

# Entre Florestas e Dados

Arthur Guilherme Schirmbeck Chaves

Última atualização: 2024-11-17

# Sumário

<b>Sobre</b>	<b>3</b>
Por que este livro? . . . . .	3
Autor . . . . .	3
<b>1 Introdução ao R</b>	<b>4</b>
1.1 Instalação do R . . . . .	4
1.2 Instalação do RStudio . . . . .	5
1.3 Fundamentos da linguagem . . . . .	5
1.4 Gerenciamento de pacotes . . . . .	5
1.5 Importação e exportação da dados . . . . .	5
1.6 Pipe (%>%) do dplyr . . . . .	5
1.7 data.table . . . . .	6
1.8 Manipulação de dados . . . . .	6
<b>2 Dendrometria</b>	<b>7</b>
2.1 Diâmetros . . . . .	7
2.2 Alturas . . . . .	9
<b>3 Inventário florestal</b>	<b>11</b>
3.1 Levantamento Fitossociológico . . . . .	11
3.2 Aplicação . . . . .	13

# Sobre

“Entre Florestas e Dados” é um livro digital dinâmico (sempre atualizado online) que compartilha soluções práticas para análises de dados florestais utilizando a linguagem R.

## Por que este livro?

Este livro foi criado para preencher uma lacuna na literatura sobre análise de dados aplicada especificamente ao setor florestal, com o intuito de capacitar profissionais a tomar decisões fundamentadas em dados de inventários, planejamento e monitoramento ambiental.

## Autor

Olá! Meu nome é Arthur Guilherme Schirmbeck Chaves. Sou professor de Engenharia Florestal no IFMT. Como engenheiro florestal e analista de sistemas com sólida experiência em planejamento florestal, inventário, silvicultura e análise de dados, estou desenvolvendo este livro para compartilhar soluções práticas e orientadas por dados que aplico em minhas atividades profissionais e didáticas. Meu objetivo é capacitar profissionais e estudantes a compreender e implementar análises de dados na área florestal de forma eficaz, precisa e diretamente aplicável às demandas do setor.

# Capítulo 1

## Introdução ao R

O livro *R for Data Science* é excelente<sup>1</sup>.

Como mostrado em [Wickham and Grolemund, 2016], o R facilita a análise de dados.

### 1.1 Instalação do R

A instalação padrão do R é feita a partir do CRAN, uma rede de servidores espalhada pelo mundo que armazena versões idênticas e atualizadas de códigos e documentações para o R.

Para instalar o R no Windows, siga os seguintes passos:

1. Acesse o CRAN: <https://www.r-project.org/>
2. No menu à esquerda, encontre a opção **Download** e clique em **CRAN**.
3. Escolha a opção de servidor (mirror) mais próxima de você.
4. Clique em **Download R for Windows**.
5. Clique na opção **base**.
6. Na nova página, clique em Download R x.x.x for Windows, sendo x.x.x o número da versão que será baixada. Se você teve algum problema com o download, tente escolher outro servidor no passo 3.
7. Feito o download, clique duas vezes no arquivo baixado e siga as instruções para instalação.

---

<sup>1</sup>Wickham, H., & Grolemund, G. (2016). *R for Data Science*. O'Reilly Media.

	mpg	cyl	hp
Mazda RX4	21.0	6	110
Mazda RX4 Wag	21.0	6	110
Datsun 710	22.8	4	93
Hornet 4 Drive	21.4	6	110
Merc 240D	24.4	4	62
Merc 230	22.8	4	95

## 1.2 Instalação do RStudio

## 1.3 Fundamentos da linguagem

## 1.4 Gerenciamento de pacotes

## 1.5 Importação e exportação de dados

## 1.6 Pipe (%>%) do dplyr

### 1.6.1 O que é o %>%?

O operador `%>%` é chamado de pipe. Ele permite encadear funções de maneira a facilitar a leitura e compreensão do código. Ao invés de ficar atribuindo valores intermediários ou aninhando várias funções, você simplesmente passa o resultado de uma função como entrada para a próxima.

### 1.6.2 Exemplos de Uso

Vamos usar o conjunto de dados mtcars para entender como o pipe facilita a manipulação de dados:

Sem `%>%` (Sem Pipe) Imagine que queremos fazer as seguintes operações no dataset mtcars:

Filtrar apenas os carros que têm mais de 20 milhas por galão (`mpg > 20`). Selecionar apenas as colunas `mpg`, `cyl`, e `hp`. Sem o operador `%>%`, o código ficaria assim:

```
library(dplyr)

# Sem pipe
filtered_data <- filter(mtcars, mpg > 20)
selected_data <- select(filtered_data, mpg, cyl, hp)
```

Com `%>%` (Com Pipe) Podemos simplificar isso usando o pipe:

```
library(dplyr)

# Usando pipe
selected_data <- mtcars %>%
  filter(mpg > 20) %>%
  select(mpg, cyl, hp)
```

Note como o código com `%>%` é mais legível e direto. Ele segue uma lógica sequencial que permite facilmente entender o que está sendo feito em cada etapa.

## 1.7 data.table

### 1.7.1 O que é o :=?

O operador `:=` é chamado de operador de atribuição por referência. Ele pertence ao pacote `data.table` e é usado para adicionar ou modificar colunas em um `data.table`. O `:=` é mais eficiente do que usar `<-` em um `data.table`, pois faz as modificações “por referência”, o que significa que não cria cópias desnecessárias dos dados, sendo muito mais rápido e eficiente em termos de memória.

### 1.7.2 Exemplos de Uso

Vamos usar o pacote `data.table` para entender como o `:=` funciona.

