

Acceso compadre y GBIF desde R

Estudio de Casos Biología Ambiental

Víctor Granda

Ecosystem Modelling Facility (CREAF)

2023/05/17

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)
```

Compadre en R

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

```
## This is COMPADRE version 6.23.5.0 (release date May_06_2023)  
## See user agreement at https://compadre-db.org/Help/UserAgreement  
## See how to cite with `citation(Rcompadre)`
```

Compadre en R

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

```
compadre_db
```

```
## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 792 SPECIES and 8994 MATRICES.
```

```
##
```

```
## # A tibble: 8,994 × 59
```

```
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum Class Order Family
```

```
##   <list>      <int> <chr>          <chr>          <chr>      <chr>   <chr>  <chr> <chr> <chr>
```

```
## 1 <CompdrMt> 238259 Abies_balsamea Abies balsamea Balsam Fir Plantae Pinop... Pino... Pina... Pinac...
```

```
## 2 <CompdrMt> 238260 Abies_balsamea Abies balsamea Balsam Fir Plantae Pinop... Pino... Pina... Pinac...
```

```
## 3 <CompdrMt> 238261 Agave_angustifol... Agave vivipara Caribbean... Plantae Magno... Lili... Aspa... Aspar...
```

```
## 4 <CompdrMt> 238262 Agave_angustifol... Agave vivipara Caribbean... Plantae Magno... Lili... Aspa... Aspar...
```

```
## 5 <CompdrMt> 238263 Allium_vineale Allium vineale <NA> Plantae Magno... Lili... Aspa... Amary...
```

```
## 6 <CompdrMt> 238265 Araucaria_cunnin... Araucaria cunn... <NA> Plantae Pinop... Pino... Pina... Arauc...
```

```
## 7 <CompdrMt> 238266 Araucaria_cunnin... Araucaria cunn... <NA> Plantae Pinop... Pino... Pina... Arauc...
```

```
## 8 <CompdrMt> 238271 Ascophyllum_nodo... Ascophyllum no... <NA> Chroma... Heter... Phae... Fuca... Fucac...
```

```
## 9 <CompdrMt> 238272 Ascophyllum_nodo... Ascophyllum no... <NA> Chroma... Heter... Phae... Fuca... Fucac...
```

```
## 10 <CompdrMt> 238273 Ascophyllum_nodo... Ascophyllum no... <NA> Chroma... Heter... Phae... Fuca... Fucac...
```

```
## # i 8,984 more rows
```

```
## # i 46 more variables: InfraspeciesType <chr>, OrganismType <chr>, DicotMonoc <chr>, AngioGymno <chr>
```

```
## # Journal <chr>, SourceType <chr>, OtherType <chr>, YearPublication <chr>, DOI_ISBN <chr>, Addition
```

```
## # StudyDuration <chr>, StudyStart <chr>, StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, MatrixCriteriaS
```

```
## # MatrixCriteriaOntogeny <chr>, MatrixCriteriaAge <chr>, MatrixPopulation <chr>, NumberPopulations
```

```
## # Lon <dbl>, Altitude <dbl>, Country <chr>, Continent <chr>, Ecoregion <chr>, StudiedSex <chr>, Ma
```

```
## # MatrixSeasonal <chr>, MatrixTreatment <chr>, MatrixCaptivity <chr>, MatrixStartYear <chr>, Matri
```

Compadre en R

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

```
names(compadre_db)
```

```
## [1] "mat"                "MatrixID"           "SpeciesAuthor"      "SpeciesAccepted"
## [5] "CommonName"         "Kingdom"            "Phylum"           "Class"
## [9] "Order"              "Family"             "Genus"              "Species"
## [13] "Infraspecies"       "InfraspeciesType"   "OrganismType"       "DicotMonoc"
## [17] "AngioGymno"         "Authors"            "Journal"            "SourceType"
## [21] "OtherType"          "YearPublication"    "DOI_ISBN"           "AdditionalSource"
## [25] "StudyDuration"      "StudyStart"         "StudyEnd"           "ProjectionInterval"
## [29] "MatrixCriteriaSize" "MatrixCriteriaOntogeny" "MatrixCriteriaAge"   "MatrixPopulation"
## [33] "NumberPopulations" "Lat"                "Lon"                "Altitude"
## [37] "Country"            "Continent"          "Ecoregion"          "StudiedSex"
## [41] "MatrixComposite"     "MatrixSeasonal"      "MatrixTreatment"     "MatrixCaptivity"
## [45] "MatrixStartYear"     "MatrixStartSeason"   "MatrixStartMonth"    "MatrixEndYear"
## [49] "MatrixEndSeason"     "MatrixEndMonth"      "CensusType"          "MatrixSplit"
## [53] "MatrixFec"           "Observations"        "MatrixDimension"     "SurvivalIssue"
## [57] "_Database"           "_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
```

[illegible]

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" "Primula vulgaris"  
## [7] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [13] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [19] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [25] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [31] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [37] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"  
## [43] "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris" "Primula vulgaris"
```

```
compadre_primula_spain$Country
```

```
## [1] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"  
## [21] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"  
## [41] "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP" "ESP"
```

```
# Para ver toda la información
```

```
View(compadre_primula_spain@data)
```

Compadre en R

```
# Extraer matrices -----  
# Podemos sacar matrices de población  
primula_matA ← matA(compadre_primula_spain)  
  
# Para saber a que corresponden los estadíos (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')
```

