

Acceso compadre y GBIF desde R

Estudio de Casos Biología Ambiental

Víctor Granda

Ecosystem Modelling Facility (CREAF)

2022/05/05

Com(p)adre

Com(p)adre

COM(P)ADRE es un repositorio online de modelos de matrices poblacionales, así como metadatos de plantas, animales, bacterias, virus, algas y hongos.

Se separa en dos bases de datos, COMADRE para animales, bacterias y virus, y COMPADRE para plantas, algas y hongos.

<https://compadre-db.org/>



Compadre en R

Lo primero que tenemos que hacer es instalar las librerías de R que vamos a necesitar y cargarlas para poder usarlas

```
install.packages('Rcompadre')  
install.packages('dplyr')  
install.packages('ggplot2')
```

```
# Ahora cargamos los paquetes
```

```
library(Rcompadre)
```

```
library(popdemo)
```

```
library(dplyr)
```

```
library(ggplot2)
```

```
## Welcome to popdemo! This is version 1.3-0
```

```
## Use ?popdemo for an intro, or browseVignettes('popdemo') for vignettes
```

```
## Citation for popdemo is here: doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00222.x
```

```
## Development and legacy versions are here: github.com/iaimstott/popdemo
```

```
## Linking to GEOS 3.9.1, GDAL 3.4.0, PROJ 8.2.0; sf_use_s2() is TRUE
```

```
##
```

```
## Attaching package: 'dplyr'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
```

```
##
```

```
##      filter, lag
```

Compadre en R

```
# Obtener la última versión de compadre -----  
# guardar la bd  
compadre_db ← cdb_fetch('compadre')
```

```
## This is COMPADRE version 6.22.1.2 (release date Jan_27_2022)  
## See user agreement at https://compadre-db.org/Help/UserAgreement  
## See how to cite at https://compadre-db.org/Help/HowToCite
```

Compadre en R

```
# comprobar que tenemos lo que queremos
```

```
compadre_db
```

```
## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 755 SPECIES and 8687 MATRICES.
##
## # A tibble: 8,687 × 59
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>      <int> <chr>          <chr>          <chr>      <chr>   <chr>
## 1 <CompdrMt>  238259 Abies_balsamea Abies balsamea  Balsam Fir Plantae Pinop...
## 2 <CompdrMt>  238260 Abies_balsamea Abies balsamea  Balsam Fir Plantae Pinop...
## 3 <CompdrMt>  238261 Agave_angustif... Agave vivipara  Caribbean... Plantae Magno...
## 4 <CompdrMt>  238262 Agave_angustif... Agave vivipara  Caribbean... Plantae Magno...
## 5 <CompdrMt>  238263 Allium_vineale  Allium vineale  <NA>          Plantae Magno...
## 6 <CompdrMt>  238265 Araucaria_cunn... Araucaria cunn... <NA>          Plantae Pinop...
## 7 <CompdrMt>  238266 Araucaria_cunn... Araucaria cunn... <NA>          Plantae Pinop...
## 8 <CompdrMt>  238271 Ascophyllum_no... Ascophyllum no... <NA>          Chroma... Heter...
## 9 <CompdrMt>  238272 Ascophyllum_no... Ascophyllum no... <NA>          Chroma... Heter...
## 10 <CompdrMt> 238273 Ascophyllum_no... Ascophyllum no... <NA>          Chroma... Heter...
## # ... with 8,677 more rows, and 52 more variables: Class <chr>, Order <chr>,
## #   Family <chr>, Genus <chr>, Species <chr>, Infraspecies <chr>,
## #   InfraspeciesType <chr>, OrganismType <chr>, DicotMonoc <chr>,
## #   AngioGymno <chr>, Authors <chr>, Journal <chr>, SourceType <chr>,
## #   OtherType <chr>, YearPublication <chr>, DOI_ISBN <chr>,
## #   AdditionalSource <chr>, StudyDuration <chr>, StudyStart <chr>,
## #   StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, MatrixCriteriaSize <chr>, ...
```