Primeiro, vamos criar um `data.table` com alguns dados fictícios:

```
library(data.table)

# Criação de um data.table
DT <- data.table(
  id = 1:5,
  valor = c(10, 15, 20, 25, 30)
)
```

Adicionando uma Nova Coluna com `:=`

Podemos adicionar uma nova coluna chamada `valor_2` que seja o dobro do valor existente na coluna `valor`:

```
DT[, valor_2 := valor * 2]

print(DT)
```

```
##   id valor valor_2
## 1:  1     10     20
## 2:  2     15     30
## 3:  3     20     40
## 4:  4     25     50
## 5:  5     30     60
```

Modificando uma Coluna Existente com `:=`

Podemos também modificar uma coluna existente. Vamos modificar a coluna `valor_2` para ser o triplo do valor da coluna `valor`:

```
DT[, valor_2 := valor * 3]

print(DT)
```

```
##   id valor valor_2
## 1:  1     10     30
## 2:  2     15     45
## 3:  3     20     60
## 4:  4     25     75
## 5:  5     30     90
```

## 1.8 Manipulação de dados

# Capítulo 2

## Dendrometria

### 2.1 Diâmetros

#### 2.1.1 Histogramas de distribuição diamétrica

Este tipo de abordagem é útil para se verificar o grau de aproximação da Normalidade dos dados pela “formato” das classes através da frequência de indivíduos por classe diamétrica.

Os engenheiros florestais geralmente estabelecem classes diamétricas em intervalos fixos de 1,5 ou 2,0 cm para poderem comparar entre si as inúmeras parcelas; bem como para acompanhar a mudança de classe das árvores ao longo do tempo.

##### 2.1.1.1 Criando dados para demonstração

```
# Definir número de árvores por parcela
n_arvores <- 50

# Gerar dados de 3 parcelas com diâmetros distribuídos normalmente
set.seed(123) # Para garantir reprodutibilidade

parcela1 <- rnorm(n_arvores, mean = 25, sd = 5) # Parcela 1 com média 25 cm e desvio
#       ↵ padrão 5 cm
parcela2 <- rnorm(n_arvores, mean = 30, sd = 7) # Parcela 2 com média 30 cm e desvio
#       ↵ padrão 7 cm
parcela3 <- rnorm(n_arvores, mean = 35, sd = 6) # Parcela 3 com média 35 cm e desvio
#       ↵ padrão 6 cm

# Criar um data frame com os dados das parcelas
dados_inventario <- data.frame(
  Parcela = rep(c("1", "2", "3"), each = n_arvores),
  Diametro = c(parcela1, parcela2, parcela3)
)
```

##### 2.1.1.2 Construindo os histogramas

```
# Definir as classes diamétricas com intervalo de 2 cm
intervalo <- 2
min_diametro <- floor(min(dados_inventario$Diametro)) # Valor mínimo de diâmetro
#       ↵ arredondado para baixo
```

```

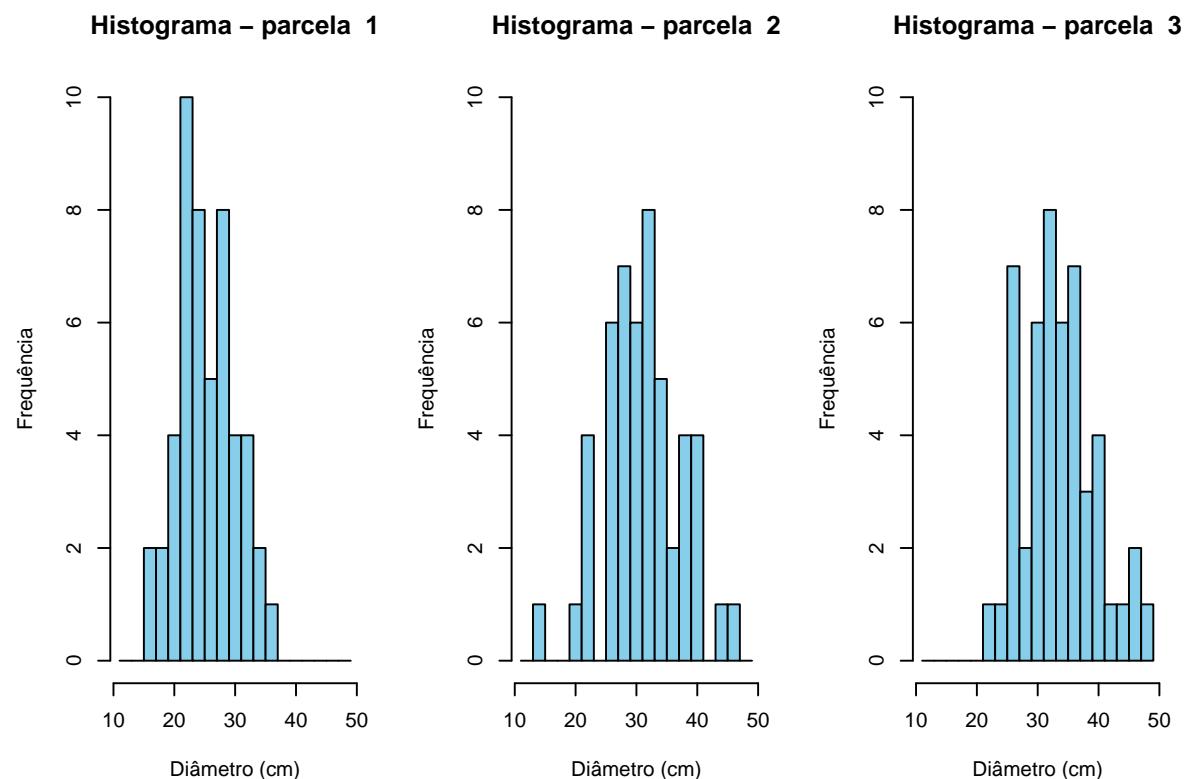
max_diametro <- ceiling(max(dados_inventario$Diametro)) # Valor máximo de diâmetro
# arredondado para cima
intervalos <- seq(min_diametro - intervalo, max_diametro + intervalo, by = intervalo)
# Definir as classes com intervalo de 2 cm

# Criar layout para os gráficos
par(mfrow = c(1, 3)) # Define 3 gráficos em uma linha

# Definir lista de parcelas
parcelas <- unique(dados_inventario$Parcela)

# Loop para plotar histogramas de cada parcela
for (parcela in parcelas) {
  # Selecionar os dados da parcela atual
  dados.Parcela <- dados_inventario[dados_inventario$Parcela == parcela, "Diametro"]
  # Plotar o histograma
  hist(dados.Parcela,
       breaks = intervalos,
       main = paste("Histograma - parcela ", parcela),
       xlab = "Diâmetro (cm)",
       ylab = "Frequência",
       ylim = c(0, 10),
       col = "skyblue",
       border = "black")
}

