exercicio_1-ronaldo_morato.rGraduado em Medicina Veterinária pela Universidade Federal de Viçosa (1991). Possui mestrado (1997) e doutorado (2001) em Medicina Veterinária pela Universidade de São Paulo. Desde 1992 coordena projetos de conservação da biodiversidade com ênfase em mamíferos da ordem Carnivora. Atualmente é analista ambiental, Chefe do Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Carnívoros- Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade- Ministério do Meio Ambiente, com experiência em gestão pública desde 2005. É pesquisador associado do Instituto Para Conservação dos Carnívoros Neotropicais. É coordenador da Aliança para a Conservação da Onça Pintada. Coordena/participa dos processos de elaboração de planos de ação e de elaboração da lista de espécies da fauna brasileira ameaçada de extinção. Tem experiência na área de Medicina Veterinária, com ênfase em Reprodução Animal, Medicina da Conservação e Manejo de Animais Silvestres em vida livre. Coordena e desenvolve projetos de ecologia e conservação de mamíferos da ordem Carnivora ameaçados de extinção em várias regiões do Brasil.

exercicio_4_todos-ronaldo_morato.r exercicio_1-ronaldo_morato.r exercicio_5_graficos-ronaldo_morato.rexercicio_7b-regressao.rexercicio_8.2.r

Trabalho Final

Plano Principal O avanço nas ferramentas de monitoramento animal, o número de informações por indivíduo aumentaram substancialmente. Em paralelo, há um avanço nas ferramentas de análise de dados sendo que os modelos “Brownian Bridge” tem sido os mais utilizados. Alguns pacotes estão disponíveis e requerem as planilhas obtidas diretamente do webservice. No entanto, as planilhas estão compostas por todas as tentativas de localização pelo sistema GPS mesmo aquelas que são falhas, sendo registradas como “no sats”. Outras ainda, registram latitude e longitude baseadas em apenas dois satélites o que pode resultar em erros de localização. Mesmo com localizações com mais de três satélites há de se considerar valores de dop que podem indicar uma má qualidade dos dados. Desta forma, pretende-se criar uma função que permita importar a planilha de dados apenas com as localizações que possam ser utilizadas nas análises, eliminando inclusive informações como temperatura e altitude que não serão utilizadas nas análises de padrão de movimento. A função deve retornar um data.frame.

Plano B Elaborar uma função que retorne os principais índices de diversidade, estimadores de abundância e índices de similaridade. A função deve reconhecer planilha de dados de presença e ausência, assim como planilhas com número total de registros por espécie.

> Ronaldo, sua proposta A está ok, pelo que entendi vc quer fazer uma limpeza dos dados antes de fazer a análise. Talvez seja interessante colocar opções de filtro nos argumentos (tente não deixar o uso da função tão restrito, assim, será possível aplicar em outros casos, além de monitoramento de animais). Deixe claro o que será pedido na entrada dos dados e o que será excluído ou não (e como a função vai fazer isso, qual a lógica que vai seguir).
>
> A proposta B também precisa de detalhamento, mas também é factível.
>
> Reescreva as propostas, incluindo o que será pedido nos dados de entrada. Para ajudar, veja Trabalho final.
>
> —- *Sheina*

Sheina, no final optei por trabalhar na proposta B, por ser mais simples e, no meu entender mais factível. Apesar de já termos vários exemplos com os índices de diversidade, retorna-los em forma de tabela permite uma rápida e fácil visualização para fins comparativos. O dados serão oriundos de uma tabela com áreas amostradas nas colunas e espécies e numero de registros nas linhas. Segue a função:

#Indices de Diversidade# #Criar uma funcao que permita calcular indices de diversidade de vários locais ao mesmo tempo, partindo de uma tabela de dados e retornando uma tabela de resultados#

diversidade ← function(x) ##tabela de dados com no. de indivíduos amostrados para determinada especie nas linhas e áreas amostradas nas colunas##

{ #funcao dim.1 ← dim(x) tabela.diversidade ← matrix(0,nrow=8,ncol=dim.1[2]) ##retorna uma tabela com índices calculados## colnames(tabela.diversidade) ← colnames(x) ##nomeia as áreas de acordo com a tabela de entrada de dados rownames(tabela.diversidade)← c(“Shannon”,“Simpson”,“Inv.Simpson”,“média”,“desvio”,“Margalef”,“Riqueza”,“Pielou”) ##nomeia, nas linhas, os indices calculados## #indice.1:Shannon for (i in 1:dim.1[2])##faz o looping em cada coluna##

```
{
```

sp ← (na.omit(x[,i])) sp ← sp[sp!=0] H ← -sum[1)]*log(sp/sum(sp))) tabela.diversidade[1,i]←H ##retorna o índice de Shannon na linha 1## #indice.2:Simpson

```
        p<-sp/sum(sp)
        S<-sum((p)^2)
        tabela.diversidade[2,i]<-S ##retorna o indice de Simpson na linha
2##
```

#indice.3:Inv.Simpson

```
    p<-sp/sum(sp)
        S<-sum((p)^2)
        IS<-1-S
        tabela.diversidade[3,i]<-IS    ##retorna o Simpson invertido    na
linha 3##
```

#indice.4: média I ← mean(sp) tabela.diversidade[4,i]←I #retorna a média, considerando o total de indivíduos registrados por área, na linha 4## #indice.5: desvio I ← sd(sp) tabela.diversidade[5,i]←I ##retorna o desvio padrao, considerando o total de indivíduos registrados por área, na linha 5## #indice.6:Margalef N ← sum(sp) sp[sp>0]=1 #substitui por um todos os valores da tabela que forem>1, ou seja, transforma em tabela de presenca e ausencia# n←sum(sp)-1 IM←n/log(N) tabela.diversidade[6,i]←IM ##retorna o indice de Margalef na linha 6## #indice.7:Riqueza

```
    RI<-sum(sp)
    tabela.diversidade[7,i]<-RI ##retorna riqueza na linha 7
```

#indice.8:Pielou e←H/log2(RI) tabela.diversidade[8,i]←e ##retorna indice de Pielou na linha 8 }

return(tabela.diversidade) }

ab←read.table(“mamiferos-totais-2-1.csv”,header=T,sep=“;”,as.is=T)
tabela.ab←data.frame(diversidade(ab))

[1)]
sp/sum(sp

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2014:alunos:trabalho_final:ronaldo:start

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