---

title: "Trabajo 1. Densidad y Abundancia"

author: "Carlos Iván Espinosa"

date: "12/10/2020"

output:

html\_document:

fig\_caption: yes

highlight: haddock

number\_sections: yes

theme: united

toc: yes

toc\_float:

smooth\_scroll: yes

runtime: shiny

resource\_files:

- app.R

---

```{r setup, include=FALSE}

knitr::opts\_chunk$set(echo = TRUE)

```

# Introducción

Una de las propiedades más importantes de una población es su tamaño, es decir la cantidad de individuos que la población alcanza en un determinado sitio. Aunque esta propiedad es muy sencilla de comprender, como siempre en ecología, no es fácil de obtener en el campo.

En el presente trabajo se propone aclarar los conceptos de abundancia total y relativa, y densidad bruta y ecológica.

La abundancia total hace referencia a la cantidad total de individuos de una población. Está dada por la densidad de individuos y el área de distribución de la especie. Por otro lado, la abundancia relativa nos permite comparar el tamaño de la población en dos diferentes condiciones. Por ejemplo, podemos comparar el número de individuos entre diferentes localidades, o en relación a los individuos de otras especies.

La densidad es una medida que evalúa el número de individuos por unidad de esfuerzo de muestreo. Por ejemplo, la cantidad de plantas por metro cuadrado, o el número de aves capturadas por metro de red de neblina. Hablamos de densidad bruta cuando extrapolamos este dato para una determinada superficie. Mientras que la densidad ecológica se refiere al número de individuos en relación al área que realmente ocupa esta especie.

Estos conceptos que acabamos de ver están planteados desde un punto de vista de la población. El tener información a nivel de la población total implica poder realizar un censo, sin embargo, como sabemos eso no es posible, por lo que mucho de nuestro trabajo y nuestros argumentos implican trabajar con muestras.

# Casos de estudio

A continuación vamos a presentar dos casos de estudio. En el primer caso lo que haremos es comparar las características de abundancia y densidad entre dos especies. En el segundo caso compararemos una misma especie bajo dos condiciones distintas.

## Caso 1: Comparación de poblaciones de dos especies

Vamos a comparar la densidad y abundancia de \*\*Cedrella odorata\*\* y de \*\*Cinchona officinalis\*\*, dos especies que habitan los bosques montanos en Ecuador. Este ejercicio es hipotético y no corresponde a datos reales.

```{r, echo = FALSE, warning=FALSE, message=FALSE, fig.cap= "Figura 1. Distribución de las poblaciones" }

require(spatstat)

require(raster)

xrange=c(0, 500)

yrange=c(0, 500)

window<-owin(xrange, yrange)

# Build maps from random points ----

set.seed(53)

elev <- density(rpoispp(lambda=1.5, lmax= 5, win=window)) #

elev <- elev\*1000

elev1 <- elev

elev1[elev1<1490] <- NA

elev1[elev1>1502] <- NA

spp1 <- rpoint(500, elev1)

elev2 <- elev

elev2[elev2>1495] <- NA

spp2 <- rpoint(300, elev2)

```

\*\*Cedrella odorata\*\*, se desarrolla en las partes más altas, mientras que \*\*Cinchona officinalis\*\* se encuentra distribuida en las zonas más bajas.

```{r, echo = FALSE}

par(mfcol=c(1,2))

plot(elev1, col=grey.colors(10), main="Cedrella odorata")

points(spp1$x, spp1$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

segments(x0 = seq(0,500,100) , y0= rep(0,6), x1 = seq(0,500,100), y1= rep(500,6))

segments(x0 = rep(0,6), y0=seq(0,500,100), x1 = rep(500,6), y1=seq(0,500,100))

plot(elev2, col=grey.colors(10), main="Cinchona officinalis")

points(spp2$x, spp2$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

segments(x0 = seq(0,500,100) , y0= rep(0,6), x1 = seq(0,500,100), y1= rep(500,6))

segments(x0 = rep(0,6), y0=seq(0,500,100), x1 = rep(500,6), y1=seq(0,500,100))

```

Ahora lo que haremos es calcular la densidad y la abundancia para cada una de las especies. Como no podremos usar los datos de censos realizaremos un muestreo.

