

# Organização

Limpeza de dados de armadilhas fotográficas PELD - CCM.

Desenvolvimento: Fernando Lima, D.Sc.

## PREPARAÇÃO

### PACOTES

```
rm(list = ls(all = TRUE))
source("../funcoes/pacotes.R")
pacotes("here", "readr", "dplyr")
```

### Carregar arquivos

Arquivos baixados da plataforma Wildlife Insights

```
cameras <- readr::read_csv(
  here("01_dadosDeEntrada", "cameras.csv"),
  show_col_types = FALSE)

deployments <- readr::read_csv(
  here("01_dadosDeEntrada", "deployments.csv"),
  show_col_types = FALSE)

projects <- readr::read_csv(
  here("01_dadosDeEntrada", "projects.csv"),
  show_col_types = FALSE)

sequences <- readr::read_csv(
  here("01_dadosDeEntrada", "sequences.csv"),
  show_col_types = FALSE)
```

## Integrar e organizar informações

```
dados <- deployments %>%
  dplyr::left_join(
    sequences, by = "deployment_id"
  ) %>%
  # filtrar identificações a nível de espécie
  dplyr::filter(
    !is.na(species)
  ) %>%
  # juntar gênero e espécie para nome científico
  dplyr::mutate(
    especie = paste(genus, species)
  ) %>%
  # selecionar dados que o Miltinho pediu
  dplyr::select(
    subproject_name, placename, family, especie
  ) %>%
  # agrupar espécies e plotar número de registros
  dplyr::group_by(
    subproject_name, placename, family, especie
  ) %>%
  dplyr::summarise(
    n = n()
  ) %>%
  # filtrar registros não identificados
  dplyr::filter(
    especie != "No CV Result No CV Result"
  ) %>%
  # renomear
  dplyr::rename(
    ID_Paisagem = subproject_name,
    ID_Sitio = placename,
    Familia = family,
    Especie = especie,
    NuRegistros = n)
```

## 'summarise()' has grouped output by 'subproject\_name', 'placename', 'family'.  
## You can override using the '.groups' argument.

```
#checagem
sort(unique(dados$Especie))
```

```
## [1] "Canis familiaris"      "Cerdocyon thous"
## [3] "Cuniculus paca"       "Dasypus novemcinctus"
## [5] "Didelphis aurita"     "Didelphis marsupialis"
## [7] "Eira barbara"         "Herpailurus yagouaroundi"
## [9] "Leopardus guttulus"   "Leopardus pardalis"
## [11] "Lepus europaeus"      "Nasua nasua"
## [13] "Odontophorus capueira" "Sapajus nigritus"
## [15] "Sus scrofa"           "Sylvilagus brasiliensis"
```

```
dados$Especie <- gsub("Didelphis marsupialis","Didelphis aurita",  
                     dados$Especie)
```

Exportar arquivos \*.csv

```
readr::write_csv(dados, here("03_dadosDeSaida", "sinteseCamTrapsPELDCCM.csv"))
```