

Viabilidad Poblacional

2023-07-06

Contents

1 VII Andean Orchid Conference, Cusco, Perú, 24-26 Noviembre 2023	9
1.1 <i>Impartido por:</i>	9
1.2 Duración del taller:	10
1.3 Certificación A nombre de la	10
1.4 Costo del taller Estudiantes:	10
1.5 Cupo: 25 personas	10
1.6 Introducción	10
1.7 Objetivo general:	11
1.8 Objetivos específicos:	11
1.9 Introducción	11
1.10 Materiales necesarios:	14
1.11 Bibliografía	14
2 ¿Qué es el análisis de dinámica poblacional?	17
2.1 ¿Qué es el estudio de la dinámica poblacional?	18
2.2 Definición	18
2.3 El análisis de Dinámica Poblacional y su uso	19
2.4 Historia de dinámica poblacional en orquídeas.	23
2.5 Referencias	23

3 Qué es un diagrama de Ciclo de Vida	25
3.1 Ejemplos de ciclos de Vida	25
3.2 Ejemplos de un ciclo de vida sencillo	25
3.3 Ejemplo de un ciclo de vida con 3 estadios	25
3.4 Ejemplo de un cicle de vida con estadio de latencia	27
3.5 Code for color coding figure	28
3.6 Ejemplo de un cicle de vida con estadio de post reproducción . .	29
3.7 Ejemplo de un cicle de vida incompleto (y biologicamente erroneos)	29
3.8 Referencias	29
4 Como recopilar datos en el campo	31
4.1 Identificar la especie de estudio	31
4.2 Marcar los individuos en el campo	32
4.3 Variables a recoger en el campo	35
4.4 Referencias	36
5 Como calcular transiciones para la matriz de Lefkovitch	37
5.1 Por: Ernesto Mujica y Elaine Gonzalez	37
5.2 Métodos tradicional de calcular las transiciones	37
5.3 Problema con el uso tradicional	37
5.4 Referencias	37
6 Como calcular fecundidad	39
6.1 Por: Demetria: equipo ECOSUR	39
6.2 Métodos tradicional de calcular las transiciones	39
6.3 Problema con el uso tradicional	39
6.4 Referencias	39
7 Matrices de transicion, fecundidad y clonal	41
7.1 Por:??	41
7.2 Métodos tradicional de calcular las transiciones	41
7.3 Problema con el uso tradicional	41
7.4 Referencias	41

CONTENTS	5
8 Método bayesiano de calcular las transiciones	43
8.1 El paquete “raretrans”	45
8.2 Instalación de los paquetes #1	46
8.3 Instalación de raretrans #2	46
8.4 Parte I: Obtención de la matriz de proyección	47
8.5 Paso 1: Cargar y fusionar los datos de población única para <i>L. elto</i>	47
8.6 Organización de los datos en el “data.frame”	48
8.7 Nota:	49
8.8 Paso 2: Obtener el número inicial de individuos por etapa	50
8.9 Parte 2: Uso de priors para incorporar transiciones raras	51
8.10 El crecimiento poblacional	54
8.11 Añadiendo realidad a los análisis	55
8.12 Part 3: Obtain Credible Intervals	56
8.13 Intervalos creíbles de λ	58
8.14 Detemrinar si el λ es significativamente diferente de 1	59
9 Crecimiento Poblacional	61
9.1 Introducción al crecimiento poblacional	61
9.2 Métodos	61
10 Elasticidad	63
10.1 Por: Ernesto Mujica y Elaine Gonzalez	63
10.2 Qué es la Elasticidad	63
10.3 Como se interpreta la eslasticidad	63
10.4 Como se calcula la eslasticidad	63
10.5 Limitaciones	63
10.6 Referencias	63
11 Dinámica de transiciones	65
11.1 Definiciones de DT	65
11.2 Cual es la ventaja de la DT	65
11.3 Como se calcula	65

11.4 Paquete de R para calcular la DT	65
11.5 Limitaciones	65
11.6 Referencias	65
11.7	65
12 Metodos de Simulaciones	67
12.1 Introducciones a métodos de simulaciones	67
12.2 Ventaja de usar simulaciones	67
12.3 Ejemplo Simple de simulaciones	67
13 Elasticidad no lineal	69
13.1 Por : ???	69
13.2 Transfer function	69
13.3 Valor biológico	69
13.4 Métodos de calculo	69
13.5 Paquete de R para calcular le eslaticidad no lineal	69
13.6 Referencias	69
14 COMADRE	71
14.1 How many unique studies?	74
15 LTRE	91
15.1 Introducción a LTRE	91
15.2 Métodos	91
16 Metodos de Simulaciones	93
16.1 Introducciones a métodos de simulaciones	93
16.2 Ventaja de usar simulaciones	93
16.3 Ejemplo Simple de simulaciones	93
17 El uso de matrices para estudios evolutivos	95
17.1	95

CONTENTS	7
18 PPM_Orquidea sinopsis historico	97
18.1 Por: Raymond y todos	97
19 Compadre_Orchid PPM y su uso	99
19.1 Raymond y Roberto	99
19.2 Load data from COMPADRE	99
19.3 Lista de especies de orquídeas en la base de datos de COPADRE	100
19.4 How many unique studies?	101
20 Traducción del artículo Protocolo de información	117
21 Dinámica espacial y temporal de Encyclia bocourtii después de 15 años en la Península de Guanahacabibes, Cuba	119
22 Nhora	121
23 Impactos de datos sin sentido sobre los análisis	123
24 Hojas de datos en el campo	125
25 Nombre del capítulo.	129
25.1 A section	129
25.2 Otra sección	129
25.3 NOTE the size of font changes with the number #	130
26 Cross-references	131
26.1 Chapters and sub-chapters	131
26.2 Captioned figures and tables	131
(Appendix) List of epiphytic species	135
(Appendix) List of terrestrial species	137
27 Footnotes and citations	139
27.1 Footnotes	139
27.2 Citations	139
27.3 Links to websites	140

28 Blocks	141
28.1 Equations	141
28.2 Theorems and proofs	141
28.3 Callout blocks	142
29 Sharing your book	143
29.1 Publishing	143
29.2 404 pages	143
29.3 Metadata for sharing	143

Chapter 1

VII Andean Orchid Conference, Cusco, Perú, 24-26 Noviembre 2023

Lugar: Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Perú Fecha del taller: 24-26 Noviembre 2023

1.1 *Impartido por:*

Dr. Raymond L. Tremblay:

Universidad de Puerto Rico Presidente de Analítica Fundación, Inc

e-mail:

- raymond.tremblay@upr.edu
- tremblayanaliticafun@gmail.com

Dra. Nhora Helena Ospina-Calderón:

Pontificia Universidad Javeriana Seccional Cali Profesora-investigadora

e-mail:

- nhospina@javerianacali.edu.co

1.2 Duración del taller:

Tres días con 26 horas totales de Taller-teórico práctico con una experiencia de recolección de datos en el campo (8 horas) y dos días de taller-teórico práctico y análisis datos (14 horas). Instrucción en español.

1.3 Certificación A nombre de la

- Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC)
- ANALITICA Fundación Inc. (Puerto Rico)

1.4 Costo del taller Estudiantes:

S/. xxx.00 nuevos soles (\$ 100.00 dol.) locales.

Profesionales: S/. xxx.00 nuevos soles (\$200.00 dol.) Estudiantes internacional y profesionales

1.5 Cupo: 25 personas

1.6 Introducción

Este taller teórico-práctico se ofrece a los estudiantes interesados en orquídeas y a las personas interesadas en la conservación de plantas. Los métodos se enfocarán en el uso de las matrices de Lefkovitch para construir modelos de historia de vida que sirven a su vez para evaluar si una población de una especie es estable, está creciendo o se está reduciendo. Para evaluar el crecimiento de las poblaciones se utiliza el método de marcar y recapturar (monitorear) individuos en el campo, dicho método se aplicará para hacer Matrices de Proyección de Poblaciones (MPP). Se dará énfasis en el manejo para el almacenamiento y sistematización de datos. Los datos recolectados en el campo serán utilizados para construir una base de datos que almacene las evidencias recogidas en el campo y funcione como insumo para calcular las matrices de transiciones. Posterior a la construcción de matrices de transición se analizará las tasas de crecimiento (crecimiento poblacional intrínseco), estimando los errores y los intervalos de confianza con distribución beta para cada una de las transiciones. También se llevará a cabo análisis de elasticidad y la proyección del tamaño de la población. Todos los análisis serán preparados y llevados a cabo en R, Rstudio y RMarkdown (todos programas de distribución libre).

1.7 Objetivo general:

Introducir las bases teóricas y prácticas para la recolección de datos de campo que permiten determinar la probabilidad de extinción de una población.