```



A.Parc.	Parc	n	DAP	Ht	Hdom
720	711	1	19.74	14.65	NA
720	711	2	NA	NA	NA
720	711	3	19.19	14.44	NA
720	711	4	17.83	13.89	NA
720	711	5	18.46	14.15	NA
720	711	6	20.05	14.78	NA

## 2.2 Alturas

### 2.2.1 Altura Dominante

A altura dominante, que representa a média das alturas das árvores mais altas e/ou mais grossas de um determinado número de árvores por hectare, é menos influenciada por variações de densidade e competições locais entre árvores menores, tornando-a uma medida confiável da qualidade do sítio. Com ela, é possível estimar o potencial de crescimento da floresta, modelar curvas de crescimento e projetar a produção futura, auxiliando no planejamento sustentável e na tomada de decisões estratégicas no manejo florestal.

Dados exemplo: Baixar dados

#### 2.2.1.1 Calculando altura dominante por parcela (Assman)

```
BD <- read.csv2("data/DesafioCalcHdom.csv")
colnames(BD)[1] = c("areaParc")
BD <- BD[, 1:5]
BD <- BD[order(BD$Parc, BD$Ht, decreasing = TRUE),]
row.names(BD) <- NULL

Parc <- unique(BD$Parc)
Hdom <- unique(BD$Parc)

j <- 1
for (i in Parc) {
  a <- round(mean(BD[which(BD$Parc==i),1])*100/10000, 0)
  H <- BD[which(BD$Parc==i),5]
  Hdom[j] <- round(mean(H[1:a]), 2)
  j <- j+1
}

BD2 <- as.data.frame(cbind(Parc, Hdom))
BD <- merge(BD, BD2)

rm(a, H, Hdom, i, j, Parc)
```

Resultado:

Parc	Hdom
711	14.58
623	14.02
622	13.54
621	14.62
534	15.00
533	14.62
532	14.76
531	14.95
453	14.51
452	14.53
451	14.52
344	15.06
343	14.48
342	14.78
341	14.96
262	13.28
261	14.33
173	14.10
172	14.22
171	14.80

# Capítulo 3

## Inventário florestal

### 3.1 Levantamento Fitossociológico

#### 3.1.1 Estrutura horizontal

##### 3.1.1.1 Densidade absoluta

$$DA_i = \frac{n_i}{A}$$

##### 3.1.1.2 Densidade relativa

$$DR_i = \frac{DA_i}{\sum_{i=1}^s (DA_i)}$$

##### 3.1.1.3 Dominância absoluta

$$DoA_i = \frac{\sum_{j=1}^{n_i} g_j}{A} = \frac{G_i}{A}$$

##### 3.1.1.4 Dominância relativa

$$DoR_i = \frac{DoA_i}{\sum_{i=1}^s (DoA_i)} * 100 = \frac{G_i}{G_T} * 100$$

##### 3.1.1.5 Frequência Absoluta

$$FA_i = \frac{U_i}{U_T} * 100$$

##### 3.1.1.6 Frequência Relativa

$$FR_i = \frac{FA_i}{\sum_{i=1}^s (FA_i)} * 100$$

##### 3.1.1.7 Valor de Cobertura

$$VC_i = DR_i + DoR_i$$

### 3.1.1.8 Porcentagem de Cobertura

$$PC_i = \frac{DR_i + DoR_i}{2}$$

### 3.1.1.9 Valor de Cobertura

$$VC_i = DR_i + DoR_i + FR_i$$

### 3.1.1.10 Porcentagem de Cobertura (Horizontal)

$$PC_i = \frac{DR_i + DoR_i + FR_i}{3}$$

## 3.1.2 Diversidade

### 3.1.2.1 Índice de Shannom

$$H' = - \sum_{i=1}^S p_i \ln(p_i)$$

## 3.1.3 Agregação

### 3.1.3.1 Índice de Morisita

$$I_\delta = \frac{n \sum_{i=1}^S n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

