



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA

PIA

Nombre	Matrícula	Carrera
Gaston Tejeda Villaseñor	1889295	ITS

Materia: TÓPICOS SELECTOS DE CIENCIAS DE LA INGENIERÍA II

Maestro: Raymundo Said Zamora Pequeño

Fecha: 20 de Noviembre de 2021

Objetivo

Recrear la investigación asignada al equipo.

Marco Teórico

Funciones del lenguaje R utilizadas

- `oscillo()`: Función gráfica que muestra una función de tiempo como un oscilograma.
- `env()`: Esta función regresa la envoltura de una onda de tiempo.
- `ACI()`: índice de complejidad acústica.
- `M()`: índice de Amplitud.
- `th()`: índice de entropía temporal.
- `OrdipLOT()`: Grafico ordinal, alternativa a la función `plot` e identifica funciones por ordenación.
- `metaMDS()`: realiza un escalado multidimensional no paramétrico e intenta encontrar una solución estable usando varios inicios aleatorios.

Desarrollo

El documento asignado a nuestro equipo fue “*Assessing the value of acoustic indices to distinguish species and quantify activity: A case study using frogs*” el cual trata de demostrar lo valiosos que pueden ser ciertos índices acústicos a la hora de tratar de identificar especies de ranas y características de estas. En el documento se utilizan ciertos archivos de audio a los que lamentablemente no tenemos acceso (han sido borrados o ya no se permite el acceso público a estos. En realidad desconocemos porque no se encuentran en la web indicada en el documento) por lo que utilizaremos una serie de audios recopilados de una biblioteca virtual (<https://sounds.bl.uk/Environment/Amphibians>) de archivos de audios referentes a distintas especies de anfibios, entre estos, ranas y sapos. No nos fue posible encontrar audios de las especies mencionadas en el documento original, pero pudimos recrear la situación por medio de 2 especies que se encuentran en el mismo ecosistema (hecho demostrado por los audios en que aparecen estas 2 especies simultáneamente). Las especies que se analizarán en este proyecto son Bufo americanus : American Toad – Bufonidae y Hyla crucifer : Spring Peeper – Hylidae, a quienes nos referiremos únicamente como American Toad y Spring Peeper de aquí en adelante por motivos de practicidad.

Para analizar los llamados de cada especie, el documento original menciona que tomo fragmentos de audio aislados de cada especie para facilitar el proceso, los cuales separo en fragmentos de estudio de 30 segundos. Para nosotros esto resulto bastante sencillo, pues la librería virtual de la que conseguimos nuestros audios ya nos ofrece fragmentos de audio en los que destacan únicamente los llamados de las especies en cuestión, por lo que solo debimos segmentarlos en fragmentos de 30 segundos.

En el documento original se separaron los audios en 256 bins, cantidad derivada de la mitad de los frames totales del espectrograma (512), por lo que nosotros separaremos nuestros audios en 344 bins ya que nuestro número total de frames del espectrograma es 688 aproximadamente. Los bins contienen un rango determinado de Hz la cual se determina dividiendo la mayor frecuencia en el audio entre la cantidad de bins, por lo que en nuestro caso cada bin tiene un rango de 189.24 Hz aproximadamente.

El paso siguiente es limpiar los audios de el ruido o de llamados de otras especies, para asegurarnos de que nuestro estudio se enfoque en las especies objetivo, esto lo logramos apoyándonos de la función autoc() que nos permite ver una grafica de frecuencia en función de tiempo de un segmento de audio, la cual se comparo con otros audios obtenidos de la biblioteca virtual para encontrar el patrón de frecuencia de llamado de cada especie, y con ayuda de la función ffilter() y el parámetro listen pudimos aislar los llamados y asegurarnos de que no nos estábamos enfocando en otras especies o ruido externo. Ahora que tenemos las muestras de audio limpias, sigue separarlos en los bins de frecuencia que ya mencionamos, para la este paso también nos apoyamos con ffilter().

Una vez hecho esto debemos obtener los índices para cada uno de los bins de cada una de las muestras de audio.

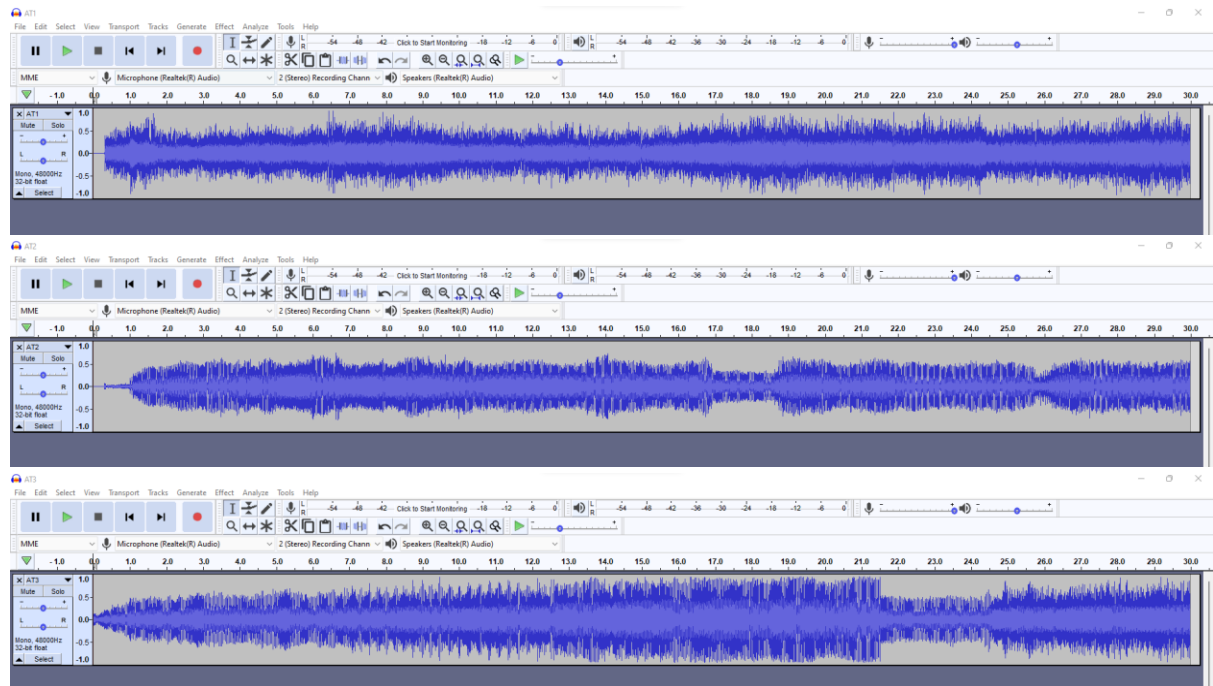
Por último, vamos a ordenar los datos de la misma manera que se hizo en el documento original para su representación gráfica; se realizaron análisis de índices individuales y

combinados, de manera que, en el caso del análisis combinado, se separarían los índices de cada bin de cada muestra de audio en columnas para una especie específica, creando una matriz de valores de índices ordenados en filas de segmentos de 30s y columnas índices agrupados por bins de frecuencia. En el caso del análisis individual es igual, pero con 1 solo índice por bin. Una vez que hemos organizado con éxito los datos en la estructura de matriz antes mencionada, es hora de crear un soporte visual para poder verificar los datos, y comenzar a determinar los índices mas efectivos para la identificación de especies por medio de sus llamados, para esto utilizaremos un *Análisis de Escalamiento Multidimensional no Paramétrico* (o NMDS por sus siglas en ingles) realizado por medio de la función de R del paquete *vegan* `metaMDS()`, que luego graficaremos por medio de la función `ordiplot()` (similar a `plot()` pero con herramientas más útiles para el caso en cuestion) y luego comparar los resultados de cada especie con los índices evaluados.

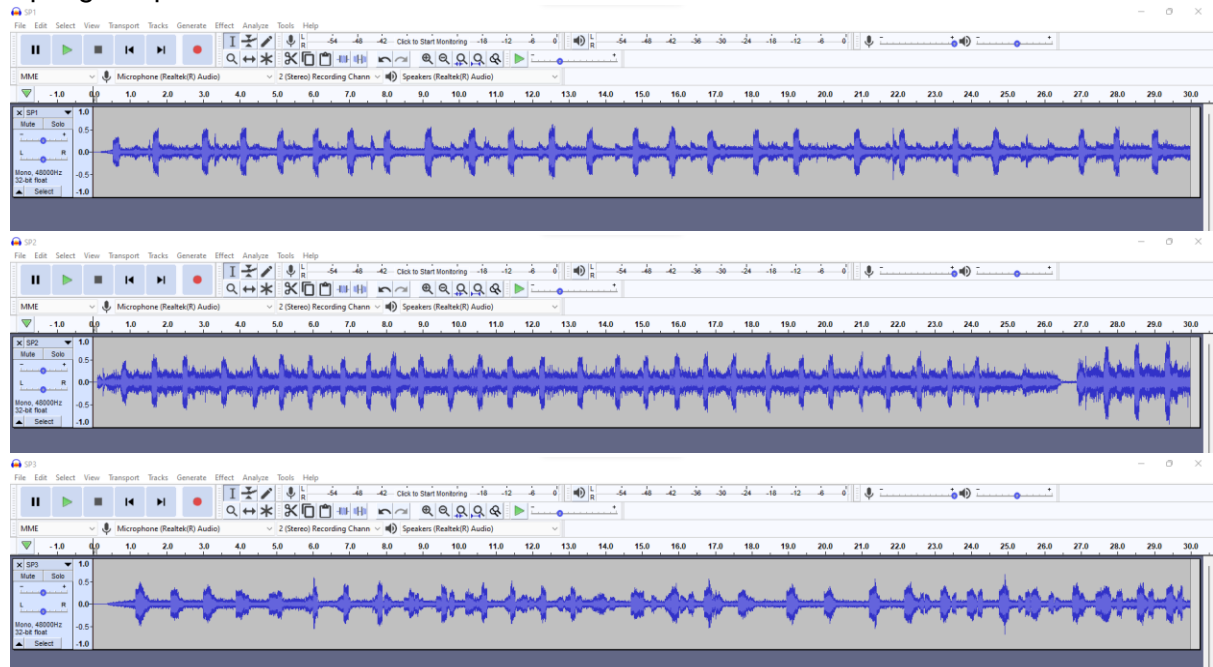
Cálculos y Resultados

Se utilizaron 3 fragmentos de 30s por cada especie estudiada.

