

Joyce Marques Barbosa



Mestranda em Ecologia (IB-USP), Laboratório de Ecofisiologia Vegetal. Título da tese: “ Ecofisiologia comparativa de pteridófitas epífíticas com padrões de uso de água contrastantes”, orientado pelo Prof. Dr. Sergio Tadeu Meirelles.

exec

Trabalho Final

Proposta A

O conteúdo de pigmentos (clorofila a, clorofila b e carotenóides) de plantas é muito utilizado em estudos de ecofisiologia vegetal. Além das fórmulas utilizadas para esse cálculo serem trabalhosas, devido ao número de passos a serem dados, existem variações dependentes do tipo de solvente utilizado para a extração dos pigmentos, como por exemplo o álcool 96% e o Dimetilsulfóxido (DMSO). Desta forma, minha proposta consiste em construir uma função que retorne os valores dos pigmentos como resposta de uma planilha de dados, sendo essa função flexível aos tipos de solventes utilizados. Além disso, a função poderá retornar gráficos exploratórios dos dados para auxiliar o usuário realizar uma primeira análise.

Comentários

Me parece bem interessante e factível. Basta tomar cuidado na hora de controlar a escolha de qual função utilizar que acredito que a função sai redonda. Acho legal tomar cuidado também com as unidades de medida.

— *Fabio de A. Machado* 2011/04/06 18:51

Proposta B

Meu trabalho de mestrado consiste basicamente em comparar a estratégia de utilização da água de duas espécies de epífitas através do acompanhamento dessas em campo em função do tempo. Para tal obtenho medidas como o conteúdo relativo de água (CRA), potencial de uso da luz (Fv/Fm), taxa de transferência de elétrons (ETR), assimilação de CO₂ e condutância estomática. A análise desses dados devem ser feitos inicialmente de forma exploratória e procurando relações entre as variáveis mensuradas que possam ter algum significado ecológico. Logo, minha proposta é a de criar uma função que realize essa análise exploratória retornando plots do conjunto completo de dados e também gráficos das relações entre as variáveis.

Comentários

Me parece factível, mas a proposta A soa mais interessante e até mesmo útil.

— [Fabio de A. Machado](#) 2011/04/06 18:51

Paulo: concordo com o Fabio!

Joyce: obrigada, então ai vai a função da proposta a ! 😊

Função verde.folha

Função :

[verde.folha](#)

```
verde.folha = function(da, mens="peso", ext="etanol", rmNA=TRUE)
{
  if(rmNA==TRUE)
  {
    da=(na.omit(da))
    n.NA=length(da)-length(dados)
    cat("\t", "Valores NA excluídos\n")
  }
  else
  {
    da=da
  }

  {if(mens=="area"){

if(ext=="etanol") {

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"volume", "area", "a470" , "a649" ,
"a665")
#####
##### Extração com álcool 96% (lichtentaler et al, 1983) #####

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(13.95*(da$a665))-(6.88*(da$a649))
cb.b= (24.96*(da$a649))-(7.32*(da$a665))
```

```

carot.c=((1000*(da$a470))-(2.05*ca.a)-(114.8*cb.b))/245

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)}

#####
##### Acetona 80% 0.1 - 0.5(Wellburn, 1994) #####
if(ext=="acetona80.1"){

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento", "volume","area", "a470" , "a663" ,
"a646")

####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.25*(da$a663))-(2.79*(da$a646))
cb.b= (21.5*(da$a646))-(5.1*(da$a663))
carot.c=((1000*(da$a470))-(1.82*ca.a)-(85.02*cb.b))/198

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))

