

AJUSTE DE SÉRIES LOGARÍTMICAS PARA DESCREVER O PADRÃO DE BIODIVERSIDADE DE  
UMA COMUNIDADE USANDO SAS

ALINE DE H. N. MAIA & ALFREDO J. B. LUIZ - EMBRAPA/CNPMA  
e-mail: ahmaia@cnpma.embrapa.br

O padrão de abundância de espécies de uma comunidade é caracterizado pela riqueza de espécies (número de espécies) e número de indivíduos em cada espécie (abundância). Diversos modelos empíricos podem ser utilizados para descrever a relação entre riqueza e abundância de espécies; tais modelos são denominados modelos de abundância de espécies. O modelo série logarítmica é adequado para descrever comunidades onde existe pequeno número de espécies abundantes e grande proporção de espécies 'raras'. Nesse modelo, o número de espécies com  $n$  indivíduos é dado por  $\alpha \cdot x^n/n$  onde  $\alpha$  e  $x$  são parâmetros do modelo, estimados com base em dados observados. O parâmetro  $x$  é estimado através da solução iterativa da equação

$$\frac{S}{N} = \frac{(1-x)}{x[-\ln(1-x)]}$$

onde  $S$  é o número total de espécies observado na amostra e  $N$  o número total de indivíduos. O estimativa de  $\alpha$  é obtida substituindo a estimativa de  $x$  em

$$\alpha = \frac{N(1-x)}{x}$$

Calculam-se então o número de espécies observadas em  $k$  classes de abundância e o número esperado supondo válido o modelo série logarítmica para descrever o padrão de abundância. A bondade do ajuste do modelo é avaliada através de teste Qui-quadrado com  $k-p-1$  graus de liberdade, onde  $p=2$  é o número de parâmetros estimados no modelo. Foi desenvolvido um programa SAS para ajuste de um modelo série logarítmica aos dados descritos em Magurran (Magurran, A. E.. Ecological diversity and its measurement, London, 1988, pp 132-135).