**Parâmetro x argumento**  
  
PLANO A  
  
A função tem como entrada um argumento de data.frame e um argumento de espécie, e tem como objetivo retornar ao usuário:  
  
1) os sites (armadilhas de pitfall) onde uma determinada espécie animal foi registrada;  
2) a abundância da espécie registrada em cada site (pitfall) em que ela ocorre;  
3) a abundância total da espécie (somatória das abundâncias dos sites/pitfalls);  
4) a abundância relativa da espécie nos sites em que ela foi encontrada;  
5) a abundância relativa da espécie na comunidade de espécies presentes no data.frame.  
  
Para tanto, ao fornecer para a função o nome da espécie, ela irá retornar um mapa e um data.frame.  
  
Argumentos de entrada:  
  
Entrada: função (dados, espécie)  
  
a)dados – data.frame com as seguintes colunas:  
  
Espécie, site (nome do ponto de pitfall), latitude, longitude, abundância, fitofisionomia (do site).  
Neste data.frame, cada linha corresponde a presença de uma espécie em um ponto de pitfall.  
  
**Exemplo de data.frame:**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| espécie | Site (local) | Latitude | Longitude | Abundância | Fitofisionomia |
| X | CS1 | x | y | 10 | Campo Sujo |
| X | CS2 | xa | ya | 4 | Campo Sujo |
| Y | SS1 | xb | xb | 1 | Cerrado Stritu Sensu |
| Z | SS2 | xc | xc | 3 | Cerrado Stritu Sensu |
| Z | CS1 | x | y | 0 | Campo Sujo |

b)espécie  
  
Verificando os parâmetros:  
  
O objeto dados é um data.frame? Se não for, retorna uma mensagem de erro.  
  
O objeto espécie é uma coluna do data.frame? Se não, retorna uma mensagem de erro.  
  
O argumento fornecido ao parâmetro “espécie” corresponde a pelo menos uma linha do data.frame(a espécie buscada está no data.frame)? Se não, retorna uma mensagem de erro.  
  
Pseudo-código:  
  
Cria objeto dados, dando nome ao dataframe.  
Comandos de instalação dos pacotes.   
Comandos para carregar os pacotes.  
  
Comando para calcular a abundância total de todas as espécie em todos os sites.  
Comando para calcular a abundância total de cada espécie em cada site.  
  
Abre um loop, no qual:  
  
1)Calcula a abundância relativa de cada espécie em relação a toda comunidade relacionada no data.frame.  
2)Calcula a abundância relativa de cada espécie para cada local em que ela ocorra.  
  
Cria objeto (mapa ou gráfico) no qual serão plotados círculos nos sites (coordenadas xy) de ocorrência da espécie chamada.  
  
Puxa todas as linhas do data.frame (pitfalls) em que a espécie chamada está presente. Todas as coordenadas correspondentes serão plotadas no mapa.  
  
Cada valor de abundância absoluta será atribuído um tamanho de círculo.  
  
Os círculos serão então plotados no mapa, nas coordenadas correspondentes aos sites onde a espécie ocorre. Cada site terá dois círculos: Um correspondente a abundância total de organismos registrados no site e outro correspondente a abundância da espécie naquele site.  
  
Saída:   
  
1)Um mapa, no qual estarão plotados 2 os círculos nos sites de registro (pontos de pitfall) da espécie: 1 círculo cujo tamanho é proporcional à abundância daquela espécie naquele local, e outro círculo cujo tamanho é proporcional à abundância total de todas as espécies registradas naquele local.   
Com esses dois círculos, o usuários pode ter uma informação visual sobre a quantidade de indivíduos registrados naquele local e a abundância relativa da espécie de interesse naquele local.  
  
2) Data.frame com:   
Abundância total de todas as espécies em todos os sites;  
Abundância total da espécie;  
Abundância relativa da espécie para toda a comunidade (relacionando a abundância total da espécie à abundância total de indivíduos de todas as espécies presentes no data.frame);  
Sites de ocorrência da espécie (site names);   
Abundância total de todas as espécies nos sites em que a espécie chamada ocorra;  
Abundância da espécie em cada site;  
Fitofisionomia correspondente a esses sites;   
Abundância relativa da espécie nos sites em que ela foi amostrada (essa informação também será dada visualmente, no mapa).  
  
