

# Maurício Takashi C. Watanabe



Doutorando em Botânica pelo IB-USP (Laboratório de Sistemática Vegetal), desenvolvendo trabalho cujo título é “Sistemática de *Syngonanthus* com ênfase em *S. sect. Carphocephalus*: estudos filogenéticos, taxonômicos e populacionais”, sob orientação do Prof. Paulo Takeo Sano.

**E-mail: [mtcwatanabe@yahoo.com.br](mailto:mtcwatanabe@yahoo.com.br) Fone: 30917545**

F F F F

exec

## Proposta de Trabalho Final

### Contextualização do problema

Com cerca de 60-80% das espécies em território brasileiro, Eriocaulaceae é uma das famílias mais bem representadas em nossa flora, especialmente nos campos rupestres da Bahia e de Minas Gerais. Seu hábito herbáceo, geralmente apresentando roseta, e as inflorescências em forma de capítulo facilitam a identificação dessas “sempre vivas” (nome popular) em campo. Porém, tal facilidade de identificação em nível de família não se reflete em nível (infra)específico. A família compreende muitos complexos de espécies, com difícil determinação dos táxons, salvo a análise cuidadosa de caracteres morfológicos peculiares muito sutis. Devido a esses pormenores é que se faz necessária a análise dos caracteres florais. Características relacionadas à tricomas, posição da soldadura dos verticilos, textura e até mesmo cor das estruturas auxiliam no diagnóstico. Entretanto a variação de tamanho destas estruturas varia muito pouco dentro de um mesmo capítulo o que pode nos auxiliar também na comparação com outras espécies, contribuindo para o estudo taxonômico do grupo. Quando existem (“variação dentro de um mesmo capítulo”), estas diferenças são atribuídas geralmente as diferentes fases de desenvolvimento [“imaturas” (ou juvenis), “maduras” ou “cápsula” (em fruto)], o que por muitas vezes é difícil perceber sem uma visão muito acurada sobre o grupo.

### Plano A

Como também realizo trabalho de morfometria com *Syngonanthus nitens*, tenho que mensurar as estruturas vegetativas e reprodutivas de cada indivíduo das populações amostradas. As estruturas relacionadas às flores (tanto as pistiladas como estaminadas) requerem um maior cuidado, haja vista suas dimensões diminutas, da ordem de milímetros. Estas estruturas geralmente são tomadas pela média de três mensurações em flores distintas de um mesmo capítulo.

Criar uma função em que os dados sejam analisados da seguinte forma: comparar as medidas individuais de um mesmo capítulo, através dos desvios, com os do conjunto de sua população original e com o conjunto total (de todas as populações amostradas) e estabelecer uma seleção em razão de um valor pré-definido (tolerância) para os caracteres. A função então retornaria uma matriz somente

com os dados a serem analisados. Dessa maneira poderei controlar meus dados com maior eficácia e verificar se a variação encontrada nos indivíduos triados foi ocasionada pela variabilidade morfológica intrínseca ou por algum erro de amostragem na etapa inicial, ou seja, se erroneamente foram tomadas medidas de flores “não-maduras” (juvenis ou em fruto).

### Comentários da Proposta Principal

A idéia está clara e é factível. Talvez seja mais interessante criar um argumento em que o usuário defina o valor de tolerância (em porcentagem?), para torná-la mais flexível e de uso menos restrito.

E o plano B?

**Gabriel**

### Help da função

select.explorer                    package:nenhum                    R documentation

#### Description:

Para verificação de dados num data.frame, retornando as posições dos caracteres não adequados aos parâmetros estipulados.

Apresenta o resumo estatístico (summary) de uma variável selecionada em um data frame, seus outliers e indica dados fora da faixa de parâmetros estabelecidos.

#### Usage:

```
select.explorer(x,colnum,compare)
```

#### Arguments:

x                    arquivo data.frame de entrada

colnum                    posição da coluna (variável) que será analisada no data.frame

compare                    percentual comparativo para indicação dos objetos de valores superiores e inferiores aos parâmetros estipulados

#### Details:

O valor no argumento "colnum" deve ser um valor numérico inteiro correspondente a coluna da variável escolhida [,i]

Os valores de entrada do argumento compare devem ser expressos em decimais. Por exemplo: 0.2 (=20%), 0.85(=85%)

#### Value:

A função retorna um objeto da classe list contendo:

- Um sumário da variável
- Os valores de outliers
  
- Um data.frame indicando com o termo "TRUE" as posições dos valores com parâmetros percentuais inferiores aos estipulados
- Um data.frame indicando com o termo "TRUE" as posições dos valores com parâmetros percentuais superiores aos estipulados

#### Warnings:

Como o principal objetivo da função é analisar individualmente cada variável por comando, cabe ao usuário indicar qual a variável que será analisada no argumento colnum

#### Author:

Maurício T. C. Watanabe

See also: `summary()` `boxplot.stats`

#### Examples:

Arquivo data.frame "morf3" carregando...

```
select.explorer(morf3, 2, 0.27)
select.explorer(morf3, 8, 0.5)
```

## Código da função

```
##### Código da função select.explorer #####

select.explorer <- function(x,colnum,compare)

{

  resumo=summary(x[,colnum],na.rm=TRUE)
```

```
ol=boxplot.stats(x[,colnum])

outliers=ol$out

media=mean(x[,colnum], na.omit=TRUE)

pramenos=1-compare

er.me= media*pramenos

valores.inferiores<- x[,colnum]<er.me

valores.inferiores

pramais=1+compare

er.ma=media*pramais

valores.superiores<- x[,colnum]>er.ma

valores.superiores

final<- list(resumo, outliers, valores.inferiores, valores.superiores)
names(final)<- c("Resumo Estatístico", "Outliers", "Valores inferiores
ao comparado", "Valores superiores ao comparado")

return(final)

}
```

## Arquivo de dados para teste

[morf3.csv](#)

## Arquivo da função

[select\\_explorer.txt](#)

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:mauricio:start](http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:mauricio:start)

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