

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 3 – EXERCÍCIOS – ESTIMADORES RIQUEZA – ÍNDICES DIVERSIDADE E EQUITABILIDADE

1. Calcule no Excel os estimadores de riqueza na comunidade Jack1, Jack2, Chao1 e Chao2 usando o conjunto completo do Japi (75 unidades amostrais). Confira os resultados com o R:
`specpool(japi)`

2. Ajuste a função logarítmica à curva de acumulação de espécies do conjunto de dados japi. Obtenha as estimativas dos coeficientes e estime quantas espécies deveríamos coletar em 100 unidades amostrais.

```
japi.acum<-specaccum(japi)
japi.so<- japi.acum$richness
amostras<-1:75
```

$$S = \frac{1}{z} \ln(1 + zax)$$

```
nls(japi.so~(1/z)*log(1+z*a*amostras), start=list(z=5, a=1))
```

Se der erro, tente valores diferentes de "z" e "a". Para sabermos se o ajuste foi bom, devemos construir uma curva.

```
plot(amostras, japi.so) # mantenha a janela aberta
curve((1/z)*log(1+z*a*x), add=TRUE, col=2) ## Substitua "z" e "a" com valores obtidos
```

3. Construa a mesma curva no Excel usando os valores de "a" e "z" ajustados. Faça isto na planilha curva-log de Exercícios.xls.

4. Calcule os índices de diversidade de Shannon e Simpson para a primeira unidade amostral do conjunto de dados japi.txt. Faça os cálculos na planilha IndDiv do arquivo Exercícios.xls.

Confira no R:

```
diversity(japi[1,], index = "shannon", MARGIN = 1, base = exp(1))
diversity(japi[1,], index = "simpson", MARGIN = 1)
```

5. Calcule a série de Hill com os parâmetros 0, 0.9999, 2 e 3 para a primeira unidade amostral do conjunto japi.txt. Faça primeiro no Excel e grave na planilha Hill. Confira no R:

```
renyi(japi[1,], scales=c(0,0.5,1,1.5,2,3,4,5), hill = TRUE)
```

6. Rotina útil para comparar amostras usando “índices de diversidade”. Uma amostra seria dita mais diversa se sua curva sempre ficar acima da outra, ou seja, se não houver cruzamento entre as curvas. No caso de houver, dizer quem é mais diverso vai depender do índice escolhido (parâmetro da série).

```
alfa<-c(0,0.5,1,1.5,2,2.5,3,3.5,4,4.5,5)
plot(alfa,renyi(japi[1,], scales=alfa, hill= TRUE),ylim=c(0,15),type="l")
lines(alfa,renyi(japi[3,], scales=alfa, hill= TRUE),col=2)
lines(alfa,renyi(japi[4,], scales=alfa, hill= TRUE),col=3)
lines(alfa,renyi(japi[5,], scales=alfa, hill= TRUE),col=4)
```

7. Faça curvas de Hill e Rényi para as 3 seguintes amostras:

A = (33, 29, 28, 5, 5)

B = (42, 30, 10, 8, 5, 5)

C = (32, 21, 16, 12, 9, 6, 4)

8. Crie dois vetores (sequência de números) representando cada um uma amostra de um tipo de comunidade. No primeiro, coloque abundâncias relativamente semelhantes para 10 espécies. No segundo, use também 10 espécies mas com alta dominância. Faça as curvas de Hill com os valores 0 a 5 em passos de 0.5. As linhas cruzam?