

```
<code> {
```

```
optimum<- function(x,y) {  
  if(is.matrix(x)==FALSE) #Teste lógico para saber se o objeto de entrada é  
  uma matriz.  
  {  
    stop("O objeto não é uma matriz") #Mensagem caso o objeto não seja uma  
    matriz.  
  }  
  if(is.matrix(y)==FALSE) #Teste lógico para saber se o objeto de entrada é  
  uma matriz.  
  {  
    stop("O objeto não é uma matriz")  
  }  
  if(nrow(x)!=nrow(y)) #Teste para saber se as matrizes tem o mesmo número de  
  linhas  
  {  
    stop("As matrizes devem ter o mesmo número de linhas")  
  }  
  matriz.optimum<- matrix(NA, nrow=ncol(x), ncol=ncol(y),  
  dimnames=list(colnames(x), colnames(y))) #Cria uma matriz para guardar os  
  valores de ótimo ecológico que vão ser calculados. Os nomes das linhas serão  
  os nomes das espécies e o nome das colunas serão os nomes das variáveis.  
  matriz.tolerance<- matrix(NA, nrow=ncol(x), ncol=ncol(y),  
  dimnames=list(colnames(x), colnames(y)))#Cria uma matriz para guardar os  
  valores de tolerância ecológica que vão ser calculados. Os nomes das linhas  
  serão os nomes das espécies e o nome das colunas serão os nomes das  
  variáveis.  
  
  for(i in 1:ncol(x)) #Fazendo uma série de loopings para dar início ao  
  cálculo do ótimo. Aqui os valores da matriz de abundância serão acessados.  
  {  
    for(j in 1:ncol(y)) #Fazendo uma série de loopings o cálculo do ótimo.  
    Aqui os valores da matriz de variáveis serão acessados.  
    {  
      matriz.optimum[i,j]<-weighted.mean(y[,j],x[,i]) #Calculo do ótimo  
      utilizando a função da média ponderada (weighted.media) o segundo conjunto  
      de dados tem que ser aquele que vai fornecer o peso para a média ponderada.  
      Assim, se a ordem de entrada das matrizes for alterada, o valor será  
      alterado também. Para o cálculo do ótimo, o conjunto de valores que fornecem  
      o peso para a média ponderada são os valores das abundâncias.  
    }  
  }  
  
  for(i in 1:ncol(x)) #Fazendo uma série de loopings para dar início ao da  
  tolerância. Aqui os valores da matriz de abundância serão acessados.  
  {  
    for(j in 1:ncol(y)) #Fazendo uma série de loopings para dar início ao  
    cálculo da tolerância. Aqui os valores da matriz de abundância serão  
    acessados.  
    {
```

```
matriz.tolerance[i,j]<-((sum(x[,i]*(y[,j]-  
weighted.mean(y[,j],x[,i]))^2))/sum(x[,i]))^0.5 ##Calculo da tolerância  
ecológica.  
}  
}  
{ optimum.tolerance<-  
array(c(matriz.optimum,matriz.tolerance),dim=c(ncol(x),ncol(y),2),dimnames=l  
ist(colnames(x),colnames(y),c("Ótimo Ecológico","Tolerância Ecológica")))  
#Array com os dados do ótimo e da tolerância será o retorno da função.  
for(i in 1:ncol(y)) #Fazendo uma série de loopings para a saída gráfica de  
cada espécie. Aqui acessará os dados para o eixo x que são os valores das  
variáveis.  
{  
  for(j in 1:ncol(x)) #Fazendo uma série de loopings para a saída  
gráfica de cada espécie. Aqui acessará os dados para o eixo y que são os  
valores das abundâncias.  
  {  
    names.axis.x<- colnames(y) #criando um objeto para dar nomes ao eixo  
x  
    names.axis.y<- colnames(x) #criando um objeto para dar nomes ao eixo  
y  
    plot(y[,i],x[,j],ylim=c(0,max(x)),xlab=names.axis.x[i],ylab=names.axis.y[j])  
#Plota um gráfico de distribuição das espécies em relação à variável  
analisada.  
    var.range<- min(y[,i]):max(y[,i]) #objeto para guardar os valores  
entre mínimo da variável ambiental e máxima da variável ambiental para ser  
utilizada na equação de regressão da curva.  
    yA<- (max(x[,j]))*exp(-0.5*(var.range -  
matriz.optimum[j,i])^2/matriz.tolerance[j,i]^2) #Regressão para plotar a  
curva no gráfico.  
    lines(var.range,yA,lty=1,col="black") #Plota a curva da regressão na  
cor preta.  
    abline(v=matriz.optimum[j,i],lty=2) #Plota uma linha pontilhada  
mostrando o valor do ótimo ambiental.  
    valor.optimum<-paste("u  
=",as.character(round(matriz.optimum[j,i],2)),sep=" ") # valor do ótimo  
ambiental  
    text(0.7*max(y),max(x), labels=valor.optimum) #Plota o valor do  
ótimo na área do gráfico  
  }  
}  
}  
}  
  
return(optimum.tolerance) #Retorno da Função é um array com o ótimo e a  
tolerância de cada espécie para cada variável.  
  
} ##FIM! }
```

<\code>

```
optimum(x, y)
```

Help da Função

Ótimo package:unknown R Documentation

Cáculo do Ótimo ecológico e da tolerância ecológica de espécies.

Description:

A função calcula o ótimo ecológico e a tolerância ecológica de espécies em relação a variáveis ambientais de interesse. Para isso utiliza-se uma matriz de abundância e uma matriz com os valores das variáveis ambientais de interesse. A função retorna os resultados em um array e um gráfico com o ótimo de cada espécie.

Usage:

```
optimum(x,y)
```

Arguments:

x matriz com os dados de abundância ou densidade das espécies y matriz com os dados para variável ambiental

Details:

A matriz (x) de abundância ou de densidade de espécies deve apresentar as espécies nas colunas. A matriz (y) com as variáveis ambientais deve apresentar as variáveis em cada coluna. Ambas as matrizes devem ter o mesmo número de linhas. A função aceita valores de zero. A função não aceita NAs.

Value:

A função retorna no Console duas matrizes em um objeto de array. A primeira matriz trará os valores dos ótimos ecológicos de cada espécie. A segunda matriz trará os valores de tolerância ecológica de cada espécie. Nas linhas estarão as espécies e nas colunas as variáveis ambientais. Se o objeto não for uma matriz, a função retornará uma mensagem de aviso. Se as matrizes não tiverem o mesmo número de linhas, a função retornará um aviso.

Warning:

Se houver mais de 100 espécies, a função não retornará todos os gráficos.

Author(s):

Angela Maria da Silva Lehmkuhl e-mail: angela_ecologia@yahoo.com.br

References:

Crawley, M. 2007. The R book. John Wiley & Sons Ltd, England.

Ter Braak, C.J.F e Van Dam, H (1989). Inferring ph from diatoms: a comparison of old and new calibration methods. Hydrobiologia 178:209-223.

Examples:

```
x<- matrix(sample(c(seq(from=10, to=1000, length=10), seq(from=1, to=100, length=10), seq(from=50, to=500, length=10))), nrow=10, ncol=3, dimnames=list(c(1:10), c("sp1", "sp2", "sp3"))) #Matriz de aundância de espécies
```

```
y<- matrix(sample(round(c(seq(from=0.2, to=200, length = 10), seq(from=3.0, to=8.0, length = 10 )))), nrow=10, ncol=2, dimnames=list(c(1:10),c("var1", "var2"))) #Matriz das variáveis ambientais
```

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2016:alunos:trabalho_final:angela_ecologia:final 

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