

Diogo



Mestre em Botânica pela UEFS

Doutorando em Ecologia pela UESC

O título da minha Tese é “Diversidade vegetal em Floresta Atlântica no sul da Bahia: uma avaliação dos efeitos ambientais sobre a composição e estrutura da comunidade arbórea”. Desejo me aprofundar no uso do R e em um futuro próximo utilizar esta ferramenta em todas as análises de meu projeto.

Exercícios

[exec](#)

Proposta de Trabalho Final

Plano A

Uma das tarefas árduas de quem trabalha com botânica é arrumar a lista de espécies, principalmente quando se trabalha em ambiente com alta diversidade e estas listas tendem a ser muito extensas. Um dos passos para organização da lista é colocar o nome do autor na espécie. Desta forma tenho interesse em criar uma função onde o objeto de entrada seria um data frame com a lista de espécies, podendo ser organizada uma espécie por linha na primeira coluna. Ou ainda, uma espécie por linha, mas na primeira coluna o nome do gênero e na segunda o epíteto específico correspondente. O objeto de saída seria um data frame composto pelo objeto original acrescido de uma coluna com o nome do autor da espécie. Aumentando a ambição da função, este objeto poderia ter ainda uma coluna com a distribuição geográfica da espécie. Estes dados seriam retirados da base de dados que consta no site da Lista de espécies da Flora do Brasil [Flora do Brasil](#).

Plano B

Como plano B sugiro uma função que possa calcular as distâncias geográficas entre determinadas coordenadas. O objeto de entrada seria uma matriz numérica com as latitudes na primeira coluna e a longitude na segunda coluna. As unidades das coordenadas poderiam ser em UTM ou graus decimais. O objeto de saída seria uma matriz numérica com a distância, em Km ou em metros (escolhidas por um argumento) entre os pontos de entrada. Esta matriz de saída seria similar a matriz gerada pelo cálculo de índices de similaridade.

Comentários

Olá Diogo, As duas propostas são factíveis. A primeira vai necessitar que a sua função inclua a base de dados da Flora, mas acho que é possível. A segunda é interessante tb. e poderia ter diferentes possibilidades de entradas, por exemplo UTM ou graus. Deve só tomar cuidado no cálculo pois tem que levar em consideração que a conversão de graus para distância deve levar em consideração a forma da terra. Há diferentes formas de fazer a conversão, pegue uma e deixe claro isso na sua documentação.

1. - [Alexandre Adalardo de Oliveira](#) 2013/03/24 11:49

TRABALHO FINAL

Help

```
floristic                package: unknown          R Documentation

Busca os nomes dos autores de espécies de angiospermas

-----
Descrição
-----

Esta função lê uma lista de espécies de angiospermas e retorna a mesma lista de espécies acrescida dos nomes dos autores de cada uma.

-----
Uso
-----

floristic(lista,coluna=2, bd="brasil",csv=TRUE, familia=FALSE,
grafico=FALSE)

-----
Argumentos
-----

lista  uma matriz ou um data frame de caracteres ou fator contendo a lista de espécies. Cada espécie deve estar em uma linha da mesma coluna.

coluna número da coluna que contém os nomes das espécies, o default é 2.

bd     banco de dados a ser utilizados para busca. O default é um banco com os nomes das espécies de angiospermas do Brasil.
      Os nomes aceitos são:
      "brasil" (todas as plantas do Brasil),
```

"norte" (plantas que ocorrem na região Norte do Brasil)
 "nordeste" (plantas que ocorrem na região Nordeste do Brasil)
 "centro-oeste" (plantas que ocorrem na região Centro-Oeste do Brasil)
 "sudeste" (plantas que ocorrem na região Sudeste do Brasil)
 "sul" (plantas que ocorrem na região Sul do Brasil)

csv se TRUE, a função cria um arquivo de extensão CSV no seu diretório de trabalho. Note que o default é FALSE.

familia se consta em lista o nome das famílias de cada espécie, então este argumento deve ser TRUE. Os nomes das famílias devem estar na primeira coluna. O default é FALSE.

grafico este argumento só terá efeito se familia for TRUE. Caso seja TRUE, retornará um gráfico com as 8 famílias de maior riqueza de espécies.

 Detalhes

É recomendada a utilização do argumento familia=TRUE para que seja possível colocar o nome das famílias de cada espécie, bem como um gráfico diagnóstico que mostra as famílias com maior riqueza.
 Recomenda-se fortemente retirar os "cf." ou "aff." das espécies, pois pode impedir a busca correta da espécie no banco de dados.

 Valor

O objeto de saída é um data frame com a primeira coluna contendo o nome das famílias, a segunda coluna contendo o nome das espécies e a terceira coluna contendo um "*" onde tiver uma espécie não encontrada no banco de dados.

 Autor:

