

# iNext+bird

Biologia Quantitativa 2020/2 Nicole Araújo - 170112110 Paola Freitas - 170122492

O que é o iNEXT?

"iNEXT" significa INterpolação/EXtrapolação. É um pacote que foca em três medidas de números Hill (medidas de diversidade de espécies), de ordem  $q$ :

- 1- riqueza de espécies ( $q=0$ ),
- 2- diversidade de Shannon ( $q=1$ ) 3-diversidade Simpson ( $q=2$ ).

Basicamente o que ele faz é prover funções simples que plotam as curvas de rarefação e extrapolação das amostras.

Para cada medida de diversidade o iNEXT usa a amostra observada de abundância ou dados de ocorrência (amostra de referência) para computar estimativas de diversidade e intervalos de confiança de 95% para dois tipos de rarefação e extrapolação (R/E): sample-size-based e coverage-based.

Para mais detalhes veja a explicação do pacote: "A Quick Introduction to iNEXT via Examples"

```
vignette("Introduction","iNEXT")
```

```
## starting httpd help server ... done
```

Instale e importe os pacotes iNEXT e ggplot2

```
install.packages("iNEXT", repos = "http://cran.us.r-project.org")
```

```
## Installing package into 'C:/Users/Nicole/Documents/R/win-library/4.0'
## (as 'lib' is unspecified)
```

```
## package 'iNEXT' successfully unpacked and MD5 sums checked
##
## The downloaded binary packages are in
## C:\Users\Nicole\AppData\Local\Temp\RtmpE3JknB\downloaded_packages
```

```
library(iNEXT)
library(ggplot2)
```

Vamos testar os comandos com o pacote bird. Esse pacote é um dataframe com 41 espécies em dois locais de amostragem: norte e sul.

```
data("bird")
summary(bird) #ou
```

```
##      North.site      South.site
## Min.    : 0.000    Min.    : 0.000
## 1st Qu.: 0.000    1st Qu.: 2.000
## Median : 2.000    Median : 5.000
## Mean    : 4.927    Mean    : 7.488
## 3rd Qu.: 7.000    3rd Qu.:10.000
## Max.    :41.000    Max.    :32.000
```

```
bird #ou
```

##	North.site	South.site
## Acanthiza_lineata	0	3
## Acanthiza_nana	0	18
## Acanthiza_pusilla	41	31
## Acanthorhynchus_tenuirostris	0	2
## Alisterus_scapularis	3	1
## Cacatua_galerita	1	2
## Cacomantis_flabelliformis	5	5
## Calyptorhynchus_funereus	4	1
## Colluricincla_harmonica	4	6
## Cormobates_leucophaea	11	32
## Corvus_coronoides	1	0
## Dacelo_novaeguineae	2	0
## Eopsaltria_australis	5	5
## Gerygone_mouki	12	10
## Leucosarcia_melanoleuca	1	1
## Lichenostomus_chrysops	0	4
## Malurus_cyaneus	0	6
## Malurus_lamberti	0	6
## Manorina_melanophrys	0	9
## Meliphaga_lewinii	11	18
## Menura_novaehollandiae	9	5
## Monarcha_melanopsis	1	10
## Neochmia_temporalis	0	9
## Oriolus_sagittatus	1	0
## Pachycephala_olivacea	0	2
## Pachycephala_pectoralis	16	15
## Pachycephala_rufiventris	0	3
## Pardalotus_punctatus	15	17
## Petroica_rosea	1	1
## Phylidonyris_niger	0	2
## Platycercus_elegans	2	7
## Psophodes_olivaceus	7	7
## Ptilonorhynchus_violaceus	2	2
## Ptiloris_paradiseus	0	3
## Rhipidura_albicollis	18	20
## Rhipidura_rufifrons	8	14
## Sericornis_citreogularis	0	2
## Sericornis_frontalis	2	6
## Strepera_graculina	3	4
## Zosterops_lunulata	0	1
## Zosterops_lateralis	16	17

```
str(bird)
```

```
## 'data.frame': 41 obs. of 2 variables:
## $ North.site: int 0 0 41 0 3 1 5 4 4 11 ...
## $ South.site: int 3 18 31 2 1 2 5 1 6 32 ...
```

O str é uma alternativa ao summary (significa str-ucture); te dá informações sobre o objeto que está sendo analisado.

iNEXT é a função principal do pacote, responsável por fazer a interpolação e extrapolação dos números de Hill

```
speciesrichness <-iNEXT(bird, q=0, datatype="abundance")
shannon <-iNEXT(bird, q=1, datatype="abundance")
simpson <-iNEXT(bird, q=2, datatype="abundance")
```

O primeiro argumento dessa função é uma matriz, um data frame ou uma lista (neste caso um dataframe) O segundo argumento especifica a ordem do Hill number Os tipos de dados no argumento de datatype podem ser: "abundance", "incidence\_raw" or "incidence\_freq".

Para o cálculo de assíntotas estimadas:

```
ChaoRichness (bird, datatype = "abundance", conf = 0.95) #q=0
```

##	Observed	Estimator	Est_s.e.	95% Lower	95% Upper
## North.site	27	31.478	4.781	27.810	51.746
## South.site	38	40.077	2.499	38.325	51.267

```
ChaoShannon (bird, datatype = "abundance", conf = 0.95) #q=1
```

##	Observed	Estimator	Est_s.e	95% Lower	95% Upper
## North.site	2.806	2.888	0.074	2.806	3.033
## South.site	3.237	3.305	0.047	3.237	3.397

