

## Ecología de comunidades en R- clase final

Ph D.Stephanie Hereira-Pacheco  
CTBC  
UATx

22 - 03 - 2022

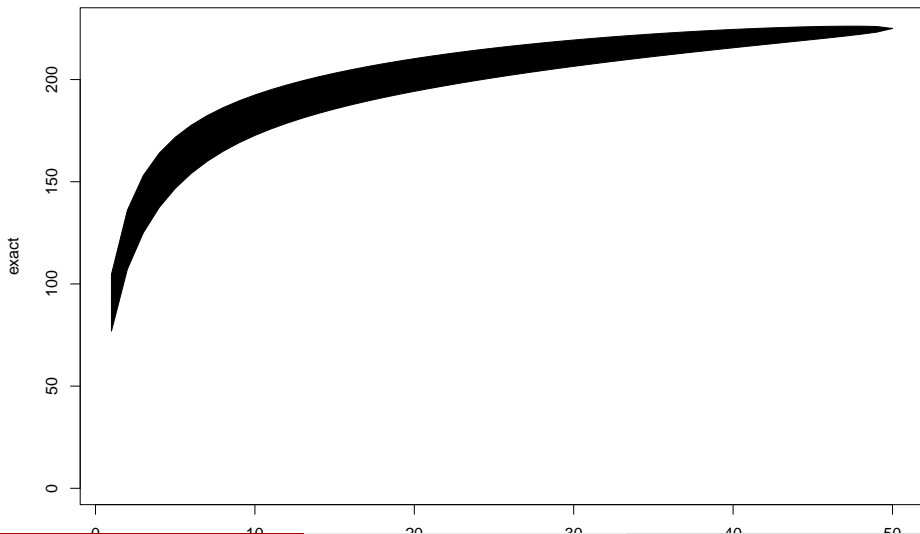
# Curvas de Acumulación de Especies

```
library(vegan)
data("BCI")
head(BCI)[1:4,1:4]
```

```
##      Abarema.macradenia Vachellia.melanoceras Acalypha.diversifolia
## 1                0                0                0
## 2                0                0                0
## 3                0                0                0
## 4                0                0                0
##      Acalypha.macrostachya
## 1                0
## 2                0
## 3                0
## 4                0
```

# Curvas de Acumulación de Especies

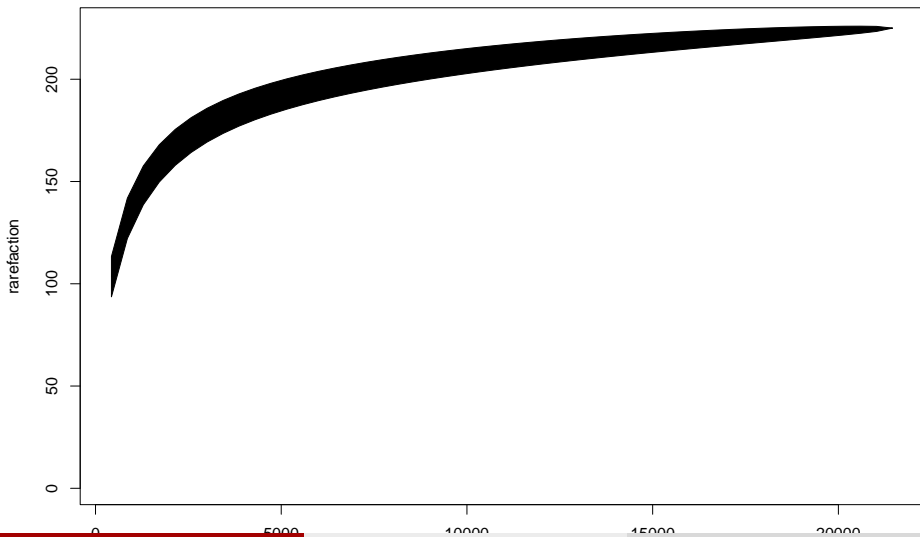
```
#por sitios  
sac <- specaccum(BCI)  
plot(sac, ci.type="polygon") #ver vegan para opciones
```