1.8 Objetivos específicos:

- Conocer las bases teóricas y los métodos modernos de recolección de datos en el campo para determinar la probabilidad de extinción de una población.
- Conocer los datos básicos y su correcta manipulación para determinar la viabilidad de una población.
- Manipular correctamente los archivos electrónicos de datos de campo para proponer la estructura de la población y su posterior depuración para análisis sobre diferentes formatos.
- Aprender nociones básicas de Excel, R y RStudio para editar y analizar conjuntos de datos para el uso con análisis de MPP.
- Construir un gráfico de ciclo de vida para la especie estudiada.
- Construir modelos demográficos que permitan predecir la dinámica poblacional en el tiempo y generar insumos importantes para el manejo y la conservación
- Estimar los intervalos de confianza de los parámetros del ciclo de vida de la población.
- Utilizar la información y análisis demográfico para el diagnóstico y predicciones de la viabilidad de las poblaciones.
- Modelar el tamaño poblacional de la población de estudio para determinar su posible riesgo de extinción

1.9 Introducción

23 noviembre- Llegada a Cusco

- 8:00 pm- 9:15pm
 - Introducción al taller y Presentación de conceptos básicos (Capítulo 2; Tremblay)

12CHAPTER 1. VII ANDEAN ORCHID CONFERENCE, CUSCO, PERÚ, 24-26 NOVIEMBRE 2023

- Diagrama del ciclo de vida (Capítulo 3; Ospina)

24 noviembre: Viaje de campo

- Salida 6:00 am - Llegada 8:15 am.
 - Llegada al sitio de muestreo campo
- 8:30am- 5:00pm.
 - - Determinación de la especie a estudiar (Ospina y Tremblay)
 - - Métodos de recolección de datos - Recolección de datos (Capítulo 4 y 22; Ospina y Tremblay)

25 noviembre:

8:30 pm-10:30 pm

- - Teoría:
 - Proponer un ciclo de vida (Capítulo 3)
 - Quien se reproduce y como calcular la fecundidad (Capítulo 6)
 - Como se ama la matriz (3×3) y ejercicio (Capítulo 5)
 - * Subir la matriz a mano
 - Multiplicación del vector (N en el tiempo t) con la matriz = N_{t+1}

10:30am – 12:00pm

- - Introducción a la teoría de MPP
 - crecimiento asimptótico (Capítulo 9)
 - elasticidad (Capítulo 10)
 - estructura estable (Capítulo Nuevo)
 - valor reproductivo (Capítulo Nuevo)

Almuerzo 12:00- 1:00pm

1:00pm - 2:30 pm

- - Organización de los datos en Excel/Numbers/Sheet, estructura de la población (Capítulo 4 y 22; Ospina y Tremblay)

2:30pm – 5:30pm

- Introducción a R, RStudio y RMarkdown y paquetes de análisis. (Tremblay)
- Subir los datos a RStudio, análisis preliminar de los datos usando **popdemo** y **raretrans** (Ospina y Tremblay)
 - Métodos para calcular contruir la matriz (Capítulo 8, Tremblay)
 - Incluir la fecundidad (Capítulo 6)
 - Matriz bayesiana a priori (Capítulo 8, Tremblay)
 - Calcular los indices de **Oquidea cuscanensis**
 - * crecimiento asintótico (Capítulo 9)
 - * elasticidad (Capítulo 10)
 - * estructura estable (Capítulo Nuevo)
 - * valor reproductivo (Capítulo Nuevo)

26 noviembre:

8:30 pm-10:30 pm

- - Descripción histórica del uso y aplicaciones de MPP (Capítulo 2, 16: Tremblay)

10:30am – 12:00pm

- Dinamica transitoria/ *transfer function* (Capítulo 12; Ospina)
- Dinámica, análisis de viabilidad poblacional: el futuro de la especie (Capítulo 9: Tremblay)

Almuerzo 12:00- 1:00pm

1:00pm – 4:30pm

- Estudio de casos
 - *Caladenia xxx. Terrestre con latencia*
 - *Dracula chimaera*. Epífita y Terrestre
 - *Dendrophylax lindenii*. Epífita áfila
 -

4:30pm – 5:30pm

- Presentaciones de trabajo

1.10 Materiales necesarios:

1. Computadora portátil (Mac o PC) con Excel, R y Rstudio
 - Los participantes pueden trabajar en parejas en caso de que sea difícil conseguir una computadora portátil.
 - Es necesario acudir a las sesiones teóricas con los programas y paquetes previamente instalados, se enviará instrucciones y brindará oportuna asesoría.

1.11 Bibliografía

Gascoigne Samuel J. L., Simon Rolph, Daisy Sankey, Nagalakshmi Nidadavolu, Adrian S. Stell Pičman, Christina M. Hernández, Matthew Philpott, Aiyla Salam, Connor Bernard, Erola Fenollosa, Jessie McLean, Shathuki Hetti Achchige Perera, Oliver G. Spacey, Maja Kajin, Anna C. Vinton, C. Ruth Archer, Jean H. Burns, Danielle L. Buss, Hal Caswell, Judy P. Che-Castaldo, Dylan Z. Childs, Pol Capdevila, Aldo Compagnoni, Elizabeth Crone, Thomas H. G. Ezard, Dave Hodgson, Owen Jones, Eelke Jongejans Jenni McDonald, Brigitte Tenhumberg, Chelsea C. Thomas, Andrew J. Tyre, Satu Ramula, Iain Stott, Raymond L. Tremblay, Phil Wilson, James W. Vaupel, and Roberto Salguero-Gómez.. 2023. **A standard protocol to report discrete stage-structured demographic information.** Submitted to Methods in Ecology and Evolution. In press.

Stott, I., Hodgson, D. J., & Townley, S. (2012). **Beyond sensitivity: nonlinear perturbation analysis of transient dynamics.** Methods in Ecology and Evolution. 3(4), 673-684. doi: 10.1111/j.2041-210X.2012.00199.x

Stott, I., Hodgson, D. J., & Townley, S. (2012b). **Popdemo: An R package for population demography using projection matrix analysis.** Methods in Ecology and Evolution, 3(5), 797-802. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00222.x>

Stott, I., Townley, S., & Hodgson, D. J. (2011). **A framework for studying transient dynamics of population projection matrix models.** Ecology Letters, 14(9), 959-970. doi: 10.1111/j.1461-0248.2011.01659.x

Tremblay, R. L., & Hutchings, M. J. (2002). **Population dynamics in orchid conservation: a review of analytical methods based on the rare species Lepanthes eltoroensis.** Orchid conservation. Kota Kinabalu: Natural History Publications (Borneo), 183-204.

Tremblay, R. L., Raventos, J., & Ackerman, J. D. (2015). **When stable-stage equilibrium is unlikely: integrating transient population dynamics**

improves asymptotic methods. Annals of Botany, 116(3), 381-390. doi: 10.1093/aob/mcv031

Tremblay, R. L., Tyre, A. J., Pérez, M. E., & Ackerman, J. D. (2021). **Population projections from holey matrices: Using prior information to estimate rare transition events.** Ecological Modelling, 447, 109526. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2021.109526>.

Que conocemos de estas especies?

Especies reportadas de trabajo

- *Cyrtochilum cimiciferum* (Rchb.f.) Dalström (Tiene una gran poblacion)
- *Cyrtochilum myanthum* (Lindl.) Kraenzl.1917
- *Epidendrum chalmersii* Hágsater & Ric. Fernández 2013 (endémico de la región Cusco)
- *Epidendrum syringothyrsus* Rchb.f. ex Hook.f. 1875
- *Pleurothallis casapensis* Lindl. 1842
- *Habenaria* sp.
- *Cyclopogon* sp.

Chapter 2

¿Qué es el análisis de dinámica poblacional?

Por: Por RLT, Nhora Ospina, Demetria y Anne

El objetivo de la conservación biológica es asegurar que las especies pueden sobrevivir, reproducirse y dejar progenie viable para de una generación a otra. Por consecuencia se necesita que las variables intrínsecas y extrínsecas, bióticas y abióticas de cada especie estén consideradas con todas sus interacciones. Naturalmente aunque el concepto es sencillo, tomar en cuenta TODAS las posibles interacciones biológicas y abióticas es imposible.

El primer paso a la conservación es considerar el ambiente adecuado para cada especie. Sin duda en los últimos 50 años en muchos países ha habido un cambio grande en el repesado y la conservación de bosque, pradera, desierto y todos los biomas en general. Por ejemplo el cambio de cobertura de bosque en Puerto Rico ha aumentado de circa de 2-5% en los años 1910 a más 40% en el 2000 [Parés-Ramos et al., 2008]. En general en Latino América ha habido más reforestación de deforestación [Aide et al., 2013] en los últimos años, aunque varía mucho entre países y periodo de tiempo. Para la conservación el primer paso era reconocer que los hábitat necesitan ser protegidos.

Muchos de estos nuevos hábitat son bosque secundarios, fragmentados y dominados por especies introducidas. Estos hábitat por consecuencia son mayormente diferentes al ambiente natural antes de los cambios antropogénicos. El resultado, en muchas ocasiones, es que las especies de interés están reducidas en números de individuos o fragmentados. Considerando esos remanentes de individuos en el hábitat, son suficiente para mantener una población viable? ¿Cómo que uno decide que una población es viable?

En general, el concepto de conservación es que si uno protege los hábitat las especies estarán conservadas. Pero lo que no es obvio es que la presencia de muchos individuos no es suficiente para asegurar la supervivencia de una especie

a largo tiempo. Un ejemplo bien conocida es la extinción del Dodo en la isla de Mauritius y la casi extinción de una especies de arbol en la familia Sapotaceae, *Calvaria major*. Para que la semillas sean viable necesitan pasar por el tracto digestivo de un pajaro para remover el encocarpo persistente de la semilla que causa “dormancy” en las semillas [Temple, 1977]. Por consecuencia nunca se puede asumir que la presencia de una especies sin tomar en cuenta las interacciones bióticas y abióticas es suficiente para sugerir que no hay riesgo de extinción.

2.1 ¿Qué es el estudio de la dinamica poblacional?

La dinámica poblacional tiene como meta tomar en cuenta todas las etapas/edades de una especies y evaluar cual de esas etapas/edades tiene impacto sobre la supervivencia de la especies. Esas etapas de vida debería considerar las interacciones con sus ambiente biótico y abiótico. La dinamica de población es fundamental en todas las areas de la ecología y evolución. Comprender la dinamica poblacional es la clave para entender la importancia relativa al acceso de los recursos y el efecto de competencia, herbivoria y depredaciones sobre la viabilidad de especies. Tradicionalmente los estudios estaban enfocado a evaluar la tabla de vida para el manejo y conservaciones de especies particulares (ref). En años más recientes los estudios se han diversificado para evaluar la interacciones entre especies y su ambiente (ref).

