

```
##CRIACAO DA FUNCAO
analisar <- function(x, indices = c("Shannon", "Simpson"), grafico = TRUE,
save.csv = TRUE){
  #Estrutura da funcao.
  dados.brutos <- read.csv(x, header=TRUE,sep=";", as.is=TRUE, na.strings =
c(""))
  #Leitura de planilha de input, incluindo NAs em
  #celulas vazias, caso haja.
  if(length(indices) >= 1 & length(indices[indices == "Shannon" | indices ==
"Simpson"]) == 0){
    #Criacao de mensagem de erro, caso nenhum indice ou
    #indice incorreto seja incluido.
    stop("\t Indices incorretos! Favor indicar quais os indices a serem
calculados. \n")
  }
  if(length(dados.brutos[is.na(dados.brutos)]) >= 1){
    #Criacao de mensagem de atencao, caso NAs (celulas vazias) sejam encontrados
    #na planilha.
    warning("\t Atencao: Celulas vazias (NAs) presentes! Observacoes
contendo NAs foram desconsideradas da analise. \n")
  }

##CALCULO DA ABUNDANCIA TOTAL DE ESPECIMES REGISTRADOS
  abundancia.total <-
length(dados.brutos$nome_cientifico[!is.na(dados.brutos$nome_cientifico)])
#Calculo da abundancia total de especimes registrados, considerando todos os
#locais de amostragem.

##CALCULO DA RIQUEZA TOTAL DE ESPECIES REGISTRADAS
  riqueza.total <-
length(unique(dados.brutos$nome_cientifico[!is.na(dados.brutos$nome_cientifi
co)])) #Calculo da riqueza total de especies a partir dos especimes
#registrados, considerando todos os locais de amostragem.

##CALCULO DA ABUNDANCIA POR LOCAL (AREA DE AMOSTRAGEM)
  abundancia.local <- table(dados.brutos$local,dados.brutos$nome_cientifico)
#Separando dados de abundancia das especies por locais de amostragem, para
#posterior calculo da abundancia por local de amostragem.
  abundancia.local.1 <- apply(abundancia.local, MARGIN = 1, FUN = sum)
#Calculo da abundancia por local de amostragem.

##CALCULO DA RIQUEZA POR LOCAL (AREA DE AMOSTRAGEM)
  nomes_areas <- rownames(abundancia.local) #Selecao de
#nomes das areas de amostragem preenchidas na coluna "local", para criacao de
#dataframe que contera valores de riqueza por local.
  riqueza.local <- data.frame(nomes_areas, "riqueza" = 0) #Criacao de
#dataframe com valores de riqueza = zero para serem preenchidos com valores
#de riqueza calculados para cada local.
  for(i in 1:nrow(abundancia.local)){
    #Preenchimento da coluna denominada riqueza no dataframe criado com a
    #contagem do numero de especies por local, isso considerando a soma de
    #valores maiores que zero nas linhas do dataframe "abundancia.local".
    riqueza.local$riqueza[i] <-
length(abundancia.local[i,abundancia.local[i,] > 0])
  }
}
```

```
}

##CRIACAO DE GRAFICO DE ABUNDANCIA RELATIVA DAS ESPECIES, CONSIDERANDO TODAS
AS AREAS DE AMOSTRAGEM (LOCAIS) CONJUNTAMENTE
  abundancia.especie <- data.frame(table(dados.brutos$nome_cientifico))
#Calculo da abundancia por especie,considerando todas as areas de amostragem
(locais), para posterior elaboracao do grafico de abundancia relativa das
especies.
  abundancia.especie["porcent"] <-
c((abundancia.especie$Freq*100)/sum(abundancia.especie$Freq))
#Inclusao de nova coluna no dataframe denominado "abundancia.especie"
contendo os valores de abundancia relativa por especie(porcentagem).
  abundancia.especie.ord <-
abundancia.especie[order(abundancia.especie$porcent, decreasing=T), ]
#Organizacao do dataframe em ordem decrescente de abundancia relativa
(porcentagem).
  if(grafico == TRUE){
#Elaboracao de grafico de abundancia relativa das especies, se consideradas
todas as areas de amostragem conjuntamente, caso essa opcao seja escolhida
pelo usuario.
  png("Grafico_Abundancia.Relativa.png")
#Caso opcao de confeccao do grafico seja escolhida pelo usuario, o mesmo
sera salvo automaticamente no diretorio em uso.