Compadre en R

```
# comprobar que tenemos lo que queremos
```

```
names(compadre_db)
```

```
## [1] "mat"                "MatrixID"                "SpeciesAuthor"
## [4] "SpeciesAccepted"    "CommonName"              "Kingdom"
## [7] "Phylum"           "Class"                    "Order"
## [10] "Family"             "Genus"                    "Species"
## [13] "Infraspecies"       "InfraspeciesType"        "OrganismType"
## [16] "DicotMonoc"         "AngioGymno"              "Authors"
## [19] "Journal"            "SourceType"               "OtherType"
## [22] "YearPublication"    "DOI_ISBN"                 "AdditionalSource"
## [25] "StudyDuration"      "StudyStart"               "StudyEnd"
## [28] "ProjectionInterval" "MatrixCriteriaSize"       "MatrixCriteriaOntogeny"
## [31] "MatrixCriteriaAge"  "MatrixPopulation"         "NumberPopulations"
## [34] "Lat"                "Lon"                       "Altitude"
## [37] "Country"            "Continent"                "Ecoregion"
## [40] "StudiedSex"         "MatrixComposite"          "MatrixSeasonal"
## [43] "MatrixTreatment"    "MatrixCaptivity"         "MatrixStartYear"
## [46] "MatrixStartSeason"  "MatrixStartMonth"         "MatrixEndYear"
## [49] "MatrixEndSeason"    "MatrixEndMonth"           "CensusType"
## [52] "MatrixSplit"        "MatrixFec"                 "Observations"
## [55] "MatrixDimension"    "SurvivalIssue"            "_Database"
## [58] "_PopulationStatus"   "_PublicationStatus"
```

Compadre en R

```
# Comprobar especies -----  
# Podemos comprobar si nuestras especies de interes están presentes  
species_wanted ← c("Pinus nigra", "Acer saccharum")  
cdb_check_species(compadre_db, species_wanted)
```

```
##           species in_db  
## 1   Pinus nigra  TRUE  
## 2  Acer saccharum  TRUE
```


Compadre en R

Podemos comprobar y a la vez sacar los datos para esas especies

```
compadre_species_wanted ← cdb_check_species(compadre_db, species_wanted, return_db = TRUE)
compadre_species_wanted
```

```
## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 2 SPECIES and 16 MATRICES.
```

```
##
```

```
## # A tibble: 16 × 59
```

```
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>      <int> <chr>          <chr>          <chr>      <chr>   <chr>
## 1 <CompdrMt>  238967 Pinus_nigra    Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## 2 <CompdrMt>  247339 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 3 <CompdrMt>  247340 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 4 <CompdrMt>  247341 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 5 <CompdrMt>  247342 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 6 <CompdrMt>  247343 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 7 <CompdrMt>  247344 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 8 <CompdrMt>  247345 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 9 <CompdrMt>  247346 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 10 <CompdrMt> 247347 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 11 <CompdrMt> 247348 Acer_saccharum Acer saccharum Sugar map... Plantae Magno...
## 12 <CompdrMt> 247810 Pinus_nigra_su... Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## 13 <CompdrMt> 247811 Pinus_nigra_su... Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## 14 <CompdrMt> 247812 Pinus_nigra_su... Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## 15 <CompdrMt> 247813 Pinus_nigra_su... Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## 16 <CompdrMt> 247814 Pinus_nigra_su... Pinus nigra    Black pine Plantae Pinop...
## # ... with 52 more variables: Class <chr>, Order <chr>, Family <chr>,
## #   Genus <chr>, Species <chr>, Infraspecies <chr>, InfraspeciesType <chr>,
```

Compadre en R

Primula vulgaris, un ejemplo de uso de COMPADRE



Vamos a hacer un ejemplo con *Primula vulgaris*, una primulácea común en la península.

Compadre en R

```
# Más específico, Primula vulgaris solamente en España
```

```
compadre_primula_spain <- subset(  
  compadre_db,  
  SpeciesAccepted == 'Primula vulgaris' & Country == 'ESP'  
)
```

```
# comprobamos que, efectivamente, solo tenemos datos para Primula en España
```

```
compadre_primula_spain$SpeciesAccepted
```

```
## [1] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [5] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [9] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [13] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [17] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [21] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [25] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [29] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [33] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [37] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [41] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [45] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"
```

```
compadre_primula_spain$Country
```

```
## [1] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"  
## [13] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"  
## [25] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"  
## [37] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"
```