American Toad:

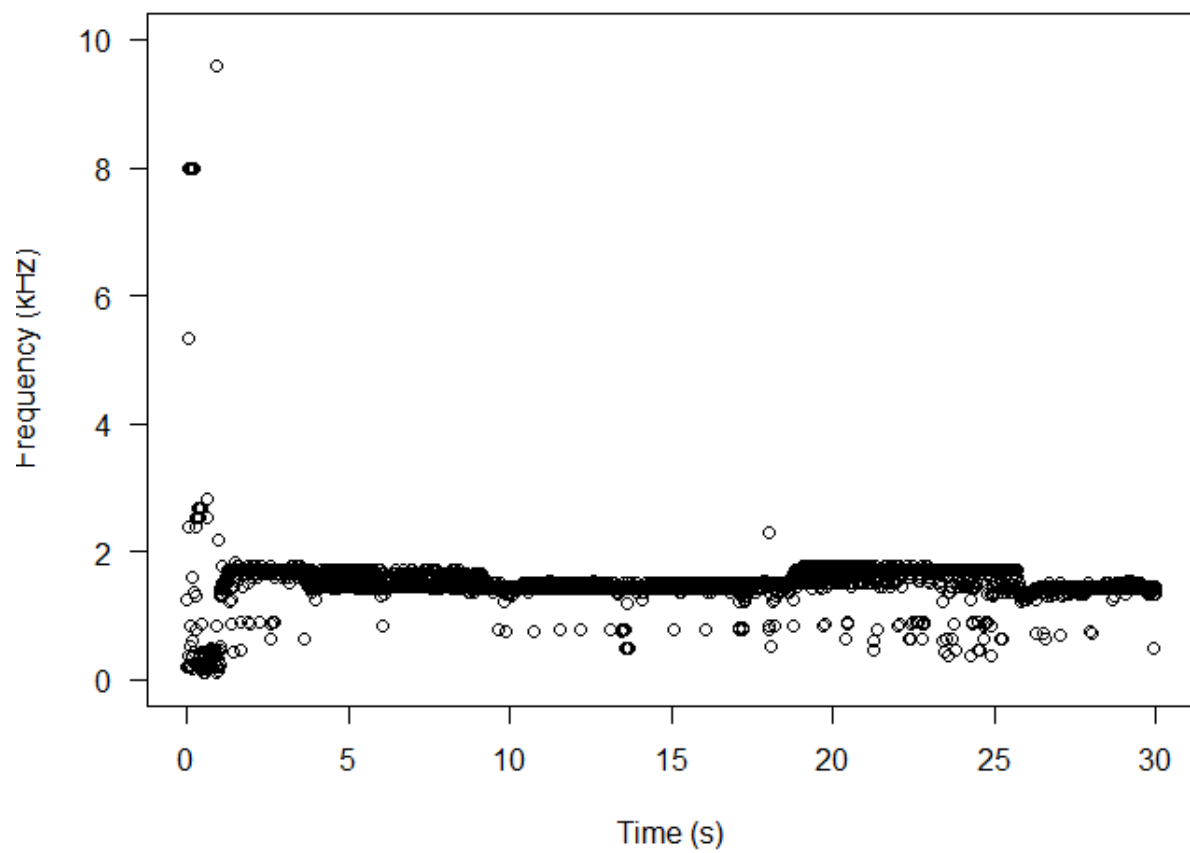
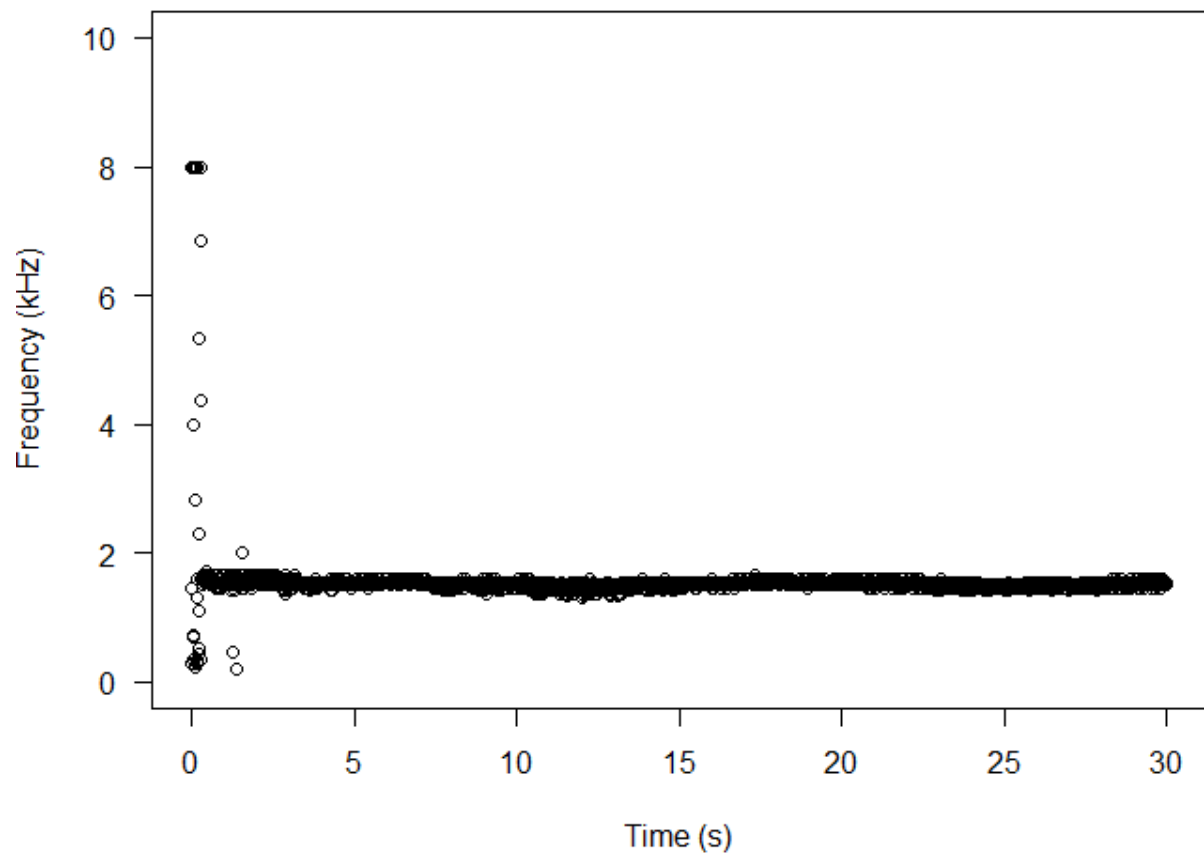


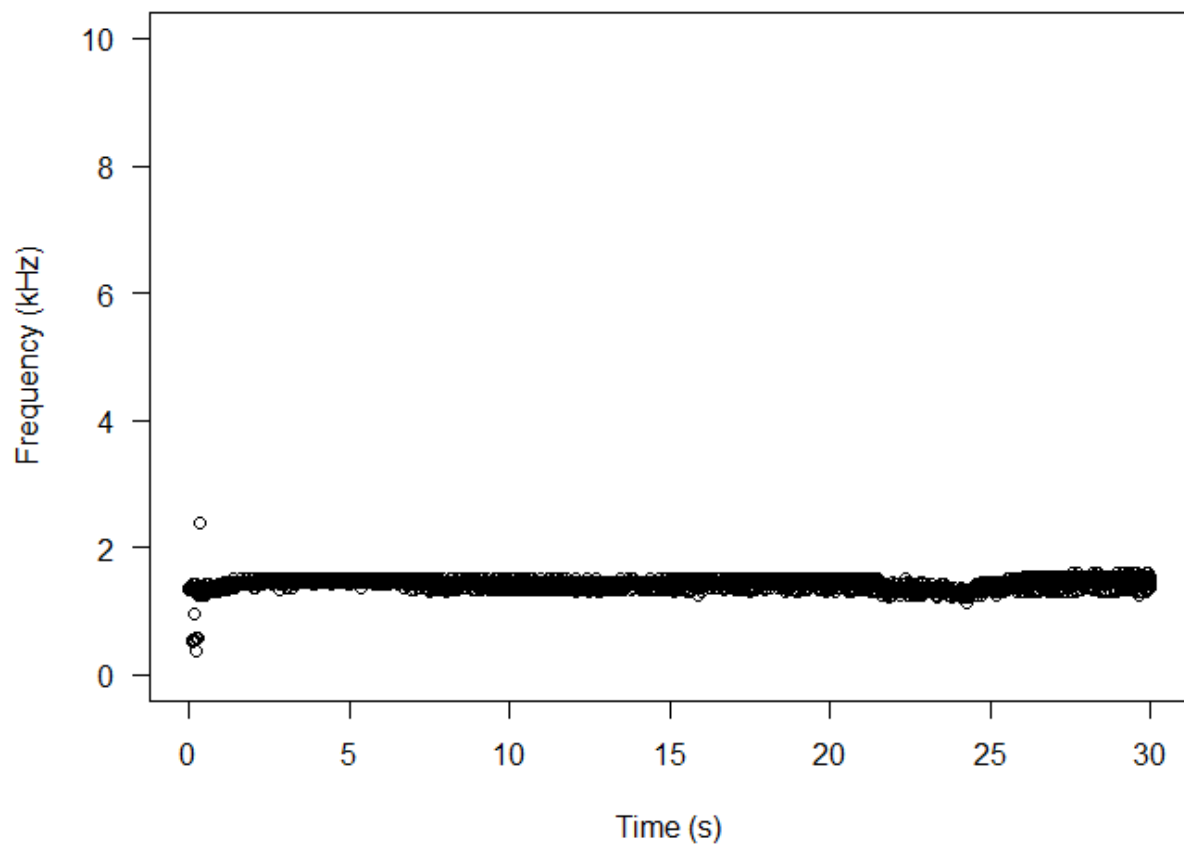
Spring Peeper:



Limpieza de Audios

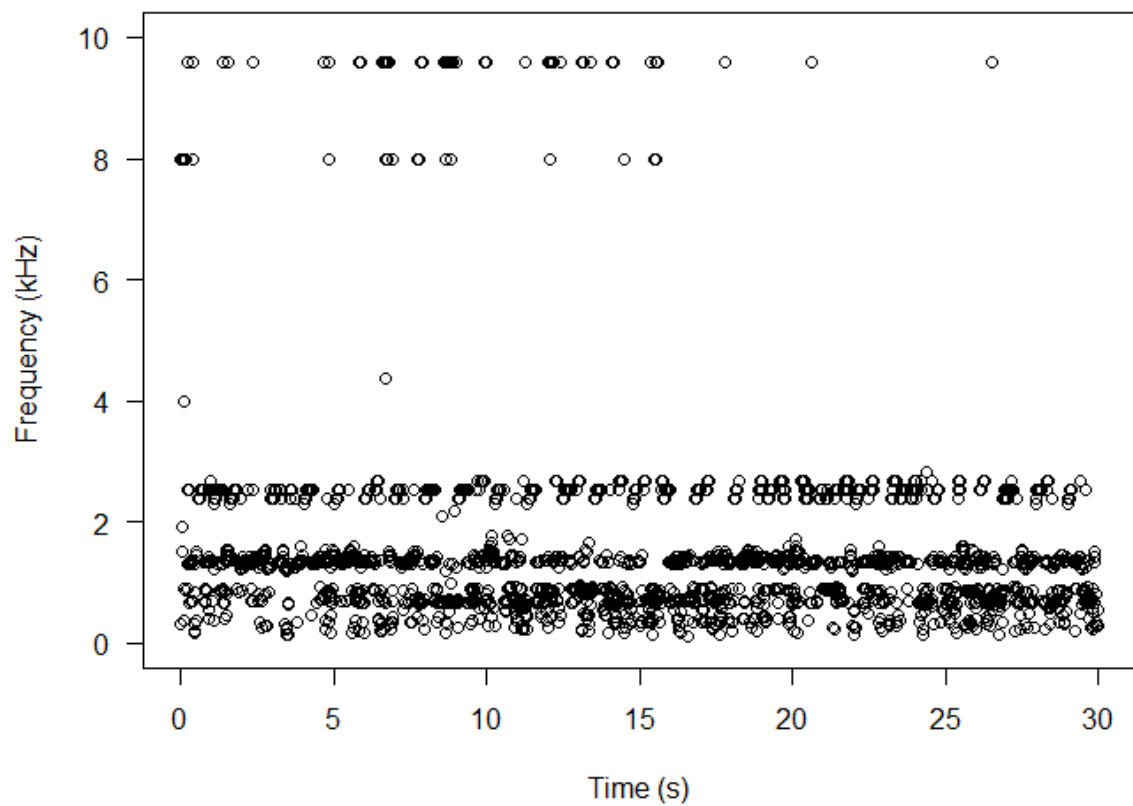
Gráfica de frecuencia contra tiempo de American Toad:

