

Sebastián Alvarado Montero



Mestrando em ecologia no IB. A minha área de interesse é a ecologia de paisagem/urbana e os efeitos que as atividades humanas têm sobre a composição das comunidades biológicas. Na tese de mestrado vou trabalhar com insetos carniceiros como indicadores de diversidade e fornecedores de serviços ecossistêmicos.

Meus Exercícios

[exercicio_1_-_sebastian_alvarado.r](#)

[exercicios_4_sebastian.r](#)

[exercicio_5_sebastian.r](#)

[exercicio_7a2_sebastian.r](#)

[exercicio_7b_sebastian.r](#)

[exercicio_8_sebastian.r](#)

[exercicio_9.r](#)

Propostas Trabalho Final

Proposta A: Cálculo da Amplitude de dieta

Sebastián Alvarado-Montero

Descrição

A função calculará a amplitude da dieta dos indivíduos de uma amostra segundo Levins (1968).

Argumento de entrada

A função partirá de uma matriz de Indivíduos*Ítems, contendo o volumen de cada ítem na dieta de cada indivíduo.

Return

A função de amplitude dará um data.frame contendo duas colunas: uma com os nomes dos indivíduos presentes na matriz original e outra com os valores de amplitude (BA) para um deles.

Contextualização

O cálculo de amplitude precisa do Índice de Importância Relativa (IRI) de cada item para cada indivíduo. O IRI segundo o método de Bjorndal et al. (1997) é calculado:

$$IRI = (F \cdot V) / \sum (F \cdot V)$$

Onde F é a frequência de aparição de cada item na amostra de indivíduos e V é a proporção que o item ocupou na dieta do indivíduo. A fórmula para calcular a amplitude (B) é:

$$B = 1 / \sum ((IRI)^2)$$

O valor de B deve ser estandarizado (BA):

$$BA = (B - 1) / (N - 1)$$

N é o número de itens encontrados na dieta do indivíduo

BA corresponde a um valor entre 0 e 1, onde 0 é uma dieta restrita e 1, uma dieta ampla.

Referências

- Bjorndal, K.A., A.B. Bolten, C.J. Lagueux & Jackson, D.R. (1997). Dietary overlap in three sympatric congeneric freshwater turtles (*Pseudemys*) in Florida. *Chelonian Conservation and Biology*, 2, 430-433.
- Levins, R. (1968). *Evolution in changing environments: some theoretical explorations*. New Jersey, NJ: Princeton University Press.

Proposta B: Cálculo da Sobreposição de dieta

Descrição

A função calculará a sobreposição da dieta entre populações divididas por categorias de interesse segundo Horn (1966).

Argumento de entrada

A função partirá de uma matriz de Itens* Categorias, contendo o volume de cada item na dieta de cada indivíduo. Também utilizará um vetor com a frequência de aparição de cada item na amostra de indivíduos (F).

Return

A função de sobreposição dará uma tabela contendo o valor de sobreposição para cada uma das duplas das categorias (a-b, a-c, b-c, etc.)

Contextualização

O cálculo de sobreposição (R_o) precisa do Índice de Importância Relativa (IRI) de cada ítem para cada indivíduo. O IRI segundo o método de Bjorndal et al. (1997) é calculado:

$$IRI = \frac{F \cdot V}{\sum F \cdot V}$$

Onde V é a proporção que o ítem ocupou na dieta do indivíduo. A fórmula para calcular a sobreposição (R_o) é:

$$H_{\{obs\}} = \sum \left(\frac{x_i + x_j}{X_i + X_j} \log \left(\frac{X_i + X_j}{x_i + x_j} \right) \right) \quad H_{\{max\}} = \sum \left(\frac{x_i}{X_i + X_j} \log \left(\frac{X_i + X_j}{x_i} \right) + \frac{x_j}{X_i + X_j} \log \left(\frac{X_i + X_j}{x_j} \right) \right) \quad H_{\{min\}} = \left(\frac{x_i}{X_i} \log \left(\frac{X_i}{x_i} \right) + \frac{x_j}{X_j} \log \left(\frac{X_j}{x_j} \right) \right) \quad R_o = \frac{H_{max} - H_{obs}}{H_{obs} - H_{min}}$$

Onde x_i corresponde ao valor de IRI para um ítem na categoria i e x_j para um ítem da categoria j . X_i e X_j são a soma de valores para as categorias i e j

R_o corresponde a um valor entre 0 e 1, onde 0 representa que não tem sobreposição e 1, que tem completa sobreposição.

Referências

- Bjorndal, K.A., A.B. Bolten, C.J. Lagueux & Jackson, D.R. (1997). Dietary overlap in three sympatric congeneric freshwater turtles (Pseudemys) in Florida. *Chelonian Conservation and Biology*, 2, 430-433. - Horn, H.S. (1966) Measurement of "overlap" in comparative ecological studies. *The American Naturalist*, 100, 419-424.

— [Diogo Melo](#) 2017/06/06 18:10

Propostas ok. Acho que a segunda é mais interessante.

Trabalho Final - Função Traslape

Help da Função

traslape

package:nenhum

R Documentation

Cálculo da sobreposição da dieta de indivíduos entre as categorias de ambiente seguindo os cálculos de Horn (1966).

Descrição:

A função calcula o valor de sobreposição (R_o) da dieta de indivíduos pertencentes a dois grupos. A função está baseada nos cálculos de Horn (1996) e utiliza o Índice de Importância Relativa (IRI), calculado segundo o método de Bjoerndal et al. (1997). O IRI parte do volume geral que cada item contém na dieta dos indivíduos pertencentes a cada categoria a ser comparada, assim como da frequência de aparição de cada item (número de indivíduos que consumiram o item entre o número total de indivíduos amostrados).