Compadre en R

```
# Extraer matrices -----  
# Podemos sacar matrices de población  
primula_matA ← matA(compadre_primula_spain)  
  
# Para saber a que corresponden los estadios (A1, A2... )  
matrixClass(compadre_primula_spain)
```

```
## [[1]]
```

```
##   MatrixClassOrganized MatrixClassAuthor MatrixClassNumber MatrixID  
## 1           active           Seedling           1    245197  
## 2           active           Juvenile           2    245197  
## 3           active    Vegetative adult           3    245197  
## 4           active    Reproductive adult           4    245197
```

```
##
```

```
## [[2]]
```

```
##   MatrixClassOrganized MatrixClassAuthor MatrixClassNumber MatrixID  
## 1           active           Seedling           1    245198  
## 2           active           Juvenile           2    245198  
## 3           active    Vegetative adult           3    245198  
## 4           active    Reproductive adult           4    245198
```

```
##
```

```
## [[3]]
```

```
##   MatrixClassOrganized MatrixClassAuthor MatrixClassNumber MatrixID  
## 1           active           Seedling           1    245199  
## 2           active           Juvenile           2    245199  
## 3           active    Vegetative adult           3    245199  
## 4           active    Reproductive adult           4    245199
```

Compadre en R

```
# Podemos obtener diferentes parámetros, como lambda, para cada una de las matrices:  
# individualmente:  
eigs(primula_matA[[1]], what = 'lambda')
```

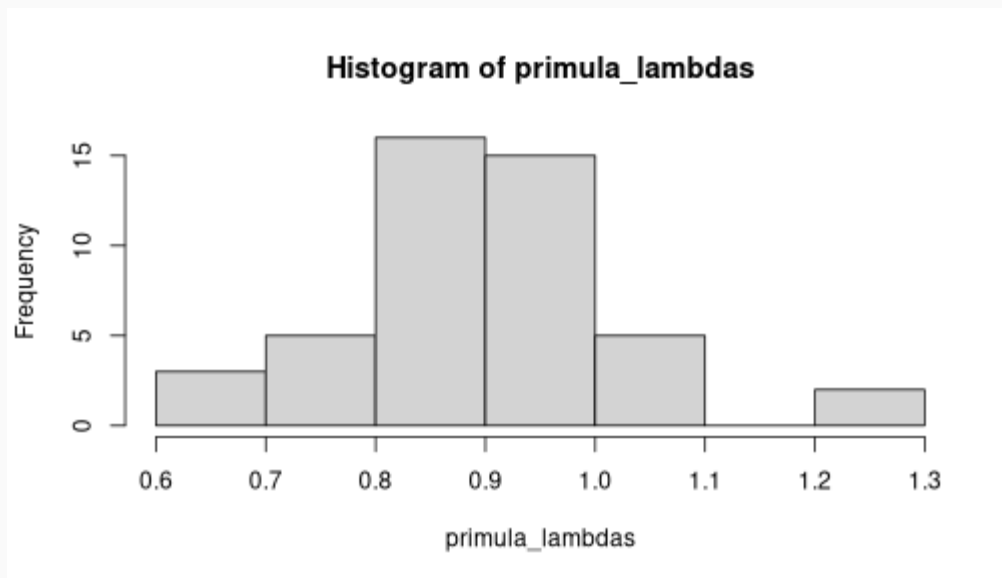
```
## [1] 0.9125684
```

```
# todas a la vez:  
primula_lambdas ← sapply(primula_matA, eigs, what = 'lambda')  
summary(primula_lambdas)
```

```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.  
## 0.6836 0.8363 0.8952 0.8992 0.9518 1.2914
```

Compadre en R

```
# todas a la vez:  
hist(primula_lambdas)
```



Compadre en R

```
# Calcular dinámicas a partir de una población inicial -----  
# Creamos la matriz de población inicial a partir de los datos que hemos obtenido:  
initial_pop_matrix ← matrix(c(50, 38, 26, 80), byrow = FALSE, ncol = 1)  
  
# ahora podemos saber que población tendremos en el siguiente ciclo reproductivo  
primula_matA[[1]] %*% initial_pop_matrix  
  
##           [,1]  
## A1 156.64000  
## A2  13.68535  
## A3  27.47199  
## A4  70.00269
```