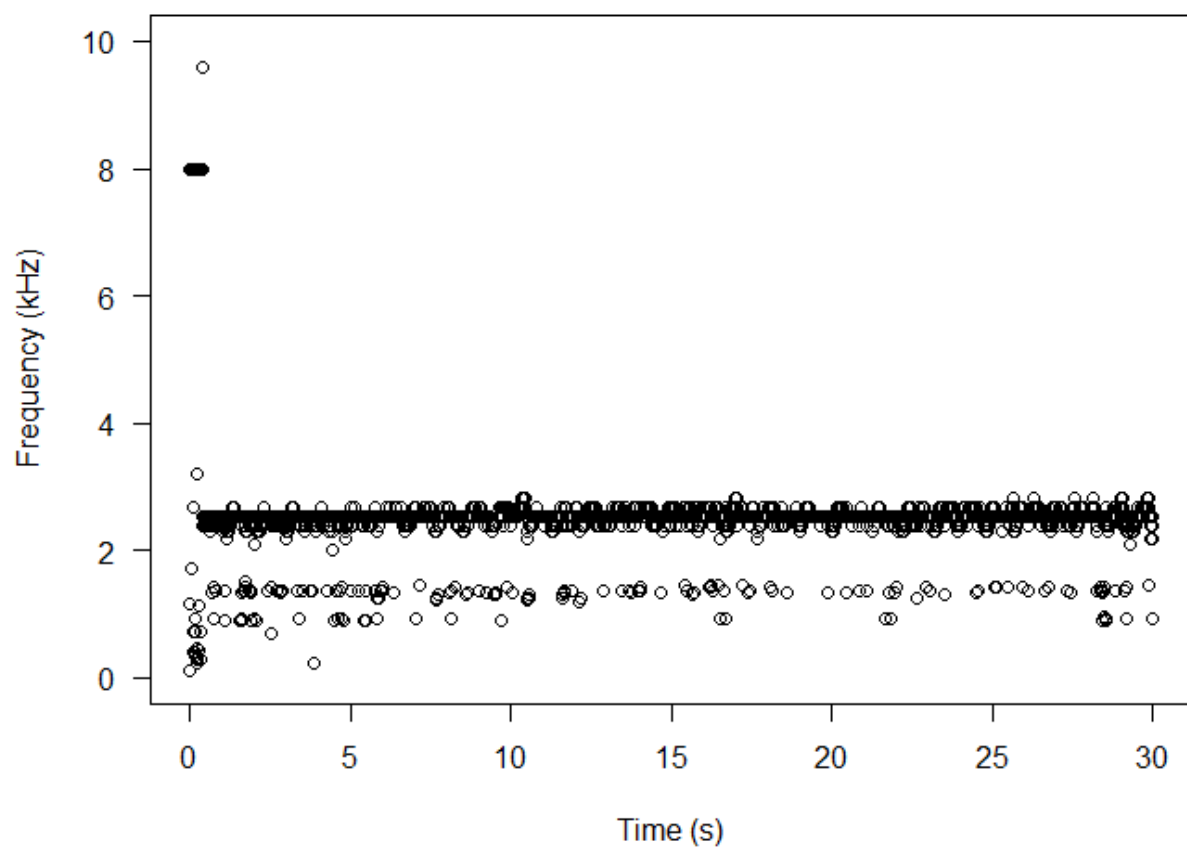
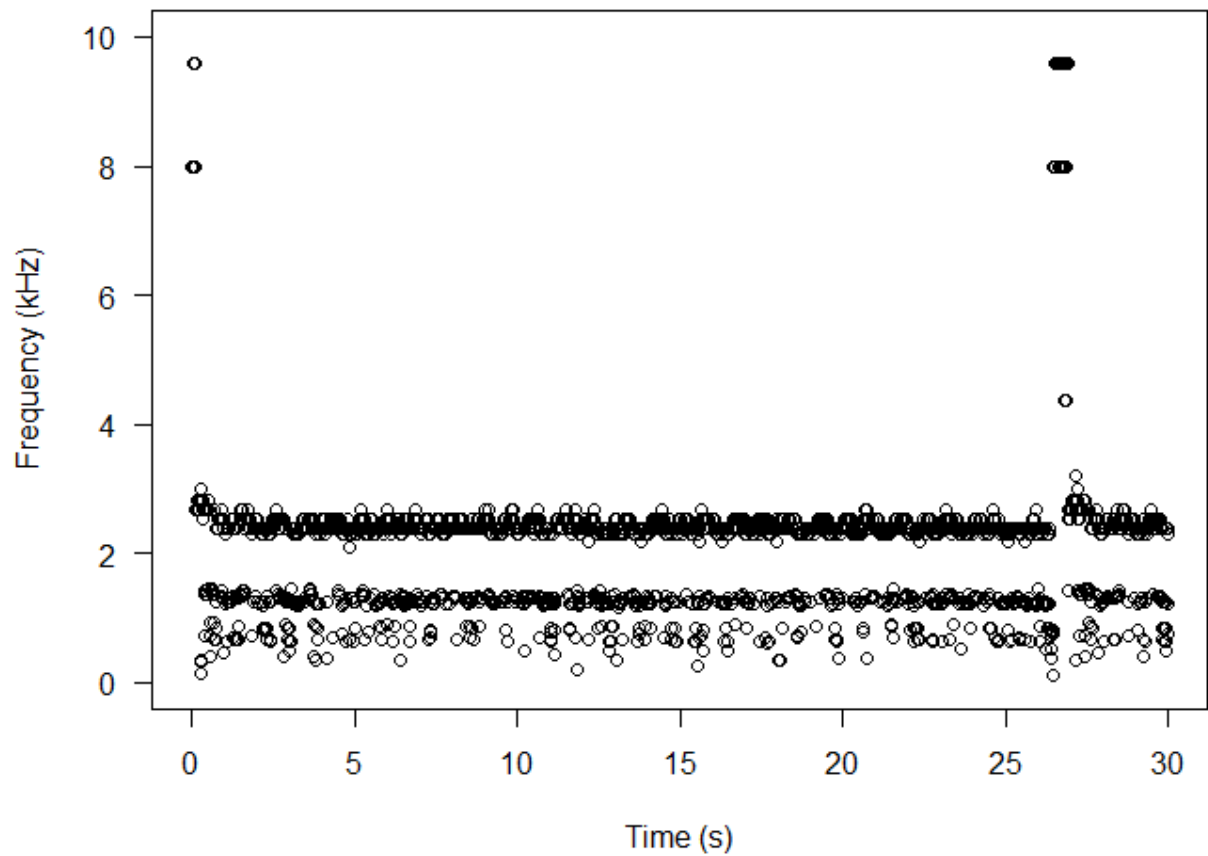




Como se puede apreciar en las imágenes, los llamados de la American Toad se encuentran principalmente entre los 1.2 kHz y 1.8 kHz.

Gráfica de frecuencia contra tiempo de Spring Peeper:





En el caso de la Spring Peeper se pueden notar 2 áreas importantes; entre los 2 y 3 kHz y de 0 a 2kHz, pero por medio de filtros de frecuencia y experimentación se llegó a la conclusión de que las frecuencias inferiores a 2kHz principalmente transportan ruido, por lo

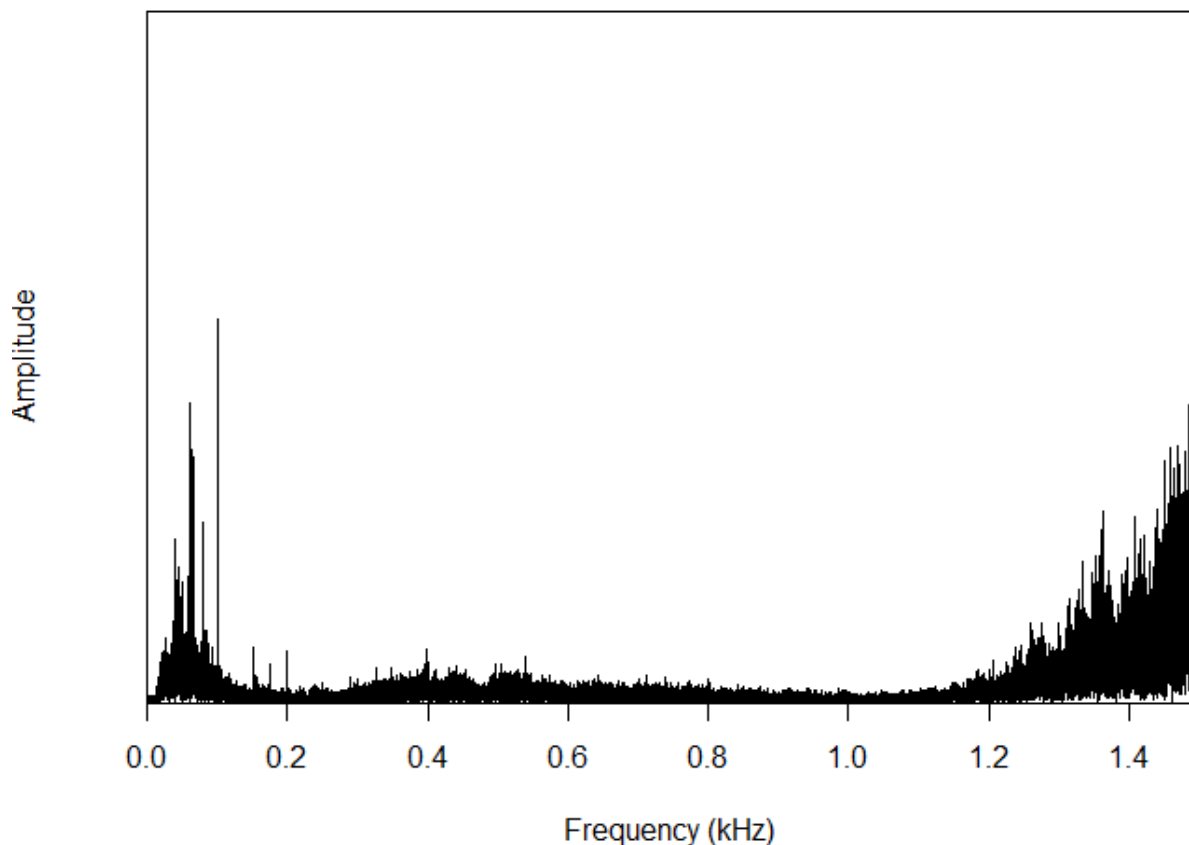
que se determina que las frecuencias de llamado de la Spring Peeper es entre 2.1kHz y 3kHz.

