

Marcos Enoque



Mestre em Biodiversidade Vegetal e Meio Ambiente - Instituto de Botânica de São Paulo atualmente Doutorando pelo mesmo programa.

[exec](#)

Links relacionados: Programa de Pós-graduação em Biodiversidade Vegetal e Meio Ambiente do Instituto de Botânica de São Paulo - <http://www.biodiversidade.pgibt.ibot.sp.gov.br/Web/default.aspx>

PROPOSTA TRABALHO FINAL

SILVIGÊNESE COM R

[imagem_silvigenese.pdf](#)

Direto ao assunto:

PLANO A

Elaborar uma função para classificar as árvores de um levantamento segundo os critérios da silvigenese (ver imagem silvigenese acima). As medidas utilizadas para isso são Altura total (Ht) e Altura do fuste (Hf). Com base nestas medidas e em características da copa e da arquitetura das árvores, elas são classificadas em árvores do presente, passado e futuro. Conjuntos destas árvores são agrupadas para classificar as manchas dentro da florestas em eco-unidades em desenvolvimento, em degradação ou em equilíbrio. A área coberta por cada uma destas manchas é então medida e ao final obtém-se a proporção de cada uma destas manchas na área avaliada. Finalmente serão elaborados gráficos de abundancia das árvores em cada uma destas categorias, graficos de área de cobertura de cada uma das ecounidades e se possivel o mosaico silvático.

PLANO B

Elaborar uma função que mostre a relação entre Ht, Hf e DAP, buscando alguma correlação com os critérios de classificação de árvores da silvigenese.

===== Seguindo os comentários sobre a proposta do trabalho final, a seguir são apresentadas as propostas melhoradas da

função que se pretende fazer

PLANO A.2

O QUE A FUNÇÃO VAI FAZER? QUE TIPOS DE DADOS PRECISA RECEBER?

Imagino uma função que a partir de uma relação de dados obtidos em campo, sobre Altura total (Ht), altura do fuste (Hf) e características sobre a arquitetura arbórea (ver texto anexo) de uma amostragem de árvores, me forneça um objeto com a classificação silvigenica de cada uma das arvores da amostragem.

A silvigenese (ver texto anexo) leva em consideração a classificação das arvores quanto a reiteação (ramificação). As árvores reiteradas, são subclassificadas a partir da Ht e Hf de cada árvore em relação a metade da altura da floresta.

A primeira etapa para elaboração dos mosaicos silvigenicos é saber quais árvores estão classificadas nas respectivas categorias, e em seguida conjunto de árvores na mesma classificação são agrupados para estabelecer as diferentes ecounidades dentro do mosaico do trecho que será avaliado.

A saída portanto será um objeto que forneça esta classificação tanto das árvores nas respectivas classificações arquiteturais quanto do conjunto de árvores em ecounidades.

PLANO B.2

Muitas questões surgem no momento da avaliação silvigenica, dentre elas:

Existe uma relação do diametro da árvore com sua respectiva classificação silvigenica? Árvores do futuro limitam-se a árvores de DAP menores (até 10 cm p.ex.)? Árvores com diametros menores devem ter fustes mais altos em relação à sua altura total? Árvores de grandes diametros também terão a maior Ht?

Uma função que demonstre algumas destas correlações seria o foco do Plano B, Não sei exatamente se uma correlação linear poderia fornecer este resultado.

Novamente os dados de entrada seriam altura total (Ht), altura do fuste (Hf) e o novo dado de entrada seria DAP.

Para saída, como resultado, algum fator que apresentasse uma correlação e que determinasse em qual das categorias silvigenicas cada árvore pertenceria.

[silvigenese_referencial_teorico-.txt](#)

Comentários

Primeira versão

Não ficou claro o que a função vai fazer e que dados ela precisa receber para isto. Na primeira

proposta, qual(is) das etapas da análise de silvigênese a função vai realizar, e quais dados são necessários? Na segunda, não entendi como a correlação entre medidas e classificação pode ser medida.

Em resumo, são promissoras, mas ainda estão vagas. Pense em funções que tenha generalidade, e defina claramente as entradas e saídas (seções 'arguments' e 'values' da página de ajuda).

Segunda versão

A.2

A função então receberia uma planilha com medidas de cada árvore e retornaria a classificação de cada uma, certo? Além de altura total e do fuste que outras medidas entram? No texto q vc deixou estão indicadas várias, mas ainda não está claro para mim quais são usadas e como. Se para vc está claro, vá em frente.

Parece que a primeira parte da função será uma sequência de testes lógicos ou 'if' s, o que é bem simples. Já para a segunda parte vc vai precisar da informação de posição da árvores e de algum critério para agregá-las em econunidades, o que pode ser complicado. Sugiro que vc feche a primeira parte em uma função + página de ajuda para então partir para a segunda, se tiver tempo.

