

Análise descritiva de dados de doenças de plantas com o **R***citrus*

Elias T. Krainski & Paulo J. Ribeiro Jr.

Última Atualização: 4 de agosto de 2006

A partir de objetos de representação espaço temporal de dados de plantas, pode-se definir alguns métodos para descrição desses dados (R Development Core Team 2006).

1 Sumários

Um conjunto de dados contém muitas informações. Um exemplo pode ser feito com os dados de MSC do talhão 303. Pode-se ter uma idéia sucinta desses dados usando o método `print`:

```
> data(v303.geo)
> print(v303.geo)
```

```
Disease plant data in 25 evaluations of
20 rows of plants and 48 plants in each row.
```

Também utilizado simplesmente ao digitar o nome do objeto:

```
> v303.geo
```

```
Disease plant data in 25 evaluations of
20 rows of plants and 48 plants in each row.
```

Um método para sumário também foi implementado:

```
> summary(v303.geo)
```

```
   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.   NA's
0.000  0.000   1.000   0.951  1.000   3.000 375.000
```

Ou para avaliações separadamente:

```
> summary(v303.geo, eval = 1:3)
```

```
      01/08/2001 08/08/2001 16/08/2001
Min.      0.0000      0.000      0.000
1st Qu.   0.0000      0.000      0.000
Median    0.0000      0.000      0.000
Mean      0.0317      0.036      0.116
3rd Qu.   0.0000      0.000      0.000
Max.      3.0000      3.000      3.000
NA's     15.0000     15.000     15.000
```

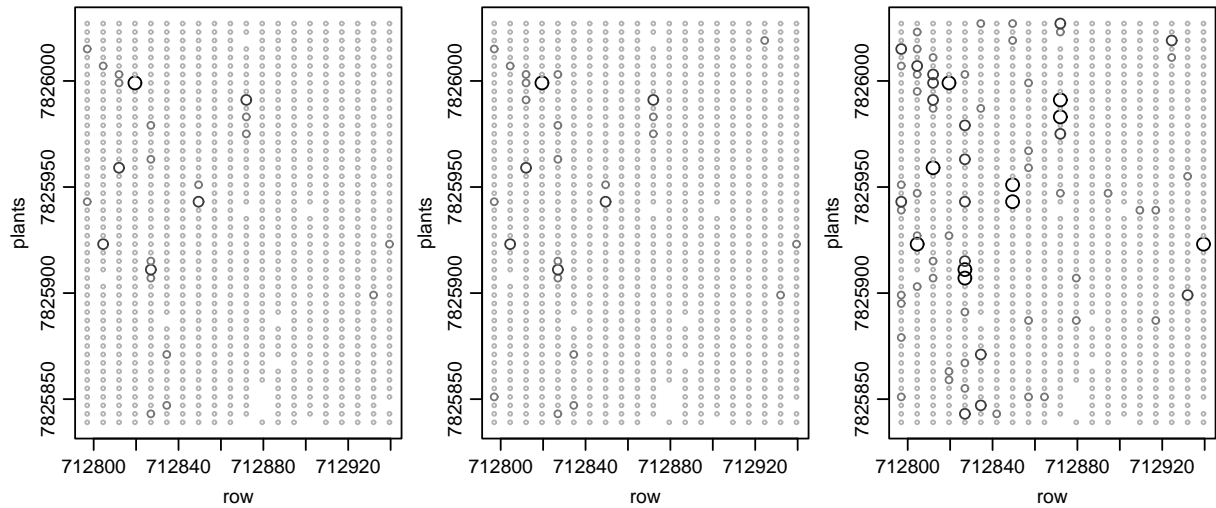


Figura 1: Mapa da incidência nas três primeiras avaliações

2 Tabelas

Podemos também montar uma tabela de códigos, por exemplo, para as três primeiras avaliações:

```
> table.citrus(v303.geo, eval = 1:3)
```

	01/08/2001	08/08/2001	16/08/2001
0	922	918	872
1	17	21	46
2	5	5	17
3	1	1	10

Ou então, uma tabela de proporções:

```
> table.citrus(v303.geo, eval = 1:3, type = "prop")
```

	01/08/2001	08/08/2001	16/08/2001
0	0.97566	0.97143	0.9228
1	0.01799	0.02222	0.0487
2	0.00529	0.00529	0.0180
3	0.00106	0.00106	0.0106

3 Gráficos

Uma visualização simples, é o mapa da incidência. Para isso foi implementado o método `plot`, onde o tamanho dos pontos é proporcional ao valor do atributo da planta. Exemplo:

```
> par(mfrow = c(1, 3))
> plot(v303.geo, eval = 1)
> plot(v303.geo, eval = 2)
> plot(v303.geo, eval = 3)
```

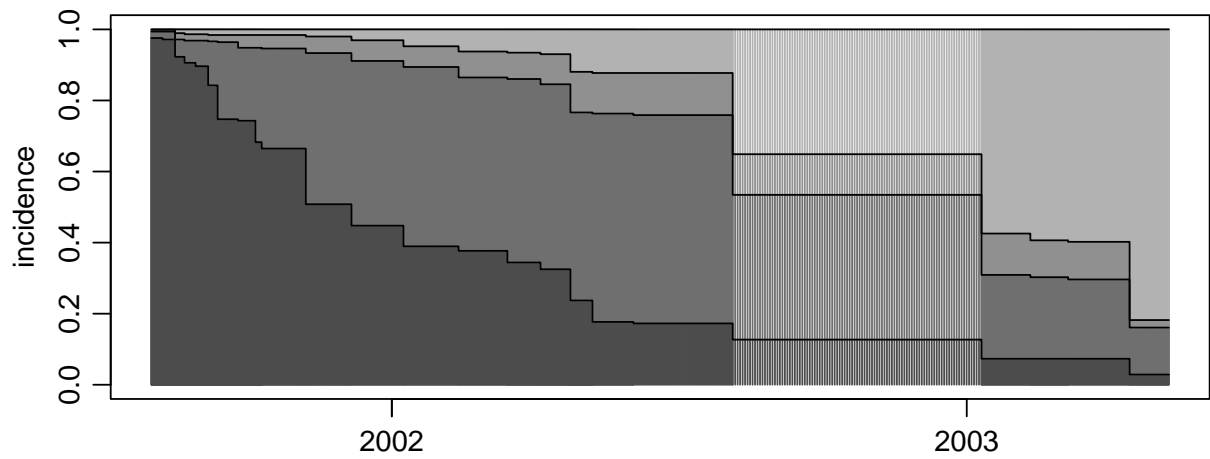


Figura 2: Linhas cumulativas do progresso da doença.

Observamos na Figura 1 que há quatro tamanho de pontos, um para cada um dos *status* da planta.

Outra visualização interessante, é o progresso da doença ao longo do tempo, usando linhas acumuladas.

```
> lines(v303.geo)
```

Agradecimentos

Este trabalho foi desenvolvido como parte das atividades do convênio firmado entre o Fundo de Defesa da Citricultura (FUNDECITRUS) e o Departamento de Estatística da Universidade Federal do Paraná e financiado pelo FUNDECITRUS.

Referências

R Development Core Team (2006). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0.

*<http://www.R-project.org>