Compadre en R

```
# O hacer un bucle (loop) para tener los próximos 25 ciclos
dinamica_primula_25 ← initial_pop_matrix
for (year in 1:25) {
  dinamica_primula_25 ← cbind(
    dinamica_primula_25,
    round(primula_matA[[1]] %*% dinamica_primula_25[,year], 0)
  )
}
dinamica_primula_25
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10] [,11] [,12] [,13] [,14]
## A1    50   157  137  121  110  100   92   84   76   69   63   57   53   49
## A2    38    14   21   21   19   17   15   14   13   12   11   10    9    8
## A3    26    27   23   22   20   19   17   15   14   13   12   11   10    9
## A4    80    70   62   56   51   47   43   39   35   32   29   27   25   23
##      [,15] [,16] [,17] [,18] [,19] [,20] [,21] [,22] [,23] [,24] [,25] [,26]
## A1     45    41    37    33    31    27    25    23    22    20    18    16
## A2      7     7     6     6     5     5     4     4     4     3     3     3
## A3      8     7     7     6     6     5     5     4     4     4     3     3
## A4     21    19    17    16    14    13    12    11    10     9     8     7
```


Compadre en R

Y con esto hacer una gráfica con la tendencia

```
transposed_data <- as.data.frame(t(dinamica_primula_25))
```

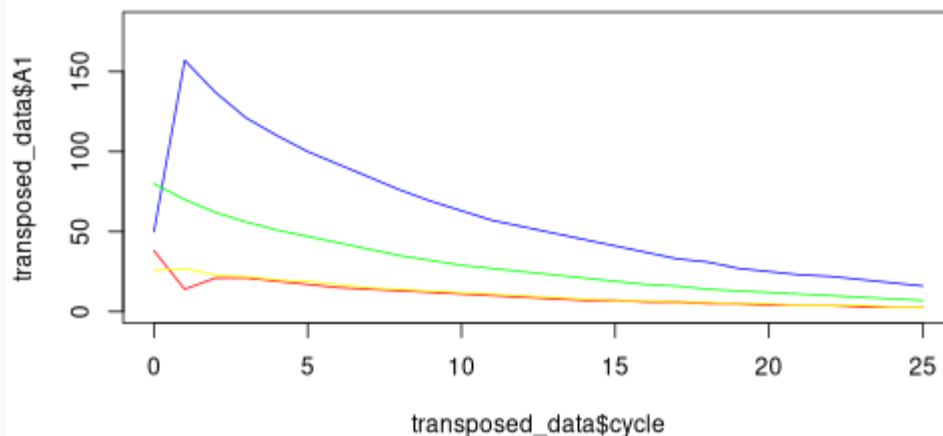
```
transposed_data$cycle <- 0:25
```

```
plot(transposed_data$cycle, transposed_data$A1, col = 'blue', type = 'l', ylim = c(0,180))
```

```
lines(transposed_data$cycle, transposed_data$A2, col = 'red', type = 'l')
```

```
lines(transposed_data$cycle, transposed_data$A3, col = 'yellow', type = 'l')
```

```
lines(transposed_data$cycle, transposed_data$A4, col = 'green', type = 'l')
```



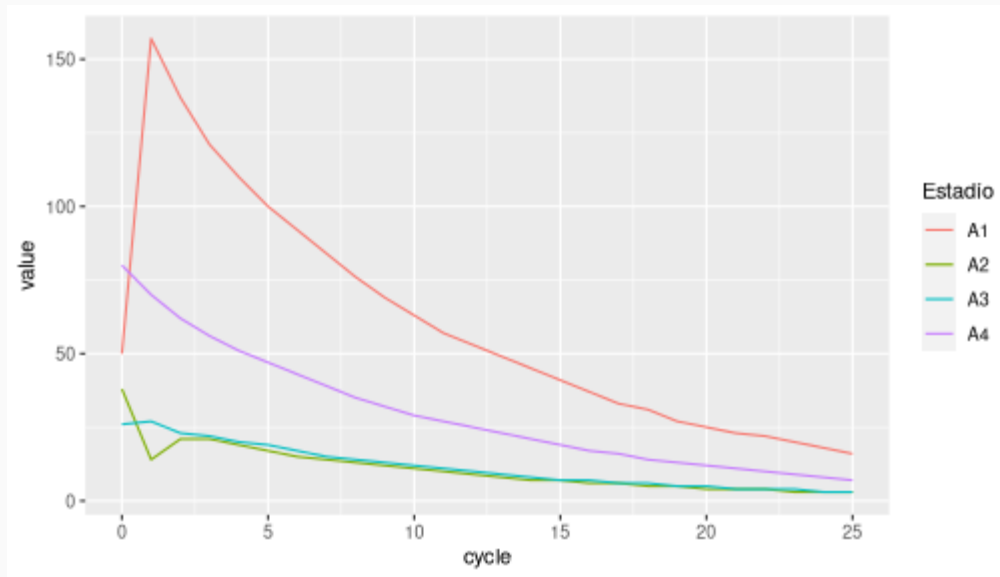
Compadre en R

```
# Otra forma
```

```
transposed_data %>%
```

```
  tidyr::pivot_longer(cols = A1:A4, 'Estadio') %>%
```

```
  ggplot(aes(x = cycle, y = value, color = Estadio)) +  
  geom_line()
```