Usted puede muestrear las dos poblaciones y obtener el tamaño para cada especie en cada parcela de muestreo. Usted puede cambiar el tamaño de la parcela y la cantidad de parcelas que muestreará (número de muestras). El valor de “Tamaño de parcela” corresponde a la longitud de cada lado en metros. Si se dan cuenta en la Figura 1 la zona de estudio es de 500 por 500 metros, o sea 25 mil metros cuadrados.

Lo primero que haremos es modificar la cantidad de muestras que se levantan. Si observan en el gráfico, una vez que usted modifica el número de muestras aparece aleatoriamente una cierta cantidad de parcelas. Uno de los problemas de esto es que algunas de las parcelas caen en los sitios en los que no hay esta especie. Ahora podemos ver los número de individuos en cada parcela y para cada especie. Vaya a la pestaña "Tabla", ahí podrá ver el número de individuos en cada parcela. Ahora modifique el número de muestras y observe los datos. Responda las siguientes preguntas:

- ¿Cuál de las dos especies presenta un mayor número de parcelas con cero individuos?

- ¿Hay diferencias entre las especies en el número de individuos en las parcelas con datos?

Muy bien, nuestro siguiente trabajo será calcular la abundancia de cada especie y su densidad tanto bruta como ecológica. Vamos a usar dos metodologías para calcular la abundancia.

i) Realizaremos 15 parcelas de 50 metros y muestrearemos la cantidad de individuos.

ii) Realizaremos 10 parcelas de 100 metros y muestrearemos la cantidad de individuos.

Con cada método:

- Calcular la abundancia de cada especie, recuerde que el área de distribución de cada especie está marcada en los gráficos.

- Calcular la densidad ecológica y bruta de cada especie.

- Use la densidad bruta para calcular la abundancia tomando en cuenta los 25 mil metros

- Use la densidad ecológica usando la distribución para calcular la abundancia.

Responda las siguientes preguntas:

- ¿Cuál de las dos especies es más abundante?

- ¿Cuál de las dos especies tiene una mayor densidad bruta?

- ¿Cuál de las dos especies tiene una mayor densidad ecológica?

- ¿Existe diferencia entre la abundancia calculada con la densidad bruta y la densidad ecológica?

```{r,echo=FALSE}

library(shiny)

# Define UI for random distribution app ----

ui <- fluidPage(

# App title ----

titlePanel("Muestreo"),

# Sidebar layout with input and output definitions ----

sidebarLayout(

# Sidebar panel for inputs ----

sidebarPanel(

# Input: Select the random distribution type ----

selectInput("size", label = "Tamaño parcela:",

choices = c(20, 50, 100), selected = 20),

# br() element to introduce extra vertical spacing ----

br(),

# Input: Slider for the number of observations to generate ----

sliderInput("numS", label = "Número de muestras:",

min = 3, max = 25, value = 1, step = 1)

),

# Main panel for displaying outputs ----

mainPanel(

# Output: Tabset w/ plot, summary, and table ----

tabsetPanel(type = "tabs",

tabPanel("Gráfico", plotOutput("plot")),

tabPanel("Tabla", tableOutput("table"))

)

)

)

)

server <- function(input, output) {

# Generate a plot of the data ----

# Also uses the inputs to build the plot label. Note that the

# dependencies on the inputs and the data reactive expression are

# both tracked, and all expressions are called in the sequence

# implied by the dependency graph.

output$plot <- renderPlot({

source("funtion.Sam.R")

dta <- dta.Sam(size=input$size, num=input$numS)

unSamp1 <- dta[[1]]

unSamp2 <- dta[[2]]

par(mfcol=c(1,2))

plot(elev1, col=grey.colors(10), main="Cedrella odorata")

points(spp1$x, spp1$y, pch=21, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

for(i in 1:input$numS){

plot(unSamp1[[i]]$window, add=T, lwd=1)

}

plot(elev2, col=grey.colors(10), main="Cinchona officinalis")

points(spp2$x, spp2$y, pch=21, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

for(i in 1:input$numS){

plot(unSamp2[[i]]$window, add=T, lwd=1)

}

})

# Generate an HTML table view of the data ----

output$table <- renderTable({

source("funtion.Sam.R")

dta <- dta.Sam(size=input$size, num=input$numS)[[3]]

#colnames(dta) <- c("C.odorata", "C.officinalis")

})

}

# Create Shiny app ----

shinyApp(ui, server)