```

```
#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)

#####Analise exploratória dos dados#####

yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)
}
##### Acetona 80% 1-4 nm(lichtentaler et al, 1983; Wellburn, 1994)
#####
  if(ext=="acetona80.2")
  {
## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento", "volume","area", "a470" , "a663" ,
"a646")

####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.21*(da$a663))-(2.81*(da$a646))
cb.b= (20.13*(da$a646))-(5.03*(da$a663))
carot.c=((1000*(da$a470))-(3.27*ca.a)-(104*cb.b))/229

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)

#####Analise exploratória dos dados#####
```

```

yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)
return(data.cl)
}
#####
##### acetona 100% (lichtentaler et al, 1983) #####
  if(ext=="acetona100")
  {
## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento", "volume","area", "a470" , "a645" ,
"a662")

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(11.75*(da$a662))-(2.35*(da$a645))
cb.b= (18.61*(da$a645))-(3.96*(da$a662))
carot.c=((1000*(da$a470))-(2.27*ca.a)-(81.4*cb.b))/227

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))
#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)
return(data.cl)

```

```
}  
#####  
##### DMSO -range 0.1 a 0.5 nm (Wellburn, 1994) #####  
  if(ext=="dmsol")  
  {  
## renomeando a planilha ##  
  
colnames(da)=c("amostra","tratamento", "volume","area", "a480" , "a649.1" ,  
"a665.1")  
  
#####pigmentos em micromols por ml#####  
ca.a=(12.47*(da$a665.1)) - (3.62*(da$a649.1))  
cb.b= (25.06*(da$a649.1)) - (6.5*(da$a665.1))  
carot.c=((1000*(da$a480)) - (1.29*ca.a) - (53.78*cb.b))/220  
  
##### pigmentos em micromol por grama#####  
  
ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))  
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))  
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))  
#####Matriz de resultados #####  
amostra=da$amostra  
tratamento=da$tratamento  
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)  
  
#####Analise exploratória dos dados#####  
  
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)  
yy=na.omit(yyy)  
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)  
  
par(mfrow=c(1,3))  
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a  
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)  
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b  
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)  
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides  
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)  
return(data.cl)  
}  
#####  
##### DMSO -range 1 - 4nm (Wellburn, 1994) #####  
  if(ext=="dmsol2")  
  {  
## renomeando a planilha ##  
  
colnames(da)=c("amostra","tratamento", "volume","area", "a480" , "a649" ,  
"a665")
```

```
#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.19*(da$a665))-(3.45*(da$a649))
cb.b= (21.99*(da$a649))-(5.32*(da$a665))
carot.c=((1000*(da$a480))-(2.14*ca.a)-(70.16*cb.b))/220

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(da$area))
cb=((cb.b*(da$volume))/(da$area))
carot=((carot.c*(da$volume))/(da$area))
#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,ca,cb,carot)

#####Analise exploratória dos dados#####

yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)
return(data.cl)}}

{if(mens=="peso"){

#####          #####          #####          #####          #####
#####
#####
##### Extração com álcool 96% (lichtentaler et al, 1983) #####

if(ext=="etanol") {

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"peso.fresco" ,"peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a470" , "a649" , "a665")

###cra###
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco))
```

```
peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(13.95*(da$a665))-(6.88*(da$a649))
cb.b=(24.96*(da$a649))-(7.32*(da$a665))
carot.c=((1000*(da$a470))-(2.05*ca.a)-(114.8*cb.b))/245

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,cra,ca,cb,carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)
}

#####
##### Acetona 80% 0.1 - 0.5(Wellburn, 1994) #####
if(ext=="acetona80.1") {

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"peso.fresco" ,"peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a470" , "a649" , "a665")

###cra###
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco))
```



```

peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.25*(da$a663))-(2.79*(da$a646))
cb.b=(21.5*(da$a646))-(5.1*(da$a663))
carot.c=((1000*(da$a470))-(1.82*ca.a)-(85.02*cb.b))/198

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,cra,ca,cb,carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)}

##### Acetona 80% 1-4 nm(lichtentaler et al, 1983; Wellburn, 1994)
#####
if(ext=="acetona80.2") {

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"peso.fresco" ,"peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a470" , "a646" , "a663")

##cra##
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco))

peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