# Curvas de Acumulación de Especies

*#por individuos*

```
sac <- specaccum(BCI, method = "rarefaction")  
plot(sac, xvar = "individual", ci.type="polygon")
```



## Rarefacción

```
Srar <- rarefy(BCI, min(rowSums(BCI)))
```

```
Srar
```

```
##           1           2           3           4           5           6           7           8
## 84.33992 76.53165 79.11504 82.46571 86.90901 78.50953 76.34768 81.88136
##           9          10          11          12          13          14          15          16
## 83.26880 81.97148 81.50075 81.48412 87.18673 88.80562 83.52890 84.72147
##          17          18          19          20          21          22          23          24
## 88.43415 88.42566 97.83931 91.17334 91.20346 83.07428 99.00000 89.65971
##          25          26          27          28          29          30          31          32
## 94.54577 84.63638 91.21729 80.95759 83.49520 84.88239 71.45357 79.73316
##          33          34          35          36          37          38          39          40
## 77.77061 82.81408 61.13758 83.72634 80.99959 73.47929 77.07794 69.08328
##          41          42          43          44          45          46          47          48
## 94.57448 81.33035 79.70539 74.92263 72.17771 79.29154 91.46452 84.56954
##          49          50
## 82.22717 84.19310
## attr(,"Subsample")
## [1] 340
```

# Rarefacción

```
#para un número establecido
```

```
Srar <- rarefy(BCI, 1000)
```

```
## Warning in rarefy(BCI, 1000): requested 'sample' was larger than smallest  
## maximum (340)
```

```
Srar
```

```
##      1      2      3      4      5      6      7      8      9     10     11     12     13     14     15     16     17     18  
##  93   84   90   94  101   85   82   88   90   94   87   84   93   98   93   93   93   89  
##  21   22   23   24   25   26   27   28   29   30   31   32   33   34   35   36   37   38  
##  99   91   99   95  105   91   99   85   86   97   77   88   86   92   83   92   88   82  
##  41   42   43   44   45   46   47   48   49   50  
## 102   87   86   81   81   86  102   91   91   93  
## attr(,"Subsample")  
## [1] 1000
```

## Rango - Abundancia

Los índices de diversidad son indicadores de la distribución de la abundancia (o proporción) de las especies. Podemos visualizar esta diversidad mediante las gráficas de abundancia vs rango.

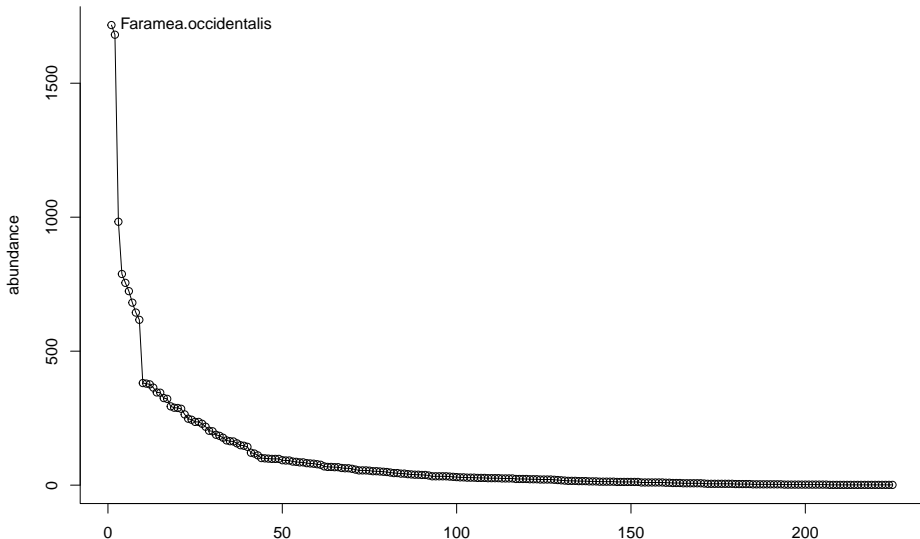
```
#install.packages("BiodiversityR")  
library(BiodiversityR)  
#usando BiodiversityR  
RkAb <- rankabundance(BCI)  
head(RkAb) #especies ordenadas según su abundancia
```