```

Espero que el ejercicio no haya sido complicado. Me gustaría ahora conocer algunas de sus apreciaciones al respecto del ejercicio que acaban de realizar. ¿Cuáles cree que son las limitaciones de realizar estas evaluaciones en el campo? ¿Cree que realmente es posible calcular la abundancia en el campo? ¿Es factible calcular la densidad ecológica en el campo?

## Caso 2. Comparación de la misma especie bajo dos escenarios

En este ejemplo vamos a comparar la abundancia de \*Amazilia amazilia\*, una especie de colibrí que se encuentra en zonas de bosque (en verde) y en zonas de cultivo (en gris). Este también es un caso hipotético.

```{r, echo = FALSE, warning=FALSE, message=FALSE, fig.cap= "Figura 1. Distribución de las poblaciones" }

require(spatstat)

require(raster)

xrange=c(0, 500)

yrange=c(0, 500)

window<-owin(xrange, yrange)

# Build maps from random points ----

set.seed(83)

uso <- density(rpoispp(lambda=1.5, lmax= 5, win=window)) #

uso <- uso\*1000

uso1 <- uso

uso1[uso1<1477] <- NA

uso1[uso1>1496] <- NA

spp1B <- rpoint(500, uso1)

uso2 <- uso

uso2[uso2<1496] <- NA

spp2C <- rpoint(250, uso2)

```

```{r, echo = FALSE}

par(mfcol=c(1,1))

plot(uso1, col=rgb(0.4,0.8,0.2), main="")

points(spp1B$x, spp1B$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

plot(uso2, col="grey80", add=T)

points(spp2C$x, spp2C$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.3,0,0.6,0.8))

segments(x0 = seq(0,500,100) , y0= rep(0,6), x1 = seq(0,500,100), y1= rep(500,6))

segments(x0 = rep(0,6), y0=seq(0,500,100), x1 = rep(500,6), y1=seq(0,500,100))

```

Vamos a calcular la abundancia en cada uno de los dos usos de suelo. Usted podrá muestrear cada una de las localidades y definir si existen cambios en la abundancia.

