

# Francisco



Doutorando Depto. de Zoologia, IBUSP

[exec](#)

## Trabalho Final

### Proposta A

O trabalho de campo do meu doutorado consiste na execução de transecções nas quais faço amostragem de aves de rapina diurnas e urubus.

Para a análise exploratória dos dados coletados são úteis gráficos que ilustram a quantidade de detecções (barras) e #detecções/km (linha) por transecção para cada espécie.

Minha proposta é elaborar uma função que organize os dados das planilhas de detecção de cada transecção em um único arquivo/objeto e, principalmente, construa diretamente tais gráficos para a análise exploratória.

### Comentários

Tá super factível, mas acho que talvez um pouco simples. Não sei como poderia ir além disso, mas talvez já fosse possível calcular abundâncias a partir desses dados organizados? O pacote “vegan” tem várias funções que poderiam ser usadas para recheiar a função de forma bem interessante.

— [Fabio de A. Machado](#) 2011/04/06 18:12

### Proposta B

Outro dado coletado nos meus trabalhos de campo é a distância perpendicular de cada registro à linha de transecção.

Essas distâncias são medidas com o auxílio de telêmetro. No entanto, é possível que opte por transformá-las em classes de distância (ex. 0-10 metros, 10-20, 20-30, etc.)

A proposta B consiste então na elaboração de uma função que rapidamente faça a conversão dessas medidas para todo um conjunto de dados.

## Comentários

Isso não poderia já ser incluída na proposta A?

— [Fabio de A. Machado](#) 2011/04/06 18:18

## Comentário ALe

COncordo plenamente com o Fabio, ficaria muito legal se implementasse as duas coisas em uma única função. — [Alexandre Adalardo de Oliveira](#) 2011/04/06 19:07

## Comentários Paulo

O plano B é resolvido com um único comando, com a função `cut`. Além disto, está em parecendo muito específica. Vc consegue generalizar para uso de pessoas que façam censo por transecções, mesmo que seja uma sequência de cálculos simples?

## Função

### Comentários finais - Francisco

Seguindo a sugestão do Paulo optei por, ao invéz de incluir o plano B na função, gerar dados generalizados, e eu pensei que seria útil que a função gerasse uma tabela com sumário de abundância por espécie e transecto, para avaliação com os gráficos. A função final trabalha com qualquer número de espécies e transectos na planilha. Nos exemplos do help da função criei `data.frames` hipotéticos para a execução da função sob diferentes condições.

### Código da Função

```
transect.analysis=function(x,y=TRUE,z=FALSE)###Arguments: x=data.frame;  
y=logic, if TRUE plot will be created in a single graphic window, otherwise  
each on its own window; z=logic, controls return of summary data.frame.  
{  
  somaspp=aggregate(x$quantity,by=list(x$species),FUN=sum)##creates a  
data.frame with sum of records for each species.  
  sppdez=subset(somaspp,somaspp$x>10)## creates a subset of the  
data.frame above with species with >10 records.  
  listasppdez=unique(sppdez$Group.1)##creates a vector with the names  
of species in the subset.  
  contesp=length(listasppdez)#counts the number of species with >10  
records  
  ntrans=unique(x$transect)  
  ntrans2=length(ntrans)
```

```

    ntrans3=ntrans[-ntrans2]
    if (y==TRUE&contesp>=15)
    {
        cat("The number of species in the sample is too large for 1 graphic
window displaying")##sets warning message when number of y=TRUE and number
of plots>15
    }
    if (y==TRUE&contesp<=15)
    {
        quartz("Exploratory Graphs", 11,6) ##open new graphic window for up
to 15 histograms
        mat=matrix(c(1:15),3,5, byrow=T)
        layout(mat,widths=c(1,1,1,1,1),heights=c(1,1,1))
        layout.show(15)
    }
    for(i in listasppdez) #start computing histogram data for each
species
    {
        if (y==FALSE|y==TRUE&contesp>=15)
        {
            quartz( "Exploratory Graph") #sets new graphic window for
each species
        }
        tab1=subset(x,x$species==i)#selects a subset by species.
        tab1$transect=as.numeric(tab1$transect)#transforms "transect"
factor into numeric for calculation of frequency.
        hist(tab1$transect,main=i,breaks=seq(-0.5,(ntrans2+2),1)
,ylab="Detections",xlab="Transects", xaxt="n") ##plots histogram without x
axis
        axis(1,at=c(ntrans),labels=c(ntrans),pos=0,) ##includes new x
axis with ticks correctly placed.
        par.hist=hist(tab1$transect,breaks=seq(-0.5,(ntrans2+2),1)
,plot=F)###creates an object with values of histogram frequencies.
        counts=as.numeric(par.hist$counts)###vector with counts for each
transect.
        tlength=c(1,unique(x$transect.length),1)#creates a vector with
length of each transect plus two values at the extremities for alignment
with vector "counts".
        tlength2=counts/tlength##creates a vector with
frequency/distance ratio for each transect.
        tlength3=tlength2[-c(1,(ntrans2+2))]###removes first and last
values of above vector.
        ntrans3=as.numeric(ntrans[-ntrans2])
        for (t in ntrans3) ##plots segments for each transect
        {
            tlength4=tlength3*50
            k=t+1
            segments(t,(tlength4[t]),(k),(tlength4[k]), col="firebrick")
        }
        axis(4, at=c(round(tlength3*50),2), lwd.ticks=0,
col="firebrick", col.axis="firebrick")

