

Pietro Kiyoshi



Mestre em Ecologia pela Universidade Federal de Uberlândia. Tem interesse em Ecologia de Interações

Exercícios

[exec](#)

Plano - Trabalho Final

A - criar uma função que calcula o índice médio de sobreposição de nicho de Pianka entre as espécies da comunidade, e o compara com índices obtidos em comunidades simuladas com modelo nulo e assim estima sua significância. Com feito no programa Ecosim.

A entrada vai ser um data frame ou matriz, sendo as linhas as espécies e as colunas os “nichos”. O output, vai ser a sobreposição de nicho observada, a sobreposição media de nicho nas comunidades simuladas e o p, calculado pela razão entre o número de simulações com sobreposição de nicho menor do que observado e o numero total de simulações.

B (nova)- Testar a hipótese de ajuste fenológico entre polinizadores e plantas.

Essa proposta é um tanto mais específico do que a proposta A, mas devido a problemas de execução deste, foi escolhido como novo trabalho. Mas acredito que a função pode ser utilizada para vários grupos de polinizadores e suas plantas. Além disso, essa função me seria muito útil, particularmente.

Teoria - O ajuste morfológico entre plantas e polinizadores é crítico para a polinização. Quanto melhor esse ajuste, melhor os polinizadores se utilizam dos recursos oferecidos pelas plantas e as plantas aproveitam melhor o serviço de polinização.

Esperado - Nesse sentido, a ocorrência de polinizadores sazonais (como é o caso das mariposas esfingídeos) poderia estar relacionado com a ocorrência das flores (também sazonal) no sentido de apresentar um ajuste entre a morfologia dos dois grupos. Assim as estruturas envolvidas na polinização são a estrutura bucal dos esfingídeos (probocíde) e a corola das flores. Para avaliar o ajuste é comparado o comprimento dessas duas estruturas.

Dados - O comprimento de probocíde de mariposas coletadas mensalmente através de armadilhas luminosas. E o comprimento da corola das flores utilizadas pelas mariposas, também mensal.

[esfingideo.csv](#)

Hipótese - Se esse ajuste morfológico existe, a diferença absoluta entre o comprimento das corolas e probocíde seria menor do que esperado ao acaso.

Método - Assim para cada mês é calculado o comprimento médio de probocíde das mariposas

coletadas e esse valor é comparado com a média do comprimento da corola das plantas. Os valores de diferença absoluta dentro de cada mes, vai gerar uma diferença média para todo conjunto. Essa diferença media é a estatistica de interesse. Atraves de ramdomização, a ocorrência das mariposas é aleatorizada, e para cada ramdomização é calculada a média mensal de probocides, que é comparada com a media de corola das flores (este permanece fixo). O número de simulações com diferença absoluta menor do que o observado é tomado como o p unicaudal.

Comentários após entrega

É melhor delimitar um loop com chaves. Na sua função vc não fez isto e parece funcionar porque o loop tem apenas uma linha. Ainda assim, é melhor delimitar com chaves.

Página de ajuda

feno.fit

package:nenhum

R Documentation

Testa a hipotese de ajuste fenológico entre polinizadores e plantas

Description:

Os valores do parametro morfologico do polinizador envolvido na polinização das flores é aleatorizado.

Para cada simulação é estimado a diferença média, por periodo de coleta, entre este parametro e o

parametro correspondente na flor

Usage:

```
feno.fit=function(polinizador,plant,col,nsim=1000)
```

Arguments:

polinizador: medidas do parâmetro de interesse do polinizador (ex: comprimento da probocide

de mariposa, do bico de beija-flor)

plant: medidas do parâmetro de interesse da flor (ex: comprimento de corola). Deve ser ordenado

na mesma sequencia de "col"

col: fator representando os periodos de coleta. Cada coleta deve ter um fator diferente.

O comprimento desse vetor deve ser o mesmo de "polinizador" e apresentar o mesmo numero

de variáveis ao comprimento de "plant"

nsim: o numero de simulações

Details:

Atraves de randomização, o parametro morfologico do polinizador é aleatorizado. Para cada coleta

é calculado o comprimento médio do parametro morfologico do polinizador e esse valor é comparado

com a média por periodo de coleta do parametro das flores (este permanece fixo). Os valores de

diferença absoluta dentro de cada coleta, vai gerar uma diferença média para todo o conjunto.

Essa diferença media é a estatistica de interesse. O número de simulações com diferença

absoluta menor do que o observado é tomado como o p unicaudal.

Value:

É retornado o valor de p (probabilidade de erro tipo I) unicaudal.

Além disso é gerado um histograma com os valores de diferença absoluta simulados, e o valor

observado é representado por uma linha vermelha vertical.

Warning:

plant: Deve ser ordenado na mesma sequencia de "col"

col: Cada coleta deve ter um variavel fator diferente. O comprimento desse vetor deve ser

o mesmo de "polinizador" e apresentar o mesmo numero de variáveis ao comprimento de "plant"

Author(s):

Pietro Kiyoshi Maruyama

References:

JANZEN D.H. (1985) On ecological fitting. *Oikos*, 45:308-310.

AGOSTA S.J. & JANZEN D.H. (2005) Body size distributions of large Costa Rican dry forest moths and the underlying relationship between plant and pollinator morphology. *OIKOS*, 108:183-193.

MANLY B. F. J. (2004) Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in biology. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, FL.

Examples:

```
# Com dados aleatorios
pol=rnorm(n=100,mean=5,sd=2)
pla=rnorm(n=10,mean=5,sd=1)

cole=rep(1:10,each=10)
feno.fit(pol,pla,cole,nsim=1000)
# Com dados de esfingideos (mariposas) e suas flores no Cerrado
Carregar o arquivo esfingideo.csv em "dados" na sessão anterior
Este tem os dados de probocida dos polinizadores e de coleta.
Para dados de plantas
plantas=c(2.84,4.51,5.89,5.01,5.29,3.74,3.01,3.01,4.16,2.45,2.46,3.24,5.89,5.01,5.29)
```

Código da função

```
feno.fit=function(polinizador,plant,col,nsim=1000)
{
  resulta=rep(NA,nsim)
  col=as.factor(col)
  mes=aggregate(polinizador,by=list(col),FUN=mean)
  pol.mes=mes$x

  resulta[1]=mean(abs(plant-pol.mes))

  for(i in 2:1000)

    resulta[i]=mean(abs(plant-tapply(sample(polinizador),col,mean)))

  p.uni=sum(resulta<=resulta[1])/length(resulta)

  cat("\n\t probabilidade uni erro tipo I \n\t")
  hist(resulta,main="Valores simulados")
  abline(v=resulta[1],col="red")

  return(p.uni)
```

```
}
```

Arquivo da função

Função feno.fit

[fenofit.r](#)

Para trabalhar com aleatorização por espécie, caso queira

[esfinsp.csv](#)

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2011:alunos:trabalho_final:pietro:start

Last update: **2020/08/12 09:04**