##	rank	abundance	proportion	plower	pupper	accumfreq
## Faramea.occidentalis	1	1717	8.0	6.9	9.1	8.0
## Trichilia.tuberculata	2	1681	7.8	6.8	8.9	15.8
## Alseis.blackiana	3	983	4.6	3.7	5.5	20.4
## Oenocarpus.mapora	4	788	3.7	3.1	4.2	24.1
## Poulsenia.armata	5	755	3.5	2.5	4.6	27.6
## Quararibea.asterolepis	6	724	3.4	2.9	3.9	31.0
##	logabun	rankfreq				
## Faramea.occidentalis	3.2	0.4				
## Trichilia.tuberculata	3.2	0.9				
## Alseis.blackiana	3.0	1.3				
## Oenocarpus.mapora	2.9	1.8				

## Rango - Abundancia

### #gráfica de rango-abundancia

```
rankabunplot(RkAb, scale='abundance', addit=FALSE, specnames=c(1))
```





Primero revisaremos el paquete **betapart** que introduce los conceptos y funciones para calcular diversidad beta teniendo en cuenta el recambio (turnover) y el anidamiento (nestedness) del artículo que revisamos previamente en el módulo anterior.

Para esto definiremos un set de ejemplo, y diremos que las tres primeras columnas pertenecen a un bosque no perturbado y las tres siguientes a un bosque no perturbado:

```
#install.packages("betapart")
#install.packages("vegan")
library(betapart)
comm<- data.frame(comm =1:6,
                  sp1=c(2,2,3,0,0,1), sp2=c(2,2,0,1,1,2),
                  sp3=c(1,0,1,2,3,2), sp4=c(1,0,1,0,2,0),
                  sp5=c(1,2,0,0,0,1), sp6=c(2,2,1,0,0,0),
                  sp7=c(0,0,0,1,0,1), sp8=c(1,0,1,0,1,0), row.names =

groups <- factor(c(rep(1,3), rep(2,3)),
                 labels = c("noperturbado", "perturbado"))
```

Los índices Jaccard y Sorensen no consideran la abundancia de especies ( $q=0$ ), así que convertiremos nuestra data a tipo incidencia (presencia/ausencia):

```
presabs<-ifelse(comm>0,1,0)
```

Ahora, calcularemos el índice de Jaccard y sus particiones de recambio y anidamiento. En su lugar, podemos calcular el índice de Sorensen usando el argumento `index.family="sorensen"`.

```
dist<-beta.pair(presabs, index.family="jaccard")
```

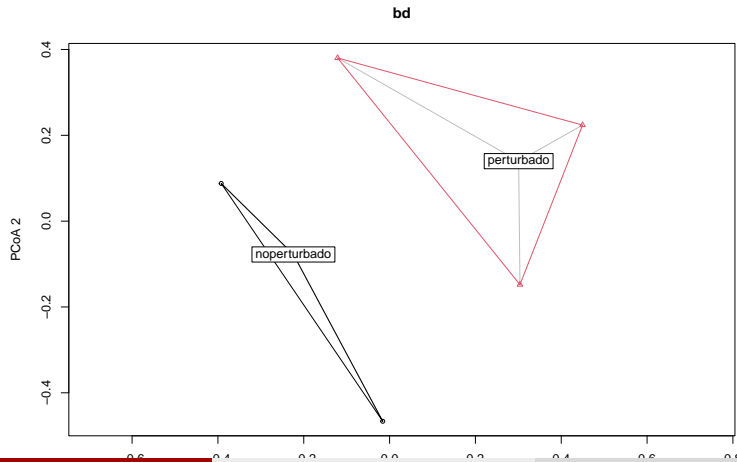
Vemos que el resultado es una lista de tres matrices:

Para obtener la partición del índice de recambio de Jaccard por pares entre comunidades, escriba: `dist[[1]]`. Para obtener la partición de anidamiento, escriba: `dist[[2]]`. Para obtener toda la diversidad beta: `dist[[3]]`.