```

```
#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.21*(da$a663))-(2.81*(da$a646))
cb.b= (20.13*(da$a646))-(5.03*(da$a663))
carot.c=((1000*(da$a470))-(3.27*ca.a)-(104*cb.b))/229

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,cra,ca,cb,carot)

#####Analise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)}
#####
##### acetona 100% (lichtentaler et al, 1983) #####
if(ext=="acetona100"){

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"peso.fresco" ,"peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a470" , "a645" , "a662")

##cra##
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco)

peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

#####pigmentos em micromols por ml#####
```

```

ca.a=(11.75*(da$a662))-(2.35*(da$a645))
cb.b=(18.61*(da$a645))-(3.96*(da$a662))
carot.c=((1000*(da$a470))-(2.27*ca.a)-(81.4*cb.b))/227

##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra, tratamento, cra, ca, cb, carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb, data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy), max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray", ylab="clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim=y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray", ylab="clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim=y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray", ylab="carotenoides
(micromol/g)", xlab="", ylim=y)

return(data.cl)}
#####
##### DMSO - range 0.1 a 0.5 nm (Wellburn, 1994) #####
if(ext=="dmsol"){

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra", "tratamento", "peso.fresco", "peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a480", "a649.1", "a665.1")

##cra##
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco)

peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.47*(da$a665.1))-(3.62*(da$a649.1))
cb.b=(25.06*(da$a649.1))-(6.5*(da$a665.1))
carot.c=((1000*(da$a480))-(1.29*ca.a)-(53.78*cb.b))/220

```

```
##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,cra,ca,cb,carot)

#####Analise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)}

#####
##### DMSO -range 1 - 4nm (Wellburn, 1994) #####
if(ext=="dms02"){

## renomeando a planilha ##

colnames(da)=c("amostra","tratamento" ,"peso.fresco" ,"peso.saturado",
"peso.seco", "peso.fresco.cl", "volume", "a480" , "a649" , "a665")

##cra##
cra=((da$peso.fresco-da$peso.seco)/(da$peso.saturado-da$peso.seco)*100)

#####peso seco cl= ((peso.fresco.cl * peso.seco)/peso.fresco))

peso.seco.cl=((da$peso.fresco.cl*da$peso.seco)/(da$peso.fresco))

#####pigmentos em micromols por ml#####
ca.a=(12.19*(da$a665))-(3.45*(da$a649))
cb.b= (21.99*(da$a649))-(5.32*(da$a665))
carot.c=((1000*(da$a480))-(2.14*ca.a)-(70.16*cb.b))/220
```

```
##### pigmentos em micromol por grama#####

ca=((ca.a*(da$volume))/(peso.seco.cl))
cb=((cb.b*(da$volume))/(peso.seco.cl))
carot=((carot.c*(da$volume))/(peso.seco.cl))

#####Matriz de resultados #####
amostra=da$amostra
tratamento=da$tratamento
data.cl=data.frame(amostra,tratamento,cra,ca,cb,carot)

#####Análise exploratória dos dados#####
yyy=c(data.cl$ca, data.cl$cb,data.cl$carot)
yy=na.omit(yyy)
y=c(min(yy),max(yy)+0.5)

par(mfrow=c(1,3))
boxplot(ca~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila a
(micromol/g)", xlab="", ylim= y)
boxplot(cb~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "clorofila b
(micromol/g)", xlab="Tratamento", ylim= y)
boxplot(carot~tratamento, data=data.cl, col="gray" , ylab= "carotenoides
(micromol/g)", xlab="",ylim= y)

return(data.cl)}}}}}
```

Help:

[Help](#)

Para testar com mens="area":

[teste.1](#)

dados reais, pigmento extraído de gramíneas com dmso. Os dados podem ser usados com outros extratores para testar a função.

```
read.table(dados,header=TRUE, sep=";", dec=".", as.is=TRUE)
```

Para testar com mens="peso":

[teste.2](#)

dados reais de 3 espécies de epífitas. Extração feita com etanol 96%.

```
read.table(dados,header=TRUE, sep=";", dec=".", as.is=TRUE)
```

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

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

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