Rocha, Diogo S. B.
 diogosbr@gmail.com

 Referências

Lista de Espécies da Flora do Brasil 2013 in
<http://floradobrasil.jbrj.gov.br>

 Veja também

```
#####
```

```
-----  
Exemplos  
-----
```

```
teste=data.frame(Família=c("Fabaceae" , "Myrtaceae" , "Asteraceae" ,  
"Rosaceae" , "Elaeocarpaceae" , "Meliaceae" , "Bignoniaceae" ,  
"Melastomataceae",  
"Lauraceae" , "Myrtaceae" , "Sapindaceae" , "Fabaceae" , "Polygonaceae" ,  
"Melastomataceae" , "Myrtaceae" ,  
"Solanaceae" , "Myrtaceae", "Lauraceae" , "Myrtaceae" , "Annonaceae"  
),  
Espécie= c("Copaifera trapaezifolia" , "Eugenia itapemirimensis" ,  
"Vernonanthura diffusa" , "Prunus myrtifolia" , "Sloanea  
guianensis",  
"Cabralea canjerana" , "Handroanthus heptaphyllus" , "Leandra  
melastomoides" , "Ocotea daphinifolia" , "Campomanesia dichotoma"  
,  
"Paullinia carpopoda" , "Fabaceae sp01 " , "Cocoloba mosenii" ,  
"Miconia tristis",  
"Plinia sp01" , "Solanum rupincola" , "Myrceugenia pilotantha" , "Aniba  
sp02" , "Eugenia sp05" , "Guatteria pogonopus" ) )  
  
result=floristic (teste, coluna=2 )  
  
#usando o gráfico diagnóstico  
result=floristic (teste, familia=TRUE, grafico=TRUE )
```

Função

```
#####  
##Função##  
#####  
  
floristic=function(lista,coluna=2,bd="brasil",csv=TRUE, familia=FALSE,  
grafico=FALSE)  
{  
  if(coluna>dim(lista)[2]) ##caso seja digitado o número da coluna  
errado  
  {  
    stop("A coluna escolhida não existe")  
  }  
  if(sum(class(lista[,coluna])!=c("factor","character"))>=2) #Caso a  
coluna que contem espécies seja diferente de fator ou caractere gera aviso  
  {  
    stop("Esta coluna não possui nomes de espécies")  
  }  
}
```

```

    if(missing(lista))
    {
        stop("Forneça uma lista de espécies")
    }
    ##lendo banco de dados selecionado
    if(bd=="brasil")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/xarlrvmwpujud12/BRASIL.txt",as.is
=T)
    }
    if(bd=="nordeste")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/xw9hrkapgkiab2h/regiaoNORDESTE.tx
t",as.is=T)
    }
    if(bd=="norte")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/9cpt9zrbtsbva4z/regiaoNORTE.txt",
as.is=T)
    }
    if(bd=="sudeste")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/mvemaqyn38r3f2t/regiaoSUDESTE.txt
",as.is=T)
    }
    if(bd=="sul")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/w5i8xhwgyr5s8vu/regiaoSUL.txt",
as.is=T)
    }
    if(bd=="centro-oeste")
    {
bdados=read.delim("http://dl.dropbox.com/s/gkst0ca3josyp5o/regiaoCENTRO_OEST
E.txt",as.is=T)
    }

    saida=matrix(ncol=3,nrow=dim(lista)[1])    ##objeto de saida #criando
matriz vazia para salvar os dados
    saida=as.data.frame(saida)    ##convertendo em um data frame
    colnames(saida)=c("Família","Espécies","Não encontradas") ##Nomes das
colunas do arquivo de saída
    for(i in 1:dim(lista)[1])
    {
abc=agrep(lista[i,coluna],bdados[,1],ignore.case=T,value=T,max.distance =
0.01)#procurando espécie no banco de dados
        saida[i,2]=abc[1]    #substituindo espécie sem autor por espécie com
autor do BD
    }
    falta=sum(is.na(saida[,2]))    #número de nomes faltantes
    encontrou=length(saida[,2])-sum(is.na(saida[,2]))    #número de sp
encontradas

```

```
    percentual=round(100-
((sum(is.na(saida[,2]))/length(saida[,2]))*100),2)#porcentagem das
encontradas
    saida[is.na(saida[,2]),3]="*"    #coloca "*" na espécie que não foi
encontrada
    saida[!is.na(saida[,2]),3]=" "  #coloca " " na espécie que foi
encontrada
    saida[is.na(saida[,2]),2]=as.character(lista[is.na(saida[,2]),coluna])
#coloca os nomes fornecidos no lugar dos nomes faltantes
    if(familia==TRUE)
    {
        saida[is.na(saida[,1]),1]=as.character(lista[is.na(saida[,1]),1])
#coloca os nomes fornecidos no lugar dos nomes faltantes
        if(grafico==TRUE)
        {
            barplot(sort(table(lista[,1]),decreasing=T)[1:8],las=1,lwd=1.2,
col=0,cex.axis=1.16,space=0.08,ylab="Número de espécies",cex.lab=1.15)
##plota as 8 famílias com mais espécies
            abline(h=0) #acrescenta o eixo X
        }
        if(coluna==1)
        {
            saida=saida[,2:3]
        }
    }
    else
    {
        saida=saida[,2:3] #caso não forneça o nome da família retira a
coluna destinada aos nomes das famílias
    }
    if(csv==TRUE)
    {
        write.table(saida,file="Lista de espécies.csv",sep=";",row.name=F)
## salva uma planilha no diretório de trabalho
        cat("Número de espécies não encontradas:",falta,"\n","Número de
espécies encontradas:",encontrou,"\n","Porcentagem dos
encontrados:",percentual,"%","\n","\n","Foi salvo um arquivo .CSV no seu
diretório de trabalho","\n")
    }
    else
    {
        cat("Número de espécies não encontradas:",falta,"\n","Número de
espécies encontradas:",encontrou,"\n","Porcentagem dos
encontrados:",percentual,"%","\n","\n","Não foi salvo um arquivo .CSV no seu
diretório de trabalho","\n")
    }
    return(saida)
}
```

Arquivos da função[help.txt floristica2.r](#)

Espécies de angiospermas

Foram retirados do site da lista de espécies da Flora do Brasil os nomes das espécies que ocorrem no Brasil:

[Plantas do Nordeste](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2013:alunos:trabalho_final:diogosbr:start Last update: **2020/08/12 06:04**