## Betapart

Si queremos comparar las diversidades beta de las comunidades agregadas por los tratamientos de “no perturbado” y “perturbado”, podemos utilizar el análisis “betadisper” del paquete ‘vegan’:

```
bd<-betadisper(dist[[3]],groups)  
plot(bd)
```



El gráfico de dispersión beta indica que hay una diferencia en la composición de especies de los fragmentos de bosque perturbado y no perturbado. Con estas matrices de distancia luego también podemos aplicar las diversidad técnicas multivariadas que vimos en el capítulo pasado como perMANOVA, cluster y los diferentes métodos de ordenación para corroborar estas diferencias en composición.

Si queremos obtener estos mismos resultados pero para todos los sitios, entonces usamos la función **beta.multi()**:

```
dist.multi<-beta.multi(presabs, index.family ="jaccard" )
```

Como vimos anteriormente con el paquete hillR además de diversidad alpha podemos obtener diversidad beta esto en el marco de los números de Hill.

Utilizando la data de la vez pasada:

```
library(hillR)
set.seed(123)
dummy_data <- FD::dummy
comunidades <- dummy_data$abun
funciones <- dummy_data$trait
arbol <- ape::rtree(n = ncol(comunidades),
                   tip.label = paste0("sp", 1:ncol(comunidades)))
```



Ahora, utilizando la función **hill\_taxa\_parti()** nos da varios valores:

```
beta_q0<-hill_taxa_parti_pairwise(comunidades, q = 0, show_warning = FALSE,  
                                   pairs = "full")
```

El output viene dado por los valores de:

beta: dependiendo de la  $q$  1- valor( $q=0$  Jaccard/Sorensen,  $q=1$  Horn y  $q=2$  Morisita-Horn).

local\_similarity : traslape de especies similar a Sorensen ( $q=0$ )

region\_similarity: traslape de especies similar a Jaccard ( $q=0$ )

Ahora, si quisieramos tener las matrices como en el caso del paquete anterior sólo ponemos el argumento 'output=matrix':

```
beta_q0_mat<-hill_taxa_parti_pairwise(comunidades, q = 0, show_warning = FALSE,  
                                       .progress = FALSE, output = "matrix",
```

Hay otros paquetes que podemos explorar que calculan índices similares, tales como:

**adespacial (beta.div.comp)** : <https://github.com/sdray/adespatial>

**hilldiv**: <https://github.com/sdray/adespatial>

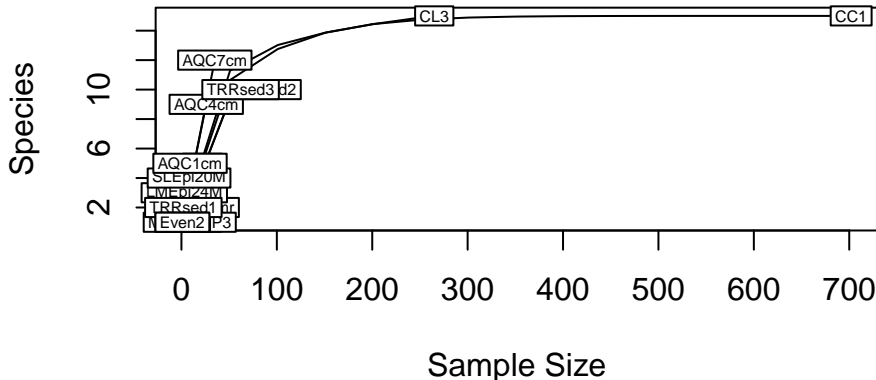
**MetagenomeDiversity.R** : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1755-0998.12923>