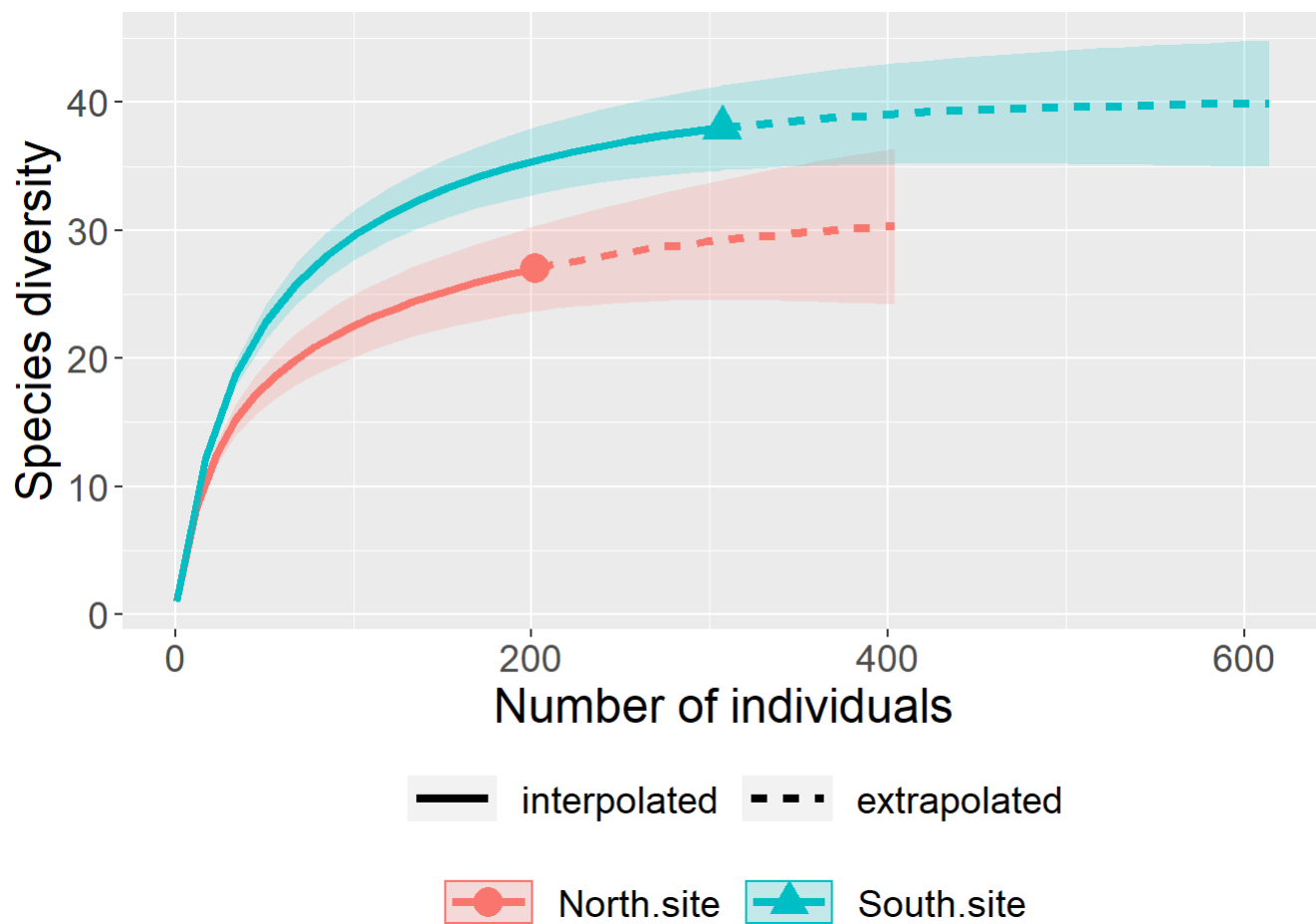
```
ChaoSimpson (bird, datatype = "abundance", conf = 0.95) #q=2
```

##	Observed	Estimator	Est_s.e.	95% Lower	95% Upper
## North.site	0.916	0.920	0.010	0.916	0.939
## South.site	0.949	0.952	0.004	0.949	0.960