## 3.1.4 Estrutura vertical

### 3.1.4.1 Posição Sociológica Absoluta

$$PSA_i = \sum_{j=1}^J \left( \frac{N_j}{N} \cdot N_{ij} \right)$$

### 3.1.4.2 Posição Sociológica Relativa

$$PSR_i = \frac{PSA_i}{\sum_{i=1}^S PSA_i} \cdot 100$$

### 3.1.4.3 Valor de Importância Absoluta (Horizontal + Vertical)

$$VI_a = DR_i + DoR_i + FR_i + PSA_i$$

### 3.1.4.4 Valor de Importância Relativa (Horizontal + Vertical)

$$VI_r = \frac{DR_i + DoR_i + FR_i + PSA_i}{4}$$

### 3.1.5 Regeneração

Pode-se usar os mesmos índices anteriores de estrutura horizontal, vertical, etc. O resultado final será o Indicador de Regeneração Natural que poderá ser usado para calcular o **Valor de Importância Ampliado**:

$$VIA_r = \frac{DR_i + DoR_i + FR_i + PSA_i + RN_i}{5}$$

## 3.2 Aplicação

Dados exemplo: Baixar dados

Parc	Subparc	Id	Nome Científico	Família	H	T	HC	CAP	DAP
1		1	<i>Myracrodruron urundeua</i> Allemão	Anacardiaceae R.Br.	11.5	6	84.5	26.897185382530314	
1		1	SP	-	-	-	-	-	
1		1	<i>Tabebuia roseoalba</i> (Ridl.) Sandwith	Bignoniaceae Juss.	10.5	5	54	17.188733853924695	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	11.5	8.5	57.6	18.334649444186343	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	8.5	4.5	37.7000000000000003	12.000282709128909	
1		1	<i>Magonia pubescens</i> A.St.-Hil.	Sapindaceae Juss.	11.5	8	94.7	30.143946221604978	
1		1	Morta	-	-	-	-	-	
1		1	<i>Pseudobombax tomentosum</i> (Mart. & Zucc.) A.Robyns	Malvaceae Juss.	11	6	108.5	34.53662265094129	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	10.5	6.5	56	17.82535362629228	
1		1	<i>Aspidosperma cylindrocarpion</i> Müll.Arg.	Apocynaceae Juss.	8	6	36.4	11.58647985708998	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	8.5	6	37.799999999999997	12.032113697747286	
1		1	<i>Tabebuia roseoalba</i> (Ridl.) Sandwith	Bignoniaceae Juss.	8	6	41.5	13.209860276627314	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10	7	44	14.00563499208679	
1		1	<i>Aspidosperma cylindrocarpion</i> Müll.Arg.	Apocynaceae Juss.	7.5	4	31.6	10.058592403407786	
1		1	<i>Aspidosperma subincanum</i> Mart.	Apocynaceae Juss.	12	4	79	25.146481008519466	
1		1	<i>Aspidosperma cylindrocarpion</i> Müll.Arg.	Apocynaceae Juss.	12	5.5	55.6	17.698029671818762	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	11	8.5	32.5	10.345071300973197	
1		1	<i>Anadenanthera colubrina</i> (Vell.) Brenan	Fabaceae Lindl.	13	9.5	58.8	18.716621307606893	
1		1	<i>Aspidosperma cylindrocarpion</i> Müll.Arg.	Apocynaceae Juss.	15	9	106	33.74084793548181	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	7.5	2.5	32	10.185916357881302	
1		1	<i>Astronium fraxinifolium</i> Schott	Anacardiaceae R.Br.	9.5	7.5	37.299999999999997	11.872958754655391	
1		1	<i>Simarouba Aubl.</i>	Simaroubaceae DC.	9.5	7	43.5	13.846480048994895	
1		1	Morta	-	-	-	-	-	
1		1	<i>Astronium fraxinifolium</i> Schott	Anacardiaceae R.Br.	10	9	42.6	13.560001151429484	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	11.5	5.5	50	15.915494309189533	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	11	5.5	88.7	28.234086904502234	
1		1	<i>Handroanthus impetiginosus</i> (Mart. ex DC.) Mattos	Bignoniaceae Juss.	11	6	70.400000000000006	22.409015987338865	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	11.5	8	52.5	16.71126902464901	
1		1	<i>Machaerium acutifolium</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	10.5	6.5	38.4	12.223099629457561	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	10	7	31.5	10.026761414789407	
1		1	<i>Handroanthus impetiginosus</i> (Mart. ex DC.) Mattos	Bignoniaceae Juss.	11	8	77.5	24.669016179243776	
1		1	<i>Senegalia polyphylla</i> (DC.) Britton & Rose	Fabaceae Lindl.	11.5	9	33.5	10.663381187156988	
1		1	<i>Aspidosperma cylindrocarpion</i> Müll.Arg.	Apocynaceae Juss.	9	5.5	38.700000000000003	12.318592595312701	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	9	7.5	34.5	10.981691073340778	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	9.5	6	45.4	14.451268832744097	
1		1	Qualea Aubl.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10.5	6	66.3	21.103945453985322	
1		1	Qualea Aubl.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10	6	55.4	17.634367694582004	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10.5	4.5	55.5	17.666198683200381	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	12	7	79	25.146481008519466	
1		1	<i>Myracrodruron urundeua</i> Allemão	Anacardiaceae R.Br.	13	6.5	106.7	33.963664855810464	
1		1	<i>Dipteryx alata</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	13.5	3.5	96.6	30.748735005354177	
1		1	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	12	8.5	92.5	29.443664472000638	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	11	7	62	19.735212943395023	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10	7	42.5	13.528170162811104	
1		1	<i>Aspidosperma subincanum</i> Mart.	Apocynaceae Juss.	13.5	8.5	70.099999999999994	22.313523021483725	
1		1	<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	11.5	7	65.5	20.84929754503829	
1		1	<i>Anadenanthera colubrina</i> (Vell.) Brenan	Fabaceae Lindl.	13.5	10	62.6	19.926198875105296	
1		2	Qualea Aubl.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10.5	7.5	61.1	19.44873404582961	
1		2	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	11	7.5	37.5	11.93662073189215	
1		2	<i>Dipteryx alata</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	12.5	8	73.400000000000006	23.363945645890237	
1		2	<i>Platypodium elegans</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	9	7	32.799999999999997	10.440564266828334	
1		2	Qualea Aubl.	Vochysiaceae A.St.-Hil.	10	7.5	40	12.732395447351628	
1		2	<i>Dipteryx alata</i> Vogel	Fabaceae Lindl.	12	6	118.1	27.502207552056277	

