

Clarissa Barbosa



Bióloga, mestranda em Ecologia de Ecossistemas Aquáticos, Laboratório de Limnologia, IB-USP.

Proposta

Principal

Comparação da riqueza de espécies entre comunidades pelo método de rarefação

Ao estudar comunidades, muitas vezes gostaríamos de comparar objetivamente a diversidade de duas assembleias. Porém, como muitos dos índices de diversidade são sensíveis ao número de indivíduos coletados, a comparação de assembleias com tamanhos diferentes deixa de ser objetiva. Uma maneira de contornar esse 'problema' é controlar as abundâncias das amostras para torná-las comparáveis entre si, o que é conhecido como método de rarefação (proposto por Sanders em 1968). O método de rarefação consiste em amostrar aleatoriamente indivíduos a partir em amostras coletadas para simular uma amostra de abundância equivalente a da amostra de menor abundância e, assim, poder comparar a riqueza de espécies das diferentes amostras. Também é possível calcular índices de diversidade por este método. Para saber mais, consultar Gotelli & Bass (1996). Atualmente eu realizo esses cálculos com o EcoSim (Gotelli & Entsminger, 2001), mas gostaria de realizar todos as minhas análises no R.

A partir da riqueza de espécies e da abundância observadas, a função realizará simulação da riqueza de espécies amostrando aleatoriamente indivíduos em vários níveis de abundância, de 1 até um valor máximo de abundância a ser fornecido. A função deve retornar um data frame com a riqueza média e o intervalo de confiança de 95% para cada nível de abundância simulado.

Referências Bibliográficas

Gotelli, N.J. & G.L. Entsminger, 2001. EcoSim: Null models software for ecology. Version 7.0. Acquired Intelligence Inc. & Kesey-Bear.

Gotelli, N.J. & G.R. Graves. 1996. Null Models in Ecology. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Sanders, H. 1968. Marine benthic diversity: a comparative study. The American Naturalist 102: 243-282.

Comentários

Ale:Acho a idéia interessante. Precisa definir melhor o que a função irá fazer e o que será produzido no final! Lógicamente não será uma saída como o EcoSim ou o Estimates, portanto defina qual índice

que irá trabalhar (acho bom pensar em apenas um para começar) e o que a função irá retornar (O índice para simulações de diferentes tamanhos de amostras? intervalo de confiança?). Bos Sorte! 😊

Plano B

“Protocolo básico-descritivo” de comunidade zooplanctônica

Após realizar a identificação e contagem dos organismos zooplanctônicos, os dados têm de ser inseridos em planilha para cálculo das densidades total e por espécie, baseadas no volume de água filtrado, no volume de água em que a amostra foi condensada e no volume contado da amostra (em amostras com grande abundância, é comum não precisar analisar o volume total da amostra). Adicionalmente, realiza-se o cálculo de índices de diversidade, de similaridade e a abundância das amostras. Escrever uma função que sistematize esses passos pouparia muito tempo gasto atualmente no MSExcel. Essa função poderia também incluir no output um objeto com a lista de espécies por amostra, bem como outro objeto matriz que apresentasse os dados de densidade em abundância relativa.

Página de Ajuda

rarefacts

package:bie5782.2009

R Documentation

Curva de rarefação e intervalo de confiança de 95% da riqueza de espécies.

Description:

Função que aplica o método de rarefação (Sanders, 1968) e gera a média da riqueza de espécies e o intervalo de confiança de 95% para a riqueza simulada para diferentes valores de abundância de espécies.

Usage:

```
rarefacts<-function(x, abmax=100 , nsim=1000)
```

Arguments:

x Vetor numérico de abundâncias de diferentes espécies.

abmax Numérico. É o valor máximo de abundância a ser simulado, a ser definido pelo usuário.

nsim É o número de simulações realizadas. O default é 1000.

Details:

A entrada do vetor de abundâncias de espécies tem de ser: (1) um objeto `matriz[n,1]`, onde 'n' é o número de espécies e os valores de abundância de cada espécie se encontram nas linhas; ou (2) coluna de uma matriz com valores de abundâncias de espécies (em linhas referentes a diferentes amostras (cada amostra em uma coluna)).

O vetor pode conter espécies com valor 'zero' de abundância (não houve observação), o que é útil quando se utiliza uma única matriz para comparar amostras diferentes. No caso de observações faltantes, os NAs serão substituídos por 'zero', sendo tratados como não observação da espécie.

Caso queira rodar a função para vários vetores (por exemplo, diferentes amostras), deve guardar a matriz resultante em um novo objeto, para não perdê-la, antes de rodar a função para cada novo vetor de abundâncias. Sugere-se atribuir um nome para o objeto resultante da função antes de executá-la. Por exemplo: `amostra1 <- rarefacts(x, abmax= , nsim=1000)`

Value:

Uma matriz referente a curva de rarefação da riqueza de espécies média e o intervalo de confiança de 95% é gerada.