Uso:

```
traslape<-function(x,y)
```

Argumentos:

x Matriz de volumes com os itens nas linhas e as categorias que serão comparadas nas colunas
y Vetor com a frequência de aparição de cada item nos indivíduos amostrados

Detalhes:

A função calcula a sobreposição (R_o) da dieta de indivíduos entre todas as duplas possíveis de categorias. O valor de R_o vai entre 0 e 1, onde 0 é a ausência de sobreposição e 1 é uma sobreposição total entre as duplas comparadas. A função também corrige aqueles dados onde o conteúdo estomacal é de volume=0. Para isto adiciona 0.0001 ao valor de IRI. Assim evita erro em alguns cálculos onde o valor de IRI entra como denominador de uma fração ou dentro de um logaritmo.

Advertência:

O objeto introduzido no argumento x deve ser uma matriz. Caso for de outra classe, o resultado obtido estará errado.

Autor:

Sebastián Alvarado-Montero

sebas6am@gmail.com

Referências:

Bjorndal, K.A., A.B. Bolten, C.J. Lagueux & Jackson, D.R. (1997).
Dietary overlap
in three sympatric congeneric freshwater turtles (*Pseudemys*) in
Florida.
Chelonian Conservation and Biology, 2, 430-433.
Horn, H.S. (1966) Measurement of "overlap" in comparative ecological
studies. *The
American Naturalist*, 100, 419-424.

Exemplos:

```
#Criar matriz de volumes de 5x5 incluindo valores=0
matriz<-
matrix(c(0,0,20,15,0,0,0,4,12,5,4,8,90,56,30,12,10,1,2,20,3,0,0,0,50),ncol=5
,byrow=F)
#Nomear colunas e linhas da matriz: 5 itens e 5 ambientes
colnames(matriz)<-paste("ambiente",1:5,sep="")
rownames(matriz)<-paste("item",1:5,sep="")
#Criar vetor de frequências simulando o número de indivíduos onde se
encontraram
#os 5 itens
frequencia<-(runif(5,1,30))/30
#Introduzir a matriz de volumes e o vetor de frequências nos argumentos
respectivos
#da função
traslape(matriz,frequencia)
```

Script da Função

```
traslape<-function(x,y)
{
  #Calcula a proporção que cada item tem do volume total consumido para cada
ambiente
  prop.vol<-sweep(x,2,colSums(x),'/')
  #Multiplica a frequência pela proporção de volume
  F.Vol<-prop.vol*y
  #Calcula o Índice de Importância Relativa. 0 0.0001 é para evitar que os
cálculos
  #deem erro se o valor ficar no denominador das frações ou no logaritmo
  IRI<-((sweep(F.Vol,2,colSums(F.Vol),'/'))*100)+0.0001
  #Criar a matriz onde se apresentarão os resultados
  resultado<-matrix(NA,ncol=(dim(IRI)[2]),nrow=(dim(IRI)[2]))
  #Nomear as colunas da matriz com o nome das categorias comparadas
  colnames(resultado)<-colnames(IRI)
  #Nomear as linhas da matriz com o nome dos ambientes comparados
```

```
rownames(resultado)<-colnames(IRI)
#Iniciar o ciclo para o primeiro elemento da dupla que será comparada,
usando
#como referência o número de colunas da matriz IRI
for(i in 1:(dim(IRI)[2]-1))
{
  #Iniciar ciclo para o segundo elemento da dupla que será comparada,
usando
#como referência o número de colunas da matriz IRI
for(j in (i+1):(dim(IRI)[2]))
{
  #Cálculo de Hobs
  Hobs<-
sum(((IRI[,i]+IRI[,j])/(sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j])))*log(((sum(IRI[,i])+sum(I
RI[,j]))/(IRI[,i]+IRI[,j])),base = 10))
  #Cálculo de Hmax
  Hmax<-
sum((IRI[,i]/(sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j])))*log(((sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j]))/I
RI[,i]),base =
10)+(IRI[,j]/(sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j])))*log(((sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j]))/I
RI[,j]),base = 10))
  #Calculo de Hmin
  Hmin<-
sum(IRI[,i]/(sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j]))*sum((IRI[,i]/sum(IRI[,i])*log((sum
(IRI[,i])/IRI[,i]),base=10))+sum(IRI[,j]/(sum(IRI[,i])+sum(IRI[,j]))*sum((I
RI[,j])/sum(IRI[,j])*log((sum(IRI[,j])/IRI[,j]),base=10))
  #Calculo da sobreposição
  Ro<-(Hmax-Hobs)/(Hmax-Hmin)
  #Arredondar o valor da sobreposição para dois decimais
  Ro<-round(Ro,2)
  #Colocar os valores de Ro na matriz seguindo a ordem ij para preencher
#o triângulo inferior
  resultado[i,j]<-Ro
  #Colocar os valores de Ro na matriz seguindo a ordem ji para preencher
#o triângulo superior
  resultado[j,i]<-Ro
  #Substituir os valores da diagonal com 1
  diag(resultado)<-1.00
}
}
#Retornar no console a matriz contendo os valores de Ro para todas as
#duplas de categorias possíveis
return(resultado)
}
```

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:r2017:alunos:trabalho_final:sebas6am:start 

Last update: **2020/07/27 18:47**