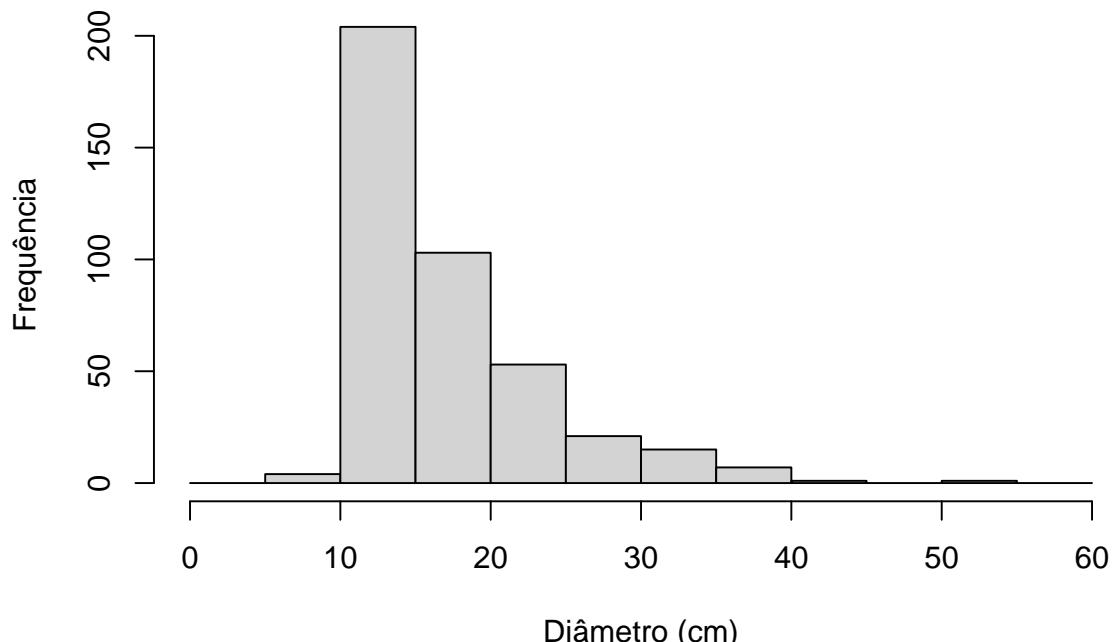
### 3.2.1 Consistência dos dados

```
items_excluir <- c("SP", "Morta", "PP", "PS", "Repetida", "Repitida", "Morfoespécie
                   ↵ 7", "Morfoespécie 8")
BD_ <- BD[!BD$`Nome Científico` %in% items_excluir, ]

BD_$DAP <- as.numeric(BD_$DAP)
BD_$`H T` <- as.numeric(BD_$`H T`)
```

### 3.2.2 Distribuição diamétrica geral

```
intervalo <- 5
min_d <- floor(min(BD_$DAP, na.rm = TRUE))
max_d <- ceiling(max(BD_$DAP, na.rm = TRUE))
intervalos <- seq(0, max_d + intervalo, by = intervalo)
hist(BD_$DAP, breaks = intervalos, main = NULL, xlab = "Diâmetro (cm)", ylab =
     ↵ "Frequência")
```