## Phyloseq

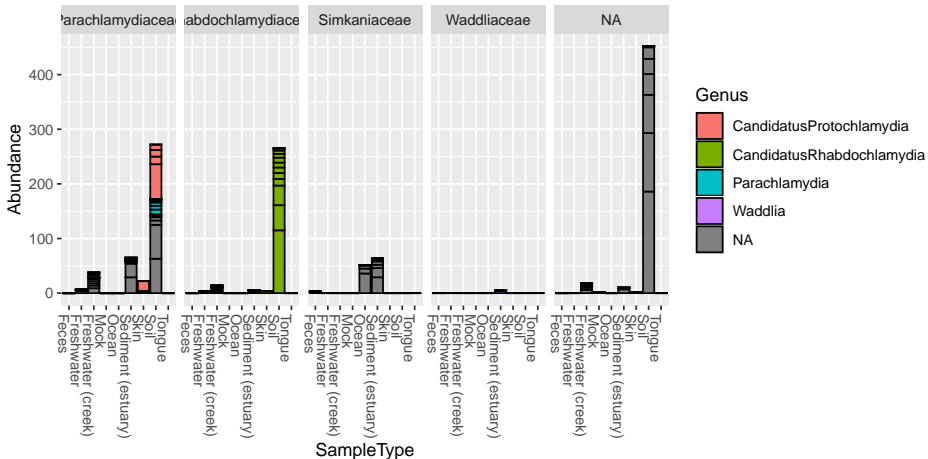
```
library(tidyverse)
library(phyloseq)
data("GlobalPatterns")
gp.ch = subset_taxa(GlobalPatterns, Phylum == "Chlamydiae")
```

Hagamos una curva de especies vs tamaño de muestra:

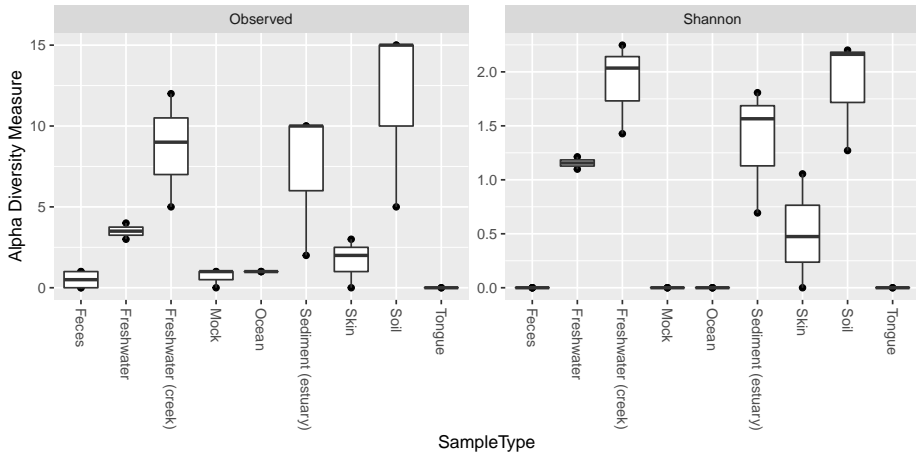
```
rarecurve(t(otu_table(gp.ch)), step=50, cex=0.5)
```



```
plot_bar(gp.ch, "SampleType", fill="Genus", facet_grid=~Family)
```



```
plot_richness(gp.ch, x="SampleType", measures=c("Observed", "Shannon")) +  
  geom_boxplot()
```



# Phyloseq

```
library(tidyverse)
wunifrac_dist = phyloseq::distance(gp.ch, method="unifrac", weighted=F) %>%
  replace_na(0)
ordination = ordinate(gp.ch, method="PCoA", distance=wunifrac_dist)
plot_ordination(gp.ch, ordination, color="SampleType") +
  theme(aspect.ratio=1)
```