  par(mar = c(13.1,4.1,4.1,2.1))
#Controle do tamanho das margens do grafico.
  plot(abundancia.especie.ord$porcent,pch=19,col="black",ylab="Abundancia
Relativa das Especies", xlab = "",ylim=c(0,100),tcl=-0.5,cex.lab=1, xaxt =
"n") #Plotagem e formatacao dos pontos, titulo dos eixos, formatacao dos
ticks do eixo y, nao inclusao de titulo no eixo x.
  axis(side = 1, at = c(1:length(abundancia.especie.ord$Var1)), labels =
FALSE) #Preparando eixo x para receber nome
das especies.
  text(abundancia.especie$Var1,-50,xpd = TRUE,labels=
abundancia.especie.ord$Var1, srt=90,cex=1, font = 3 ) #Inclusao e
formatacao da legenda eixo x = nome das especies.
  par(mar=c(5.1,4.1,4.1,2.1))
#Retornando margens do grafico para padrao do R, para caso outro grafico
seja produzido posteriormente, fora desta funcao.
  dev.off()
#Fechamento de janela de grafico.
}

##RETORNANDO RESULTADOS DE ABUNDANCIA(TOTAL E LOCAL)E RIQUEZA (TOTAL E
LOCAL)
  resultado.final <- data.frame("Abundancia" = abundancia.local.1, "Riqueza"
= riqueza.local$riqueza) #Criacao de um dataframe contendo valores de
abundancia e riqueza para cada area amostrada (local).
  linha.total <- c(abundancia.total,riqueza.total)
#Criacao de um vetor contendo valores de abundancia e riqueza total, ou
seja, considerando todas as areas de amostragem (locais) conjuntamente.
```

```

    resultado.final["Total",] <- c(linha.total)
#Criacao de uma linha de "Total" contendo abundancia e riqueza total, para
insercao no dataframe criado.
    resultado.final
#Insercao da linha de "Total" criada no dataframe contendo os resultados.

##PREPARANDO VALORES DE INPUT PARA CALCULO DOS INDICES
    abundancia.especie.1 <- apply(abundancia.local, MARGIN = 2, FUN = sum)
#Calculo da abundancia por especie, considerando todas as areas de
amostragem (locais) conjuntamente.
    prop <- abundancia.especie.1/sum(abundancia.especie.1)
#Calculo da proporcao da especie i em relacao ao numero total de individuos
na amostra, para calculo de Indice de Shannon e de Simpson, considerando
todas as areas de estudo conjuntamente (locais).
    total.especies <- riqueza.total
#Calculo do numero total de especies, o qual sera utilizado para calculo dos
valores de equitabilidade de Shannon ou de Simpson.

##CALCULO DOS INDICES DE DIVERSIDADE E EQUITABILIDADE DE SHANNON
    if(length(indices[indices == "Shannon"]) >= 1){
#Calculo de indice de diversidade e equitabilidade de Shannon, se
consideradas todas as areas de amostragem conjuntamente (locais), se este
for o conjunto de indices escolhido pelo usuario.
        shannon.total <- -sum(prop*log(prop))
#Calculo da diversidade de Shannon.
        equitabilidade.shannon.total <- shannon.total/log(total.especies)
#Calculo da equitabilidade de Shannon.

        #Calculo do indice de diversidade de Shannon para cada area de
amostragem (local), considerando a proporcao de cada especie, por cada area
de amostragem (local), a partir da selecao de dados de todas as colunas do
dataframe "abundancia.local" (informacoes de especies), para todas as linhas
do mesmo dataframe (informacoes de local).
        shannon.local <- c()
        x <- c()
        for(k in 1:nrow(abundancia.local)){
            for(j in 1:ncol(abundancia.local)){
                x[j] <- abundancia.local[k,j]/sum(abundancia.local[k,])
            }
            x <- x[x!=0]
#Porque nao existe logaritmo de zero.
            shannon.local[k] <- -sum(x*log(x))
            x <- c()
        }

        #Calculo do indice de equitabilidade de Shannon para cada area de
amostragem (local).
        equitabilidade.shannon.local <- c()
        for(l in 1:nrow(abundancia.local)){
            equitabilidade.shannon.local[l] <-
shannon.local[l]/log(riqueza.local$riqueza[l])

```

```
}

#Retornando resultados do conjunto de indices escolhido pelo usuario:
Shannon
resultados.1 <- c(shannon.total)
resultados.2 <- c(shannon.local)
resultados.3 <- c(equitabilidade.shannon.total)
resultados.4 <- c(equitabilidade.shannon.local)

diversidade <- c(resultados.2,resultados.1)
#Criacao de um vetor com os valores do indice de diversidade de Shannon, por
local e total (todas os locais conjuntamente).