Adicionalmente, é gerada outra matriz com os índices das `nsim` simulações realizadas, que não é exibida, porém é guardada com a denominação 'riq.sim'.

Author(s):

Clarissa Barbosa de Oliveira
clarissa.barbosa at gmail . com

References:

Gotelli, N.J. & G.R. Graves. 1996. Species Diversity. In: Null Models in Ecology. Smithsonian Institution Press, Washington, DC. Pages 21-46.

Sanders, H. 1968. Marine benthic diversity: a comparative study. The American Naturalist 102: 243-282.

See Also:

Para informações de como plotar as curvas e os intervalos de confiança ver ajuda dos pacotes 'graphics' e 'lattice', ou as funções 'plot' e 'matplot'.

Examples:

```
## Criação de uma matriz de abundâncias fictícias
fic <- round(as.matrix(c(rnorm(233,19,15),rep(0,7))))

## Aplicação do método de rarefação para amostra de 79 indivíduos, guardada em
objeto 'fic.rare'
rarefacts(fic,abmax=79,nsim=1000) -> fic.rare

## Exemplo da curva de rarefação de riqueza da amostra 'aaa' ('fic.rare')
plotada
matplot(x=matrix(rep(seq(1:79),3),79,3),y=fic.rare, type=c("l","l","l"),
lwd=1.5,
col=c("black","blue","blue"), tcl=0.3,las=1,xlab="Abundância", ylab="Riqueza
de
espécies", cex.lab=1.5,bty="l",xlim=c(0,101),ylim=c(0,70))
```

Código da Função

```
rarefacts<-function(x, abmax , nsim=1000)
{
  ## IMPORTANTE: Se quiser rodar a função com vários vetores, deve guardar
a matriz resultante em um novo objeto, para não perdê-la, antes de rodar a
função para cada novo vetor de abundâncias.
  ## SUGESTÃO: atribuir nome para o objeto resultante da função antes de
executá-la. Por exemplo: amostral <- rarefacts(x, abmax= , nsim=1000)#
```

```

# x      é vetor das abundâncias por espécie
# abmax  é a abundância máxima a ser amostrada. Deve ser atribuída ao
chamar a função
# nsim   é o número de simulações realizadas. O default é 1000, mas
pode ter valores menores ou maiores
x[is.na(x[,1])==T] <- 0
# Remover NAs

nspp <- dim(x)[1]
spp <- c(1:nspp)
spp.total <- length(which(x[,1] > 0))
xa <- x[,1]
abund.total <- as.vector(rep(spp[which(xa > 0)], times = xa[which(xa >
0)]))

# Cria o vetor a ser permutado, que representa a abundância observada de
cada espécie

result0 <- rep(NA, abmax)
result1 <- matrix(NA, nrow=abmax, ncol=nsim, byrow=FALSE)

  for(i in 1 : nsim)
  {

      for(f in 1 : abmax)
      {
          result0[f] <- c( length (unique( sample(abund.total, size=f,
replace = FALSE, prob = NULL) )) )
      }

      # Retorna o valor das riquezas a partir de 1 a abmax valores de
abundância sorteados

      result1[,i] <- result0

      # Retorna a matriz com as riquezas obtidas pelas simulações
(representadas pelas colunas)
  }
  riq.sim <- result1

  ## Cria a matriz das riquezas simuladas para cada nível de abundância,
nas nsim simulações

  riq.med <- round ( apply(result1, 1, mean) )

# Retorna a média das riquezas simuladas para cada nível de abundância

ic2.5 <- qt(0.025,abmax-1)*sqrt((apply(result1,1,var))/abmax)
ic2.5
ic97.5 <- qt(0.975,abmax-1)*sqrt((apply(result1,1,var))/abmax)
ic97.5

```

```
curva.rare <- matrix ( c(riq.med,round(apply(result1, 1,
mean)+ic2.5),round(apply(result1, 1, mean)+ic97.5)), nrow=abmax, ncol=3,
byrow=FALSE, dimnames=NULL)
colnames(curva.rare) <- c("Média","IC 2,5%","IC 97.5%")

## A matriz com o índice de simulações realizadas está disponível no
objeto "riq.sim", caso haja interesse em conferir o resultado de todas as
simulações

## Função por Clarissa Barbosa de Oliveira, em 01/Abril/2009, para a
disciplina "Uso da Linguagem R para Análises de dados Ecológicos" (IB, USP).
## clarissa.barbosa at gmail . com
## Versão 1.0

return(curva.rare)
}
```

Arquivo da Função

[rarefacts](#)

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:clarissa

Last update: **2020/07/27 18:45**