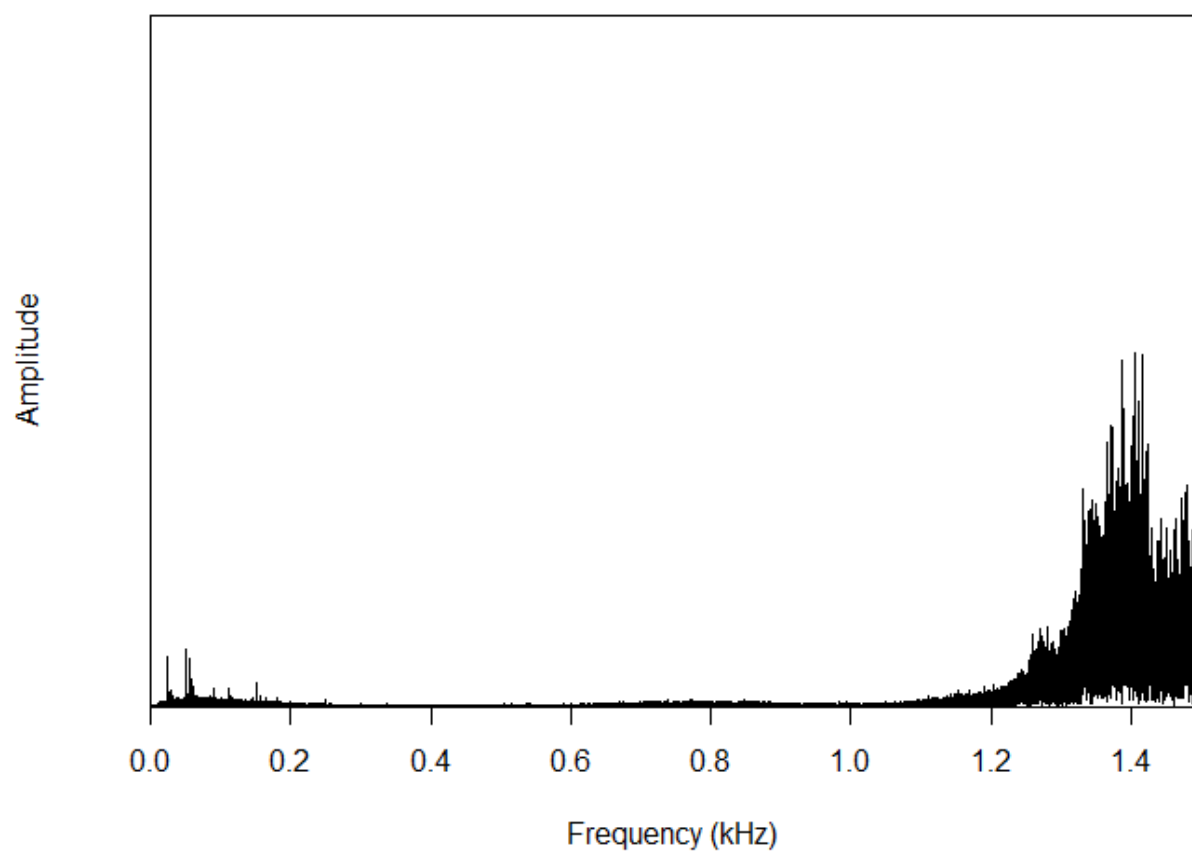
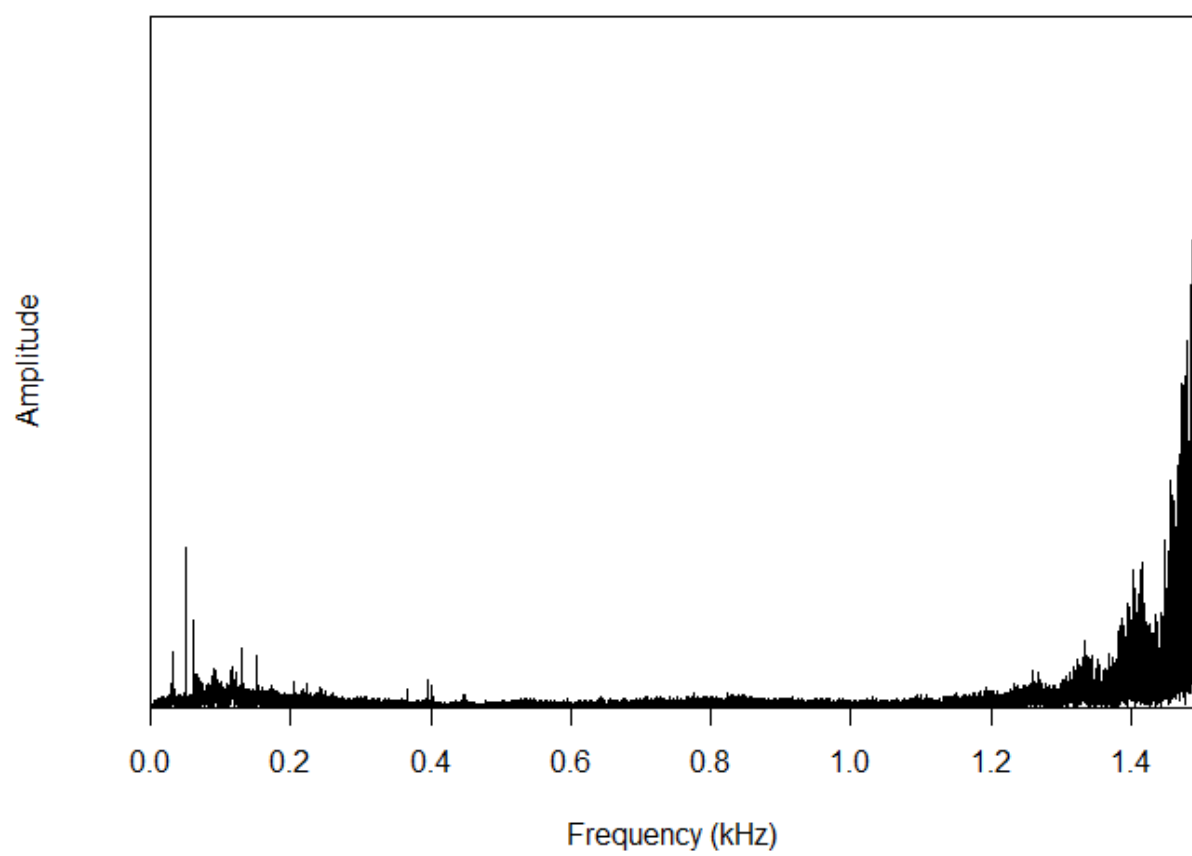
Ahora que hemos determinado las áreas de actividad en cuanto a frecuencia de los llamados de las 2 especies de anfibios podemos comenzar con el filtrado:

```
20 #Primero aislamos los llamados
21
22 fAT1 <- ffilter(AT1, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
23 fAT2 <- ffilter(AT2, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
24 fAT3 <- ffilter(AT3, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
25 fSP1 <- ffilter(SP1, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
26 fSP2 <- ffilter(SP2, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
27 fSP3 <- ffilter(SP3, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
```

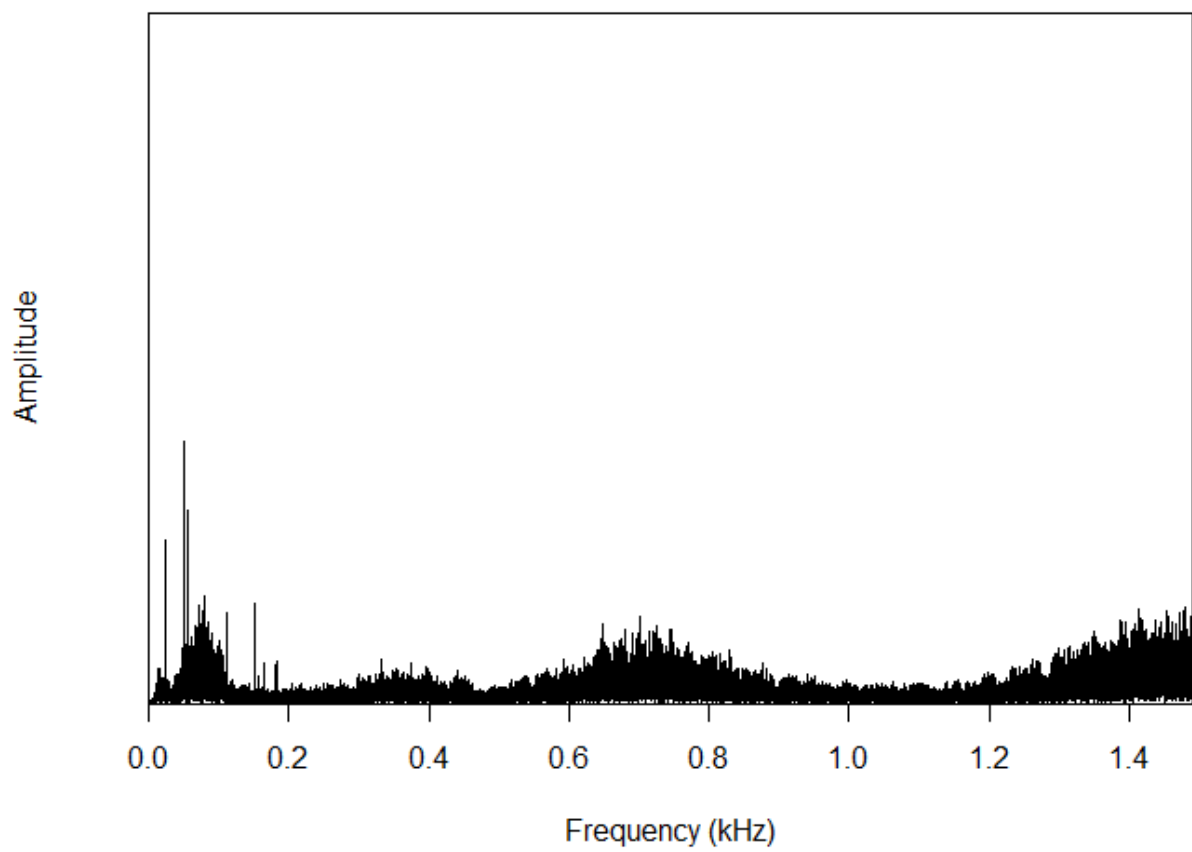
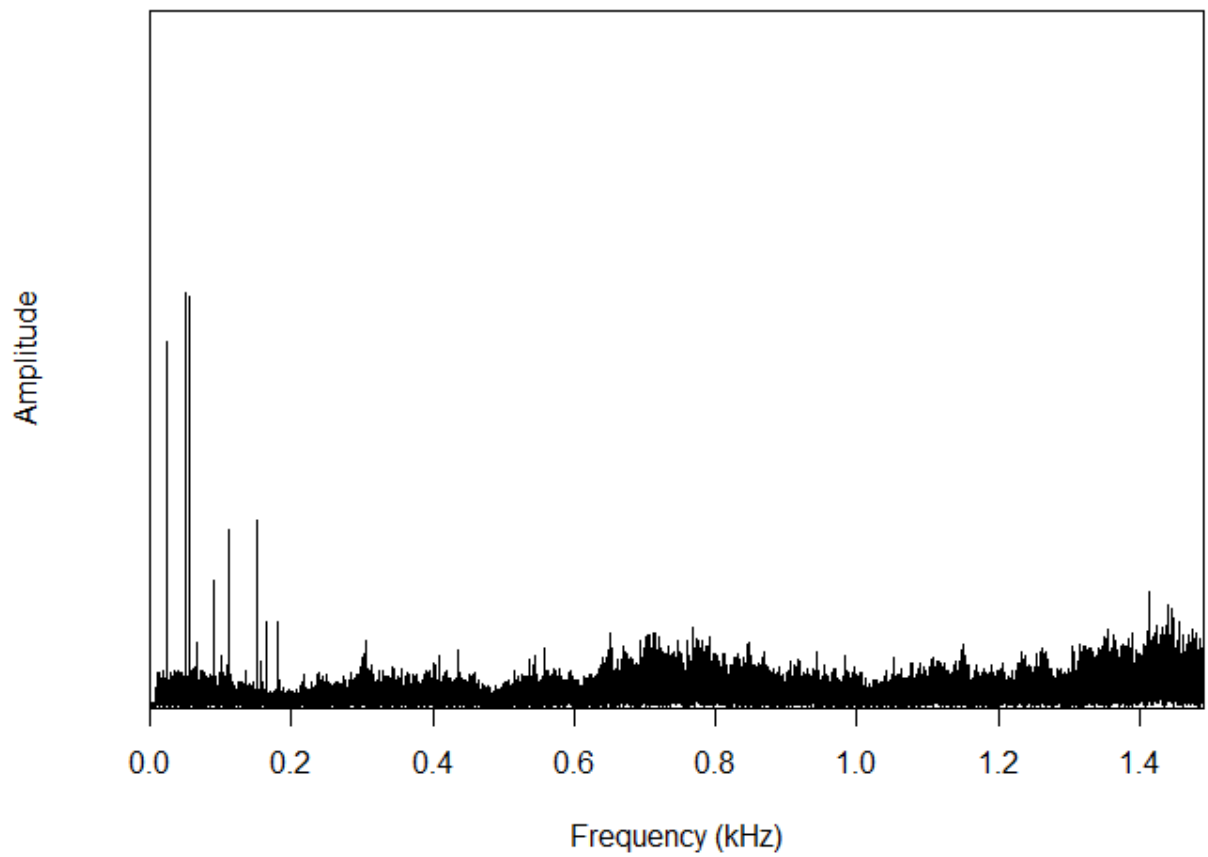
Determinación de rangos de los Bins de frecuencia