### 3.2.3 Distribuição por espécies (boxplots)

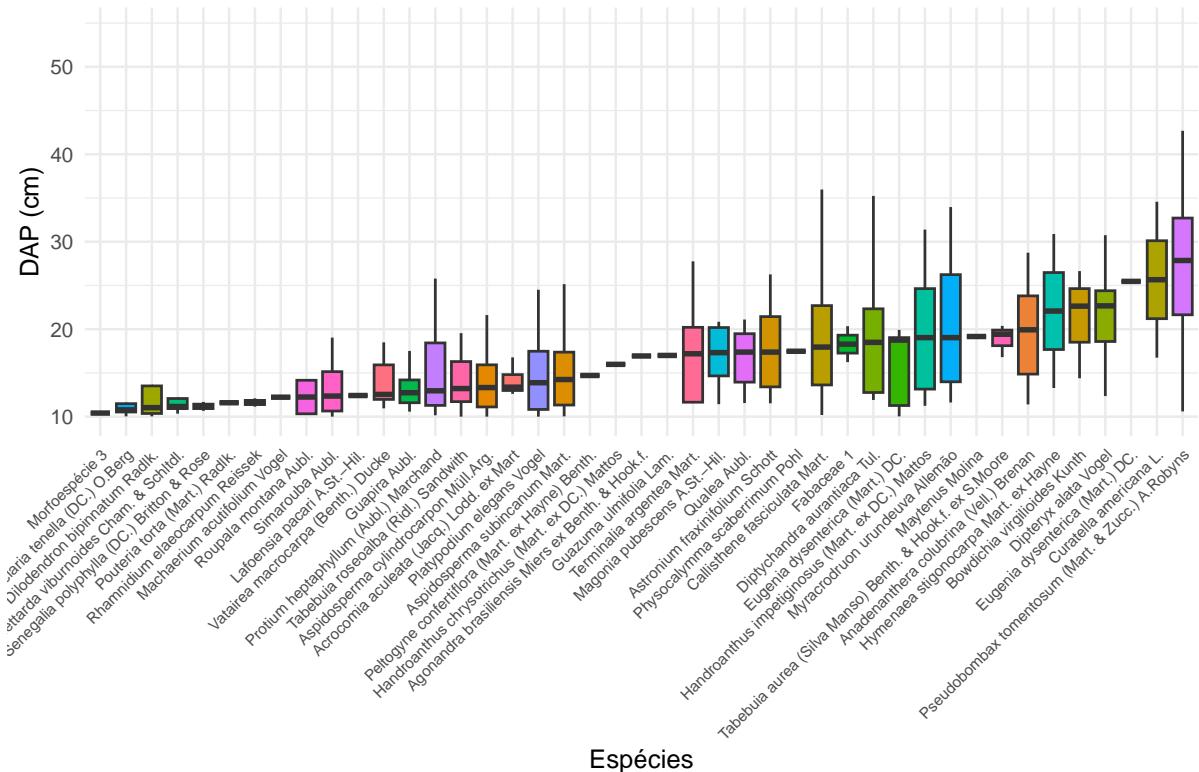
#### 3.2.3.1 Boxplot dos DAPs

```
require(ggplot2)
especies <- unique(BD_$`Nome Científico`)
```

```
p <- ggplot(BD_, aes(x = reorder(`Nome Científico`, DAP, median), y = DAP, fill =
  `Nome Científico`)) +
  geom_boxplot(outlier.shape = NA) + # Boxplot sem os outliers
  theme_minimal(base_size = 10) +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 6),
    legend.position = "none" # Remover legenda, se preferir
  ) +
  labs(title = "Distribuição dos DAPs por Espécie",
       x = "Espécies", y = "DAP (cm)")

print(p)
```

Distribuição dos DAPs por Espécie

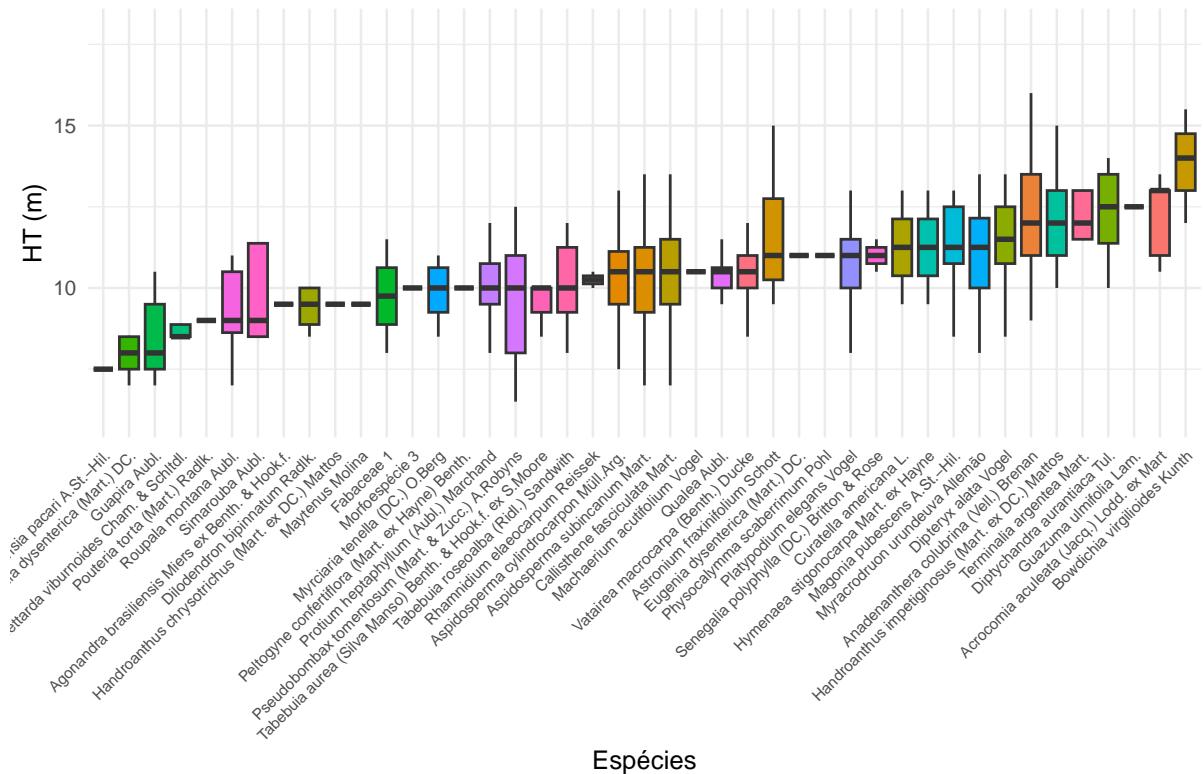


### 3.2.3.2 boxplot das alturas totais

```
p <- ggplot(BD_, aes(x = reorder(`Nome Científico`, `HT`, median), y = `HT`, fill =
  `Nome Científico`)) +
  geom_boxplot(outlier.shape = NA) + # Boxplot sem os outliers
  theme_minimal(base_size = 10) +
  theme(
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 6),
    legend.position = "none" # Remover legenda, se preferir
  ) +
  labs(title = "Distribuição das HTs por Espécie",
       x = "Espécies", y = "HT (m)")

print(p)
```

