

HELP - FUNÇÃO "biomap"

```
##### HELP - FUNCAO "biomap" - THIAGO F. RODRIGUES  
2018 #####
```

```
biomap                package:unknown                R Documentation
```

ESPACIALIZAÇÃO E ANÁLISE DE DADOS DE OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES

Description:

Função para espacializar e analisar a distribuição de registros de espécies que ocorrem no Brasil, além de identificar potenciais lacunas de conhecimento. A função fornece um mapa com a distribuição de estudos no Brasil, um mapa quantificando os estudos por célula de interesse, um mapa quantificando a riqueza de espécies por célula de interesse e uma lista com dois níveis: o primeiro disponibiliza os dados quantificados nos mapas ao usuário e o segundo informa a lacuna de conhecimento acerca da distribuição dos estudos no Brasil.

Usage:

```
biomap(dados, grid.size=5)
```

Arguments:

dados: data.frame com três colunas na seguinte ordem, obrigatoriamente:

- 1ª coluna(longitude): a longitude deve estar em graus decimais;
- 2ª coluna(latitude): a latitude deve estar em graus decimais;
- 3ª coluna(nome das espécies): nome das espécies.

grid.size: número inteiro no intervalo $1 \leq \text{grid.size} \leq 10$ indicando o tamanho das células do grid em graus de latitude e longitude (p.ex.: '1' indica 1 grau de latitude e longitude ~ 110km)

Details:

Para que a função trabalhe corretamente é preciso que A LONGITUDE seja, obrigatoriamente,

colocada na primeira coluna e A LATITUDE seja, obrigatoriamente, colocada na segunda coluna.

Assim, a função gerará os produtos esperados.

As linhas com NAs serão excluídas do data.frame.

Caso grid.size não seja definido, a função padrão utiliza tamanho de

grid.size = 5.

Value:

Mapa do Brasil com a distribuição das coordenadas geográficas com escala. (Dispositivo de tela).

Mapa do Brasil com grid definido pelo usuário e quantidade de estudos por célula num gradiente

de cinza (quanto mais estudos, mais escuro). (Dispositivo de tela).

Mapa do Brasil com grid definido pelo usuário e quantidade de espécies por célula num gradiente

de cinza (quanto mais espécies, mais escuro). (Dispositivo de tela).

Lista com dois níveis:

-Nível 1: data.frame(info_map) com cinco colunas contendo informações extraídas dos mapas.

As colunas longitude e latitude representam coordenadas geográficas centrais de cada célula do grid.

-Nível 2: data.frame(lacuna_de_conhecimento) com cinco colunas contendo a quantidade de células

com estudo, quantidade de células sem estudo, probabilidade da área coberta com estudo,

valor máximo de estudo encontrada e valor máximo de riqueza encontrada.

A lista gerada também ficará disponível como objeto no "Global Environment" para o usuário

manipulá-la e analisá-la se desejar.

Warning:

Se algum dos argumentos for inserido incorretamente, a função não é executada. Com exceção da troca

de posição entre LONGITUDE E LATITUDE. Neste caso, a função rodará, mas NÃO gerará os produtos esperados.

É necessário que o usuário esteja conectado à internet, pois a função faz o download de um

shapefile do Brasil que fica disponível de maneira online.

Ao executar a função, é esperado que ela demore um pouco, pois o procedimento de gerar grid

demandará um grande processamento da memória do computador.

Note:

É necessário instalar os pacotes "raster" e "sp" antes de utilizar a função.

Author:

Thiago Ferreira Rodrigues - Ecologia Aplicada (ESALQ/USP)

e-mail: thiagorodrigues@gmail.com

References:

BERNARD, E., AGUIAR, L.M.S. & MACHADO, R.B. 2010. Discovering the Brazilian bat fauna:

a task for two centuries? Mamm. Rev 41: 23-39.

HASUI, E. et al. 2018. ATLANTIC BIRDS: a data set of bird species from the Brazilian Atlantic

Forest. ECOLOGY 99: 497-497

Examples:

#Lembre-se que é necessário estar conectado à internet para rodar a função.

#Exemplo1

#Neste exemplo, vamos utilizar parte do banco de dados do datapaper publicado na Ecology 2018.

#Baixe o arquivo "hasui_et_al_2018_subsetdata.csv" presente no final da página principal.

#Salve o arquivo no seu diretório de trabalho do R.

#Importe os dados para seu ambiente de trabalho no R dentro de um objeto chamado "exemplo1".

```
exemplo1 <- read.table("hasui_et_al_2018_subsetdata.csv", sep="," ,
header=TRUE, as.is=TRUE)
```

```
head(exemplo1)
```

#Leitura da funcao.

```
source("biomap.r")
```

#Roda a funcao 'default'.

```
biomap(exemplo1)
```

#Roda a funcao com diferentes tamanhos de grid.

```
biomap(exemplo1, grid.size = 3)
```

```
biomap(exemplo1, grid.size = 7)
```

#Exemplo2 - Se achar mais fácil copie e cole o exemplo abaixo no R

Leitura do pacote necessário para rodar o exemplo

```
library("raster")
```

```
library("sp")
```

Simula 100 coordenadas geograficas dentro do mapa do brasil.

```
brasil <- getData('GADM', country='BRA', level=1)
```

```
sim.sp <- spsample(brasil, n = 100, type = "random")
```

Cria data.frame com longitude (lon; repetida 10 vezes), latitude (lat; repetida 10 vezes) e especies (spp; com 1000 nomes e repeticao entre eles)

```
exemplo2 <- data.frame(lon=rep(sim.sp@coords[,1], 10),
```

```
lat=rep(sim.sp@coords[,2], 10),
```

```
spp=paste("sp", sep = "_", sample(LETTERS, 1000,
```

```
replace = TRUE)))
```

#Leitura da funcao.

```
source("biomap.r")
```

Roda a funcao 'default'.

```
biomap(exemplo2)
```

Roda funcao com diferentes tamanhos de grid.

```
biomap(exemplo2, grid.size = 3)
```


```
biomap(exemplo2, grid.size = 7)
```

```
##### FIM - HELP - FUNCAO "biomap" - THIAGO F. RODRIGUES
#####
```

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:thiagorodrigues:biomap_-_help 

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