



ATENÇÃO: ESTA PÁGINA É UMA VERSÃO ANTIGA DO ROTEIRO E ESTÁ DESATIVADA, PARA ACESSAR O ROTEIRO ATUAL [ACESSE ESTE LINK](#)

Metapopulações com colonização interna - Roteiro em R



Podemos¹⁾ eliminar do modelo anterior o pressuposto de uma chuva de propágulos constante e fazer com que a colonização seja uma função do número de lugares ocupados. Em uma formulação simples desse modelo, a fonte de propágulos é unicamente interna (sistema fechado) e a probabilidade de colonização varia de forma linear à proporção de lugares ocupados.

Dessa forma, nosso modelo não terá mais uma probabilidade de colonização constante (p_i), mas sim uma probabilidade de colonização dependente do número de manchas ocupadas:

$p_i = i \cdot p_e$; onde i é uma constante que indica quanto aumenta a p_i a cada nova mancha que é ocupada.

Portanto, quanto mais manchas ocupadas, maior a chance de colonização das manchas vazias. Substituindo p_i na equação antiga temos:

$$\frac{df}{dt} = f(1-f) - p_e f$$

O cálculo da fração de manchas ocupadas no equilíbrio (F) também é modificado para:

$$F = 1 - \frac{p_e}{i}$$

Vamos verificar isto simulando esta situação. Como no exercício anterior, criamos uma função no R para gerar a simulação. Como antes, esta função simplesmente sorteia eventos de colonização e extinção em cada mancha a cada intervalo de tempo, segundo as regras do modelo. Em seguida ela retorna um gráfico e as matrizes de ocupação das manchas em cada instante de tempo.

```
meta.inter=function(tf,cl,ln,fi,i,pe){
```

```
paisag=array(0,dim=c(ln,cl,tf))
paisag[, ,1]=matrix(sample(c(1,0),cl*ln,prob=c(fi,1-fi),
replace=T),ln,cl)
resultado=numeric()
for(t in 2:tf){
  pc=i*sum(paisag[, ,t-1])/(cl*ln)
  paisag[, ,t][paisag[, ,t-1]==1]<-
sample(c(0,1),sum(paisag[, ,t-1]),replace=T,prob=c(pe,1-pe))
  paisag[, ,t][paisag[, ,t-1]==0]<-sample(c(0,1),cl*ln-
sum(paisag[, ,t-1]),replace=T,prob=c(1-pc,pc))
  resultado[t-1]=sum(paisag[, ,t])/(cl*ln)
}

F=1-(pe/i)

plot(1:tf,c(fi,resultado),type="l",xlab="Tempo",ylab="Fração de manchas
ocupadas",
ylim=c(0,1),main=paste("Colonização Interna","\n cl=",cl," ln=",ln,"
fi=",fi," i=",i," pe=",pe),font.lab=2,lwd=2)
abline(h=F,col=2,lwd=2,lty=2)
return(paisag)
}
```

E agora você pode simular o modelo com os valores que escolher para os argumentos da função, como:

```
meta.inter(tf=100,cl=10,ln=10,fi=.1,i=1,pe=0.5)
```

Brinque um pouco com o modelo fazendo variar os parâmetros do modelo e pense nas seguintes perguntas:

- Você consegue perceber alguma diferença nos resultados dos dois modelos (*chuva de propágulos* e *colonização interna*, mantidos iguais os parâmetros que eles têm em comum?
- A posição de uma mancha na paisagem influencia a pc e a pe dessa mancha? Qual seria um modelo mais realista?
- Por que há certas combinações de i e pe que não podem existir?
- Qual o significado de um F negativo?

Para finalizar, uma última animaçãozinha, antes salvo o resultado de uma simulação em um objeto, por exemplo:

```
sim.int1 <- meta.inter(20,10,10,1, 0.4,0.2)
```

Agora passe a função abaixo para o programa

```
anima2=function(dados){
  tf=dim(dados)[3]
  for(i in 1:tf){
```

```
image(dados[, , i], main="Ocupação de
manchas"), col=c("white", "red"), bty="n", xaxt='n', yaxt='n')
grid(dim(dados)[1], dim(dados)[2])
Sys.sleep(.2)
}
}
```

Agora é só rodar a função acima com o resultado da simulação:

```
anima2(dados=sim.int1)
```

{{tag>R uma_população metapopulações colonização_interna}}

1)

roteiro produzido pelo monitor Marcel Vaz a partir de material do curso de [Ecologia de Populações](#) do nosso programa de pós-graduação em ecologia

From:
<http://ecovirtual.ib.usp.br/> -

Permanent link:
http://ecovirtual.ib.usp.br/doku.php?id=en:ecovirt:roteiro:metap_uma:metap_cir_old 

Last update: **2017/08/17 14:26**