2.2 Definición

Una definición más específica de los estudios de dinámica poblacional son definidos como los análisis de los factores que afecten el crecimiento, estabilidad y reducción en el tamaño de la población en una serie de tiempo.

Por ejemplo, la dinamica poblacional de especies invasivas incluye un periodo de crecimiento muy lento al comienzo de la colonización de un nuevo sitio y frecuentemente seguido de un crecimiento logarithmico. La figura 2.1. demuestra el cambio de número de individuos en el tiempo de una especie hipotética.

```
ggplot(pressure, aes(temperature, pressure))+
  geom_point()+
  rlt_theme+
  xlab("Tiempo")+
  ylab("Tamaño poblacional")
```

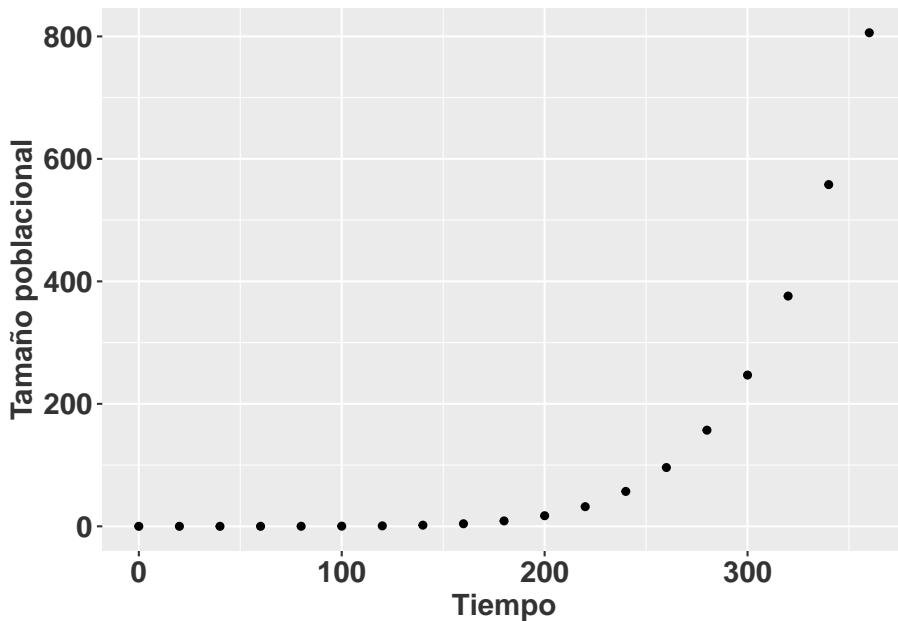


Figure 2.1: Cambio poblacional en tiempo

2.3 El análisis de Dinámica Poblacional y su uso

Determinar el tamaño poblacional en el futuro tiene muchos usos. Se puede dividir sus usos en tres grupos grandes, entender las **1**) interacciones ecológicas, **2**) manejo y conservación o **3**) los procesos evolutivos. Los estudios enfocados a la conservación se engloban dentro de un acercamiento de la viabilidad de poblaciones. En este libro estaremos dando una introducción a cada uno de estas vertientes, pero nuestros ejemplos son una introducción al tema y no una profundización extensa de cada uno. En la tabla 2.3.1 vemos algunos de los usos específicos que se ha dado con la metodología de PPM.

2.3.1 Tabla: El uso potencial de la diferentes acercamiento de PPM.

NOTA IMPORTANTE: *Evaluuar las referencias y añadir referencias tradicionales y recientes*

20CHAPTER 2. ¿QUÉ ES EL ANALISIS DE DINAMICA POBLACIONAL?

Categoría de Uso	Uso específico	Referencias	Referencias con Oquideas
Manejo	Identificar las etapas or procesos demograficos claves	[Crouse et al., 1987]	?
	Determinar cuantos individuos en una población es necesario para reducir la extinción	Shaffer 1981 Armbruster & Lande 1993	?
	Determinar cuantos individuos se necesita introducir en una sitio para establecer una población viable	Bustamante 1996	?
	Determinar cuantos individuos se puede extraer si tener un impacto negativo sobre la viabilidad de una población	Nantel et al. 1996	?
	En especies invasivas determinar cuantos y cual etapas se necesita remover para controlar la población	?	?
	Determinar cuantas poblaciones se necesita para la viabilidad de una especie al nivel local o global	Lindenmayer & Possingham 1996	
Evaluación de riesgos	Evaluar el riesgo de una población	Samson 1985	muchos

Categoría de Uso	Uso específico	Referencias	Referencias con Oquideas
	Comparando el riesgo relativo de dos o más poblaciones	Allendrof et al. 1997	?
Interacciones ecológicas	Evaluar interacciones ecológicas para entender las variables importantes para la supervivencia de una población	?	Ospina et al., 2022
Procesos y patrones evolutivos	Cual de los procesos y patrones evolutivos del ciclo de vida de especies impacta su crecimiento	?	?

2.3.2 USO 1: Identificar las etapas or procesos demográficos claves

Identificar y conocer cuales son las etapas de vida más susceptibles a cambios abioticos y bioticos y su impacto sobre la persistencia de una población es necesario para el manejo. El ejemplo clásico en la literatura usando PPM son los trabajos sobre la dinámica poblacional de la tortuga “boba” o “cabezona” *Caretta caretta* [Crouse et al., 1987], [Crowder et al., 1994]. Crouse y Crowder demostraron que aun salvando TODOS los huevos de depredación, esa estrategia de manejo antropogenico iba a tener muy poco impacto en el crecimiento de la población. Lo que econtraron es que el impacto más grande sobre el crecimiento poblacional provendría de proteger los adultos de las redes de pesca, modificando estas para que las tortugas se pueden escapar y no ahogarse en las redes. Los trabajos de Crouse y Crowder fueron pioneros en demostrar que uno podía simular diferentes escenarios basado en la historia de vida y evaluar su impacto.

Ejemplo de orquidea AQUI

22CHAPTER 2. ¿QUÉ ES EL ANALISIS DE DINAMICA POBLACIONAL?

2.3.3 USO 2: Determinar cuantos individuos en una población es necesario para reducir la extinción

El efecto de tamaño poblacional sobre la biología y la probabilidad de extinción es amplia [Shaffer and Samson, 1985], [Nunney and Campbell, 1993], [Harris et al., 2022]. ¿Cuál es la probabilidad de extinción de una población considerando la cantidad de individuos en cada etapa? En general lo que se observa es que menor el tamaño poblacional, N , mayor es el riesgo de extinción. Esta probabilidad de extinción puede variar si algunas etapas del ciclo de vida tiene es muy reducido o su probabilidad de sobrevivir o crecer varía. Consideramos por ejemplo en las orquídeas donde la probabilidad de que las semillas se establece, germina y crezca a ser un juvenil es muy pequeña. Por consecuencia una nueva población de orquídea necesita considerar la cantidad de individuos que este presente pero también la probabilidad de tener semillas y que estas pueden crecer a ser adultos reproducibles.

2.3.4 USO 3: Determinar cuantos individuos se necesita introducir en una sitio para establecer una población viable

Naturalmente, más cantidad de individuos re-introducidos en un sitio mayor será la probabilidad que la población sea viable. Pero, como todo hay un límite de tiempo y esfuerzo disponible. Por consecuencia la pregunta debería ser orientado a determinar cuál es el mínimo de individuos que se debería introducir para garantizar un x porcentaje de suceso en el establecimiento de una nueva población.

En los últimos años, muchas organizaciones y científicos han comenzado a hacer re-introducción de especies en su hábitat nativo y no. (ref). Algunos programas introducen especies en áreas urbanas.

- Caladenia
- Korea
- one million orchids project
- ????

2.3.5 USO 4: Determinar cuantos individuos se puede extraer sin tener un impacto negativo sobre la viabilidad de una población

Hay tres razones principales para la extracción de individuos de su ambiente natural.

1. Obtener individuos para la conservación *Ex Situ*.

2. Usar un grupo de individuos para su propagación.
3. Extracción para la venta sin objetivo de conservación.

El supuesto de colectores de orquídea de su hábitat naturales, tanto para la conservación de *Ex situ* y el uso para la propagación es que el impacto es mínimo, y no tendrá impacto a largo plazo para la supervivencia. Regresaremos sobre este punto más tarde. La historia de fanatismo de recolección de orquídeas para la venta es bien conocida ref(). Aun que uno quisiera pensar que estas extracciones son del pasado y no ocurren hoy en día, hay todavía escrupulos que extraen las plantas sin pensar al impacto que tendrá sobre la población o especie.

Pero la pregunta se tiene que hacer. Cuantos individuos y de que etapas se puede extraer de la población sin tener impacto en el crecimiento poblacional?

2.3.6 USO 5: En especies invasivas determinar cuantos y cual etapas se necesita remover para controlar la población.

2.3.7 USO 6: Evaluar el riesgo de una población

2.3.8 USO 7: Determinar cuantas poblaciones se necesita para la viabilidad de una especie al nivel local o global

Dinámica de metapoblaciones.

2.3.9 USO 8: Comparando el riesgo relativo de dos o más poblaciones

2.3.10 USO 9: Evaluar interacciones ecológicas para entender las variables importantes para la supervivencia de una población

2.3.11 USO 10: Cual de los procesos y patrones evolutivos del ciclo de vida de especies impacta su crecimiento

2.4 Historia de dinámica poblacional en orquídeas.

2.5 Referencias

24CHAPTER 2. ¿QUÉ ES EL ANALISIS DE DINAMICA POBLACIONAL?