Observações   
  
Tal função deverá ser muito útil para fornecer ao usuário essa informação visual sobre os locais de ocorrência de uma espécie e a abundância registrada, conquanto que o data.frame tenha um formato compatível com aquele lido pela função.  
  
Preciso estudar os pacotes de mapas, caso eu queira plotar os círculos em mapas, o que acredito ser o mais adequado e bonito. Caso isso não seja possível, plotarei em um gráfico, cujos eixos representam latitude e longitude, de modo que fique com a aparência de um mapa.  
  
  
PLANO B  
  
A função tem como entrada um argumento de data.frame e um argumento de espécie (no qual o usuário deve escrever o nome da espécie que desejar), e tem como objetivo retornar ao usuário (saída) informações sobre uma possível especialização/preferência da espécie em uma (ou mais de uma) fitofisionomia(s).  
O usuário irá inserir um data.frame no qual hajam, pelo menos, 3 colunas: Espécie, fitofisionomia e abundância. Por indexação dos nomes dessas colunas, será criado um novo data.frame, composto por essas 3 colunas.  
(Essa criação de um novo data.frame dá liberdade para que o usuário utilize a função, ainda que seu data.frame original tenha colunas com variáveis que aqui não serão utilizadas).  
  
Criado um novo data.frame, a função fará um teste de significância, que avaliará se, dada a abundância total da espécie, a proporção dessa abundância que ocorre em determinada(s) fitofisionomia(s) (aquela(s) com maior proporção desta abundância total) poderia ser gerada ao acaso.   
  
Em outras palavras, a função irá responder se podemos afirmar que uma espécie é especialista de habitat (sua ocorrência em maior quantidade naquela fitofisionomia não é devido ao acaso), ou se a maior ocorrência em um determinado habitat/fitofisionomia não é nada além do que poderíamos esperar pelo acaso.  
  
Argumentos de entrada  
  
Entrada: função (dados, espécie)  
  
a)dados – data.frame com, pelo menos, as seguintes colunas:  
espécie, fitofisionomia, abundância  
  
Verificando os parâmetros:  
  
O objeto dados é um data.frame? Se não for, retorna uma mensagem de erro.  
  
O objeto espécie é uma coluna do data.frame? Se não, retorna uma mensagem de erro.  
  
O nome fornecido ao argumento “espécie” (nome da espécie) corresponde a pelo menos uma linha do data.frame(a espécie buscada está no data.frame)? Se não, retorna uma mensagem de erro.  
  
Pseudo-código:  
  
Comandos de instalação dos pacotes.   
Comandos para carregar os pacotes.  
  
Comando para criar um novo data.frame, por indexação das colunas “espécie”, “fitofisionomia” e “abundância” do data.frame fornecido à função.  
  
Comando para calcular a abundância total de cada uma das espécies em todas as fitofisionomias.  
Comando para calcular a abundância de cada espécie em cada fitofisionomia.  
  
Abre um loop, no qual são geradas muitas simulações de distribuição de valores de abundâncias das espécies para cada fitofisionomia.  
(Com isso, será gerado um cenário nulo de distribuição de abundâncias por fitofisionomia para cada espécie).  
  
Para espécie escolhida (de acordo com o argumento da função), a distribuição de abundâncias observada será então comparada com aquela gerada pelo cenário nulo, por meio de um teste de significância.  
  
Comando para geração de histogramas, com distribuição dos valores de ‘proporção da abundância encontrada na fitofisionomia com maior abundância’, gerados pelo cenário nulo, e uma indicação (um traço, por exemplo), do valor de proporção encontrado.  
  
Caso hajam proporções iguais em duas fitofisionomias diferentes, serão gerados dois histogramas  
  
Saída:  
  
1) Dataframe, contendo: Nome da espécie, fitofisionomias em que ela ocorre pelo menos uma vez, abundância em cada fitofisionomia, fitofisionomia(s) em que ela ocorre com maior frequência (fitofisionomia(s) preferencial(is)), e uma resposta à pergunta “Ela é especialista desta(s) fitofisionomia(s)?” (Que poderia ser escrita também da seguinte forma: Essa distribuição de abundâncias é devido a alguma preferência da espécie – Ou poderia ser simplesmente gerada ao acaso?) , que deverá ser “SIM” ou “NÃO”, a depender do resultado de teste de significância.  
  
2) Histograma(s) resultante(s) do teste de significância.