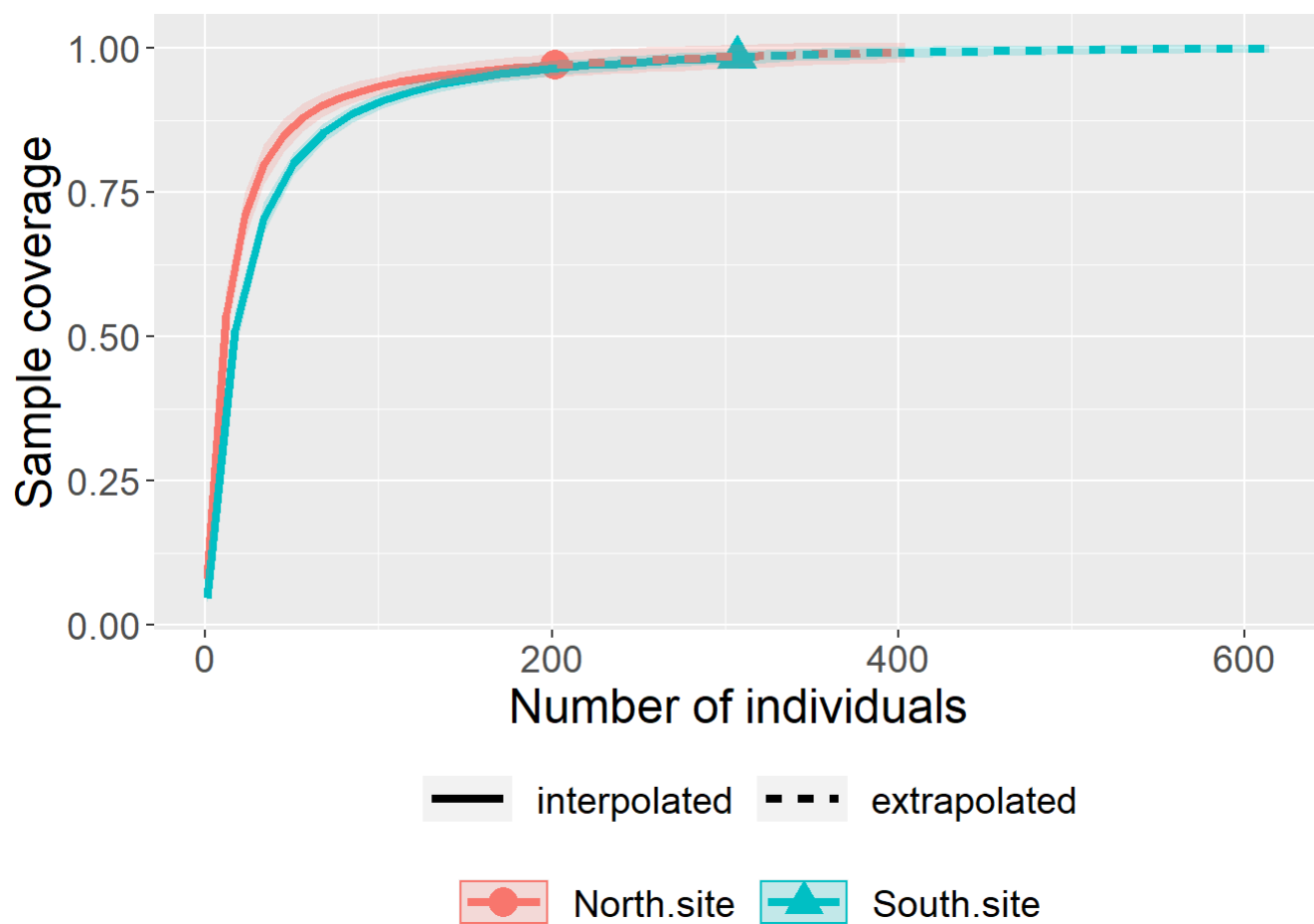
Aqui, estamos gerando 3 tipos de curvas em cada Chunk: 1- sample-size-based R/E curve 2- Sample completeness curve 3- Coverage-based R/E curve Argumentos: "facet.var" pode separar os gráficos por "site" ou "order" O argumento grey quando verdadeiro plota