Chapter 3

Qué es un diagrama de Ciclo de Vida

Por: Nhora Ospina

3.1 Ejemplos de ciclos de Vida

Escribo algo

3.2 Ejemplos de un ciclo de vida sencillo

Tengo mucho texto que ampliar

3.3 Ejemplo de un ciclo de vida con 3 estadios

```
library(Rage)
```

Los colores no son necesarios

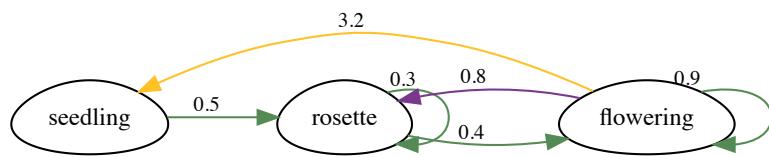
```
# hidden code to produce figures
library(DiagrammeR)
matA <- rbind(
  c(0.0, 0.0, 3.2),
  c(0.5, 0.3, 0.8),
```

```

    c(0.0, 0.4, 0.9)
)
stages <- c("seedling", "rosette", "flowering")
title <- NULL
graph <- expand.grid(to = stages, from = stages)
graph$trans <- round(c(mata), 3)
graph <- graph[graph$trans > 0, ]
nodes <- paste(paste0("", stages, ""), collapse = "; ")
graph$min_len <- (as.numeric(graph$to) - as.numeric(graph$from)) * 3
graph$col <- c(
  "PaleGreen4", "PaleGreen4", "PaleGreen4", "Goldenrod1",
  "MediumOrchid4", "PaleGreen4"
)
edges <- paste0("", graph$from, "", " -> ", "", graph$to, "",
  "[minlen=", graph$min_len,
  ",fontsize=", 10,
  ",color=", graph$col,
  ", xlabel=", paste("\\"", graph$trans),
  "\"]\n",
  collapse = ""
)
grViz(
  paste(
    "
digraph {
  "
    graph[overlap=false];
    rank=same;
    node [shape=", egg", "", fontsize=", 12, "];
    nodes, "
  },
    "ordering=out
  x [style=invis]
  x -> {" , nodes, "} [style=invis]", edges,
    "labelloc=\\"t\\";
    label=\\"", title, "\\"
  }
  )
)

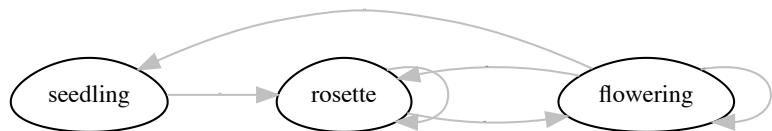
```

PhantomJS not found. You can install it with webshot::install_phantomjs(). If it is



3.4 Ejemplo de un cicle de vida con estadio de latencia

```
plot_life_cycle(matA, stages=stages, fontsize = 0)
```



3.5 Code for color coding figure

<http://rich-iannone.github.io/DiagrammeR/>

*3.6. EJEMPLO DE UN CICLE DE VIDA CON ESTADIO DE POST REPRODUCCIÓN*29

3.6 Ejemplo de un cicle de vida con estadio de post reproducción

3.7 Ejemplo de un cicle de vida incompleto (y biológicamente erroneos)

3.8 Referencias

Chapter 4

Como recopilar datos en el campo

Por: Raymond L. Tremblay

4.1 Identificar la especie de estudio

Para cualquier estudio usando el acercamiento de dinámica poblacional es necesario conocer lo básico de la especie de interés y las etapas/edades que corresponde al ciclo de vida de esa misma. Poder reconocer las semillas, plántulas, juveniles y adultos. Algunos retos en el estudio de las orquídeas es el seguimiento de las semillas y plántulas en el campo. La dispersión de las semillas en espacio ha sido estudiado muy poco (Sabat. et al.) debido a sus tamaños tan pequeños y dificultad de seguir en el espacio. Los métodos de seguir las semillas en su ambiente natural incluye típicamente ponerlos en una malla y ponerlos en el suelo o la corteza y recogerlos más tarde para ver si estas germinaron (ref).

Identificar plántulas en orquídeas terrestres tiende también a ser muy complicado, ya que están escondidas entre vegetación o cubierta de tierra. La orquídea epífita, en ciertas especies se puede identificar las plántulas (si no están cubierta de musgo o otra vegetación), pero distinguir entre plántulas de diferentes especies puede ser imposible. Por ejemplo distinguir las plántulas de diferentes especies de *Lepanthes* en el mismo forofito no es posible (Tremblay comunicación personal). El método de identificar a qué especie pertenece fue de seguir estos individuos a las otras etapas (juvenil o adulto). Por ejemplo la forma de crecimiento del tallo es diferente entre *Lepanthes eltoroensis* (prostate) versus *Lepanthes woodburyana* (erect). Por consecuencia individuos que no sobreviven a la próxima etapa no se sabe a qué especie pertenece.

4.2 Marcar los individuos en el campo

Los calidad de los métodos de marcar plantas en el campo para evaluación posterior es primordial para los análisis de dinámica poblacional. Como se marca y cual es la calidad del marcador para detectar y re-evaluar los individuos en años subsiguiente afecta la calidad de los datos. Si los marcadores individuales se pierden y no se reconoce ese problema, los individuos perdidos por marca no permanente se podría categorizar como muerto, y ese individuo no marcado (por haber perdido su identificación) pudiese ser interpretado como un nuevo individuo (reclutamiento). Eso resulta en aumento en mortandad y reclutamiento, sesgando los resultados. Naturalmente, ese sesgo depende de la frecuencia proporcional al tamaño de muestra, menor el tamaño de muestra mayor el sesgo.

El marcados tiene que ser permanente (plástico, metal, etc.) y fácil de encontrar en adición de ser informativo y único para cada planta y reducir las incertidumbres. La dificultad muchas veces proviene de individuos donde los datos son recopilados con numeración similares. Esos problemas muchas veces encuentran años después cuando se quiere re-evaluar los datos y no hay manera aclarar las dudas.

4.2.1 Métodos de marca y recaptura

4.2.1.1 Identificaciones de individuos

Cada planta tiene que tener si propia identificación y que no haya confusión con otros individuos de esa misma población o de otra población.

4.2.1.1.1 Una población Por ejemplo si el estudio comenzó en 2023 y solamente hay una población. Los individuos podrían tener una codificación siguiente 23001, 23002, 23003, ... 23152 para los 152 individuos encontrado y marcado ese año. El siguiente año se muestra esos individuos y nuevos individuos encontrado comenzaría con 24153. De esta forma ya se conoce cuando fue el primer año de muestreo del individuo y esos nuevos individuos no se confunde con los del año anterior. Cada año comenzaría con identificación del año, y la numeración de los individuos no se repiten en la misma población. Entonces hay redundancia en la codificación ayudando a reducir los errores de codificaciones.

4.2.1.1.1.1 Multiples poblaciones Siguiendo con el mismo concepto pero múltiples poblaciones, la numeración de la población pudiese utilizar una codificación alfa numérica, donde la letra del alfabeto representa la población y la número los individuos. Siguiera así A23001, A23002,..., 23xxx para la primera población y B23001, B23002,..., B23xxx para las segunda población.

4.2.2 Relocalización de individuos

Para relocalizar los individuos se puede utilizar marcador permanentes o georeferencias individuales para cada planta.

Métodos de relocalizar los individuos en el campo puede ser complicado.

- uno de los métodos es amarar al individuo la identificación individual de forma que se fácil de encontrar y que no se pierde. Por ejemplo uno puede amarar el “tag” con hilo de pezcar grueso o “twist tags” alrededor de unos pseudobulbos o cerca de la planta. En la foto que sigue vemos una planta *Cypripedium acaule* en la región de North Bay, Ontario, Canada marcado con un tag metálico cerca de la planta



Figure 4.1: *Cypripedium acaule* marcado; Foto: Tremblay

Necesitamos unos ejemplos

- otro metodo es grapar el “tag” al lado de los individuos. Este es un método que es adecuado para plantas pequeñas. NO se debería poner el tag agarrado a la planta, ya que el peso del tag, podría causar daño a la planta, en adición que este caso las hojas no son persistente, por consecuencia al caer una hoja podría perder el “tag”. En esa foto se uso un pequeño clavo para poner el “tag”, pero también usando una grapadora puede ser más eficiente y menos dañino al árbol. En la foto siguiente se ve un tag de plastico amarado con un clavo al lado de una planta de *Lepanthes eltoroensis* en Puerto Rico. Posteriormente se cambio el calvo por una grapadora normal. Ese metodofuncionó muy bien.

Si el sitio esta bien protegido y no hay riesgos de atraer atención a las plantas se puede usar pequeñas banderas para facilitar la recaptura de las plantas.

NOTA importante: los “tags” no deberían ser facil de ver en el habitat ya que podría atraer atención al estudio y hay mucha gente que se llevan plantas del campo, incluyendo plantas que son partes de estudios.



Figure 4.2: *Lepanthes eltoroensis* marcado; Foto: Tremblay



Figure 4.3: *Cypripedium acaule* identificado con bandera numerada; Foto: Tremblay

4.3 Variables a recoger en el campo

La base de los estudios de dinamica poblacional es evaluar las transiciones entre las etapas de vida incluyendo mortalidad y su reproducción. La información que se recoge del campo tiene que ser facil de recoger y consistente y sin error. Si seguimos ejemplos de los trabajos de campo de Tremblay [ref] con *Lepanthes*, las etapas incluidas son plantulas, juveniles, adultos no reproductivos y adultos reproductivos. Cada una de estas estapas estan definida especificamente para ese genero.