```

```
    if (y==TRUE) ##fits label size to type of graphic window created
    {
      mtext("Detections/Km",side=4, col="firebrick",cex=0.6)
    }
    else
    {
      mtext("Detections/Km",side=4, col="firebrick",cex=1)
    }
  }
  if (z==TRUE)
  {resultado=aggregate(x$quantity,by=list(x$species,
x$transect),FUN=sum)
  colnames(resultado)=c("Species","Transect","Detections")
  return(resultado)
  }
}
```

## Arquivo da Função

[transect\\_analysis.r](#)

## Arquivo do Help

transect.analysis

R Documentation

Exploratory Graphical Analysis of Abundance Data from Transect Sampling

### Description

Get summarized histograms of abundance of species per transect surveyed with Detections/Km line from data.frame of individual detections.

### Usage

```
transect.analysis(x, y = TRUE, z = FALSE)
```

### Arguments

x data.frame with individual detections: must have specific names for columns (see Details).

y logical expression indicating whether histograms (up to 15) will be placed within one graphical window or on individual windows.

z logical; should the function return a summarized table with #detections/species/transect?

### Details

This function requires input data.frame (x) with individual detections (which may have more than one individual) as rows and columns with: species denomination; # of individuals per detection; denomination of transect surveyed; and length of transect (Km) data. These columns must be denominated, respectively, as: "species", "quantity", "transect" and "transect.length". Other columns in the data.frame will be ignored.

The function returns n histograms, where n is the number of species with ten or more individuals detected among all transects. Each histogram shows the number of individuals per transect, and a line corresponding to the number of detections/Km ratio per transect.

y argument indicates whether histograms will be plotted within one graphical window (the default, y = TRUE) or on individual windows (y = FALSE). When y = TRUE, the maximum number of histograms plotted (= n) is 15. If y=TRUE and n > 15, the function will run as if y= FALSE and a warning will be given.

Value

comp1: n objects of class "histogram", with additional components "axis" and "segments".

comp2: if z=TRUE, the result of function aggregate(x\$quantity,by=list(x\$species, x\$transect),FUN=sum).

Author

Francisco Voeroes Dénes

See Also

histogram, data.frame.

Examples:

```
###ex1. Analysis of a five transect data set with five species and 50 random
detections. Note that # of individuals detected is > than # of detections.
Since here y = TRUE (default) and n <15, all plots will be created in a
single graphic window.z=TRUE sets function to return a summary as a data
frame of detections per species and transects.
```

```
species <- sample(c("Falco sparverius", "Buteo brachyurus", "Falco
femorialis", "Cathartes aura", "Coragyps atratus"), 50, replace=TRUE)##vector
with species names
```

```
quantity <- rpois(50,3)##number of individuals for each detection
transect <- c(rep(1,10), rep(2,10), rep(3,10),rep(4,10), rep(5,10))##
transect where detection took place
```

```
transect.length <-
c(rep(100,10),rep(120,10),rep(170,10),rep(90,10),rep(200,10)) ##length of
respective transect
```

```
raptors1 <- data.frame(species,quantity, transect, transect.length)##coerce
vectors into data.frame
```

```
transect.analysis(raptors1,z=TRUE)
```

```
##ex2. Analysis of a five transect data set with 17 species and 100 random
detections. Here, y = TRUE (default) and n>15, so function runs as if
y=FALSE and a warning is given.
species2 <- sample(LETTERS[1:17], 100, replace=TRUE)##vector with species
names as uppercase letters
quantity <- rpois(100,11)##number of individuals for each detection
transect <- c(rep(1,20), rep(2,20), rep(3,10),rep(4,30), rep(5,20))##
transect where detection took place
transect.length <-
c(rep(100,20),rep(120,20),rep(170,10),rep(90,30),rep(200,20)) ##length of
respective transect

raptors2 <- data.frame(species2,quantity, transect, transect.length)##coerce
vectors into data.frame

transect.analysis(raptors2)
```

From:

<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:

[http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05\\_curso\\_antigo:r2011:alunos:trabalho\\_final:francisco:start](http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:francisco:start)

Last update: **2020/07/27 18:48**