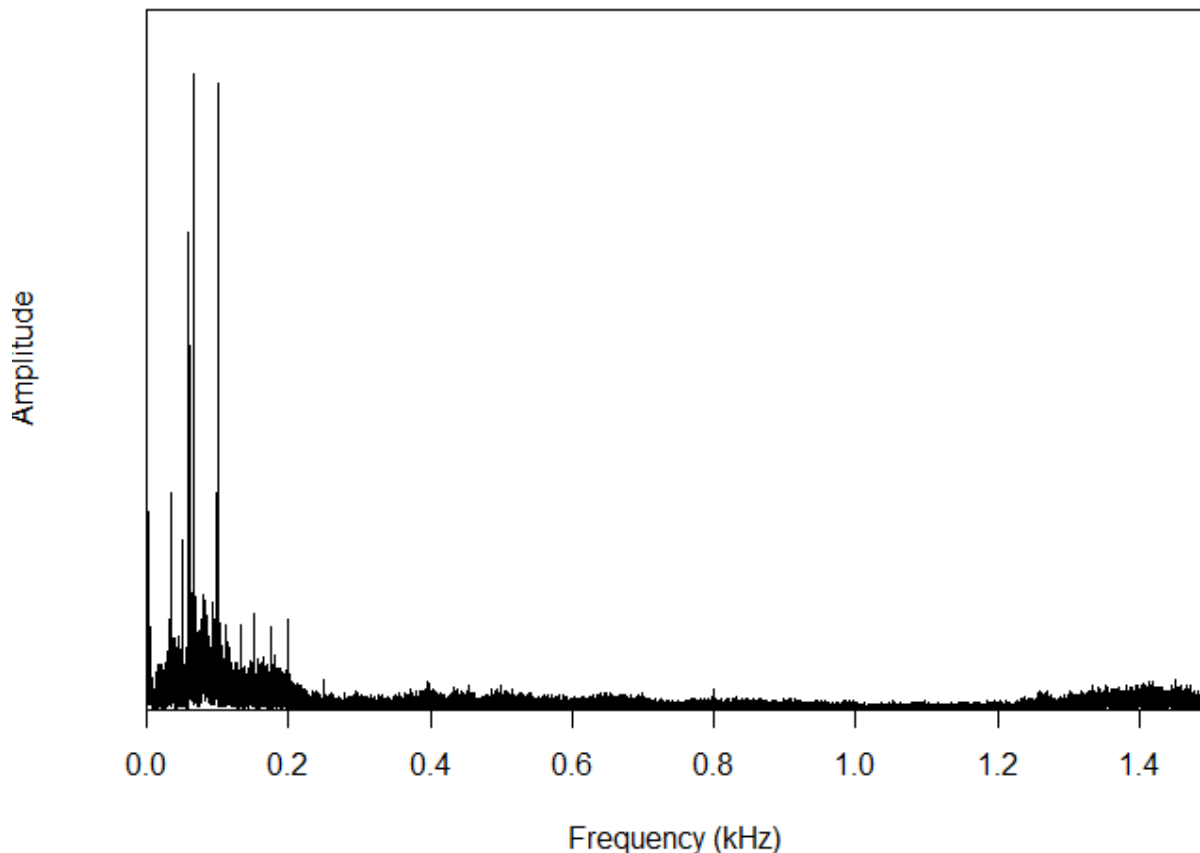
Espectrogramas de American Toad:





Espectrograma de Spring Peeper:





Frames (máximos) totales del espectrograma = **688**

Bins totales = Frames totales del espectrograma / 2 = **344**

Por medio de las funciones de visualización de frecuencias se encontró que la frecuencia máxima de todos los fragmentos de audio (Antes de la limpieza) es de 65.1 kHz aproximadamente, por lo que:

Rango de frecuencia de cada bin (RFB) = 65100 / bins totales

RFB = 65100 / 344 = **189.24 Hz**

Ahora que conocemos los rangos de frecuencia de actividad de llamado de las especies y los rangos de frecuencia de cada bin podemos determinar en que bins se registrará la actividad de cada especie:

```
20 #Primero aislamos los llamados
21
22 fAT1 <- ffilter(AT1, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
23 fAT2 <- ffilter(AT2, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
24 fAT3 <- ffilter(AT3, from = 1200, to = 1800, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #7 - 10 1 4
25 fSP1 <- ffilter(SP1, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
26 fSP2 <- ffilter(SP2, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
27 fSP3 <- ffilter(SP3, from = 2100, to = 3000, bandpass = TRUE, output = "wave", listen = FALSE) #12 - 16 1 5
```

En el caso de la American Toad sus rangos de 1.2 kHz a 1.8 kHz abarcan del bin 7 al 10, dando un total de 4 bins, mientras que para el Spring Peeper con rangos de 2.1 kHz a 3 kHz abarca del bin 12 al 16, dando un total de 5 bins.

Determinación de índices

Los índices se determinaron para cada bin de cada segmento de audio.

```
65 #obtenemos los indices
66 #AT1
67 i1AT1B1 <- ACI(AT1B1)
68 i2AT1B1 <- th(env(AT1B1, plot = FALSE))
69 i3AT1B1 <- M(AT1B1)
70
71 i1AT1B2 <- ACI(AT1B2)
72 i2AT1B2 <- th(env(AT1B2, plot = FALSE))
73 i3AT1B2 <- M(AT1B2)
74
75 i1AT1B3 <- ACI(AT1B3)
76 i2AT1B3 <- th(env(AT1B3, plot = FALSE))
77 i3AT1B3 <- M(AT1B3)
78
79 i1AT1B4 <- ACI(AT1B4)
80 i2AT1B4 <- th(env(AT1B4, plot = FALSE))
81 i3AT1B4 <- M(AT1B4)
82
83 #AT2
84 i1AT2B1 <- ACI(AT2B1)
85 i2AT2B1 <- th(env(AT2B1, plot = FALSE))
86 i3AT2B1 <- M(AT2B1)
87
88 i1AT2B2 <- ACI(AT2B2)
89 i2AT2B2 <- th(env(AT2B2, plot = FALSE))
90 i3AT2B2 <- M(AT2B2)
91
92 i1AT2B3 <- ACI(AT2B3)
93 i2AT2B3 <- th(env(AT2B3, plot = FALSE))
94 i3AT2B3 <- M(AT2B3)
95
96 i1AT2B4 <- ACI(AT2B4)
97 i2AT2B4 <- th(env(AT2B4, plot = FALSE))
98 i3AT2B4 <- M(AT2B4)
99
100 #AT3
101 i1AT3B1 <- ACI(AT3B1)
102 i2AT3B1 <- th(env(AT3B1, plot = FALSE))
103 i3AT3B1 <- M(AT3B1)
104
105 i1AT3B2 <- ACI(AT3B2)
106 i2AT3B2 <- th(env(AT3B2, plot = FALSE))
107 i3AT3B2 <- M(AT3B2)
108
109 i1AT3B3 <- ACI(AT3B3)
110 i2AT3B3 <- th(env(AT3B3, plot = FALSE))
111 i3AT3B3 <- M(AT3B3)
112
113 i1AT3B4 <- ACI(AT3B4)
114 i2AT3B4 <- th(env(AT3B4, plot = FALSE))
115 i3AT3B4 <- M(AT3B4)
116
```

```

117 #SP1
118 i1SP1B1 <- ACI(SP1B1)
119 i2SP1B1 <- th(env(SP1B1, plot = FALSE))
120 i3SP1B1 <- M(SP1B1)
121
122 i1SP1B2 <- ACI(SP1B2)
123 i2SP1B2 <- th(env(SP1B2, plot = FALSE))
124 i3SP1B2 <- M(SP1B2)
125
126 i1SP1B3 <- ACI(SP1B3)
127 i2SP1B3 <- th(env(SP1B3, plot = FALSE))
128 i3SP1B3 <- M(SP1B3)
129
130 i1SP1B4 <- ACI(SP1B4)
131 i2SP1B4 <- th(env(SP1B4, plot = FALSE))
132 i3SP1B4 <- M(SP1B4)
133
134 i1SP1B5 <- ACI(SP1B5)
135 i2SP1B5 <- th(env(SP1B5, plot = FALSE))
136 i3SP1B5 <- M(SP1B5)
137
138 #SP2
139 i1SP2B1 <- ACI(SP2B1)
140 i2SP2B1 <- th(env(SP2B1, plot = FALSE))
141 i3SP2B1 <- M(SP2B1)
142
143 i1SP2B2 <- ACI(SP2B2)
144 i2SP2B2 <- th(env(SP2B2, plot = FALSE))
145 i3SP2B2 <- M(SP2B2)
146
147 i1SP2B3 <- ACI(SP2B3)
148 i2SP2B3 <- th(env(SP2B3, plot = FALSE))
149 i3SP2B3 <- M(SP2B3)
150
151 i1SP2B4 <- ACI(SP2B4)
152 i2SP2B4 <- th(env(SP2B4, plot = FALSE))
153 i3SP2B4 <- M(SP2B4)
154
155 i1SP2B5 <- ACI(SP2B5)
156 i2SP2B5 <- th(env(SP2B5, plot = FALSE))
157 i3SP2B5 <- M(SP2B5)
158
159 #SP3
160 i1SP3B1 <- ACI(SP3B1)
161 i2SP3B1 <- th(env(SP3B1, plot = FALSE))
162 i3SP3B1 <- M(SP3B1)
163
164 i1SP3B2 <- ACI(SP3B2)
165 i2SP3B2 <- th(env(SP3B2, plot = FALSE))
166 i3SP3B2 <- M(SP3B2)
167
168 i1SP3B3 <- ACI(SP3B3)
169 i2SP3B3 <- th(env(SP3B3, plot = FALSE))
170 i3SP3B3 <- M(SP3B3)
171
172 i1SP3B4 <- ACI(SP3B4)
173 i2SP3B4 <- th(env(SP3B4, plot = FALSE))
174 i3SP3B4 <- M(SP3B4)
175
176 i1SP3B5 <- ACI(SP3B5)
177 i2SP3B5 <- th(env(SP3B5, plot = FALSE))
178 i3SP3B5 <- M(SP3B5)

```

Organizamos los índices en las matrices

En las siguientes imágenes se muestra como guardamos los datos en matrices y realizamos el NMDS