GBIF

GBIF

GBIF (Global Biodiversity Information Facility) es una red internacional, así como una infraestructura de datos financiada y mantenida por diferentes gobiernos de todo el mundo cuyo objetivo es proveer de datos abierto sobre todo tipo de vida en la tierra.

En cuanto a lo que nos interesa hoy, ofrece datos de presencia de especies en todo el mundo, basados en datos suministrados por investigadores, gobiernos...



GBIF

Global Biodiversity
Information Facility

GBIF en R

```
# Acceso a la base de datos GBIF -----  
# Primer paso es instalar los paquetes si no los tenemos instalados  
install.packages('spocc')  
install.packages('mapr')  
  
# Ahora cargamos los paquetes  
library(spocc)  
library(mapr)  
library(dplyr)
```

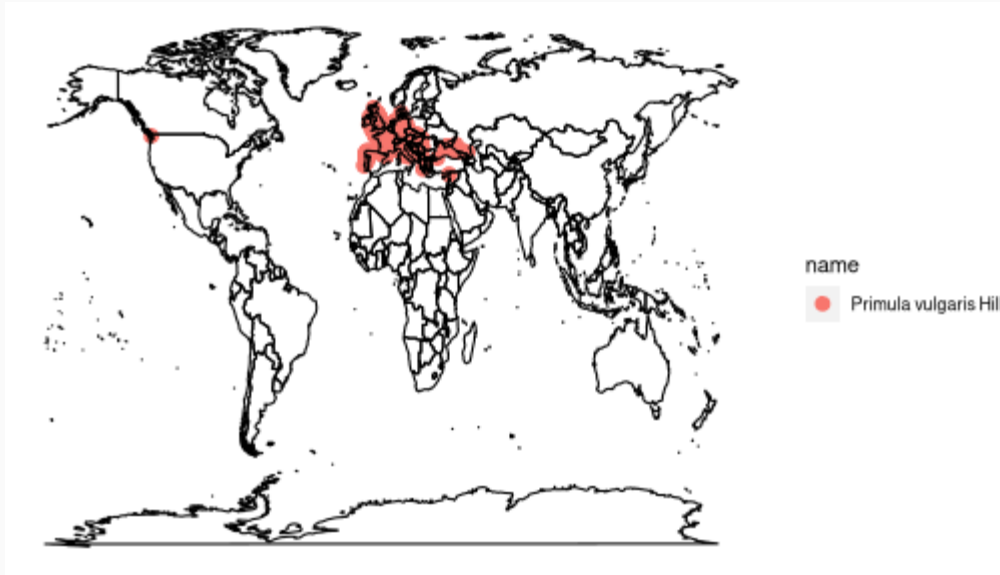
GBIF en R

```
# Consultar datos para una especie -----  
primula_gbif <- occ(query = 'Primula vulgaris', from = 'gbif', has_coords = TRUE, limit = 1000)  
primula_gbif
```

```
## Searched: gbif  
## Occurrences - Found: 20,648, Returned: 1,000  
## Search type: Scientific  
##   gbif: Primula vulgaris (1000)
```

GBIF en R

```
# Plotear el mapa -----  
map_ggplot(primula_gbif, map = "world")
```



GBIF en R

```
# Plotea el mapa -----  
map_leaflet(primula_gbif)
```