- **plantula:** individuo que no tiene ninguna hoja con peciolo.
- **juvenil:** individuo que tiene hojas con peciolo pero no hay ninguna evidencia que fue reproductiva en el pasado (las base de las inflorescencia son persistente)
- **adulto non-reproductivo:** individuos con inflorescencias secas (ninguna verde)
- **adulto reproductivo:** individuo con inflorescencia verdes con o sin flores o frutos.

Dependiendo de los estudios pudiese haber más etapas, por ejemplo Tremblay [] uso dos etapas de individuos reproductivos.

Otro ejemplo es el estudio de Hernández-Apolinar con la especie xx. donde incluyo.....

Determinar cuantas categoria deberia ser utilizados y cuales es muy dinamica y depende de la especies, número individuos y las preguntas de interes.

Las variables a recoger tiene que incluir el minimo las siguientes

- la etapa en el tiempo t
- si esta vivo o muerto en el tiempo t
- la cantidad de flores en el tiempo t
- la cantidad de frutos en el tiempo t
- la presencia y “tagging” de nuevos individuos en el tiempo t+1

Otras variables que pudiese recoger incluye

- el tamaño de las hojas o la hoja más grande
 - *Brasavola cucullata* []: las plantas necesitan un tamaño minimo de largo de hoja antes de florecer
- el número de pseudobulbo
 -

- la altura de la inflorescencia
 - *Caladenia valida* []: la altura de la inflorescencia impacta la probabilidad de producir frutos
- la altura en el árbol de las epífitas
 - *Brasavola cucullata* []: las plantas muy bajo menos de 1.5m son depredadas por las cabras
- el número de “ramet”, un índice del tamaño del genotipo en plantas con crecimiento horizontal
 - *Cypripedium calceolus var. parviflorum* [Tremblay]: Los estudios evolutivos tienen que reconocer la diferencia entre un “ramet” y un “genet”.
- indicadores de herbivoría sobre la planta
- indicadores de la cantidad de plagas sobre la planta como “rust”

4.4 Referencias

Chapter 5

Como calcular transiciones para la matriz de Lefkovich

5.1 Por: Ernesto Mujica y Elaine Gonzalez

**5.2 Métodos tradicional de calcular las transi-
ciones**

5.3 Problema con el uso tradicional

5.4 Referencias

Chapter 6

Como calcular fecundidad

6.1 Por: Demetria: equipo ECOSUR

6.2 Métodos tradicional de calcular las transiciones

6.3 Problema con el uso tradicional

6.4 Referencias

Chapter 7

Matrices de transicion, fecundidad y clonal

7.1 Por:??

7.2 Métodos tradicional de calcular las transiciones

7.3 Problema con el uso tradicional

7.4 Referencias

Chapter 8

Método bayesiano de calcular las transiciones

Por: RLT

El objetivo de este capítulo es demostrar algunos de los retos cuando uno trabaja con especies raras o con poca información para estimar los parametros de la matrices y como se puede resolver y estimar parametros más realista.

Considera este primer ejemplo donde se estima que la especie de interes tenga tres etapas en su ciclo de vida (semillas, plantulas y adultos) y que solamente la etapa más grande (de adultez) puede producir semillas.

Cuando se comienza un analisis de dinamica poblacional el primer paso es evaluar y tratar de ver cual son las etapas del ciclo de vida que pudiesen ser representativo de la dinamica principal de la especie.

En esta primera figura vemos lo que se considerá que ocurre en esa especie hipotetica.

```
library(Rage)
```

Ahora ud recoge los datos del campo y evalua las transiciones y fecundidad y tiene información siguiente.

1. Todas las semilla germinan y crece a la etapa de plantula.
-
- Es realista que todas las semillas germinan?
 - Por que no se encontró semillas que NO germinan?

2. Todos las plantulas mueren

- Es realista que todas las plantulas se muere?

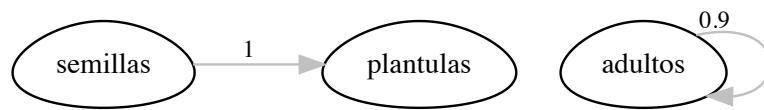
Aqui se ve dos de los problemas que resulta en PPM que no son realista, uno que no hay ninguna mortantad o que todo se muere. El otro componente es el efecto del tamaño de muestra, considerá que su especie de interes Ud tuvo acceso solamente a 4 plantas adultas (un especies rara), y 4 de los 4 sobrevivieron, por consecuencia 100% de supervivencia. Si los individuos llegan a esta etapa son inmortales!!!? Claramente es un resultado del tamaño de muestra y no del ciclo de vida de la especie.

El paquete raretrans ayuda en resolver estos asuntos illogicos y crear matrices que son más entre realistas al ciclo de vida de su especie.

```
# hidden code to produce figures
library(DiagrammeR)

matA <- rbind(
  c(0.0, 0.0, 0.0),
  c(1.0, 0.0, 0.0),
  c(0.0, 0.0, 0.9)
)
stages <- c("semillas", "plantulas", "adultos")
title <- NULL

plot_life_cycle(matA, stages=stages)
```



8.1 El paquete “raretrans”

La información original del uso del paquete se encuentra aqui <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2021.109526>.

Population projections from holey matrices: Using prior information

to estimate rare transition events

Abstracto

Las matrices de proyección de población son un medio común para predecir la persistencia de la población a corto y largo plazo para especies raras, amenazadas y en peligro de extinción. Los datos de tales especies pueden sufrir de tamaños de muestra pequeños y, en consecuencia, perder eventos demográficos raros que dan como resultado trayectorias de ciclo de vida incompletas o biológicamente poco realistas. Las matrices con valores faltantes (ceros; p. ej., sin observación de semillas que se transforman en plántulas) a menudo se reparan utilizando información previa de la literatura, otras poblaciones, períodos de tiempo, otras especies, estimaciones de las mejores conjeturas o, a veces, incluso se ignoran. Para paliar este problema, proponemos usar un modelo multinomial de Dirichlet para parametrizar transiciones y un Gamma para la reproducción para parchear los valores faltantes en estas matrices perforadas. Esto integra formalmente la información previa dentro de un marco bayesiano e incluye explícitamente el peso de la información previa en las distribuciones posteriores. Mostramos utilizando dos conjuntos de datos reales que el peso asignado a la información anterior influye principalmente en la dispersión de los posteriores, la inclusión de anteriores da como resultado matrices irreducibles y ergódicas, y se pueden hacer inferencias biológicamente más realistas sobre las probabilidades de transición. Debido a que los antecedentes se establecen explícitamente, los resultados son reproducibles y se pueden volver a evaluar si hay antecedentes alternativos disponibles en el futuro.

8.2 Instalación de los paquetes #1

```
if (!require("pacman")) install.packages("pacman")

## Loading required package: pacman

pacman::p_load(janitor, tidyverse, devtools)

library(tidyverse)
library(janitor)
```

8.3 Instalación de raretrans #2

```
#library(devtools)
#devtools::install_github("atyre2/raretrans", build = TRUE, build_opts = c("--no-resave-data", "--no-manual"))
library(raretrans)
```

Vea el siguiente website para más información en inglés, la información que sigue es una traducción y ampliación de la información en el siguiente enlace.

<https://atyre2.github.io/raretrans/articles/onepopperiod.html>

```
library(tidyverse)
library(ggplot2)
library(popbio) # para la función projection.matrix()
library(raretrans)
# Mi tema de ggplot2 personal
rlt_theme <- theme(axis.title.y = element_text(colour="grey20",size=15,face="bold"),
                     axis.text.x = element_text(colour="grey20",size=15, face="bold"),
                     axis.text.y = element_text(colour="grey20",size=15,face="bold"),
                     axis.title.x = element_text(colour="grey20",size=15,face="bold"))
```

El objetivo de esta viñeta es demostrar el uso del paquete `raretrans` para los cálculos de los parámetros en una población y periodo de transición.

8.4 Parte I: Obtención de la matriz de proyección

`raretrans` asume que la matriz de proyección es una lista de dos matrices, una matriz de transición y una matriz de fertilidad. Este es el formato de salida de `popbio::projection.matrix`. Si tenemos transiciones individuales en un marco de datos

Podemos utilizar `popbio::projection.matrix` para obtener los datos necesarios. Hacemos una demostración con los datos de transición y fertilidad de la orquídea epífita *Lepanthes elto* **POPNUM 250** en el **periodo 5**.

8.5 Paso 1: Cargar y fusionar los datos de población única para *L. elto*

```

data("L_elto") # carga el conjunto de datos `L_elto` en memoria (incluido en el paquete
head(L_elto)

## # A tibble: 6 x 13
##   POPNUM year seedlings adults fertility IND_NUM stage next_stage first_year
##   <dbl>   <dbl>     <dbl>    <dbl>      <dbl>    <dbl> <chr>  <chr>          <dbl>
## 1     209     1         1       6        0      67 j     j           1
## 2     209     1         1       6        0      68 a     a           1
## 3     209     1         1       6        0      69 a     a           1
## 4     209     1         1       6        0      70 a     a           1
## 5     209     1         1       6        0      71 j     a           1
## 6     209     1         1       6        0      72 a     a           1
## # i 4 more variables: last_year <dbl>, recruited <lgl>, died <dbl>,
## #   lifespan <int>

```

8.6 Organización de los datos en el “data.frame”

- el primer paso es seleccionar los datos de una población y un periodo de tiempo
- el segundo paso es hacer un cambio en la terminología para el estado más pequeño de “plantula” a “seedling”... Ese cambio es para que la información presentada aqui sea la misma que en el documento en ingles.