Individuales

```
180 #Creamos la matriz y guardamos datos
181 #ACI
182 INDEX_ACI_AT <- c(i1AT1B1, i1AT1B2, i1AT1B3, i1AT1B4,
183                  i1AT2B1, i1AT2B2, i1AT2B3, i1AT2B4,
184                  i1AT3B1, i1AT3B2, i1AT3B3, i1AT3B4)
185 mxACI_AT <- matrix(INDEX_ACI_AT, nrow = 3, ncol = 4, byrow = TRUE)
186 MDS_ACI_AT <- metaMDS(mxACI_AT)
187
188 INDEX_ACI_SP <- c(i1SP1B1, i1SP1B2, i1SP1B3, i1SP1B4, i1SP1B5,
189                  i1SP2B1, i1SP2B2, i1SP2B3, i1SP2B4, i1SP2B5,
190                  i1SP3B1, i1SP3B2, i1SP3B3, i1SP3B4, i1SP3B5)
191 mxACI_SP <- matrix(INDEX_ACI_SP, nrow = 3, ncol = 5, byrow = TRUE)
192 MDS_ACI_SP <- metaMDS(mxACI_SP)
193
200 #th
201 INDEX_th_AT <- c(i2AT1B1, i2AT1B2, i2AT1B3, i2AT1B4,
202                  i2AT2B1, i2AT2B2, i2AT2B3, i2AT2B4,
203                  i2AT3B1, i2AT3B2, i2AT3B3, i2AT3B4)
204 mxth_AT <- matrix(INDEX_th_AT, nrow = 3, ncol = 4, byrow = TRUE)
205 MDS_th_AT <- metaMDS(mxth_AT)
206
207 INDEX_th_SP <- c(i2SP1B1, i2SP1B2, i2SP1B3, i2SP1B4, i2SP1B5,
208                  i2SP2B1, i2SP2B2, i2SP2B3, i2SP2B4, i2SP2B5,
209                  i2SP3B1, i2SP3B2, i2SP3B3, i2SP3B4, i2SP3B5)
210 mxth_SP <- matrix(INDEX_th_SP, nrow = 3, ncol = 5, byrow = TRUE)
211 MDS_th_SP <- metaMDS(mxth_SP)
212
219 #M
220 INDEX_M_AT <- c(i3AT1B1, i3AT1B2, i3AT1B3, i3AT1B4,
221                  i3AT2B1, i3AT2B2, i3AT2B3, i3AT2B4,
222                  i3AT3B1, i3AT3B2, i3AT3B3, i3AT3B4)
223 mxM_AT <- matrix(INDEX_M_AT, nrow = 3, ncol = 4, byrow = TRUE)
224 MDS_M_AT <- metaMDS(mxM_AT)
225
226 INDEX_M_SP <- c(i3SP1B1, i3SP1B2, i3SP1B3, i3SP1B4, i3SP1B5,
227                  i3SP2B1, i3SP2B2, i3SP2B3, i3SP2B4, i3SP2B5,
228                  i3SP3B1, i3SP3B2, i3SP3B3, i3SP3B4, i3SP3B5)
229 mxM_SP <- matrix(INDEX_M_SP, nrow = 3, ncol = 5, byrow = TRUE)
230 MDS_M_SP <- metaMDS(mxM_SP)
```

Parejas de índices

```
238 #ACith
239 INDEX_ACith_AT <- c(i1AT1B1, i2AT1B1, i1AT1B2, i2AT1B2, i1AT1B3, i2AT1B3, i1AT1B4, i2AT1B4,
240                    i1AT2B1, i2AT2B1, i1AT2B2, i2AT2B2, i1AT2B3, i2AT2B3, i1AT2B4, i2AT2B4,
241                    i1AT3B1, i2AT3B1, i1AT3B2, i2AT3B2, i1AT3B3, i2AT3B3, i1AT3B4, i2AT3B4)
242 mxACith_AT <- matrix(INDEX_ACith_AT, nrow = 3, ncol = 8, byrow = TRUE)
243 MDS_ACith_AT <- metaMDS(mxACith_AT)
244
245 INDEX_ACith_SP <- c(i1SP1B1, i2SP1B1, i1SP1B2, i2SP1B2, i1SP1B3, i2SP1B3, i1SP1B4, i2SP1B4, i1SP1B5, i2SP1B5,
246                    i1SP2B1, i2SP2B1, i1SP2B2, i2SP2B2, i1SP2B3, i2SP2B3, i1SP2B4, i2SP2B4, i1SP2B5, i2SP2B5,
247                    i1SP3B1, i2SP3B1, i1SP3B2, i2SP3B2, i1SP3B3, i2SP3B3, i1SP3B4, i2SP3B4, i1SP3B5, i2SP3B5)
248 mxACith_SP <- matrix(INDEX_ACith_SP, nrow = 3, ncol = 10, byrow = TRUE)
249 MDS_ACith_SP <- metaMDS(mxACith_SP)
```

```

257 #ACIM
258 INDEX_ACIM_AT <- c(i1AT1B1, i3AT1B1, i1AT1B2, i3AT1B2, i1AT1B3, i3AT1B3, i1AT1B4, i3AT1B4,
259                 i1AT2B1, i3AT2B1, i1AT2B2, i3AT2B2, i1AT2B3, i3AT2B3, i1AT2B4, i3AT2B4,
260                 i1AT3B1, i3AT3B1, i1AT3B2, i3AT3B2, i1AT3B3, i3AT3B3, i1AT3B4, i3AT3B4)
261 mxACIM_AT <- matrix(INDEX_ACIM_AT, nrow = 3, ncol = 8, byrow = TRUE)
262 MDS_ACIM_AT <- metaMDS(mxACIM_AT)
263
264 INDEX_ACIM_SP <- c(i1SP1B1, i3SP1B1, i1SP1B2, i3SP1B2, i1SP1B3, i3SP1B3, i1SP1B4, i3SP1B4, i1SP1B5, i3SP1B5,
265                 i1SP2B1, i3SP2B1, i1SP2B2, i3SP2B2, i1SP2B3, i3SP2B3, i1SP2B4, i3SP2B4, i1SP2B5, i3SP2B5,
266                 i1SP3B1, i3SP3B1, i1SP3B2, i3SP3B2, i1SP3B3, i3SP3B3, i1SP3B4, i3SP3B4, i1SP3B5, i3SP3B5)
267 mxACIM_SP <- matrix(INDEX_ACIM_SP, nrow = 3, ncol = 10, byrow = TRUE)
268 MDS_ACIM_SP <- metaMDS(mxACIM_SP)
269
270 #Mth
271 INDEX_Mth_AT <- c(i2AT1B1, i3AT1B1, i2AT1B2, i3AT1B2, i2AT1B3, i3AT1B3, i2AT1B4, i3AT1B4,
272                 i2AT2B1, i3AT2B1, i2AT2B2, i3AT2B2, i2AT2B3, i3AT2B3, i2AT2B4, i3AT2B4,
273                 i2AT3B1, i3AT3B1, i2AT3B2, i3AT3B2, i2AT3B3, i3AT3B3, i2AT3B4, i3AT3B4)
274 mxMth_AT <- matrix(INDEX_Mth_AT, nrow = 3, ncol = 8, byrow = TRUE)
275 MDS_Mth_AT <- metaMDS(mxmth_AT)
276
277 INDEX_Mth_SP <- c(i2SP1B1, i3SP1B1, i2SP1B2, i3SP1B2, i2SP1B3, i3SP1B3, i2SP1B4, i3SP1B4, i2SP1B5, i3SP1B5,
278                 i2SP2B1, i3SP2B1, i2SP2B2, i3SP2B2, i2SP2B3, i3SP2B3, i2SP2B4, i3SP2B4, i2SP2B5, i3SP2B5,
279                 i2SP3B1, i3SP3B1, i2SP3B2, i3SP3B2, i2SP3B3, i3SP3B3, i2SP3B4, i3SP3B4, i2SP3B5, i3SP3B5)
280 mxMth_SP <- matrix(INDEX_Mth_SP, nrow = 3, ncol = 10, byrow = TRUE)
281 MDS_Mth_SP <- metaMDS(mxmth_SP)

```

Todos los índices

```

295 #ALL
296 INDEX_ALL_AT <- c(i1AT1B1, i2AT1B1, i3AT1B1, i1AT1B2, i2AT1B2, i3AT1B2, i1AT1B3, i2AT1B3, i3AT1B3, i1AT1B4, i2AT1B4, i3AT1B4,
297                 i1AT2B1, i2AT2B1, i3AT2B1, i1AT2B2, i2AT2B2, i3AT2B2, i1AT2B3, i2AT2B3, i3AT2B3, i1AT2B4, i2AT2B4, i3AT2B4,
298                 i1AT3B1, i2AT3B1, i3AT3B1, i1AT3B2, i2AT3B2, i3AT3B2, i1AT3B3, i2AT3B3, i3AT3B3, i1AT3B4, i2AT3B4, i3AT3B4)
299 mxALL_AT <- matrix(INDEX_ALL_AT, nrow = 3, ncol = 12, byrow = TRUE)
300 MDS_ALL_AT <- metaMDS(mxALL_AT)
301
302 INDEX_ALL_SP <- c(i1SP1B1, i2SP1B1, i3SP1B1, i1SP1B2, i2SP1B2, i3SP1B2, i1SP1B3, i2SP1B3, i3SP1B3, i1SP1B4, i2SP1B4, i3SP1B4, i1SP1B5, i2SP1B5, i3SP1B5,
303                 i1SP2B1, i2SP2B1, i3SP2B1, i1SP2B2, i2SP2B2, i3SP2B2, i1SP2B3, i2SP2B3, i3SP2B3, i1SP2B4, i2SP2B4, i3SP2B4, i1SP2B5, i2SP2B5, i3SP2B5,
304                 i1SP3B1, i2SP3B1, i3SP3B1, i1SP3B2, i2SP3B2, i3SP3B2, i1SP3B3, i2SP3B3, i3SP3B3, i1SP3B4, i2SP3B4, i3SP3B4, i1SP3B5, i2SP3B5, i3SP3B5)
305 mxALL_SP <- matrix(INDEX_ALL_SP, nrow = 3, ncol = 15, byrow = TRUE)
306 MDS_ALL_SP <- metaMDS(mxALL_SP)

```

Gráficas y resultados

El código utilizado para graficar y comparar fue el siguiente:

