

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 abundancias 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$transect,breaks=seq(-0.5,(ntrans2+2),1)
,plot=F)###creates an object with values of histogream frequencies.
        counts=as.numeric(par.hist$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://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:francisco:start



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