gráficos em preto e branco, outros argumentos também podem ser usados para mudar o display: xlim(), ylim (), theme() and theme\_bw()

PARA Q=0, riqueza de espécies

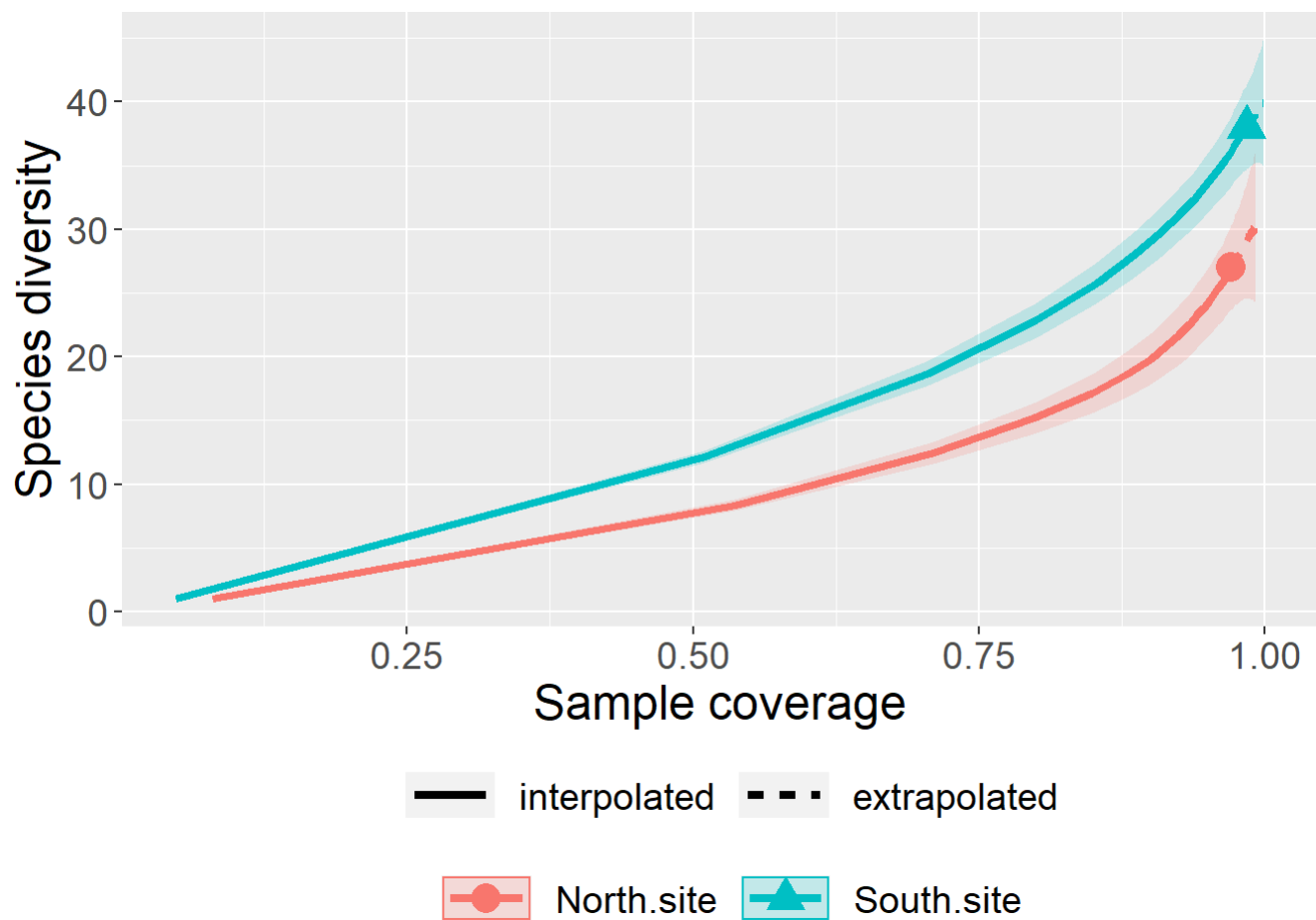
```
ggiNEXT(speciesrichness, type=1, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```