## Distribuição das HTs por Espécie



### 3.2.4 Parâmetros Fitossociológicos

### 3.2.4.1 Estrutura horizontal

```

library(dplyr)
library(data.table)

EH <- function(species, sample, d, A) {
  DT <- data.table(species = species, sample = sample, d = d)
  DT <- DT[, `:=`(gi = pi * d^2 / 40000)]
  Ui <- unique(DT, by = c("species", "sample"))[, .(Ui = .N), by = "species"]
  ni <- DT[, .(ni = .N, Gi = sum(gi)), by = "species"]
  ni <- ni[Ui, on = "species"]
  ni[, DAi := ni / A][, DRi := (DAi / sum(DAi)) * 100]
  ni[, DoAi := Gi / A][, DoRi := (DoAi / sum(DoAi)) * 100]
  ni[, FAi := (Ui / length(unique(DT$sample))) * 100][, FRi := (FAi / sum(FAi)) *
  ↪ 100]

  num_cols <- names(ni)[sapply(ni, is.numeric)]
  ni[, (num_cols) := lapply(.SD, round, 4), .SDcols = num_cols]

  setnames(ni, old = "species", new = "Espécies")

  return(ni)
}

EH_result <- EH(BD_`Nome Científico`, BD_Parc, BD_DAP, A = 0.8)

```

### Resultados:

Espécies	ni	Gi	Ui	DAi	DRi	DoAi	DoRi	FAi	FRi
<i>Myracrodrodon urundeava</i> Allemão	18	0.6704	2	22.50	4.4010	0.8380	6.3106	100	2.9412
<i>Tabebuia roseoalba</i> (Ridl.) Sandwith	23	0.3590	2	28.75	5.6235	0.4487	3.3793	100	2.9412
<i>Platypodium elegans</i> Vogel	35	0.6419	2	43.75	8.5575	0.8024	6.0427	100	2.9412
<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	41	1.2693	2	51.25	10.0244	1.5866	11.9479	100	2.9412
<i>Magonia pubescens</i> A.St.-Hil.	12	0.3156	2	15.00	2.9340	0.3945	2.9711	100	2.9412
<i>Pseudobombax tomentosum</i> (Mart. & Zucc.) A.Robyns	15	0.9521	2	18.75	3.6675	1.1901	8.9621	100	2.9412
<i>Aspidosperma cylindrocarpum</i> Müll.Arg.	60	1.3732	2	75.00	14.6699	1.7165	12.9260	100	2.9412
<i>Aspidosperma subincanum</i> Mart.	16	0.3735	2	20.00	3.9120	0.4669	3.5162	100	2.9412
<i>Anadenanthera colubrina</i> (Vell.) Brenan	17	0.5402	2	21.25	4.1565	0.6753	5.0851	100	2.9412
<i>Astronium fraxinifolium</i> Schott	15	0.4479	2	18.75	3.6675	0.5598	4.2159	100	2.9412
<i>Simarouba Aubl.</i>	4	0.0606	1	5.00	0.9780	0.0758	0.5706	50	1.4706
<i>Handroanthus impetiginosus</i> (Mart. ex DC.) Mattos	11	0.3690	2	13.75	2.6895	0.4612	3.4733	100	2.9412
<i>Machaerium acutifolium</i> Vogel	1	0.0117	1	1.25	0.2445	0.0147	0.1105	50	1.4706
<i>Senegalia polyphylla</i> (DC.) Britton & Rose	2	0.0196	1	2.50	0.4890	0.0246	0.1850	50	1.4706
<i>Qualea Aubl.</i>	12	0.2719	2	15.00	2.9340	0.3399	2.5594	100	2.9412
<i>Dipteryx alata</i> Vogel	11	0.4873	2	13.75	2.6895	0.6092	4.5874	100	2.9412
<i>Guapira Aubl.</i>	9	0.1251	2	11.25	2.2005	0.1563	1.1772	100	2.9412
<i>Peltogyne confertiflora</i> (Mart. ex Hayne) Benth.	1	0.0170	1	1.25	0.2445	0.0212	0.1599	50	1.4706

### 3.2.4.2 Índice de Shannon (Diversidade)

```
shannon <- function(species_counts) {  
  pi <- species_counts / sum(species_counts)  
  -sum(pi * log(pi), na.rm = TRUE)  
}  
  
H <- shannon(EH_result$ni)  
cat("Índice de Shannon:", H, "\n")
```

## Índice de Shannon: 3.16804

### 3.2.4.3 Índice de Morisita (Agregação)

```
morisita <- function(species_counts) {  
  N <- sum(species_counts)  
  n <- length(species_counts)  
  num <- n * sum(species_counts * (species_counts - 1))  
  den <- N * (N - 1)  
  num / den  
}  
  
I_delta <- morisita(EH_result$ni)  
cat("Índice de Morisita:", I_delta, "\n")
```

## Índice de Morisita: 2.485606

#### 3.2.4.4 Estrutura vertical e classificação em estratos

```

BD_$`H T` <- as.numeric(BD_$`H T`)
meanH <- mean(BD_$`H T`, na.rm = TRUE)
sdH <- sd(BD_$`H T`, na.rm = TRUE)

# Calcular estrato
BD_$estrato <- case_when(
  BD_$`H T` < (meanH - sdH) ~ "Inferior",
  BD_$`H T` >= (meanH - sdH) & BD_$`H T` <= (meanH + sdH) ~ "Médio",
  BD_$`H T` > (meanH + sdH) ~ "Superior"
)

# Calcular PSAi e PSRi
resultados <- BD_ %>%
  group_by(estrato) %>%
  mutate(
    Nj = n(),                      # Total de indivíduos no estrato
    N = nrow(BD_),                  # Total de indivíduos na floresta
    Pj = Nj / N,                   # Peso do estrato no total
  ) %>%
  group_by(`Nome Científico`, estrato) %>%
  summarise(
    Nji = n(),                     # Número de indivíduos da espécie no estrato
    Nj = first(Nj),                # Total de indivíduos no estrato
  )

