

asymptote()

Título: ***Show me the... assíntota. Uso de estimadores assintóticos em conjunto com curvas de acumulação de espécies para visualização da riqueza de espécies***

A mais básica das medidas de diversidade em qualquer estudo ecológico é a riqueza. A simplicidade dessa medida, porém, esconde algumas armadilhas que podem confundir até o mais experiente dos pesquisadores, fazendo com que o resultado final seja subestimado ou superestimado.

Dependendo da taxocenose a ser amostrada, do ambiente estudado e dos recursos disponíveis para a pesquisa, coletas de dados podem se encerrar antes que a totalidade das espécies sejam amostradas (alguém se identifica???) e comparações de dados brutos de riqueza com diferentes níveis de esforço amostral ou abundância de espécies podem ser particularmente problemáticas.

O objetivo é criar uma função para plotar os dados obtidos em uma curva de acumulação de espécies (com as opções de curva baseada em amostra ou curva baseada em indivíduos como apresentado em [Gotelli & Colwell \(2001\)](#) e também as opções de curva exata ou semi-logarítmica, como apresentado em [Ugland et al. \(2003\)](#)) e, caso a mesma não alcance uma assíntota, aplicar um estimador não paramétrico (Chao1, ACE, bootstrapping, por exemplo) que estime qual seria o valor dessa assíntota.

O retorno da função seria um gráfico com a curva de acumulação de espécies e mais a previsão de alcance da assíntota, além de uma lista com a riqueza observada e a riqueza estimada pelo teste escolhido pelo usuário.

Celio,

normalmente se recomenda que uma função seja um bloco de código que executa uma tarefa única e a executa bem, com um objeto de retorno claro. Eu não gosto muito de uma função que retorna um gráfico e uma lista, pois fica confuso lidar com o output e usá-lo em outros passos do código. Eu recomendo você escolher uma coisa só para retornar, por exemplo, criar uma função que gere visualizações das curvas citadas.

Das duas propostas, qual você acredita mais? Qual é mais relevante para seu trabalho e para outros pesquisadores de sua área?

—[Vitor Aguiar](#)

Oi, Vitor.

Entendi sua colocação. A lista era mesmo apenas uma versão numérica dos dados que estarão no gráfico... Pensei nela porque... bom, porque eu preciso dessa informação... hehehe. Não vejo problema em tirar, pois o mais importante da função seria, exatamente, a visualização da curva.

Acho que vai ser divertido fazer qualquer uma delas. Se contar relevância para meu trabalho, seria a curva, com certeza, pois não vou usar qPCR na minha tese (utilizei para outro trabalho que já foi finalizado).

A relevância para outros pesquisadores empata a coisa, pois, apesar de haver outras ferramentas para análise dos dados do qPCR, uma ferramenta mais simples sempre pode vir a ajudar muitos colegas. A curva, neste sentido, tem um grande desafio pela frente, pois a maioria dos microbiologistas preferem usar curvas de rarefação em suas análises. Por outro lado, pode vir a ser utilizada pelo pessoal da ecologia interessado em curvas baseadas em amostras...

⇒[Celio](#)

From:

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

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2016:alunos:trabalho_final:biocelio:em_construcao 

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