```
ggiNEXT(speciesrichness, type=2, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```

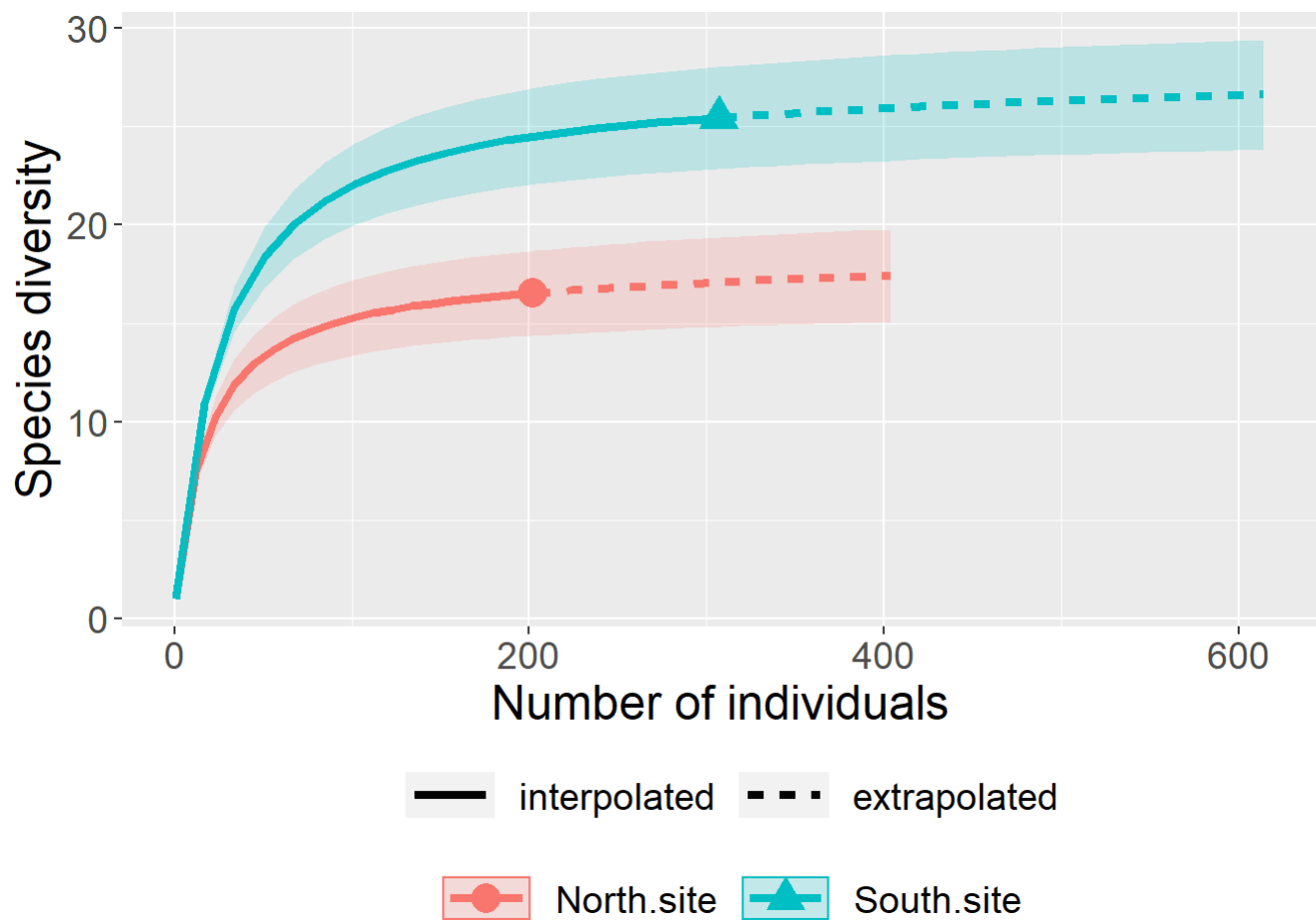


```
ggiNEXT(speciesrichness, type=3, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```



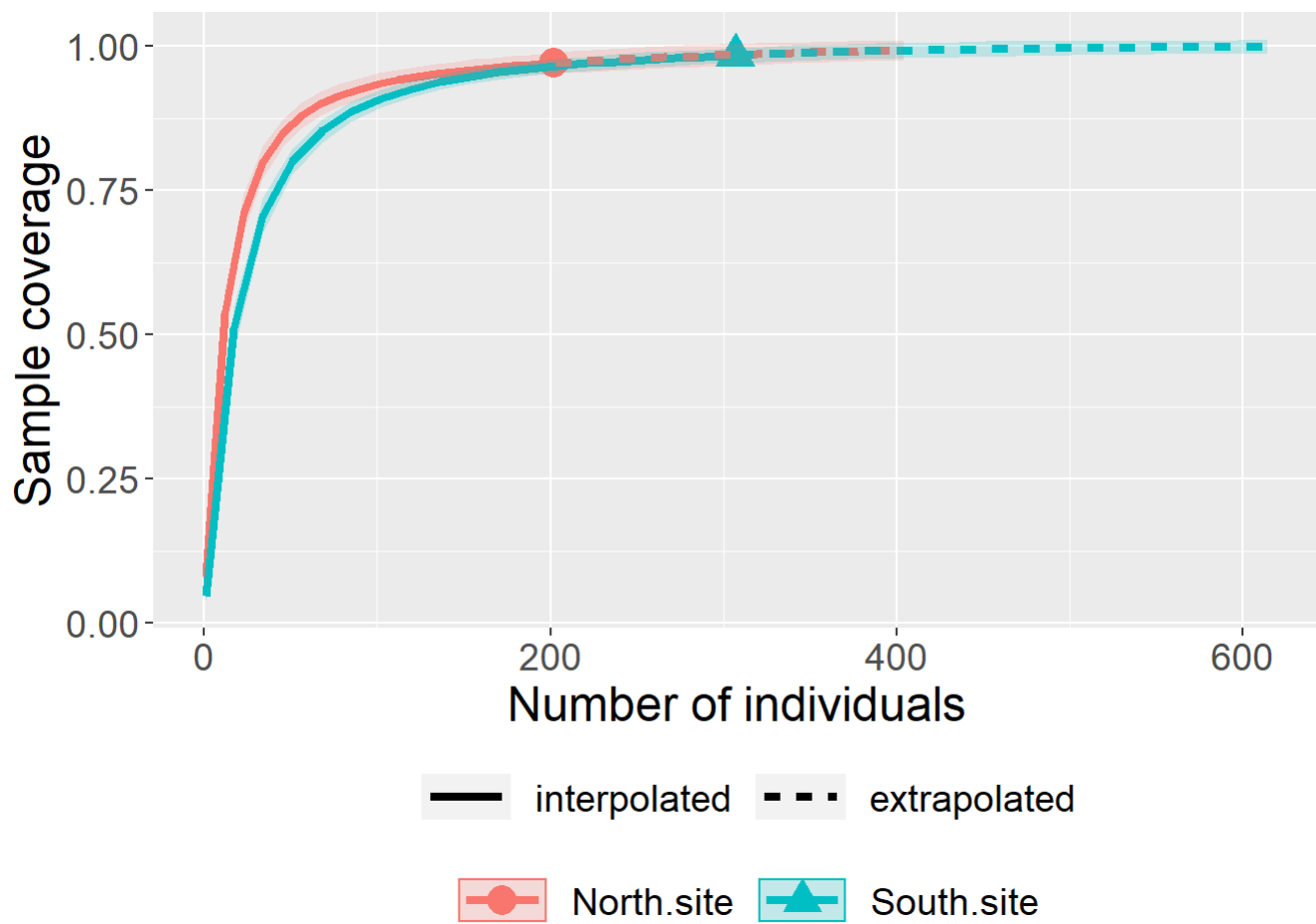
PARA Q=1, diversidade Shannon