Se os dados tiverem também a classificação de cada árvore feita pelo pesquisador em campo, vc poderia incluir em sua função algum tipo de comparação entre isto e o resultado da própria função.

B.2

A saída da função não está clara, enm como a entrada poderia gerá-la.

Função Silvigenese

Considerações a respeito da função Silvigenese

Os comentários e sugestões a respeito da função silvigênese não foram seguidos a risca seja em parte pela dificuldade encontrada no trabalho no ambiente do R, seja pelo prazo de entrega da função.

Assim, optei por apresentar uma função (“que julgo bem simples”) para classificação das árvores segundo os critérios silvigenicos.

Página de ajuda

silvigenese

package: nenhum

R Documentation

Função para classificação das árvores de acordo com critérios silvigenicos proposto por Torquebiau (1986)

Descrição:

Realiza o agrupamento das árvores segundo classificação silvigenica [presente(P1A,P1B,P2A,P2B), passado (Pas) e futuro(Fut)] baseado nas características da arquitetura da copa (simpodial, monopodial e ausente), na relação entre a altura de cada individuo (ht) em relação ao ponto de inversão ecológica (pie=Maior valor de ht/2) e da relação da altura do fuste (hf) e altura (ht). A função retorna uma tabela e um plot com a abundancia de arvores em cada uma das classes.

Uso:

```
silvigenese(dados)
```

Argumentos:

`dados` `dados` é um objeto de classe `(data.frame)` com `n` observações e 3 variáveis

obrigatórias: `ht`, `hf` e `copa`.

Detalhes:

`ht` = corresponde a altura total de cada individuo amostrado

`hf` = altura do fuste de cada individuo amostrado

`copa` = classificação da copa quanto a arquitetura se simpodial, monopodial ou ausente - Para esta classificação foram usados

critérios

adotados em Bell,A.D.& Bryan,A. (2008)

Os Critérios de classificação silvigênica estão baseados na arquitetura das árvores e na relação entre estas árvores, sua ramificação e a luz nos diferentes estratos da floresta.

- Na silvigênese existe dentro da floresta uma região considerada como transição

entre uma condição de maior luminosidade para uma outra com menos luz, esta zona

de transição é chamada de ponto de inversão ecológica = pie

Portanto: Após a leitura dos dados, o passo seguinte é calcular o (pie) que

equivale a metade da altura da floresta

-pie = Maior valor de altura de arvores /2

-ht.pie - relação entre altura de cada arvore em relação ao pie

A primeira classificação a partir de dados da copa `dados$copa`

- simpodial == presente

- monopodial == futuro

- ausente == passado

As arvores do presente são também subclassificadas de acordo com a ht em relação à pie.

- Arvores do presente com $ht \leq pie$ são classificadas como Presente 1

$$ht/pie \leq 1 \quad (\text{Presente 1})$$

- Arvores do presente com $ht > pie$ são classificadas como Presente 2

$$ht/pie > 1 \quad (\text{Presente 2})$$

Cada uma destas Classes do presente são ainda subclassificadas em função do fuste em relação a altura de cada arvore.

Assim tanto arvores do Presente 1 ou Presente 2 podem ser classificadas em Alta ou Baixa.

Esta distinção é dada com relação à altura do fuste e a metade da altura de cada individuo.

Quando o fuste do individuo está acima da metade da altura da arvore ele receberá a subclassificação "A" de alta e se o fuste está localizado abaixo da metade da altura da arvore, esta arvore será classificada como "B" de baixa (Torquebiau 1986).

Portanto ao final teremos as arvores do Presente classificadas em:

- Presente 1A (P1A) = árvore baixa de fuste alto

$$hf/ht > 0.5$$

- Presente 1B (P1B) = árvore baixa de fuste baixo

$$hf/ht \leq 0.5$$

- Presente 2A (P2A) = árvore alta de fuste alto

$$hf/ht > 0.5$$

- Presente 2B (P2B) = árvore alta de fuste baixo

$$hf/ht \leq 0.5$$

Valores:

- Retorna uma tabela e um gráfico (plot) com abundância nas classes silvigenicas apenas exibido na tela.

Autor:

Marcos Enoque Leite Lima

marcosenoque@gmail.com

References:

Bell, A.D. 2008. Plant Form: an illustrated guide to flowering plant morphology. 2 London:Oxford University, Pp 431.

Torquebiau, E.F. 1986. Mosaic patterns in dipteriocarp rainforest in Indonesia and their implications for practical forestry. Journal of Tropical Ecology 2:(4):301-325.

