

Guto Hashimoto de Mendonça



Engenheiro Ambiental

Mestrando em Ciências da Engenharia Ambiental.

Universidade de São Paulo - Escola de Engenharia de São Carlos.

[Centro de Recursos Hídricos e Ecologia Aplicada](#)

Desenvolvendo projeto de investigação dos efeitos de borda em fragmentos de cerrado stricto sensu.
Orientadora: Giselda Durigan

Propostas

Proposta A:

Estatística Q

Proposta por Kempton e Taylor, a estatística Q é uma inovadora e interessante aproximação para medida de diversidade. Baseada na distribuição de abundância das espécies sem necessitar de um modelo ajustado de observações empíricas. Utiliza a curva de abundância de espécies acumuladas e estima a diversidade através da declividade interquantil dessa curva. Na teoria, toda a curva poderia ser utilizada para estimar a diversidade, mas na prática, restringindo a medida aos interquantis garante-se que nem as super abundantes, nem as muito raras, influenciem significativamente o resultado.

Comentários

Alexandre: Aqui vc. apresenta uma estatística, imagino que sua idéia seja implementá-la em uma função no R. Acho interessante! Gostaria que postasse na proposta o formato de entrada dos dados e qual será a saída. Boa sorte!

Proposta B:

Jackknifing

Jackknifing é utilizado para se estimar a diversidade, mas também pode ser utilizado para estimar a riqueza de espécies. Foi desenvolvida inicialmente por Quenouille em 1956 e modificada por Tukey em 1958, O método genérico foi descrito por Sokal e Rohlf. A beleza do método é que não se faz nenhuma restrição quanto a distribuição dos dados. Em seu lugar, uma série de “pseudo valores” é

produzida. Essa série de valores é usualmente normal, e suas medias são os melhores estimativas da estatística.

Comentários

Paulo

Também um ótimo exercício implementar uma função de Jacknife genérica no R!

Página de Ajuda

Qstat package: BIE5782-2009
R Documentation

Diversidade entre áreas utilizando a estatística Q

Description:

Produz os gráficos de espécies acumuladas por abundância e adiciona linhas verticais relativas aos quartis de 25% e 75% e uma linha ligando os pontos extremos dentro de intervalo de quartis delimitado pelas retas verticais. Através da declividade da reta interquartis é estimada a diversidade para cada uma das áreas.

Usage:

```
Qstat(lista, ...)
```

Arguments:

lista: data frame. Constituído pelas espécies na primeira coluna, seguida por colunas de abundâncias de cada espécie.

Obs: Espécies não observadas em determinada área deve ser assinaladas com 0.

...: Outros argumentos relacionados à função plot,

Details:

Os valores de abundancia do data.frame lista são ordenados em ordem crescente. Através da abundância é construído um data.frame de espécies acumuladas para cada área.

Os valores de abundância e de espécie acumuladas são transportados para uma lista a fim de facilitar a manipulação dos dados. Outra lista é gerada contendo o número de espécies. Da lista de espécies acumuladas e da de abundância são plotados os gráficos que representam graficamente os cálculos da estatística Q. Dentro de cada gráfico são inseridas retas verticais que representam os quartis de 25% e de 75%. Outra linha é adicionada ligando os pontos cartesianos (Espécies Acumuladas vs Abundância) referentes aos quartis de 25% e de 75%.

A declividade da reta corresponde ao valor de diversidade da área. A declividade é calculada utilizando-se a seguinte equação:

$$Q(x) = (0.5*r1 + nr + 0.5*r2)/\ln(R2/R1)$$

onde:

Q = diversidade da área x

r1 = número de espécies da classe onde correspondente ao valor do quartil 25%

r2 = número de espécies da classe onde correspondente ao valor do quartil 75%

R1 = número de indivíduos do quartil 25%

R2 = número de indivíduos do quartil 75%

nr = número total de espécies entre os quartis de 25% e 75%

Value:

Para cada área é gerado um gráfico de espécies acumuladas vs abundância. Uma lista contendo os valores de Q é retornada ao fim da execução da função

Warning:

No caso de não ocorrerem observações para determinada espécie no data.frame é necessário que o valor 0 seja assinalado. Valores de NA são automaticamente convertidos em 0.