```
ggiNEXT(shannon, type=1, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```

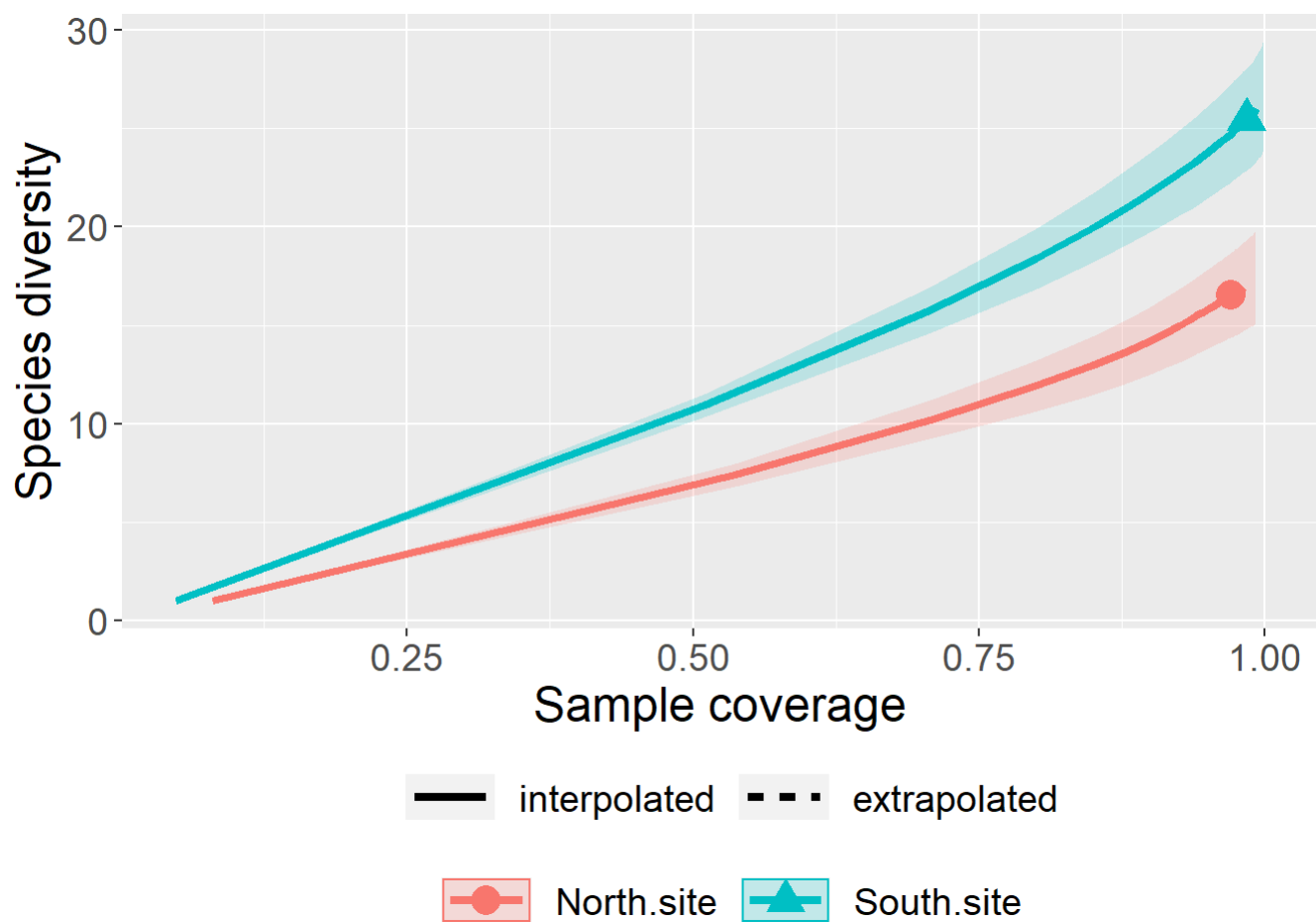


```
ggiNEXT(shannon, type=2, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```



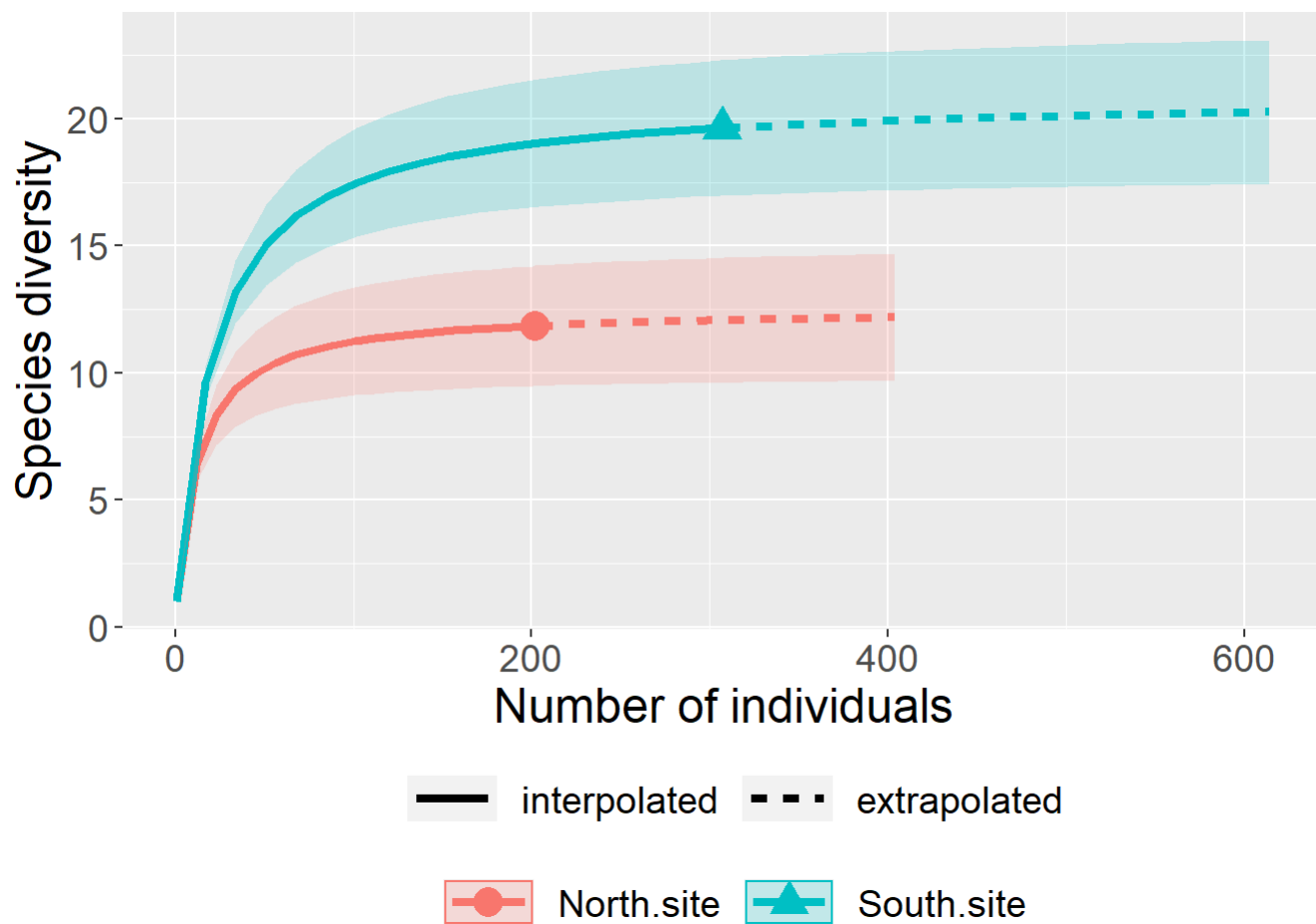


```
ggiNEXT(shannon, type=3, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```