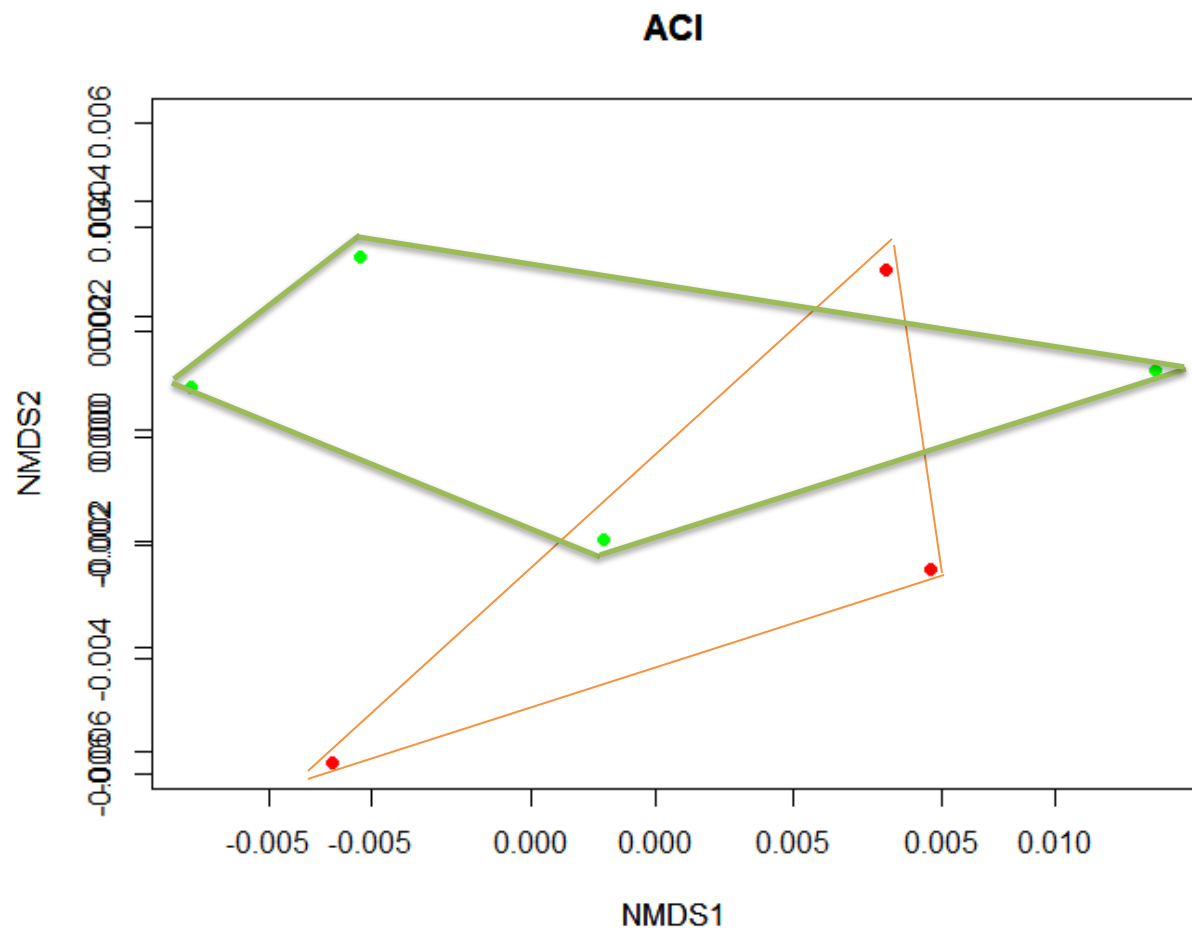
```

308 ordiplot(MDS_ALL_SP, type = "n", main = "hulls")
309 orditorp(MDS_ALL_SP, display = "species", labels = F, pch = c(16), col = c("green"), cex = 1)
310 par(new=TRUE)
311 ordiplot(MDS_ALL_AT, type = "n", main = "hulls")
312 orditorp(MDS_ALL_AT, display = "species", labels = F, pch = c(16), col = c("red"), cex = 1)

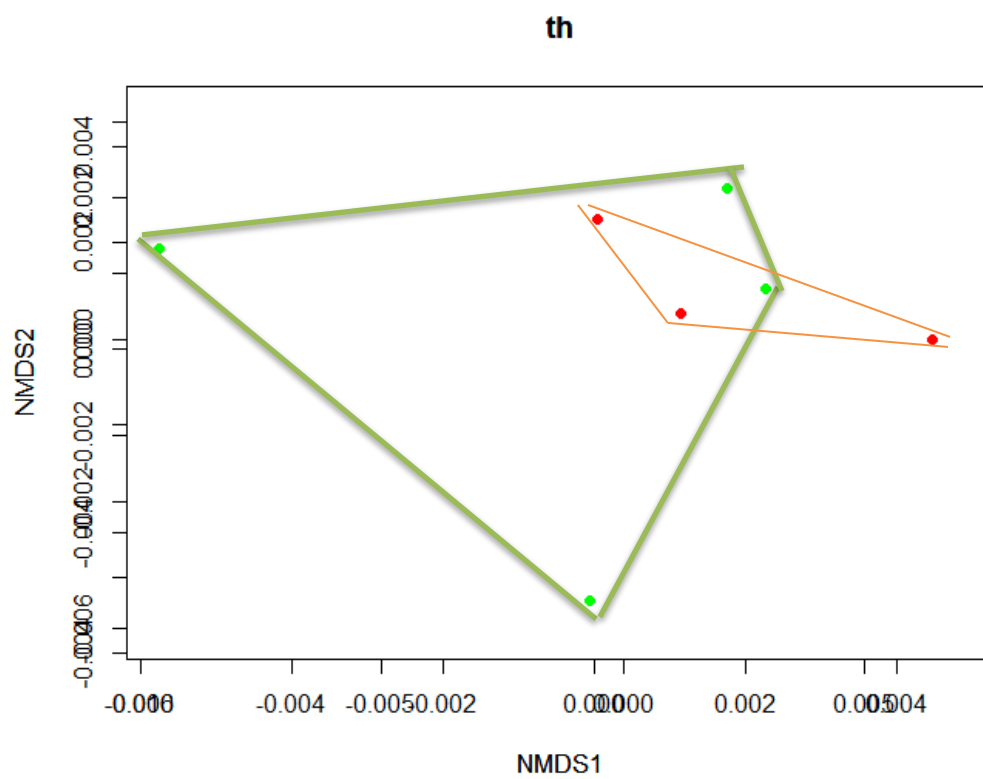
```

Sobreponiendo la grafica de una especie sobre la otra para comparar los resultados, donde
Rojo = American Toad.
Verde = Spring Peeper.