Cada fila de este data.frame de datos tiene columnas para la fase actual (stage), la fase siguiente (next_stage) y la fertilidad por individuo. Tenga en cuenta que “p” significa “plantula” en español. El primer conjunto de líneas de abajo cambia el nombre de la etapa del ciclo vital de “p” a “s” después de seleccionar la población y el periodo de tiempo.

```

onepop <- L_elto %>%
# Filtrar la población # 250, el periodo (año=year) 5
  filter(POPNUM == 250, year == 5) %>%
# redefine "p" por plantula a "s" para seedling
  mutate(stage = case_when(stage == "p" ~ "s",
                           TRUE ~ stage),
         next_stage = case_when(next_stage == "p"~ "s",
                                TRUE ~ next_stage))
# popbio::projection.matrix no funciona con tibbles, por consecuencia se convierte en ...
head(onepop)

## # A tibble: 6 x 13

```

```

##  POPNUM  year seedlings adults fertility IND_NUM stage next_stage first_year
##  <dbl> <dbl>      <dbl> <dbl>      <dbl> <dbl> <chr> <chr>           <dbl>
## 1    250     5       8    34      0     167 j     a            1
## 2    250     5       8    34      0     168 j     a            1
## 3    250     5       8    34      0     169 j     a            1
## 4    250     5       8    34     0.118   170 a     a            1
## 5    250     5       8    34      0     172 j     j            1
## 6    250     5       8    34      0     173 j     a            1
## # i 4 more variables: last_year <dbl>, recruited <lgl>, died <dbl>,
## # lifespan <int>

# Crear TF = TRUE, añadir para formatear correctamente.
TF <- popbio::projection.matrix(as.data.frame(onepop),
                                stage = stage, fate = next_stage,
                                fertility="fertility", sort=c("s","j","a"), TF = TRUE)
TF # Este es la estructura de etapas de vida para esa población

## $T
##          s         j         a
##  s 0.09090909 0.00000000 0.00000000
##  j 0.63636364 0.57446809 0.00000000
##  a 0.00000000 0.29787234 0.85294118
##
## $F
##          s         j         a
##  s 0.0000000 0.0000000 0.1176471
##  j 0.0000000 0.0000000 0.0000000
##  a 0.0000000 0.0000000 0.0000000

```

8.7 Nota:

Nuestros estadios se codifican ahora como **s** (plántula), **j** (juvenil) y **a** (adulto), y ahora tenemos dos matrices: **T** (transición de estadios) y **F** (fecundidad). La tasa de crecimiento asintótico de la población observada es $\lambda = 0.93$. Las transiciones raras que faltan en nuestra primera matriz de transición, **TF\$T**, son la transición de plántula (*s*) a adulto (*a*) y la transición de *j* a *s*. Pero sabemos que ocurren.

8.8 Paso 2: Obtener el número inicial de individuos por etapa

Dado que nuestras priores se basan en recuentos (número de individuos, N) y el tamaño de *muestreo equivalente* a priori se expresa como múltiplo del número de individuos observados, necesitamos obtener el número de individuos en cada etapa (N) en el primer periodo de tiempo.

Utilizamos la función `raretrans::get_state_vector()` para obtener el recuento inicial de individuos, N . inicial, N .

```
N <- get_state_vector(onepop, stage = stage, sort=c("s","j","a"))
N # Un vector de # de individuos iniciales para cada etapa, nota que el "stage" son los
```

```
## [1] 11 47 34
```

La lista de matrices y el vector de cuenta de individuales no tienen por qué proceder de un data.frame como hemos hecho aquí. Mientras tengan el formato esperado, pueden crearse a mano. Usamos la población 231 en el periodo 2 como ejemplo, dividiendo la matriz en matrices de transición **T** y fecundidad **F**. Abajo, m significa “muerte”, es decir, plantas que están muertas.

TF2

```
## $Tmat
##   stage
##   fate      p      j      a
##   p 0.5000000 0.0000000 0.0000000
##   j 0.0000000 0.8333333 0.0000000
##   a 0.0000000 0.0625000 0.8750000
##
## $Fmat
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    0    0 0.125
## [2,]    0    0 0.000
## [3,]    0    0 0.000
```

N2

```
##  p  j  a
## 2 6 16
```

En esta matriz falta la transición de plántula a juvenil, y ninguno de los 6 juveniles murió, lo que lleva a una sobreestimación de la supervivencia. La tasa

de crecimiento asintótico de la población observada es $\lambda = 0.88$. La matriz no es ergódica (no se puede llegar a cualquier otro estado desde uno o más estados), y reducible, lo que significa que una o más columnas y filas se pueden descartar y tienen las mismas propiedades eigen.

8.9 Parte 2: Uso de priors para incorporar transiciones raras

8.9.1 Use priors no informativos

- Ese paso es solamente para entender porque no se calcula y porque no se usa *prior* uniforme.

Tremblay (Tremblay et al. [2021]) muestran que los valores de *prior* de una dirichlet funciona para las columnas de la matriz de transición (**T**) y que valores *prior* gamma funciona para las columnas de la matriz de transición (**F**).

8.9.2 Matriz de transición

Por lo tanto, vamos a añadir un dirichlet uniforme con prior con un peso = 1 a la matriz de transición, **T**. Aquí, tenemos 4 destinos (3 + muerte), por lo que cada destino 0,25 a la matriz de destinos *observados* (¡no a la matriz de transiciones!). de transición). Cuando especificamos una matriz con un prior para las transiciones, hay una fila más que columnas. Esta fila extra representa la muerte.

```
Tprior <- matrix(0.25, byrow = TRUE, ncol = 3, nrow=4)
fill_transitions(TF, N, P = Tprior) # resultado de la matriz de transición básica

##          [,1]      [,2]      [,3]
## [1,] 0.10416667 0.005208333 0.007142857
## [2,] 0.60416667 0.567708333 0.007142857
## [3,] 0.02083333 0.296875000 0.835714286

# Para entender las diferencias compara los resultados con *$T* del objeto *TF*
TF

## $T
##          s      j      a
## [1,] 0.09090909 0.00000000 0.00000000
```

52CHAPTER 8. MÉTODO BAYESIANO DE CALCULAR LAS TRANSICIONES

```

##   j 0.63636364 0.57446809 0.00000000
##   a 0.00000000 0.29787234 0.85294118
##
## $F
##
##          s      j      a
##   s 0.0000000 0.0000000 0.1176471
##   j 0.0000000 0.0000000 0.0000000
##   a 0.0000000 0.0000000 0.0000000

```

8.9.3 Como calcular a mano!

Podemos obtener el mismo resultado ‘a mano’ - necesitamos el vector de observaciones porque la posterior se calcula a partir de las observaciones de transiciones, no la matriz de transiciones.

```

Tobs <- sweep(TF$T, 2, N, "*") # obtener las observaciones de transiciones
Tobs <- rbind(Tobs, N - colSums(Tobs)) # añadir la fila de muerte
Tobs <- Tobs + 0.25 # añadir los prior
sweep(Tobs, 2, colSums(Tobs), "/")[-4,] # dividir por la suma de la column y descarta

##          s      j      a
##   s 0.10416667 0.005208333 0.007142857
##   j 0.60416667 0.567708333 0.007142857
##   a 0.02083333 0.296875000 0.835714286

```

El *prior uniforme* rellena las transiciones que faltan, pero también crea problemas porque proporciona valores de transición que son biológicamente imposibles. Por ejemplo, proporciona una transición para adulto->plántula, cuando esta transición sólo es posible en la matriz de fecundidad F . Por esta razón, no recomendamos el uso de priores uniformes. En otra palabra usando un prior uniforme no toma en cuenta el ciclo de vida de una especie.

8.9.4 Matriz de fecundidad

Debemos especificar los parámetros para la fertilidad *a priori* como una matriz. Las etapas que no hay reproducción o sea que no se producen por reproducción deben ser `NA`, usando `NA_real_`. El concepto de `NA_real_` es que es un valor que no esta presente pero con puntos decimales. Nota que el valor de *prior* de la fertilidad es 0.0001.

```

alpha <- matrix(c(NA_real_, NA_real_, 1e-5,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_), nrow=3, ncol = 3, byrow = TRUE)
beta <- matrix(c(NA_real_, NA_real_, 1e-5,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_), nrow=3, ncol = 3, byrow = TRUE)
fill_fertility(TF, N, alpha = alpha, beta = beta)

##
##           s          j          a
##   s  0.0000000  0.0000000  0.1176473
##   j  0.0000000  0.0000000  0.0000000
##   a  0.0000000  0.0000000  0.0000000

```

El cambio en la fertilidad es < 0,0001 en comparación con el valor observado.

8.9.5 Calculando los Priors de fertilidad a mano

8.9.5.1 Calculando a mano, *alfa a priori* es el número de crías observadas

y *beta a priori* es el número de adultos observados.

```

obs_offspring <- N[3]*TF$F[1,3]
prior_alpha <- 1e-05
prior_beta <- 1e-05
posterior_alpha <- obs_offspring + prior_alpha
posterior_beta <- N[3] + prior_beta
posterior_alpha / posterior_beta # expected value

## [1] 0.1176473

```

Esto demuestra por qué la estimación puntual posterior de la fecundidad no cambia mucho; los valores no informativos de α y β apenas cambian los valores observados.