```

```

Pj = first(Pj),                      # Peso do estrato
PSAi_partial = (Nji / Nj) * Pj, # Contribuição parcial para PSAi
  .groups = "drop"
) %>%
group_by(`Nome Científico`) %>%
summarise(
  PSAi = sum(PSAi_partial, na.rm = TRUE)           # Soma das contribuições parciais
  ↵      para PSAi
) %>%
ungroup() %>%
mutate(
  PSRi = (PSAi / sum(PSAi, na.rm = TRUE)) * 100 # PSRi como porcentagem global
)

# Fusão das tabelas com left_join
EH_result <- EH_result %>%
  left_join(resultados, by = c("Espécies" = "Nome Científico"))

# Adicionando o Valor de Importância Ampliado (VIA)
required_cols <- c("DAi", "DoAi", "FAi", "PSAi", "DRi", "DoRi", "FRi", "PSRi")
missing_cols <- required_cols[!required_cols %in% names(EH_result)]

if (length(missing_cols) > 0) {
  stop(paste("Colunas ausentes em `EH_result`: ", paste(missing_cols, collapse = ",
  ↵    ")))
}

EH_result <- EH_result %>%
  mutate(
    VIAa = (DAi + DoAi + FAi + PSAi) / 4, # Cálculo do VIA absoluto
  )

# Visualizar os resultados finais com arredondamento
resultado_final <- EH_result %>%
  arrange(desc(VIAa)) %>%
  mutate(across(where(is.numeric), round, 4))

```

Espécies	ni	Gi	Ui	DAi	DRi	DoAi	DoRi	FAi	FRi	PSAi	PSRi	VIAa
<i>Aspidosperma cylindrocarpon</i> Müll.Arg.	60	1.3732	2	75.00	14.6699	1.7165	12.9260	100	2.9412	0.1467	14.6699	44.2158
<i>Callisthene fasciculata</i> Mart.	41	1.2693	2	51.25	10.0244	1.5866	11.9479	100	2.9412	0.1002	10.0244	38.2342
<i>Platypodium elegans</i> Vogel	35	0.6419	2	43.75	8.5575	0.8024	6.0427	100	2.9412	0.0856	8.5575	36.1595
<i>Protium heptaphyllum</i> (Aubl.) Marchand	23	0.4445	2	28.75	5.6235	0.5556	4.1837	100	2.9412	0.0562	5.6235	32.3405
<i>Tabebuia roseoalba</i> (Ridl.) Sandwith	23	0.3590	2	28.75	5.6235	0.4487	3.3793	100	2.9412	0.0562	5.6235	32.3137
<i>Myracrodruon urundeuva</i> Allemão	18	0.6704	2	22.50	4.4010	0.8380	6.3106	100	2.9412	0.0440	4.4010	30.8455
<i>Anadenanthera colubrina</i> (Vell.) Brenan	17	0.5402	2	21.25	4.1565	0.6753	5.0851	100	2.9412	0.0416	4.1565	30.4917
<i>Aspidosperma subincanum</i> Mart.	16	0.3735	2	20.00	3.9120	0.4669	3.5162	100	2.9412	0.0391	3.9120	30.1265
<i>Pseudobombax tomentosum</i> (Mart. & Zucc.) A.Robyns	15	0.9521	2	18.75	3.6675	1.1901	8.9621	100	2.9412	0.0367	3.6675	29.9942
<i>Astronium fraxinifolium</i> Schott	15	0.4479	2	18.75	3.6675	0.5598	4.2159	100	2.9412	0.0367	3.6675	29.8366
<i>Vatairea macrocarpa</i> (Benth.) Ducke	13	0.2176	2	16.25	3.1785	0.2720	2.0485	100	2.9412	0.0318	3.1785	29.1384
<i>Diptychandra aurantiaca</i> Tul.	12	0.3926	2	15.00	2.9340	0.4908	3.6957	100	2.9412	0.0293	2.9340	28.8800
<i>Magonia pubescens</i> A.St.-Hil.	12	0.3156	2	15.00	2.9340	0.3945	2.9711	100	2.9412	0.0293	2.9340	28.8560
<i>Qualea</i> Aubl.	12	0.2719	2	15.00	2.9340	0.3399	2.5594	100	2.9412	0.0293	2.9340	28.8423
<i>Dipteryx alata</i> Vogel	11	0.4873	2	13.75	2.6895	0.6092	4.5874	100	2.9412	0.0269	2.6895	28.5965
<i>Handroanthus impetiginosus</i> (Mart. ex DC.) Mattos	11	0.3690	2	13.75	2.6895	0.4612	3.4733	100	2.9412	0.0269	2.6895	28.5595
<i>Guapira</i> Aubl.	9	0.1251	2	11.25	2.2005	0.1563	1.1772	100	2.9412	0.0220	2.2005	27.8571
<i>Acrocomia</i>	7	0.1052	2	8.75	1.7115	0.1314	0.9899	100	2.9412	0.0171	1.7115	27.2246

# Referências Bibliográficas

Hadley Wickham and Garrett Grolemund. *R for Data Science*. O'Reilly Media, Sebastopol, CA, 2016.  
URL <https://r4ds.had.co.nz/>.