Parte 01 - LIMPEZA DE DADOS

Script para cálculo do LPI baseado nas instruções disponíveis [neste link](https://github.com/Zoological-Society-of-London/rlpi).

Função prepara dados do icmbio e chama funções do pacote rlpi

**Em fase de TESTE**

Adaptação: Elildo Carvalho Jr, ICMBio/CENAP.

Colaboração: Fernando Lima

### DADOS CONSOLIDADOS DE MAMÍFEROS E AVES

Caso haja necessidade de reutilizar os dados originais notar que foi necessário a limpeza dos comentários para evitar inúmeros erros relacionados a:

* Coordenadas geográficas:
* ex Linha 2298
* S 04° 16" 44.1", W 55° 59' 35.4"
* Comentários com vírgulas:
* ex Linha 2517
* "Distância estimada. estava na outra margem do igarapé: S 4° 36' 32"", w 56° 24' 51.2"""

dados <- read\_csv(here("data", "Planilha.consolidada.mastoaves.ate.2019a.csv"), show\_col\_types = FALSE)

#### AJUSTES

#RENOMEAR COLUNAS  
dados <- dados %>%  
 rename(cnuc = "CDUC",  
 nome\_UC = "Local - Nome da Unidade de Conservacao",  
 estacao\_amostral = "Numero da Estacao Amostral",  
 nome\_ea = "Nome da EA",  
 esforco = "Esforco de amostragem tamanho da trilha (m)",  
 data = "data da amostragem",  
 hora\_inicio = "horario de inicio (h:mm)",  
 hora\_fim = "horario de termino (h:mm)",  
 ano = "Ano",  
 classe = "Classe",  
 ordem = "Ordem",  
 familia = "Familia",  
 genero = "Genero",  
 binomial = "Especies validadas para analise do ICMBio",  
 n\_animais = "n de animais",  
 distancia = "distancia (m) do animal em relacao a trilha") %>%  
#AJUSTAR FORMATO DE DATA  
 mutate(data = as.Date(data, "%d/%m/%Y"),  
 ano = year(data),  
#CRIAR CAMPO DE IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES  
 populacao = paste(binomial, cnuc, sep ="\_"),  
 populacao = str\_replace(populacao, " ", "\_")) %>%  
#REMOVER COLUNAS DESNECESSÁRIAS  
 select(cnuc, nome\_UC, estacao\_amostral, nome\_ea, esforco, ano, data,  
 hora\_inicio, hora\_fim, classe, ordem, familia, genero, binomial,  
 n\_animais, distancia, populacao)

Exportar arquivo \*.rds

saveRDS(dados, here("data", "dadosICMBio\_2014a2019.rds"))

### DADOS CONSOLIDADOS FLORESTAL

Caso haja necessidade de reutilizar os dados originais notar que foi necessário a limpeza dos comentários para evitar inúmeros erros (descritos acima).

dados <- read\_csv(here("data", "Dados\_Florestal\_14a18\_disponibilizacao.csv"), show\_col\_types = FALSE)

## New names:  
## \* `` -> `...31`  
## \* `` -> `...32`  
## \* `` -> `...33`  
## \* `` -> `...34`

### AJUSTES

#RENOMEAR COLUNAS  
dados <- dados %>%  
 rename(  
 cnuc = "Cadastro Nacional de Unidades de Conservação (CNUC)",  
 nome\_UC = "Unidade de Conservação (UC)",  
 estacao\_amostral = "Número da Estação Amostral",  
 nome\_ea = "Nome da Estação Amostral",  
 esforco = "Esforço de amostragem (metros percorridos por dia)",  
 data = "data da amostragem (dd/mm/aaaa)",  
 hora\_inicio = "Horário de início (hh:mm)",  
 hora\_fim = "Horário de término (hh:mm)",  
 ano = "Ano",  
 classe = "Classe",  
 ordem = "Ordem",  
 familia = "Família",  
 genero = "Gênero",  
 binomial = "Espécies validadas pelo ICMBio",  
 n\_animais = "N° de animais",  
 distancia = "Distância perpendicular (m) do animal em relação a trilha"  
 ) %>%  
#AJUSTAR FORMATO DE DATA  
 mutate(  
 data = as.Date(data, "%d/%m/%Y"),  
#AJUSTAR FORMATO DE DISTÂNCIA  
 distancia = str\_replace(distancia, ",", "."),  
 distancia = as.numeric(distancia),  
#CRIAR CAMPO DE IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES  
 populacao = paste(binomial, cnuc, sep ="\_"),  
 populacao = str\_replace(populacao, " ", "\_")  
 ) %>%  
#REMOVER COLUNAS DESNECESSÁRIAS  
 select(  
 cnuc,  
 nome\_UC,  
 estacao\_amostral,  
 nome\_ea,  
 esforco,  
 ano,  
 data,  
 hora\_inicio,  
 hora\_fim,  
 classe,  
 ordem,  
 familia,  
 genero,  
 binomial,  
 n\_animais,  
 distancia,  
 populacao  
 )

Exportar arquivo \*.rds

saveRDS(dados, here("data", "dadosICMBio\_2014a2018.rds"))