diversidade
resultado.final
resultado.final[, "Diversidade de Shannon"] <- diversidade
#Inclusao de coluna com os indices de diversidade de Shannon, por local e
total, no dataframe de resultados de riqueza e abundancia já criado.
resultado.final

equitabilidade <- c(resultados.4,resultados.3)
#Criacao de um vetor com os valores do indice de equitabilidade de Shannon,
por local e total (todos os locais conjuntamente).
equitabilidade
resultado.final
resultado.final[, "Equitabilidade de Shannon"] <- equitabilidade
#Inclusao de coluna com os indices de equitabilidade de Shannon, por local e
total, no dataframe de resultados de riqueza e abundancia já criado.
resultado.final
}

##CALCULO DOS INDICES DE DIVERSIDADE E EQUITABILIDADE DE SIMPSON
if(length(indices[indices == "Simpson"]) >= 1){
#Calculo de indice de diversidade e equitabilidade de Simpson, se
consideradas todas as areas de amostragem conjuntamente (locais), se este
for o conjunto de indices escolhido pelo usuario.
simpson.total <- sum((prop)^2)
#Calculo de indice de diversidade de Simpson.
equitabilidade.simpson.total <- (1/simpson.total)/total.especies
#Calculo do indice de equitabilidade de Simpson.

#Calculo do indice de diversidade de Simpson para cada area de
amostragem (local), considerando a proporcao de cada especie, por cada area
de amostragem (local), a partir da selecao de dados de todas as colunas do
dataframe "abundancia.local" (informacoes de especies), para todas as linhas
do mesmo dataframe (informacoes de local).
simpson.local <- c()
y <- c()
for(m in 1:nrow(abundancia.local)){
  for(n in 1:ncol(abundancia.local)){
    y[n] <- abundancia.local[m,n]/sum(abundancia.local[,n])
  }
}
```

```

    }
    simpson.local[m] <- 1 - sum((y)^2)
  }

  #Calculo do indice de equitabilidade de Simpson para cada area de
  amostragem (local).
  equitabilidade.simpson.local <- c()
  for(o in 1:nrow(abundancia.local)){
    equitabilidade.simpson.local[o] <- (1/simpson.local[o]) /
riqueza.local$riqueza[o]
  }

  #Retornando resultados do conjunto de indices escolhido pelo usuario:
  Simpson
  resultados.1 <- c(simpson.total)
  resultados.2 <- c(simpson.local)
  resultados.3 <- c(equitabilidade.simpson.total)
  resultados.4 <- c(equitabilidade.simpson.local)

  diversidade <- c(resultados.2,resultados.1) #Criacao
de um vetor com os valores do indice de diversidade de Simpson, por local e
total (todas os locais conjuntamente).
  diversidade
  resultado.final
  resultado.final[, "Diversidade de Simpson"] <- diversidade
#Inclusao de coluna com os indices de diversidade de Simpson, por local e
total, no dataframe de resultados de riqueza e abundancia já criado.
  resultado.final

  equitabilidade <- c(resultados.4,resultados.3) #Criacao
de um vetor com os valores do indice de equitabilidade de Shannon, por local
e total (todos os locais conjuntamente).
  equitabilidade
  resultado.final
  resultado.final[, "Equitabilidade de Simpson"] <- equitabilidade
#Inclusao de coluna com os indices de equitabilidade de Shannon, por local e
total, no dataframe de resultados de riqueza e abundancia já criado.
  resultado.final
}

#Se escolhida a opcao de salvar automaticamente no diretorio de trabalho
um arquivo .csv denominado "Resultados_Finais" contendo todos os resultados
calculados (riqueza total e local, abundancia total e local e diversidade
total e local, conforme indice(s) escolhido(s)).
  if(save.csv == TRUE){
    write.table(resultado.final, file="Resultados_Finais.csv", sep=";")
  }
  return(resultado.final)
#Retornando dataframe final, contendo todos os resultados calculados e
escolhidos pelo usuário.
}

```

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:brenda.correa:analisar 

Last update: **2020/09/23 17:10**