Ahora podemos juntarlos.

```

unif <- list(T = fill_transitions(TF, N),
              F = fill_fertility(TF, N,
                                 alpha = alpha,
                                 beta = beta))
unif

```

```

## $T
##      [,1]     [,2]     [,3]
## [1,] 0.10416667 0.005208333 0.007142857
## [2,] 0.60416667 0.567708333 0.007142857
## [3,] 0.02083333 0.296875000 0.835714286
##
## $F
##
##      s      j      a
## s 0.0000000 0.0000000 0.1176473
## j 0.0000000 0.0000000 0.0000000
## a 0.0000000 0.0000000 0.0000000

```

8.10 El crecimiento poblacional

La tasa de crecimiento asintótico de la población es ahora $\lambda = 0.92$. La tasa de crecimiento se reduce ligeramente porque la aplicación de la prioridad uniforme a las probabilidades de transición hace que las transiciones observadas de crecimiento y supervivencia se reduzcan ligeramente en relación con las transiciones no observadas de crecimiento y supervivencia.

8.10.1 Otras opciones para el argumento ‘returnType’

Por defecto, `fill_transitions()` devuelve la matriz de transición T , y `fill_fertility()` devuelve la matriz de fertilidad F . Existen otros tres otros valores que puede tomar el argumento `returnType`:

1. `fill_transitions(... returnType = "TN")` puede devolver una matriz aumentada de destinos, que es útil para la simulación. La cuarta fila de este resultado (véase más adelante) es el estado de mortalidad.

```
fill_transitions(TF, N, returnType = "TN")
```

```

##      [,1]  [,2]  [,3]
## [1,] 1.25  0.25  0.25
## [2,] 7.25 27.25  0.25
## [3,] 0.25 14.25 29.25
## [4,] 3.25  6.25  5.25

```

2. `fill_fertility(... returnType = "ab")` devuelve los vectores alfa y beta de los vectores posteriores.

```
fill_fertility(TF, N,
               alpha = alpha,
               beta = beta,
               returnType = "ab")
```

```
## $alpha
##
##      s   j     a
##      s    4.00001
##      j
##      a
##
## $beta
##      [,1] [,2]     [,3]
## [1,]   NA   NA 34.00001
## [2,]   NA   NA      NA
## [3,]   NA   NA      NA
```

3. Ambas funciones también pueden devolver la matriz completa, la suma de T y F .

```
fill_transitions(TF, N, returnType = "A")
```

```
##
##           s           j           a
##      s 0.104166667 0.005208333 0.124789916
##      j 0.604166667 0.567708333 0.007142857
##      a 0.020833333 0.296875000 0.835714286
```

8.11 Añadiendo realidad a los análisis

Hasta este punto, el objetivo era de entender las funciones y su aplicaciones. Ahora vamos a añadir realidad a los análisis. Como se ha mencionado no deberíamos usar *priors* uniforme. Debemos usar priors que son más relevante al ciclo de vida de la especie de interés.

8.11.1 Incorporar priorres informativos

Para solucionar el problema de la creación de transiciones imposibles, especificamos una prioridad más informativa obtenida de un experto en orquídeas epífitas (RLT). La información tiene que tener la misma forma que la matriz

56CHAPTER 8. MÉTODO BAYESIANO DE CALCULAR LAS TRANSICIONES

de transiciones con una fila más que columnas. Esa ultima fila representa los individuos que se mueren de la estapa correspondiente.

```
RLT_Tprior <- matrix(c(0.25, 0.025, 0.0,
                        0.05, 0.9, 0.025,
                        0.01, 0.025, 0.95,
                        0.69, 0.05, 0.025),
                        byrow = TRUE, nrow = 4, ncol = 3)
```

Nota la matriz tiene la 1^a fila, 3^a columna es 0,0, porque esta transición es imposible. Esta prioridad se construye de manera que las columnas suman 1, lo que crea la mayor flexibilidad para la ponderación de la prioridad. Por defecto, la suma es 1, interpretado como un *tamaño de muestra a priori* de 1.

```
fill_transitions(TF, N, P = RLT_Tprior)
```

```
##           [,1]      [,2]      [,3]
## [1,] 0.1041666667 0.0005208333 0.0000000000
## [2,] 0.5875000000 0.5812500000 0.0007142857
## [3,] 0.0008333333 0.2921875000 0.8557142857
```

We can specify the weight as a multiple of the sample size for each stage.

```
fill_transitions(TF, N, P = RLT_Tprior, priorweight = 0.5)

##           [,1]      [,2]      [,3]
## [1,] 0.143939394 0.008333333 0.0000000000
## [2,] 0.440909091 0.682978723 0.008333333
## [3,] 0.003333333 0.206914894 0.885294118
```

En este caso, la prioridad se pondera con la mitad del número observado de transiciones. En este caso, con sólo 2 transiciones, el tamaño efectivo de la muestra a priori sigue siendo 1. Si el número de transiciones observadas fuera 5, la ponderación a priori de 0,5N sería mayor que 1, pero permitiría que los datos dominen.

8.12 Part 3: Obtain Credible Intervals

8.12.1 Obtener los intervalos de confianza (IC) para entradas de matriz individuales

La distribución posterior marginal de un elemento en un multinomio es una distribución beta, y usamos esto para obtener intervalos creíbles en nuestro tasas

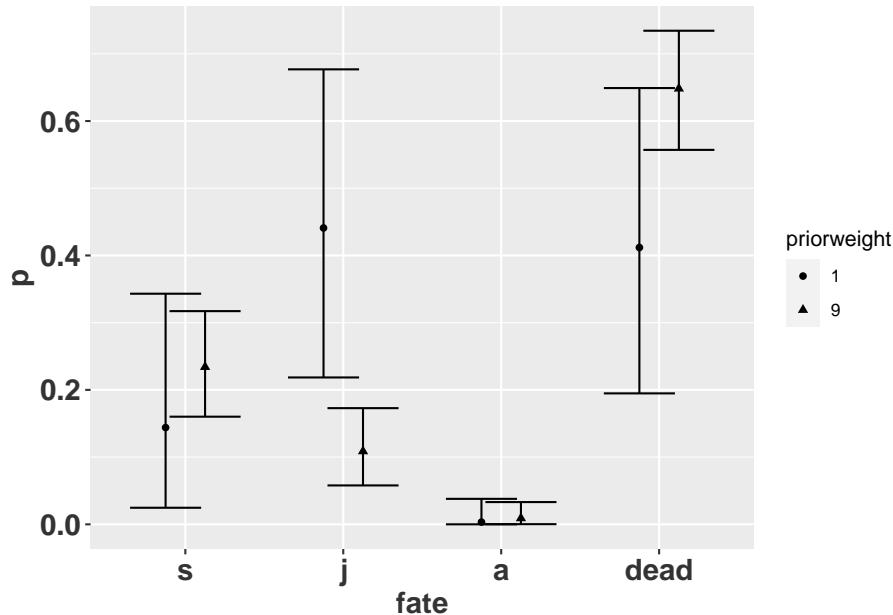
de transición. Podemos usar el tipo de retorno TN para obtener los parámetros de el multinomio deseado.

```
TN <- fill_transitions(TF, N, P = RLT_Tprior, priorweight = 0.5, returnType = "TN")
a <- TN[,1] # cambie 1 a 2, 3 etc para obter la distribución beta marginal de cada columna.
b <- sum(TN[,1]) - TN[,1]# cambie 1 a 2, 3 etc para obter la distribución beta marginal de cada columna.
p <- a / (a + b)
lcl <- qbeta(0.025, a, b)
ucl <- qbeta(0.975, a, b)
knitr::kable(sprintf("%.3f (%.3f, %.3f)", p, lcl, ucl))
```

x
0.144 (0.025, 0.343)
0.441 (0.218, 0.677)
0.003 (0.000, 0.038)
0.412 (0.195, 0.649)

Esas son las estimaciones puntuales (comparar con la primera columna anterior), inferior y superior 95% de los intervalos creíbles simétricos para transiciones de la etapa de plántula. Existe un alto grado de incertidumbre debido a la tamaño de muestra pequeño (2) y bajo peso en el anterior (1), lo que lleva a un tamaño de muestra efectivo de 3. Si aumentamos el tamaño de muestra efectivo a 20 especificando: `priorweight= 9(9 * 2 = 18 + 2 = 20)` el los intervalos creíbles simétricos se reducen bastante:

La importancia aqui es que el tamaño de muestra tiene un impacto sobre la confianza que se tiene sobre el estimado de punto (el promedio) de las transiciones y permanencia y mortandad.



La tasa de transición de plántula a juvenil se reduce cuando el tamaño de la muestra es demasiado grande. En general, el tamaño de la muestra previa debe ser menos que el tamaño de muestra observado.

8.13 Intervalos creíbles de λ

Obteniendo intervalos creíbles sobre la tasa de crecimiento asintótica, λ , requiere simular matrices a partir de las distribuciones posteriores. Esto es algo complicado de hacer correctamente, y hemos escrito una función `raretrans::sim_transitions()` para generar una lista de matrices simuladas dada la matriz observada y especificaciones previas.