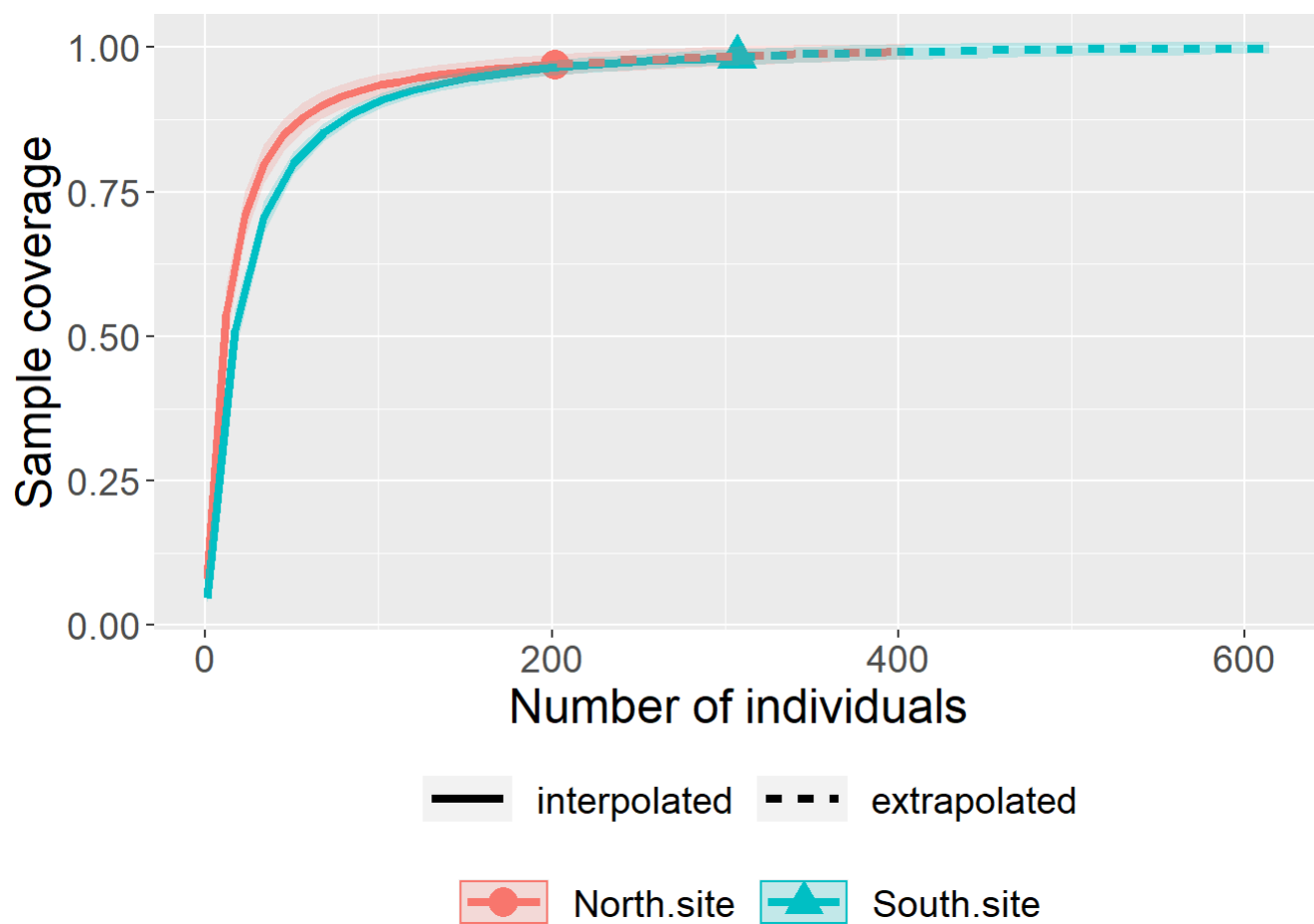


PARA Q=2, diversidade Simpson

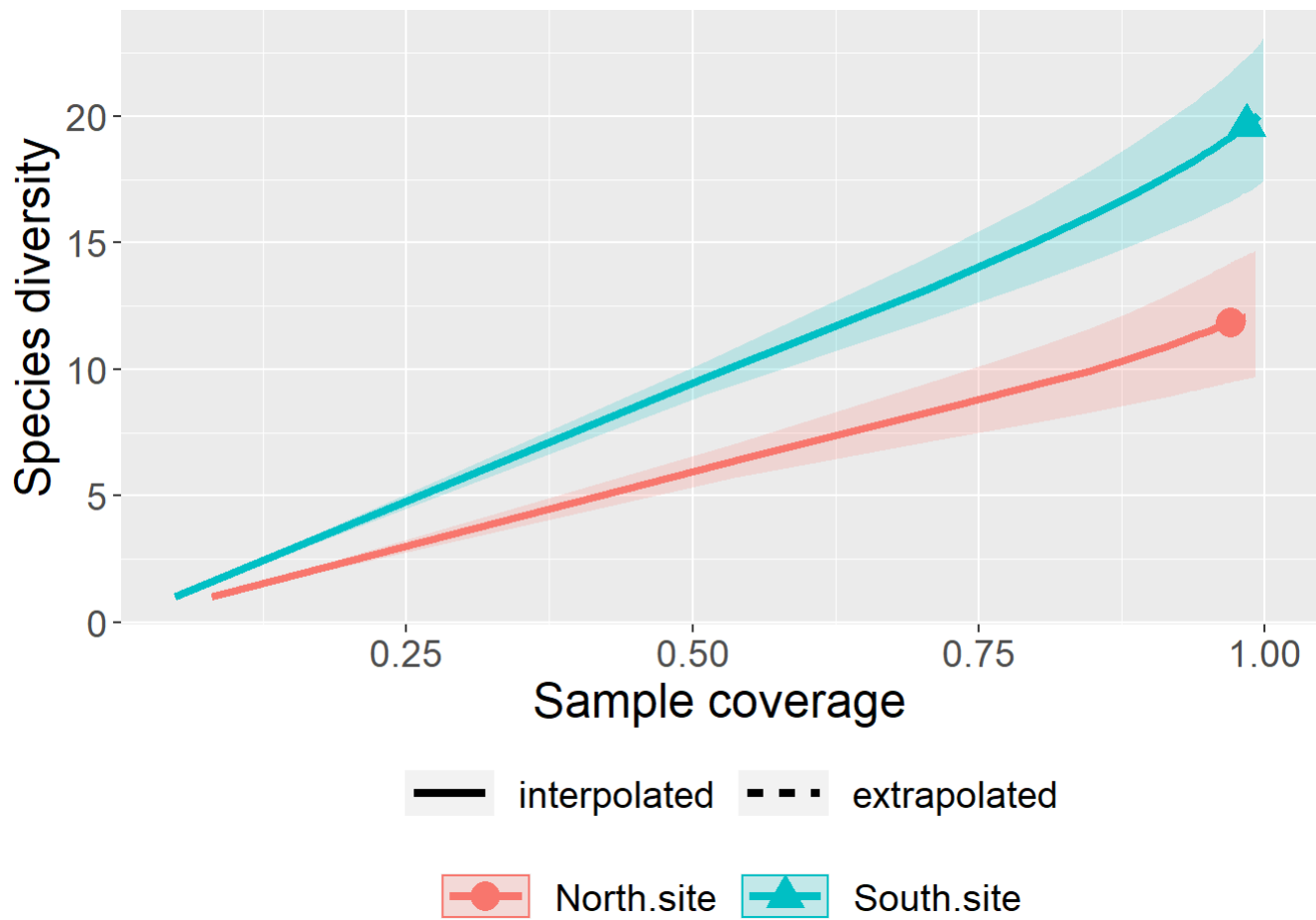
```
ggiNEXT(simpson, type=1, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```