Caso o número de áreas seja maior que 6, aconselha-se a fazer data.frames diferentes contendo no máximo

6 áreas cada um e rodar a análise para cada um deles, evitando "nublar" a plotagem dos gráficos das áreas, pois estes são plotados em uma mesma janela.

Author(s):

Augusto Hashimoto de Mendonça

e-mail: gutohm@gmail.com

References:

See Also:

Examples:

```
species = paste("especie", 1:29)
abundance =
c(0,0,0,133,63,52,38,37,33,33,29,20,15,15,14,13,11,10,9,8,7,6,6,4,4,3,3,3,2)
abundance2 =
c(170,140,133,63,52,38,37,33,33,29,20,15,15,14,13,11,10,9,8,7,6,6,4,4,3,3,3,3,2)
abundance3 =
c(170,140,133,63,52,38,37,33,33,29,20,15,15,14,13,11,10,9,8,7,6,6,4,4,3,3,3,2,2)
abundance4 =
c(170,140,133,62,52,38,37,33,33,0,20,15,15,14,13,11,10,9,8,7,6,6,4,4,3,3,3,2,2)
abundance5 = round(runif(29,0,170))

lista = data.frame(species, abundance, abundance2, abundance3, abundance4,
abundance5)

Qstat(lista)
```

Código da Função

```
###Função que estima a diversidade de diferentes área através da Estatística
Q,
###a partir de dados de abundância de cada espécie para cada uma das áreas.

###Função desenvolvida por Augusto Hashimoto de Mendonça
###Referente ao trabalho final da disciplina BIE5782/2009,
###fornecida pelo Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo

Qstat <- function(lista)
{
  dim(lista)
  col = dim(lista)[2] #captura numero de colunas
  lin = dim(lista)[1] #captura numero de linhas
  num = rep(0,col) #cria objeto num onde serao armazenados as o numero
de observacoes de cada area sem repeticao
```

```
###Remove os NA do data.frame de entrada

for(j in 2:col)
{
  for(i in 1:lin)
  {
    if (is.na(lista[i,j])==TRUE)
    {
      lista[i,j]=0
    }
  }
}

####Cria o data.frame de Espécies Acumuladas a ser utilizada no loop
acumul.t = data.frame(lista)
acumul.t[,1]=seq(1:lin)
names(acumul.t)=c("Atrib",paste("Area",1:(col-1)))

for (i in 2:col)
{
  num[i] = length(unique(lista[,i])) #armazena o tamanho de observacoes de
cada area em um objeto
  lista[,i] = sort(lista[,i], decreasing = FALSE) #Ordena as colunas de
observacoes em ordem crescente
  acumul.t[,i]=rep(0,lin) #Cria o data.frame de especies acumuladas com um
numero de linhas igual ao do data.frame de entrada
}

lista.c = lista[,-1] #lista sem a primeira coluna de especies

####Logica de calculo de especies acumuladas
for(h in 2:col)
{
  j=1 #indexador auxiliar utilizado para o objeto acumul.t
  for(i in 1:lin)
  {
    index=lista[i,h]
    if(index==0) #If para especies nao observadas. Simplesmente acrescenta 0
a numero de especie acumulada e pula para a proxima indexacao
    {
      acumul.t[j]=acumul.t[j]
      j+1
    }
    if (index!=0)
    {
      if(i==1) #Quando o i==1 iniciasse a acumulacao de especies
      {
        acumul.t[1,h]=1
        j=1
      }
    }
  }
}
```

```
    }
    if(i==lin) #Quando o i igual ao ultimo elemento do data.frame de
entrada:
    {
    o=lista[lin,h]==lista[lin-1,h] #compara o elemento com o elemento
anterior
    if(o=="TRUE") # se os valores forem iguais
    {
    acumul.t[j,h]=acumul.t[j,h]+1 #soma mais um na mesma posicao j
    }
    if(o=="FALSE") #se forem diferentes
    {
    j=j+1
    acumul.t[j,h]=acumul.t[j-1,h]+1 #soma um na posicao j+1
    }
    }
    if(i!=1&i!=lin)
    {
    #####objetos logicos para auxilio do calculo de especies acumuladas
