volume <- ((pi*mean(altura)*mean(diametro)^2)/12)*mean(n)
        algas <- data.frame(Chrysophyceae=c("Pyramidochrysis",
"Sphaleromantis"))
        medidas <- c("Medir diâmetro e altura da célula e conte o número (n)
de células")
           }
     if(formato=="double cone")
        {
           volume <- ((pi*mean(altura)*mean(diametro)^2)/12)*mean(n)
        algas <- data.frame(Dinophyceae=c("Schuettiella"),
Chlorophyceae=c("Brachiomonas"))
        medidas <- c("Medir diâmetro e altura da célula e conte o número (n)
de células")
           }
     if(formato=="cone + half sphere")
        {
           volume <- ((pi*mean(altura)*mean(diametro)^2)/4)*mean(n)
        algas <- data.frame(Chrysophyceae=c("Ochromonas"),
Cryptophyceae=c("Chroomonas"))
        medidas <- c("Medir diâmetro e altura da célula e conte o número (n)
de células")
           }
    if(formato=="box")
        {
           volume <- (mean(comprimento)*mean(largura)*mean(altura))*mean(n)
        algas <- data.frame(Cyanobacteria=c("Merismopedia"),
Bacillariophyceae=c("Asterionella", "Bacillaria"))
          medidas <- c("Medir o comprimento, largura e altura da célula e
conte o número (n) de células")
        }
       if(formato=="elliptic-base prism")
```

```
        {
           volume <-
((pi*mean(comprimento)*mean(largura)*mean(altura))/4)*mean(n)
        algas <- data.frame(Bacillariophyceae=c("Achnanthidium",
"Fragilaria"), Chlorophyceae=c("Pediastrum"), Euglenophyceae=c("Phacus"))
        medidas <- c("Medir comprimento, largura e altura e conte o número
(n) de células")
           }
     if(formato=="prism on parallelogram-base")
        {
           volume <-
(1/2*mean(comprimento)*mean(largura)*mean(altura))*mean(n)
        algas <- data.frame(Bacillariophyceae=c("Gyrosigma", "Cymatoneis",
"Nitzschia", "Nitzschiella"))
        medidas <- c("Medir comprimento, largura e altura da célula e conte
o número (n) de células")
           }
    if(formato=="sickle-shaped cylinder")
        {
           volume <- ((pi*mean(altura)*mean(diametro)^2)/6)*mean(n)
        algas <- data.frame(Chlorophyceae=c("Ankistrodesmus",
"Monorraphidium", "Closteriopsis", "Kirchineriella"),
Bacillariophyceae=c("Licmophora"))
        medidas <- c("Medir o diâmetro e altura da célula e conte o número
(n) de células")
           }
    if(formato=="sickle-shaped prism")
        {
           volume <-
((pi*mean(comprimento)*mean(largura)*mean(altura))/4)*mean(n)
        algas <- data.frame(Bacillariophyceae=c("Eunotia"))
        medidas <- c("Medir comprimento, largura e altura da célula e conte
o número (n) de células")
        }
    if(formato=="pyramid")
        {
        volume <- (((mean(diametro)^2)*mean(altura))/6)*mean(n)
        algas <- data.frame(Dynophyceae=c("Tetradinium"))
        medidas <- c("Medir diâmetro (diagonal da base) e altura da célula e
conte o número (n) de células")
        }
    resulta <- list(algas,medidas,volume)
    names(resulta) <- c("Gêneros","O que deve ser
medido/contado?","Biovolume")
    return(resulta)
    }
```

Proposta 1

A idéia é criar uma função que produza um gráfico de mais de uma variável em relação a profundidade de um corpo d'água. Seria útil para mim porque esse tipo de gráfico é muito ilustrativo para apresentações e interpretações de dados limnológicos e é muito difícil de encontrar programas que o façam (eu ainda não encontrei =/). As varáveis principais envolvidas nessas análises são oxigênio dissolvido, condutividade elétrica, ph, temperatura, nutrientes, entre outros... Se em um gráfico eu pudesse juntar algumas dessas variáveis seria muito útil e acredito que não só para mim.

Comentários

É factível, mas acho que poderia ter mais algo, como por exemplo diagnóses das associações entre as variáveis, talvez.

— *Fabio de A. Machado 2011/04/06 19:16*

Proposta 2

É uma proposta mais complicada e ainda não pensei muito bem como seria feita, mas gostaria de ter uma função que facilitasse o cálculo de biovolume de espécies de fitoplâncton. Atualmente faço esses cálculos com o Excel (UUUURRGGHHH!!!), mas não está sendo muito prático e gostaria de otimizar esse processo.

Comentários

Minha impressão geral é que se dá para fazer no Excel, dá para fazer no R de forma mil vezes mais simples. Eu diria para você ir no plano B que parece mais interessante, ainda mais que você vai ter uma função que você já tem demanda.

Fora isso, o Excel erra em alguns contextos muito específicos. São dois pontos positivos para sua proposta 2.

— *Fabio de A. Machado 2011/04/06 19:30*

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:maira:start

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