```
ggiNEXT(simpson, type=2, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```

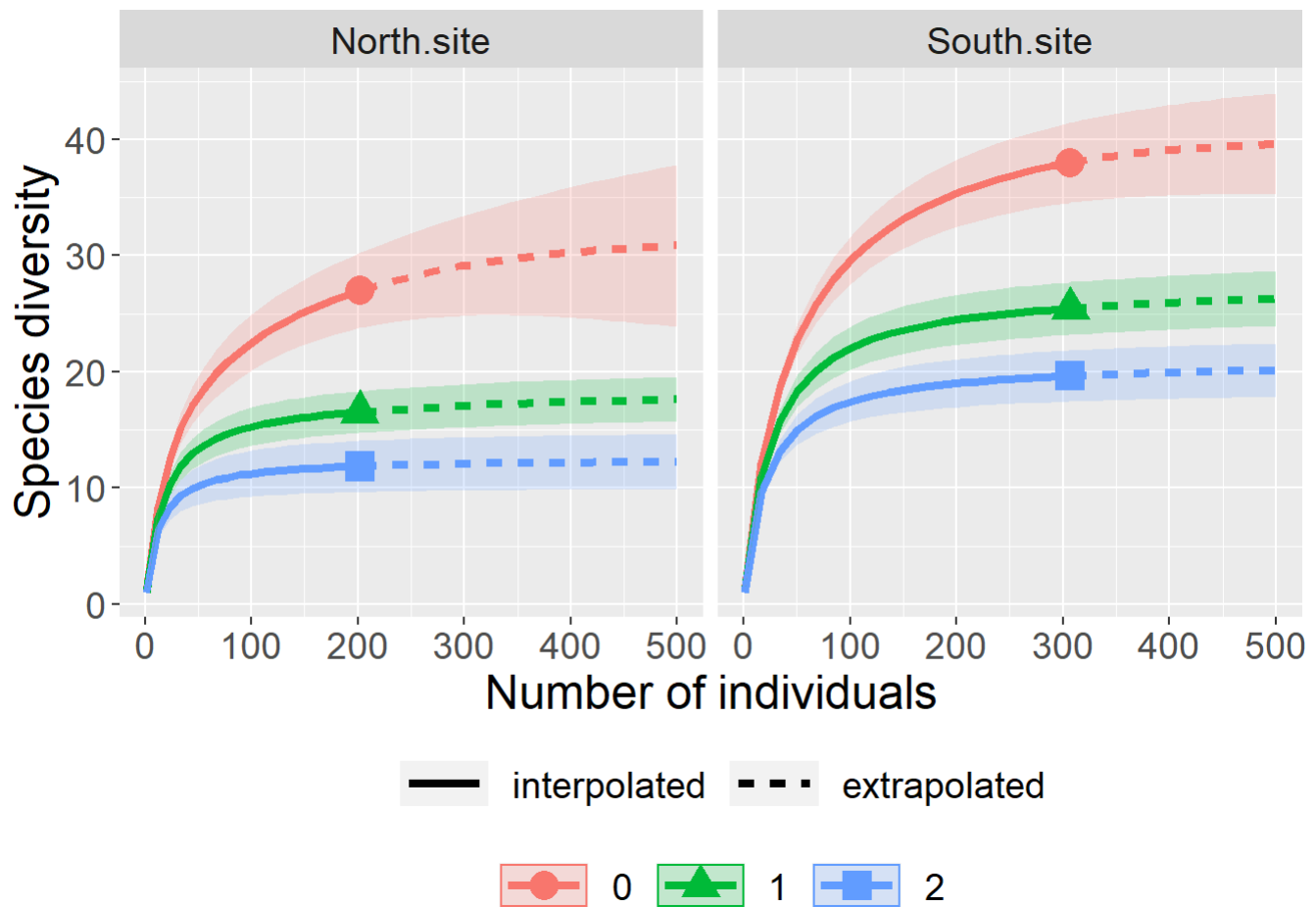


```
ggiNEXT(simpson, type=3, se=TRUE, facet.var="none", color.var="site", grey=FALSE)
```



Para plotar  $q=0,1,2$  em um mesmo gráfico, dividido por locais ("site"):

```
out <- iNEXT(bird, q=c(0, 1, 2), datatype="abundance", endpoint=500)
ggiNEXT(out, type=1, facet.var="site")
```



Certo! Agora, para usar os dados das listas de Mackinnon: importamos o csv data exportados de uma planilha (Excel) usando a função "read\_csv" ou File-> Import Dataset