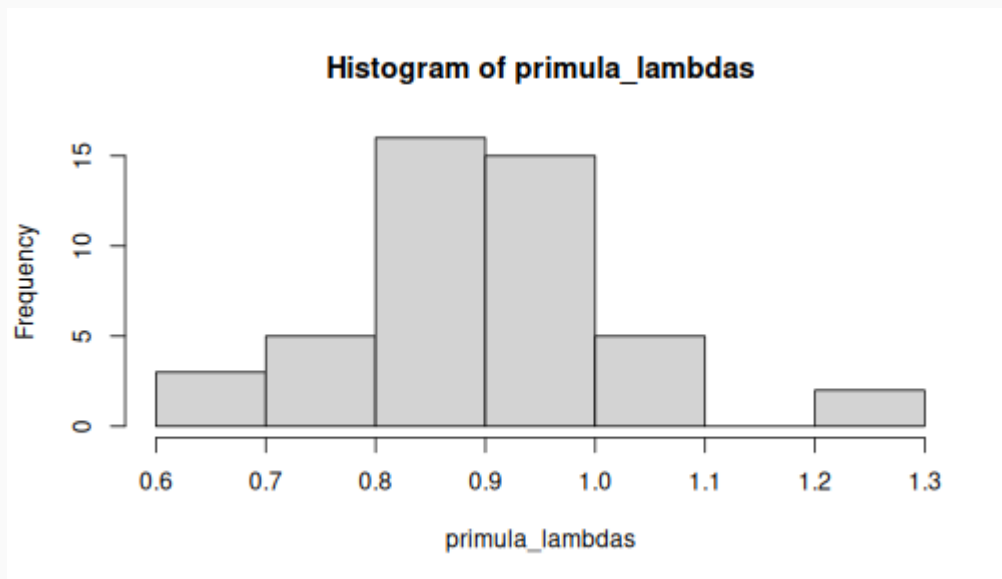
```
## [1] 0.9125684
```

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

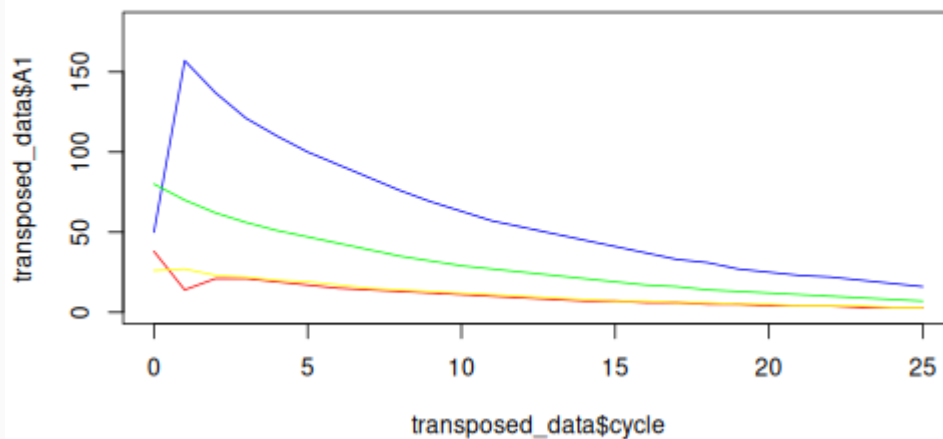
```
transposed_data$cycle <- 0:25
```

```
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')
```



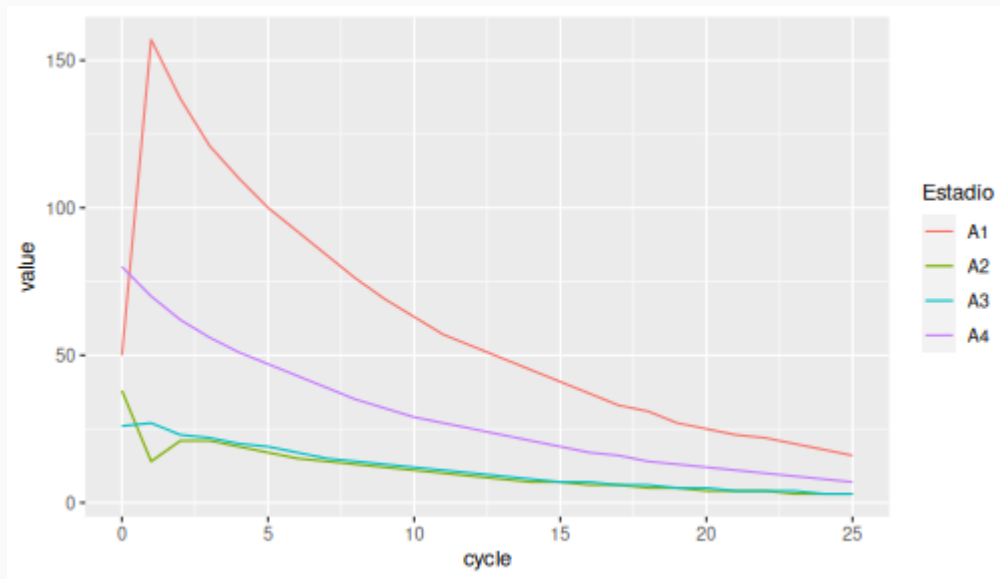
Compadre en R

```
# Otra forma
```

```
transposed_data ▷
```

```
tidyr::pivot_longer(cols = A1:A4, names_to = '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('leaflet')  
  
# Ahora cargamos los paquetes  
library(spocc)  
library(dplyr)  
library(leaflet)
```

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: 147,258, Returned: 1,000  
## Search type: Scientific  
##   gbif: Primula vulgaris (1000)
```

GBIF en R

```
# Plotear el mapa -----  
primula_gbif$gbif$data$Primula_vulgaris ▷  
  sf::st_as_sf(coords = c("longitude", "latitude"), crs = 4326) ▷  
  leaflet(  
  
    ) ▷  
    addTiles() ▷  
    addMarkers()
```