Seleccione \*Número\* para ver la numeración de cada cuadrante, escoja un número donde quiera ubicar la parcela de observación, ponga ese número en \*Parcela\* esto le permitirá obtener el valor de abundancia en ese sitio, recuerde que con uso de suelo está muestreando el \*Bosque\* (en verde) o el \*Cultivo\* (en gris), seleccionar según corresponda en \*Uso de Suelo\*. La abundancia se mostrará a un lado del gráfico.

```{r eruptions, echo=FALSE}

inputPanel(

checkboxInput("num", "Número", value = FALSE),

numericInput("par",

h3("Parcela"),

value = 1),

radioButtons("radio", h3("Uso de suelo"),

choices = list("Bosque" = 1, "Cultivo" = 2),selected = 1)

)

renderPlot({

xp <- rep(seq(50, 450, 100), each =5)

yp <- rep(seq(50, 450, 100), 5)

ventana <- function(pp,size=50,x=1,y=1){

x <- x

y <- y

s2 <- size/2

return(owin(c(x-s2, x+s2), c(y-s2, y+s2)))

}

if(input$radio==1){

samp <- spp1B[ventana(spp1B, size=75,x=xp[input$par],y=yp[input$par])]

}

if(input$radio==2){

samp <- spp2C[ventana(spp2C, size=75,x=xp[input$par],y=yp[input$par])]

}

par(mfcol=c(1,2))

layout(matrix(1:2, 1,2), widths = c(3,1))

plot(uso1, col=rgb(0.4,0.8,0.2), main="")

points(spp1B$x, spp1B$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.8,0,0.1,0.8))

plot(uso2, col="grey80", add=T)

points(spp2C$x, spp2C$y, pch=21, cex=0.7, bg=rgb(0.3,0,0.6,0.8))

segments(x0 = seq(0,500,100) , y0= rep(0,6), x1 = seq(0,500,100), y1= rep(500,6))

segments(x0 = rep(0,6), y0=seq(0,500,100), x1 = rep(500,6), y1=seq(0,500,100))

plot(samp$window, add=T, lwd=1)

if(input$num==TRUE){

text(x= xp, y= yp, 1:25, cex=2.5)

}

plot(1:5, type="n", axes=F, xlab="", ylab="")

text(2.5, 2.5, samp$n, cex=4)

})

```

Vamos a seleccionar cinco sitios para cada uso de suelo. Anote la cantidad de individuos que hay en cada parcela. Construya una tabla de datos con los datos de abundancia y obtenga el valor de densidad para cada parcela, nuestra parcela abarca un área de 5.625$m^2$ (un cuadrado de 75x75 metros) cuadrados. Con los datos de abundancia por parcela transforme estos datos en abundancia relativa. Para obtener la abundancia relativa, divida el valor de cada parcela para el total de individuos encontrados en el muestreo en las dos coberturas.

Calcule el área para cada tipo de uso de suelo, recuerde cada cuadrado de la gráfica representa 10.000$m^2$. Calcule la abundancia para la especie en cultivos y en bosque. Use la densidad media para cada uso de suelo y el área para cada tipo de suelo. La densidad media para cada uso de suelo debe ser obtenida como la suma de las densidades encontradas en cada parcela dividido para el total de parcelas.

Los datos deberían tener la siguiente estructura:

```{r, echo = FALSE}

library(knitr)

dtaAR <- data.frame(AbunBosque= 5, AbunCultivo=4, DenBosque=8.8, DenCultivo=7.1, AbunBosRe=0.55, AbunCulRe=0.45)

kable(dtaAR, caption= "Tabla 1. Ejemplo de tabla de datos. AbunBosque: se refiere a la abundancia de la especie en el uso de suelo bosque, AbunCultivo: se refiere a la abundancia de la especie en el uso de suelo cultivo, DenBosque: se refiere a la densidad de la especie en el uso de suelo bosque, DenCultivo: se refiere a la densidad de la especie en el uso de suelo cultivo, AbunBosRe: se refiere a la abundancia relativa de la especie en el uso de suelo bosque, AbunCulRe: se refiere a la abundancia relativa de la especie en el uso de suelo cultivo")

```

Con los datos calculados responde las siguientes preguntas:

- ¿En cuál de los dos usos de suelo \*A. amazila\* se encuentra en mayor abundancia total?

- Es posible llegar a la misma conclusión usando los datos de abundancia y densidad de cada parcela?

- En un estudio real, ¿qué tan factible es obtener el dato de abundancia total?

Finalmente, me interesa conocer sus apreciaciones en cuanto a la posibilidad de usar la abundancia como parcela como una medida comparable de abundancia? ¿Cuáles pueden ser las limitaciones de un estudio de este tipo? ¿Cuál es la variación en los datos entre la abundancia de un mismo sitio? ¿Cómo podemos usar esta información?

# Informe del trabajo

Una vez que ha desarrollado este trabajo debe construir un informe que contenga los datos que ha levantado durante los ejercicios y las respuestas a las preguntas que se han realizado.