Exemplos

teste_funcao_silvigenese.csv

Função Silvigenese

*Código da função *

```
silvigenese<-function(dados)
{
  {
    dados<-read.csv(dados, sep=",", header=T) # Os dados deve conter
("n.arv", "ht", "hf" e "copa"-monopodial/simpodial ou ausente)

    pie<-(max(dados$ht)/2) # pie - ponto de inversão ecologica = Metade
da altura da floresta isto é: metade da altura da maior arvore medida

    ht.pie<-dados$ht/pie # relação entre altura total de cada
indivíduo (ht) e Ponto de inversao ecologica (pie)
# Esta relação indica quais arvores são do
presente 1 e quais são do presente 2.
# Valores <= 1 (classifica as árvores em
Presente 1)
# Valores > 1 (Classifica as árvores em
Presente 2)

    dados$copa<-as.character(dados$copa) # Primeiro precisa
transformar "copa" de factor para character

    class.arv<-dados$copa # objeto para guardar primeiras
```

classificações das árvores

```

class.arv[class.arv=="monopodial"]<- "futuro" # transforma o campo
monopodial em futuro
class.arv[class.arv=="simpodial"]<- "presente" # transforma o campo
simpodial em presente
class.arv[class.arv=="ausente"]<- "passado" # transforma o campo
ausente em passado
str(class.arv)
tabela<-table(class.arv) # Aqui obtem-se a classificação geral das
árvores sem diferenciar as subclasses do Presente
}
{
  ht.pie<- as.numeric(ht.pie)
  hf.ht<- as.numeric(dados$hf/dados$ht)
  class.silv<-
as.data.frame(cbind(class.arv,ht.pie,hf.ht))
  class.silv$ht.pie<- as.character(class.silv$ht.pie)
  class.silv$hf.ht<- as.character(class.silv$hf.ht)
  Presente1<-
class.silv[class.silv$class.arv=="presente" [1]&class.silv$ht.pie<=1[1],] #
selecionado de acordo com a ecounidade e respectivo valor de ht.pie
# na subclassificação correspondente a arvores do
presente 1
}
{
  P1A<-
class.silv[class.silv$class.arv=="presente"
[1]&class.silv$ht.pie<=1[1]&class.silv$hf.ht>0 .5[1],] # selecionado de
acordo com a ecounidade e respectivo valor de hf.ht
# na subclassificação correspondente a
arvores do presente 1A
  P1A$class.arv<- "P1A"
  P1B<-
class.silv[class.silv$class.arv=="presente"
[1]&class.silv$ht.pie<=1[1]&class.silv$hf.ht<= 0.5[1],] # selecionado de
acordo com a ecounidade e respectivo valor de hf.ht
# na subclassificação correspondente a
arvores do presente 1B
  P1B$class.arv<- "P1B"
}
{
  Presente2<-
class.silv[class.silv$class.arv=="presente" [1]&class.silv$ht.pie>1[1],] #
selecionado de acordo com a ecounidade e respectivo valor de ht.pie
# na subclassificação
correspondente a arvores do presente 2
}
{ P2A<-

```

```
class.silv[class.silv$class.arv=="presente"
[1]&class.silv$ht.pie>1[1]&class.silv$hf.ht>0. 5[1],] # selecionado de
acordo com a ecounidade e respectivo valor de hf.ht
# na subclassificação
correspondente a arvores do presente 2A

P2A$class.arv<- "P2A"

P2B<-

class.silv[class.silv$class.arv=="presente"
[1]&class.silv$ht.pie>1[1]&class.silv$hf.ht<=0 .5[1],] # selecionado de
acordo com a ecounidade e respectivo valor de hf.ht
# na subclassificação
correspondente a arvores do presente 2B

P2B$class.arv<- "P2B"
}

{
Fut<- as.data.frame(class.silv$class.arv=="futuro") #
arvores do futuro
Fut<-as.character(Fut)
Fut<- class.silv[class.silv$class.arv=="futuro",]
Fut$class.arv<- "Fut"
str(Fut)
Pas<- as.data.frame(class.silv$class.arv=="passado") #
arvores do passado
Pas<-as.character(Fut)
Pas<- class.silv[class.silv$class.arv=="passado",]
Pas$class.arv<- "Pas"
str(Pas)
tabela.silvigenese<-
table(c(Fut$class.arv,Pas$class.arv,P1A$class.
arv,P1B$class.arv,P2A$class.arv,P2B$class.arv) )
}

{
plot(tabela.silvigenese, xlab="class.silvigenica",
ylab="número de arvores", main="Análise silvigênica")
}

{
return(tabela.silvigenese)
return(plot(tabela.silvigenese))
}

}
```

Função Silvigenese

*anexos *

Página de ajuda

[silvigenese_help.txt](#)

Código da Função

[silvigenese.r](#)

Referencial teórico

[silvigenese_referencial_teorico-.txt](#)

Dados utilizados para elaborar a função [p1_silv.csv](#)

Dados para testar a função

[teste_funcao_silvigenese.csv](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2013:alunos:trabalho_final:marcosenoque:start 

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