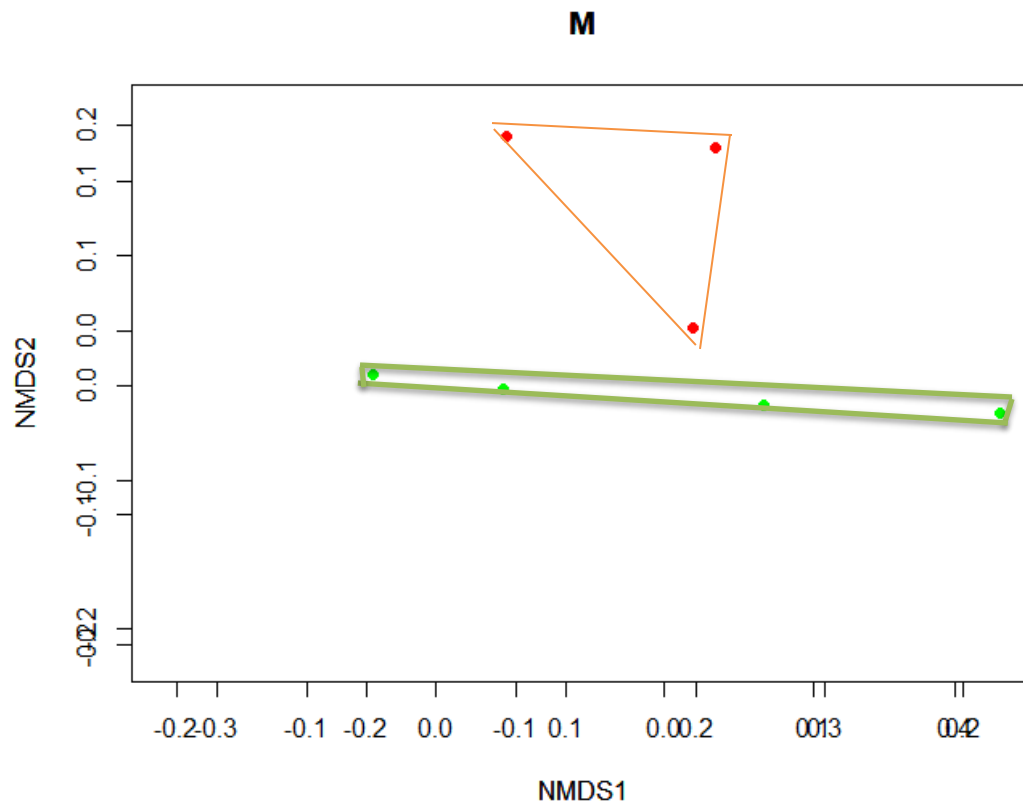
ACI



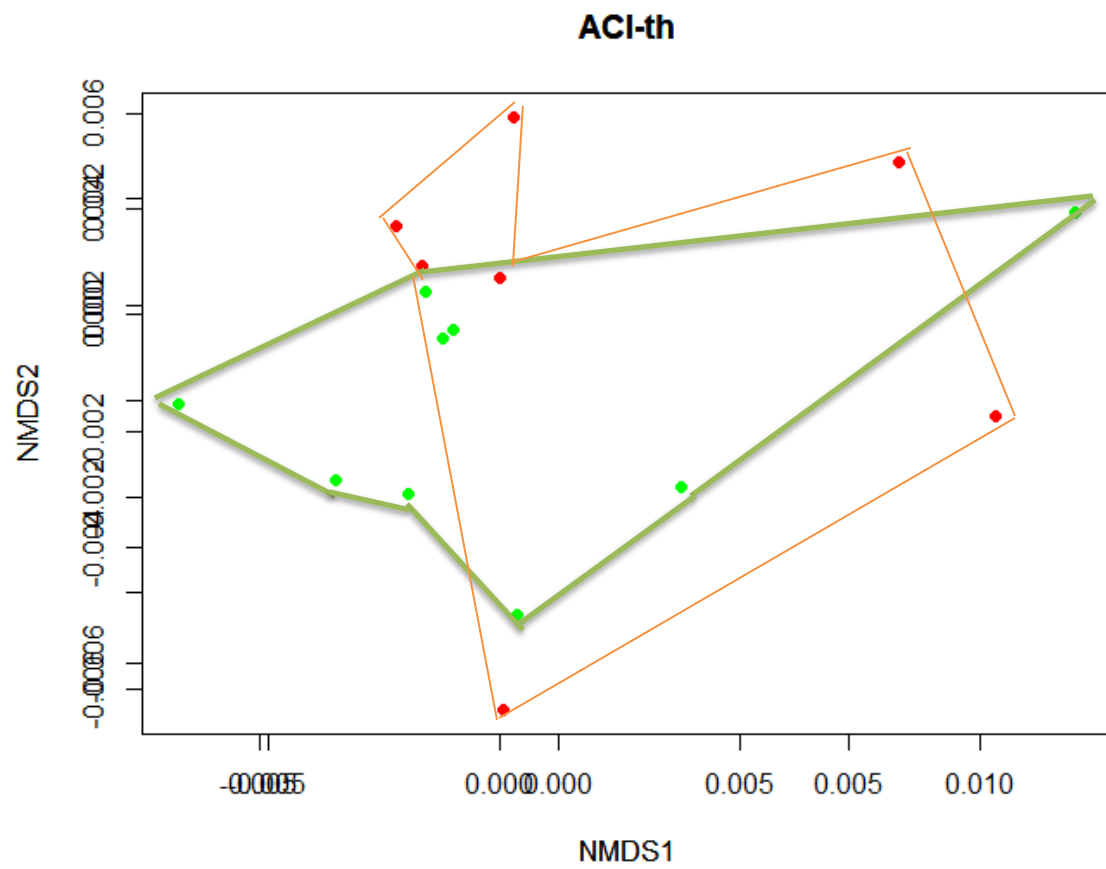
th



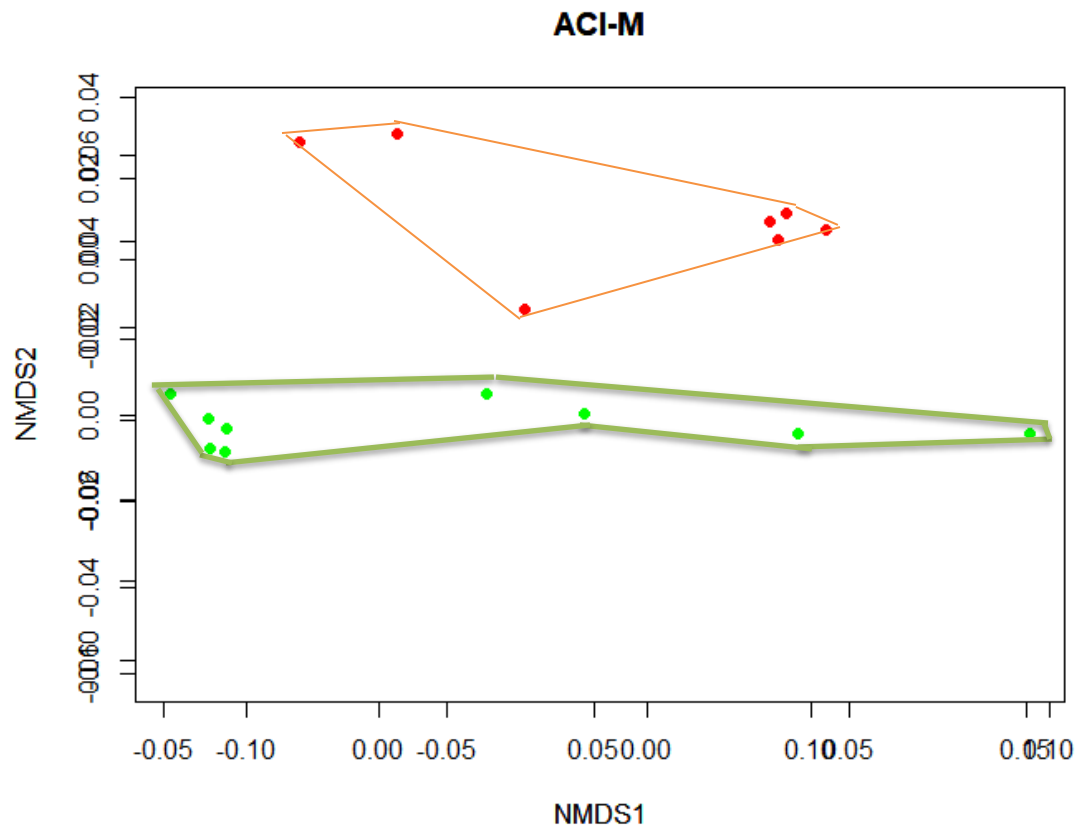
M



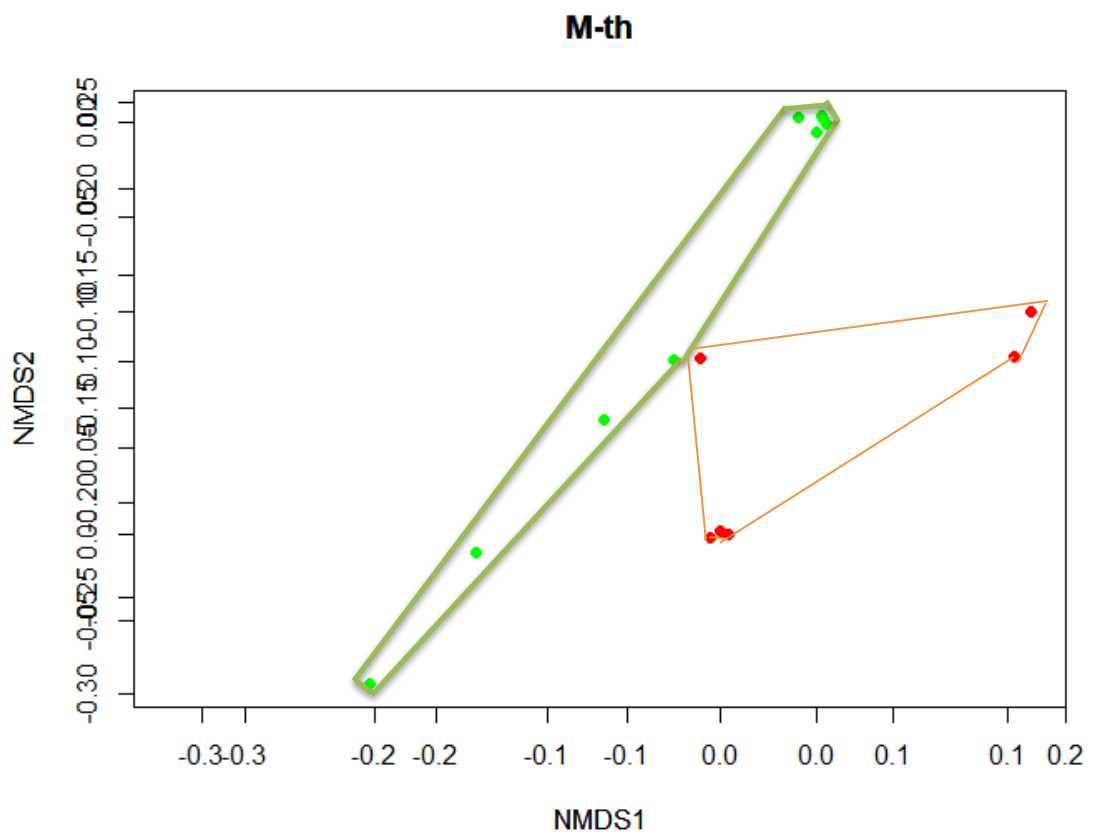
ACI-th



ACI-M

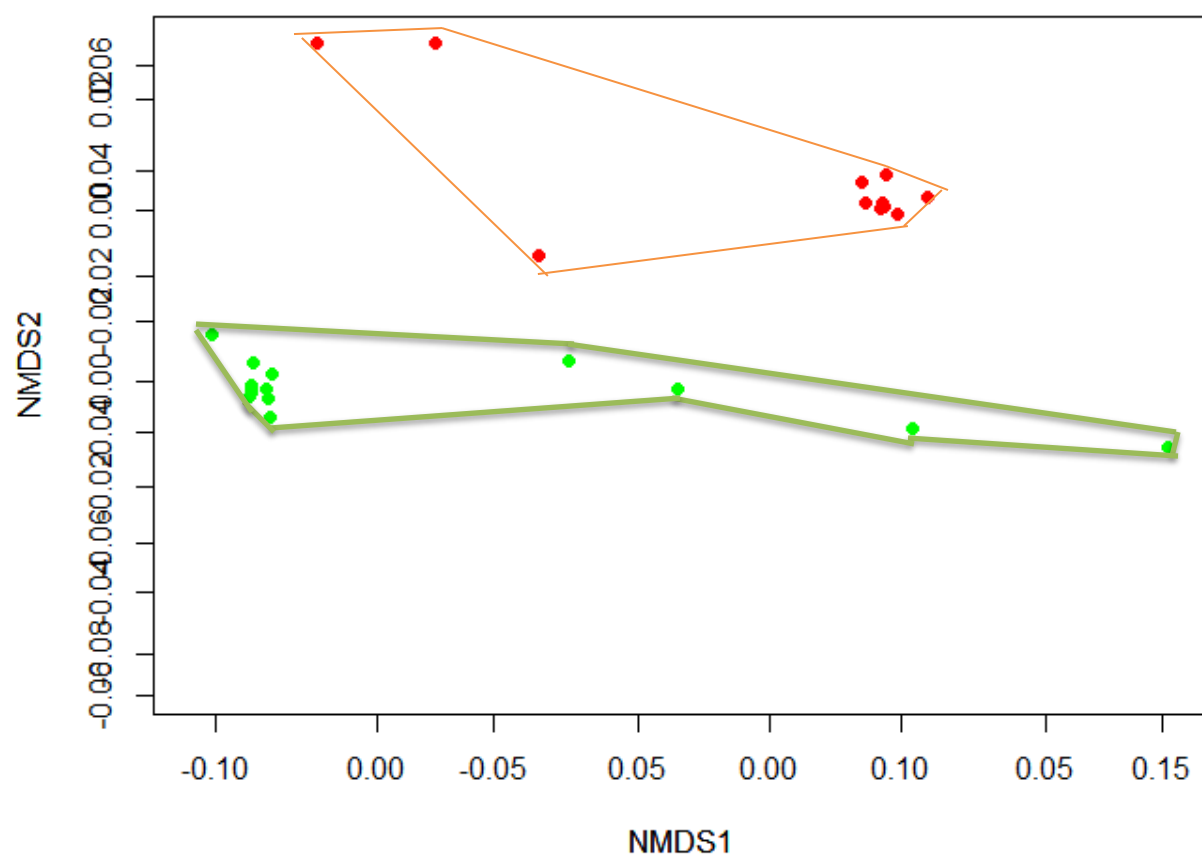


M-th



ALL

ALL



Conclusiones

De acuerdo con los resultados obtenidos los índices (o combinaciones de estos) que nos ayudan mejor a diferenciar los llamados de las especies estudiadas son en este orden:

1. ACI-M
2. ALL
3. M
4. M-th
5. ACI
6. ACI-th
7. Th

Demostrando que el índice M es el que nos ayuda mas a diferenciar los llamados de estas especies, seguido del índice ACI y por último el índice th, el cual no es de mucha ayuda en realidad, y usualmente perjudica los resultados al trabajar en conjunto.

Los resultados no son exactamente iguales a los obtenidos en el documento original, pero esto es atribuido a 2 factores:

- a) La diferencia en la cantidad de muestras: en el documento original tenían acceso a una gran cantidad de recursos, a diferencia de nosotros.
- b) La diferencia en especies estudiadas: no se pueden esperar los mismos resultados si el objetivo de estudio es distinto al original, se hizo un esfuerzo por recrear el escenario original con los recursos a nuestro alcance, tomando como objetos de estudio especies que vivieran en un mismo ecosistema y cuyos llamados tuvieran formatos similares a los mencionados en el documento original, pero al final siguen siendo especies diferentes y llamados distintos.

Si bien los resultados no son los mismos al trabajo original, no creemos que nuestras conclusiones sean desacreditadas con facilidad pues seguimos el proceso correctamente y estamos contentos con los resultados. Aprendimos a manejar graficas mas complejas a las que vimos en clase y a manipular grandes cantidades de datos en R, además de que pudimos investigar y aprender sobre el comportamiento de varias especies de anfibios y sobre técnicas no invasivas para su estudio.

Bibliografía

Jerome. (n.d.). *Documentación seewave*. Seewave - an r package for sound analysis and synthesis. Retrieved September 18, 2021, from <https://rug.mnhn.fr/seewave/>.

Schwarz, Diemo. (1998). *Spectral Envelopes in Sound Analysis and Synthesis*. ftp://ftp.informatik.uni-stuttgart.de/pub/library/medoc.ustuttgart_fi/DIP-1622/DIP-1622.ps.

Amphibians. Sounds. (n.d.). Retrieved November 21, 2021, from <https://sounds.bl.uk/Environment/Amphibians>.

Sign in. RPubs. (n.d.). Retrieved November 21, 2021, from
<https://www.rpubs.com/RGrieger/545184>.

Indraswari, K., Bower, D. S., Tucker, D., Schwarzkopf, L., Towsey, M., & Roe, P. (2018). Assessing the value of acoustic indices to distinguish species and quantify activity: A case study using frogs. *Freshwater Biology*, 65(1), 142–152.
<https://doi.org/10.1111/fwb.13222>