

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 heterozigosidade esperada e observada (He e Ho, respectivamente) e riqueza alélica (Ar).

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 dataset¹⁾ 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



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