    r=lista[i,h] != lista[i+1,h]&lista[i,h] != lista[i-1,h]
    l=lista[i,h] == lista[i+1,h]&lista[i,h] != lista[i-1,h]
    m=lista[i,h] == lista[i+1,h]&lista[i,h] == lista[i-1,h]
    n=lista[i,h] != lista[i+1,h]&lista[i,h] == lista[i-1,h]
    if (r=="TRUE"|l=="TRUE") #Caso o valor da posicao atual de i
seja diferente da posicao anterior e posterior a ele
    {
    # ou o valor da posicao atual de i seja
igual ao posterior e diferente do anterior
    j=j+1 #soma 1 ao indexador j
    acumul.t[j,h] = acumul.t[j-1,h]+1 #e acrescenta +1 ao objeto de
especies acumuladas
    }
    if (m=="TRUE"|n=="TRUE") #Caso o valor da posicao atual de i seja
igual ao da posicao anterior e posteiror
    {
    #ou o valor da posicao atual de i seja
diferente do posterior e igual ao anterior
    acumul.t[j,h] = acumul.t[j,h]+1 #soma +1 na mesma posicao de j
    }
    }
    }
}

#####Cria a lista de especies acumuladas e de abundancia para plotagem e
calculo da inclinacao da reta interquartis
ind = list(unique(lista[,2]))
acu.sp = list(unique(lista[,2]))
for (i in 1:(col-1))
{
ind[i] = list(unique(lista[,i+1]))
acu.sp[i] = list(acumul.t[1:num[i+1],i+1])
}
```

```
}

####Cria a lista de especies e retorna a posicao do valor dos quantis 25%
e 75% para cada área
num.esp = list(0)#objeto que guarda o numero de especies com o mesmo valor
de observacao dentro de uma area
for (j in 1:(col-1))
{
num.esp[j] = list(table(lista.c[,j]))
}

pos25= rep(0,col-1) #cria objeto que guarda a posicao onde estao alocados
os valores de quartis25% de cada area
pos75= rep(0,col-1) #cria objeto que guarda a posicao onde estao alocados
os valores de quartis75% de cada area

for (j in 1:(col-1))
{
for (i in 1:num[j+1])
{
x = ind[[j]][i]
if(x<=quantile(lista.c[[j]])[2])
{
pos25[j] = pos25[j]+1
}
if(x>=quantile(lista.c[[j]])[2])
{
pos25[j]=pos25[j]
}
}
}

for (j in 1:(col-1))
{
for (i in 1:num[j+1])
{
x = ind[[j]][i]
if(x<=quantile(lista.c[[j]])[4])
{
pos75[j] = pos75[j]+1
}
if(x>=quantile(lista.c[[j]])[4])
{
pos75[j]=pos75[j]
}
}
}

####Logica de plot de Especies acumuladas por abundancia de cada area
```

```
linhas = floor(col/2) #objeto de auxilio para o mfrow.
par(mfrow=c(linhas,2))
for(i in 1:(col-1))
{
  plot(acu.sp[[i]]~ind[[i]], col="black", main=paste("Area",i),
xlab="Abundancia", ylab="Numero Cumulativo de Especies", ylim =
c(min(acu.sp[[i]]),max(acu.sp[[i]])), xlim = c(min(ind[[i]]),max(ind[[i]])))
  abline(v=quantile(lista[[i+1]])[2],col="blue")
  abline(v=quantile(lista[[i+1]])[4],col="red")
lines(c(ind[[i]][pos25[[i]]],ind[[i]][pos75[[i]]]),c(acu.sp[[i]][pos25[[i]]]
,acu.sp[[i]][pos75[[i]]]), col="orange")
}
par(mfrow=c(1,1))

####Calculo de Q

Q = list(0)
for (i in 1:(col-1))
{
  r1 = num.esp[[i]][pos25[[i]]
  r2 = num.esp[[i]][pos75[[i]]
  R1 = ind[[i]][pos25[[i]]
  R2 = ind[[i]][pos75[[i]]
  nr = 0
  for (j in (pos25[[i]]+1):(pos75[[i]]-1))
  {
    nr = nr+num.esp[[i]][j]
  }
  Q[i] = list(round((0.5*r1 + 0.5*r2 + nr)/log(R2/R1),2))
}
names(Q) = paste("Area",1:(col-1))
return(Q)
}
```

Arquivo da Função

Função Qstat

From: <http://labtrop.ib.usp.br/> - Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais

Permanent link: http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:alunos:trabalho_final:augusto

Last update: 2020/07/27 18:45

