

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO - UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CURSO: MÉTODOS DE ANÁLISE DE DADOS EM ECOLOGIA DE COMUNIDADES

Prof. Adriano Sanches Melo - asm.adrimelo@naquele.gmail.com
 Dep. Ecologia, ICB, Universidade Federal de Goiás
 www.ecologia.ufrgs.br/~adrimelo/div

AULA 4 – EXERCÍCIOS – COMPONENTES ESPACIAIS DA DIVERSIDADE

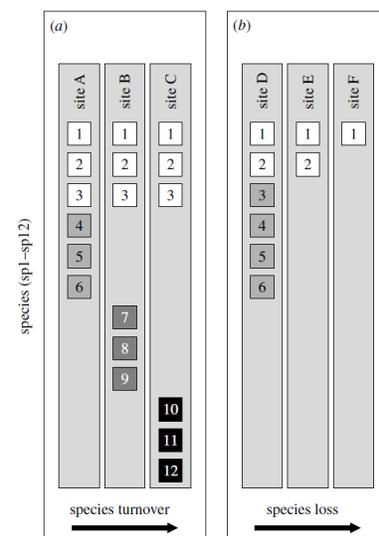
1. Examine índices de diversidade beta disponíveis no R (pares amostras) e calcule índice de simpson para conjunto Japi:

```
betadiver (help=TRUE)
betadiver (japi, "sim")
```

2. Crie dois conjuntos de dados conforme figura.

```
baselga.a<-matrix(, 12, 3)
baselga.a<-edit(baselga.a)
```

Calcule diversidade beta usando sorensen e simpson para cada comunidade. Interprete o que cada um faz.



3. Obtenha função para calcular índice diversidade beta simpson multiamostrado e cole em sua área de trabalho R. Pode obter aqui:

<http://www.ecologia.ufrgs.br/~adrimelo/div/multi-simpson.txt>

Calcule índice diversidade multiamostrado com fórmula de simpson dos dois conjuntos criados no exercício anterior. Interprete.

4. Siga os comandos abaixo e observe o que é feito em cada passo (retirados dos exemplos da função `betadisper()`).

```
data(varespec)
dis <- vegdist(varespec)
groups<-factor(c(rep(1,16), rep(2,8)), labels=c("grazed", "ungrazed"))
## First 16 sites grazed, remaining 8 sites ungrazed
mod <- betadisper(dis, groups) ## Calculate multivariate dispersions
anova(mod)
permutest(mod, pairwise = TRUE)
plot(mod) ## Plot the groups and distances to centroids on the first two PCoA axes
boxplot(mod) ## Draw a boxplot of the distances to centroid for each group
```

5. Faça curvas de acumulação para os conjuntos lago-trop.txt e lago-temp.txt disponíveis no sítio da disciplina. Faça um gráfico com as duas curvas. Anote o formato de cada curva. Refaça os gráficos na escala log-log. Ajuste uma regressão linear a cada curva na escala log-log. Os conjuntos possuem a mesma diversidade alfa e beta?

```
lm( log(S) ~ log(area))
```

6. Importe o conjunto de dados na planilha 'PartAdit'. Depois transforme cada variável (coluna) em fator.

```
pedras[,1]<-factor(pedras[,1]) # para a primeira coluna. Faça para todas
```

A 1a coluna indica pedras dentro de corredeiras. A 2a coluna indica corredeiras dentro de trechos. A 3a indica trechos dentro de riacho. A 4a indica todo riacho.

Agora faça a partição do conjunto japi:

```
adipart(japi ~., pedras, index="richness", nsimul=1000)
```

Tente entender o que significa cada parte do resultado que sai na tela (print()) e que está disponível no resultado. Algumas dicas:

```
set.seed(123)
```

```
temp<- adipart(japi ~., pedras, index="richness", nsimul=20)
```

```
temp
```

```
adipart with 20 simulations
```

```
with index richness, weights unif
```

	statistic	z	2.5%	50%	97.5%	Pr(sim.)	
alpha.1	12.6800	-25.7444	14.6730	14.8467	14.9670	0.04762	*
alpha.2	46.2500	-5.1219	48.2375	49.2500	50.0000	0.04762	*
alpha.3	56.0000	-1.7569	56.0000	57.0000	58.2625	0.23810	
gamma	66.0000	0.0000	66.0000	66.0000	66.0000	1.00000	
beta.1	33.5700	-1.2566	33.4625	34.3633	35.1446	0.14286	
beta.2	9.7500	2.1837	6.7500	8.2500	9.1312	0.04762	*
beta.3	10.0000	1.7569	7.7375	9.0000	10.0000	0.23810	

```
names(temp)
```

```
temp$so
```

```
temp$so$si
```

```
temp$so$si[1,]
```

```
sd(temp$so$si[1,])
```

```
[1] 0.0841608
```

```
mean(temp$so$si[1,])
```

```
[1] 14.84667
```

```
temp$so$st
```

```
alpha.1 alpha.2 alpha.3 gamma beta.1 beta.2 beta.3
```

```
12.68 46.25 56.00 66.00 33.57 9.75 10.00
```

```
12.68-14.84667
```

```
[1] -2.16667
```

```
-2.16667/0.0841608
```

```
[1] -25.7444 ## Que resultado é este? O que significa?
```

#Veja se entende cada argumento destes comandos. "temp" é objeto criado com adipart() acima.

```
barplot(cbind(temp$so$st[c(1,5,6,7)], rowMeans(temp$so$si[c(1,5,6,7),])),
```

```
beside=F, ylim=c(-5,70), ylab='Riqueza de espécies', cex.lab=1.5)
```

```
text(x=0.7,y=-3, labels='Observado', cex=1.5)
```

```
text( 1.8, -3, 'Esperado', cex=1.5)
```