

# Table of Contents



# Estrutura da variação morfológica no espaço

Se **simpatria** entre grupos morfológicos pode ser usada como evidência indireta de isolamento reprodutivo, ainda que parcial, se numa análise da distribuição espacial da variação morfológica houver indicação de locais onde a variação observada é maior do que o esperado ao acaso, isso iria sugerir que no grupo há mais de uma espécie. Inversamente, se a variação morfológica observada for menor que o esperado ao acaso, não haveria indicação de que diferentes morfologias coexistem. O seguinte script testa se há locais na distribuição geográfica de um grupo de interesse onde a variação morfológica seja maior ou menor que o esperado ao acaso, aleatorizando os próprios dados para gerar uma distribuição de valores esperados (aleatórios) com a qual o valor observado pode ser comparado.

```
#limpa os objetos
rm(list=ls())
#habilita pacotes necessarios
library(maps)
library(cluster)

#le os dados
#dados com latitude e longitude das amostras
specs =
read.table("formularioMestradoFINAL.csv", sep="\t", as.is=T, header=T, na.strings = c("NA", ""))
cls = c("WikiEspecimenID", "NOME", "LATITUDE", "LONGITUDE")
vl = !is.na(specs$WikiEspecimenID)
specs = specs[vl,cls]
specs = unique(specs)
rownames(specs) = specs$WikiEspecimenID

#dados morfologicos das amostras
morfo = read.table("dados_medias_varsel.csv", sep='\t', as.is=T, row.names = 1, header=T, na.strings = c("NA", ""))
#calcula a distancia morfologica entre as amostras
colnames(morfo) #deve ser apenas as variaveis
morfodist = as.matrix(daisy(morfo, metric = "gower", stand = F, warnBin = F))
#nome das colunas e linhas dessa matrix deve ser o mesmo identificador de specs

#filtra os dados da especie a ser testada e que tem dados geograficos
spps = unique(specs$NOME)
#cria o filtro
vl = specs$NOME=="Ocotea longifolia" & !is.na(specs$NOME) &
!is.na(specs$LONGITUDE) & !is.na(specs$LATITUDE)
#filtra os dados
data.df = specs[vl,]

#calcula o numero de amostras em cada celula de 1x1 graus decimais
ji <- function(xy, origin=c(0,0), cellsize=c(1,1)) {
  t(apply(xy, 1, function(z) cellsize/2+origin+cellsize*(floor((z -
```

```

origin)/cellsize)))
}
JI <- ji(cbind(data.df$LONGITUDE, data.df$LATITUDE))
data.df$X <- JI[, 1]
data.df$Y <- JI[, 2]
data.df$Cell <- paste(data.df$X, data.df$Y)
#conta o numero de amostras em cada celula
counts <- by(data.df, data.df$Cell, function(d) c(d$X[1], d$Y[1], nrow(d)))
counts.m <- matrix(unlist(counts), nrow=3)
rownames(counts.m) <- c("X", "Y", "Count")

#plota um mapa mostrando essa contagem
count.max <- max(counts.m["Count",])
xl = range(data.df$LONGITUDE)+c(-0.5,0.5)
yl = range(data.df$LATITUDE)+c(-0.5,0.5)
pdf(file='mapaDensidadeColeta0Longifolia.pdf',height = 5,width=6)
par(mgp=c(1.2,0.5,0),cex.axis=0.8,tck=-0.01,mar=c(1,2,1,2))
#plota o mapa de todos os pontos
map(xlim=xl,yl=yl)
#tamanho dos pontos proporcional ao numero de amostras
ccex = sqrt(counts.m["Count",]*10/100)
points(counts.m["X",] + 1/2, counts.m["Y",] + 1/2, cex=ccex,pch = 19,
col="black")
box()
axis(side=1)
axis(side=2,las=2)
axis(side=4,las=2)
axis(side=3)

#quais pontos tem mais do que 3 amostras?
td = t(counts.m)
vl = td[,3]>=3
#colore esses pontos no mapa
points(counts.m["X",vl] + 1/2, counts.m["Y",vl] + 1/2, cex=ccex[vl],pch =
19, col="red")
dev.off()

#para cada um desse locais, testa quem tem maior ou menor variacao que o
esperado
cells = paste(td[vl,1],td[vl,2])
ospvs = NULL
for(l in 1:length(cells)) {
  print(paste("testando a celula", cells[l]))
  #pega as plantas que estao na na celula
  vl2 = data.df$Cell%in%cells[l]
  ids = as.character(data.df$WikiSpecimenID[vl2])
  #distancias morfologicas entre essas plantas
  mf = morfodist[ids,ids]
  #distancia media morfologica OBSERVADA na celula
  obsdist = mean(mf[lower.tri(mf)])
}

```

```
#gera uma distribuicao aleatoria de distancias morfologicas (ESPERADO)
asdist = NULL
for(i in 1:1000) {
  #aleatoriza a matriz morfologica
  nn = sample(colnames(morfodist))
  omd = morfodist
  colnames(omd) = nn
  rownames(omd) = nn
  mf = omd[ids,ids]
  esdist = mean(mf[lower.tri(mf)],na.rm=T)
  asdist= c(asdist,esdist)
}
#o valor observado e significativamente maior que o esperado?
#ou seja quantos valores esperados sao maiores que o observado?
pv = sum(asdist>obsdist,na.rm=T)/length(asdist)
if (pv<=0.05) {
  print(paste("celula", cells[l], "tem mais variacao morfologica do que o
esperado"))
}
ospvs = c(ospvs,pv)
}
res = data.frame(CELULA=cells,PV.MAIOR.ESPERADO=ospvs,PV.MENOR.ESPERADO=(1-
ospvs))
#quantos pontos foram testados
nrow(res)

#quantos tem mais variacao que o esperado?
sum(res$PV.MAIOR.ESPERADO<0.05)

#quantos tem menos variacao que o esperado?
sum(res$PV.MENOR.ESPERADO<0.05)

#salva o resultado
write.table(res,file='resultadoTesteVariacaoEspacia.csv',sep='\t',na='',row.
names = F)
```

From:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/> - **Ecologia e Evolução de Plantas Amazônicas**

Permanent link:

<http://www.botanicaamazonica.wiki.br/labotam/doku.php?id=analises:tax:vartest>

Last update: **19/32/2017 13:32**