

# Página de ajuda (help) da função sample.suff

## Help

sample.suff                      package:unknown                      R Documentation

### SUFICIÊNCIA AMOSTRAL PARA ESTIMATIVAS DE DIVERSIDADE GENÉTICA

#### Description:

Função para avaliar se, dado o número de indivíduos diplóides amostrados, o esforço amostral foi suficiente para inferir a diversidade genética de populações, a partir de marcadores microssatélites genotipados. Há três opções para a estimativa de diversidade genética: heterozigosidade esperada, observada ou a riqueza alélica. A função retorna um gráfico de rarefação com a média estimativa de diversidade genética simulada em função do tamanho amostral da população (podendo ou não incluir o intervalo de confiança das estimativas). Note que o tempo para executar a função sample.suff dependerá do número de simulações definido pelo usuário (nsim), sendo que quanto maior nsim, mais tempo a função demorará para terminar sua execução.

#### Usage:

```
sample.suff (dados, col.ID, col.pop, col.loci, na.code=NA,  
IC.plot=TRUE, gen.div=c("He","Ho","Ar"), nsim=1000)
```

#### Arguments:

**dados**        data frame com um indivíduo por linha e um locus por coluna, com alelos separados por /. Além disso, data frame deve ter uma coluna com identificação dos indivíduos e outra com identificação das populações.

**col.ID**       número da coluna com identificação dos indivíduos (deve ser um número inteiro maior que 0).

**col.pop**      número da coluna com identificação da população a qual os indivíduos pertencem (deve ser um número inteiro maior que 0).

**col.loci**    intervalo das colunas correspondentes aos loci microssatélite genotipados (deve ser um número inteiro maior que 0). Note que a função foi elaborada para espécies diplóides. Portanto, cada loco deve conter dois alelos.

**na.code**      código utilizado para valores faltantes (Default = NA; neste caso, valores faltantes no data frame dados não recebem nenhum valor ou código). Para evitar

conflitos com o R, não utilizar "NA" como código para dados faltantes.

IC.plot vetor lógico que indica se intervalos de confiança devem ou não ser plotados (Default = TRUE).

gen.div estimativa de diversidade genética a ser calculada, podendo ser heterozigotidade esperada e observada ( $H_e$  e  $H_o$ , respectivamente) e riqueza alélica ( $A_r$ ).

nsim número de simulações (Default = 1000).

#### Details:

Veja a seção Examples desta página de ajuda para obter um exemplo de data frame a ser utilizado como argumento dados da função.

#### Value:

A função retorna:

(1) Gráfico de rarefação com estimativa de diversidade genética simulada em função do tamanho amostral da

população (podendo ou não incluir o intervalo de confiança das estimativas). Neste gráfico, cada

população é representada por uma cor diferente. As linhas representam a média da estimativa de

diversidade genética para cada população nos cenários simulados e a área sombreada o intervalos de

confiança referentes às estimativas.

(2) Uma lista contendo:

comp1: data frame com estimativa de diversidade genética observada para as populações

comp2: data frame com média e intervalos de confiança superior e inferior da estimativa de diversidade

genética para cada população em cenários simulados com diferentes números de indivíduos.

#### Warning:

(1) Para evitar conflitos com o R, não utilizar na.code = "NA"

(2) Caso argumentos da função sejam inseridos incorretamente, a função não será executada, retornando mensagens de erro.

(3) O tempo para executar a função sample.suff dependerá do número de simulações definido pelo usuário (nsim),

sendo que quanto maior nsim, mais tempo a função demorará para terminar sua execução. Sugere-se, portanto,

testar previamente a executabilidade da função com baixo nsim (<20). Uma vez atestada positivamente sua

execução, definir nsim com valor maior ou igual a 1000. Caso nsim seja menor que 1000, função executará, mas

retornará um warning "Um número baixo de simulações pode afetar a

confiabilidade dos resultados!"

(4) A função sample.suff precisa do pacote 'adegenet' (Jombart 2008) para executar. Portanto, sua instalação é necessária antes da execução de sample.suff

Author(s):

Marianne Azevedo Silva

E-mail: azevedosilva.m@gmail.com

References:

Jombart T. (2008) adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics 24:

1403-1405. DOI:10.1093/bioinformatics/btn129

Mori GM, Zucchi MI, Souza AP (2015) Multiple-Geographic-Scale Genetic Structure of Two Mangrove Tree Species:

The Roles of Mating System, Hybridization, Limited Dispersal and Extrinsic Factors. PLoS ONE 10: e0118710.

DOI:10.1371/journal.pone.0118710

See Also:

pacote adegenet para compreender algumas funções incorporadas na função sample.suff

Examples:

```
# Exemplo de estruturação de dataset. Este exemplo é um subconjunto do
dataset disponível no trabalho de Mori et
# al. 2015 PLoS ONE 10(2): e0118710.
print(data.frame(ID=c("AsAJU01","AsAJU02","AsAJU03"), pop=rep("Braganca-
PA",3),
locus01=c("221/221","223/223","225/219"),
locus02=c("150/150","148/150","148/148"),
locus03=c("213/213","", "227/233")),row.names=F)
# Exemplos de uso da função (nos dois exemplos, nsim foi deixado como 10
para que o exemplo execute mais
# rapidamente. Para uma análise com maior confiabilidade nsim deve ser
maior ou igual a 1000
# Exemplo1:
# Gerar gráfico de rarefação, com intervalos de confiança, para as
estimativas de heterozigosidade esperada em
# cenários simulados
# Carregar dados. Esses dados também são oriundos do dataset disponível
no trabalho de Mori et al. 2015 PLoS ONE
# 10(2): e0118710
dados <- read.table("dados-exemplo.txt", header = T,sep="\t",as.is = F)
# Ver estrutura dos dados
str(dados)
# Executar função sample.suff
sample.suff(dados, col.ID=1, col.pop=2, col.loci=3:14, na.code=NA,
```

```
IC.plot=TRUE, gen.div="He", nsim=10)
# Exemplo2:
# Gerar gráfico de rarefação, sem intervalos de confiança, para as
estimativas de riqueza alélica em cenários
# simulados
# Executar função sample.suff
sample.suff(dados, col.ID=1, col.pop=2, col.loci=3:14, IC.plot=FALSE,
gen.div="Ar", nsim=10)
```

## Arquivo help

- Este documento contém o mesmo conteúdo acima, porém armazenado em um arquivo .txt: [Help-Função sample.suff](#)
- Este documento contém um dataset<sup>1)</sup> para ser usado como no exemplo de execução da função, presente na página de ajuda da mesma. Trata-se de um arquivo cujo nome é dados-exemplo.txt e que deve estar presente no diretório de trabalho caso o usuário deseje executar o exemplo do help: [Dataset-Exemplo-Função sample.suff](#)

1)

adaptado de Mori GM, Zucchi MI, Souza AP (2015) Multiple-Geographic-Scale Genetic Structure of Two Mangrove Tree Species: The Roles of Mating System, Hybridization, Limited Dispersal and Extrinsic Factors. PLoS ONE 10(2): e0118710

From:

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

Permanent link:

[http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05\\_curso\\_antigo:r2018:alunos:trabalho\\_final:azevedosilva.m:help](http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:azevedosilva.m:help)



Last update: **2020/08/12 06:04**