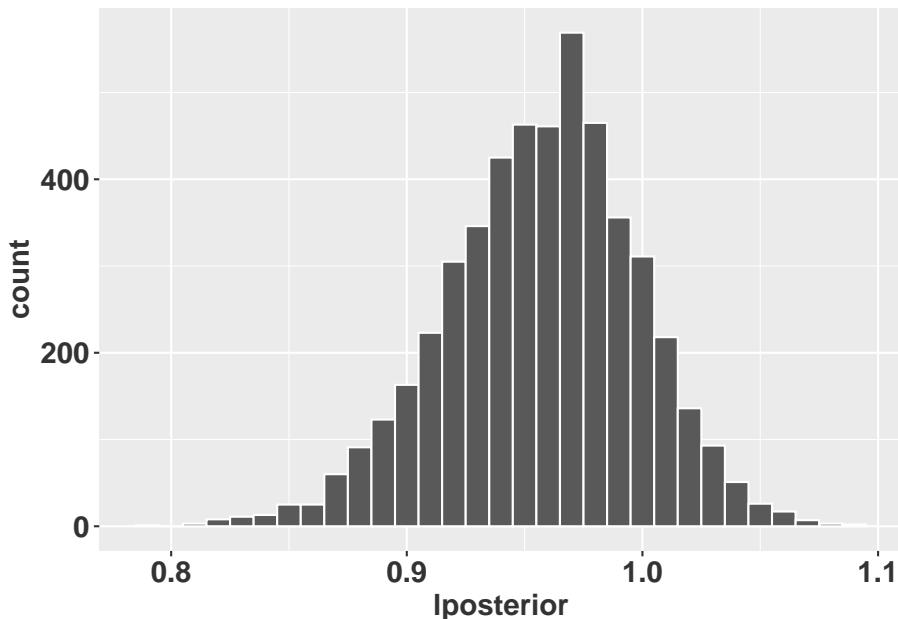
```
sim_transitions(TF, N, P = RLT_Tprior, alpha = alpha, beta = beta,
                priorweight = 0.5)
```

```
## [[1]]
##      [,1]      [,2]      [,3]
## [1,] 3.750857e-02 0.0009022215 0.28761593
## [2,] 5.621415e-01 0.7122223138 0.00351573
## [3,] 7.389564e-05 0.1731056616 0.94581372
```

Ahora simulamos 5000 veces, calculamos el valor λ de cada matriz y creamos un histograma de la distribución.

8.14. DETERMINAR SI EL λ ES SIGNIFICATIVAMENTE DIFERENTE DE 159

```
#set.seed(8390278) # make this part reproducible
alpha2 <- matrix(c(NA_real_, NA_real_, 0.025,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_), nrow=3, ncol = 3, byrow = TRUE)
beta2 <- matrix(c(NA_real_, NA_real_, 1,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_,
                  NA_real_, NA_real_, NA_real_), nrow=3, ncol = 3, byrow = TRUE)
# generar 5000 matrices basado en las previas de transiciones y de fertilidades, el tamaño de muestras
RLT_0.5 <- sim_transitions(TF, N, P = RLT_Tprior, alpha = alpha2, beta = beta2,
                           priorweight = 0.5, samples = 5000)
# extract the lambdas for each matrix
RLT_0.5 <- tibble(lposterior = map_dbl(RLT_0.5, lambda)) # convertir la lista en un tibble
ggplot(data = RLT_0.5,
       mapping = aes(x = lposterior)) +
  geom_histogram(binwidth = 0.01, colour="white") +
  rlt_theme
```



8.14 Determinar si el λ es significativamente diferente de 1

También podemos calcular algunas estadísticas de resumen. `pincrease` es el probabilidad de que $\lambda > 1$.

60 CHAPTER 8. MÉTODO BAYESIANO DE CALCULAR LAS TRANSCIONES

```
RLT_0.5_summary <- summarize(RLT_0.5,
  medianL = median(lposterior),
  meanL = mean(lposterior),
  lcl = quantile(lposterior, probs = 0.025),
  ucl = quantile(lposterior, probs = 0.975),
  pincrease = sum(lposterior > 1.)/n())
knitr::kable(RLT_0.5_summary, digits = 2)
```

medianL	meanL	lcl	ucl	pincrease
0.96	0.96	0.87	1.03	0.14

Chapter 9

Crecimiento Poblacional

Por: ???

9.1 Introducción al crecimiento poblacional

Ahora el primer paso es explicar a que

9.2 Métodos

Chapter 10

Elasticidad

10.1 Por: Ernesto Mujica y Elaine Gonzalez

10.2 Qué es la Elasticidad

10.3 Como se interpreta la eslasticidad

10.4 Como se calcula la eslasticidad

10.5 Limitaciones

10.6 Referencias

Chapter 11

Dinámica de transiciones

Por: ???

11.1 Definiciones de DT

11.2 Cual es la ventaja de la DT

11.3 Como se calcula

11.4 Paquete de R para calcular la DT

11.5 Limitaciones

11.6 Referencias

11.7

Chapter 12

Metodos de Simulaciones

12.1 Introducciones a métodos de simulaciones

12.2 Ventaja de usar simulaciones

12.3 Ejemplo Simple de simulaciones

Chapter 13

Elasticidad no lineal

13.1 Por : ???

13.2 Transfer function

13.3 Valor biológico

13.4 Métodos de calculo

**13.5 Paquete de R para calcular la elasticidad
no lineal**

13.6 Referencias

Chapter 14

COMADRE

```
library(Rcompadre)
library(tidyverse)
library(gt)
library(kableExtra)

## 
## Attaching package: 'kableExtra'

## The following object is masked from 'package:dplyr':
## 
##     group_rows
```

Load your data from the website (e.g.:) load("Users/user/Downloads/COMPADRE_v.6.23.5.0.RData")
index <- which(compadremetadataFamily=="Orchidaceae") compadremetadata[index,]compadremat[index]

```
load("~/Dropbox/GitHub_Dropbox_Drive/GitHub/Taller_Demo_Peru/Taller_Diagnostico_Poblacional/COMPADRE_v.6.23.5.0.RData")
ALLSp=as_cdb(compadre) # the critical step was this part

index <- which(ALLSp$metadata$Family=="Orchidaceae")
summary(ALLSp)
```

```
##      Length     Class      Mode
##      1 CompadreDB      S4
```

```
names(ALLSp)
```

```
## [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"
```

```
index_0=ALLSp %>%
  filter(Family %in% c("Orchidaceae")) # use small "comadre"
```

```
unique(index_0$SpeciesAccepted)
```

```
## [1] "Caladenia amonea"                  "Caladenia argocalla"
## [3] "Caladenia clavigera"                "Caladenia elegans"
## [5] "Caladenia graniticola"              "Caladenia macroclavia"
## [7] "Caladenia oenochila"                 "Caladenia rosella"
## [9] "Caladenia valida"                   "Epipactis atrorubens"
## [11] "Lepanthes rubripetala"              "Spathoglottis plicata"
## [13] "Broughtonia cubensis"               "Cephalanthera longifolia"
## [15] "Cleistes bifaria"                   "Cypripedium calceolus"
## [17] "Dendrophylax lindenii"              "Erycina crista-galli"
## [19] "Lepanthes acuminata"                "Lepanthes caritensis"
## [21] "Oncidium poikilostalix"             "Serapias cordigera"
## [23] "Telipogon helleri"                  "Aspasia principissa"
## [25] "Guarianthe aurantiaca"              "Jacquinia leucomelana"
## [27] "Jacquinia teretifolia"               "Lepanthes eltoroensis"
## [29] "Lycaste aromatica"                  "Tolumnia variegata"
## [31] "Cleistesiopsis bifaria"              "Cleistesiopsis divaricata"
```

```

## [33] "Corallorrhiza trifida"      "Cypripedium fasciculatum"
## [35] "Cypripedium lentiginosum"   "Cypripedium parviflorum"
## [37] "Dactylorhiza lapponica"     "Herminium monorchis"
## [39] "Himantoglossum hircinum"    "Lepanthes rupestris"
## [41] "Neotinea ustulata"          "Ophrys sphegodes"
## [43] "Orchis purpurea"           "Platanthera hookeri"
## [45] "Oeceoclades maculata"       "Brassavola cucullata"

names(index_0)

## [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" "index_0

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 46 SPECIES and 647 MATRICES.
##
## # A tibble: 647 x 59
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int>  <chr>        <chr>        <chr>      <chr>  <chr>
## 1 <CompdrtMt> 238285 Caladenia_amon~ Caladenia amon~ <NA>      Plantae Trach-
## 2 <CompdrtMt> 238286 Caladenia_argo~ Caladenia argo~ <NA>      Plantae Trach-
## 3 <CompdrtMt> 238287 Caladenia_clav~ Caladenia clav~ <NA>      Plantae Trach-
## 4 <CompdrtMt> 238288 Caladenia_eleg~ Caladenia eleg~ <NA>      Plantae Trach-
## 5 <CompdrtMt> 238289 Caladenia_gran~ Caladenia gran~ <NA>      Plantae Trach-
## 6 <CompdrtMt> 238290 Caladenia_macr~ Caladenia macr~ <NA>      Plantae Trach-

```

```

##  7 <CompdrMt> 238291 Caladenia_oeno~ Caladenia oeno~ <NA> Plantae Trach-
##  8 <CompdrMt> 238292 Caladenia_rose~ Caladenia rose~ <NA> Plantae Trach-
##  9 <CompdrMt> 238293 Caladenia_vali~ Caladenia vali~ <NA> Plantae Trach-
## 10 <CompdrMt> 238565 Epipactis_atro~ Epipactis atro~ Darkred h~ Plantae Trach-
## # i 637 more rows
## # i 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>, ...

```

14.1 How many unique studies?

To know how long the studies were and be unique I need to select combinations of variables that nmake it unique.

```
names(index_0)
```

```

## [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"        "A"

```

```
SPECIES_0=index_0 %>% select(StudyStart, StudyEnd, SpeciesAccepted, YearPublication, Authors, DOI_ISBN, OrganismType, StudyStart, StudyEnd) %>% group_by(SpeciesAccepted, YearPublication, Authors, DOI_ISBN, OrganismType, StudyStart, StudyEnd) %>% summarize(n_populations = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
```

```
arrange(desc(n_populations)) %>%
  mutate(StudyStart=as.numeric(StudyStart)) %>%
  mutate(StudyEnd=as.numeric(StudyEnd)) %>%
  drop_na(StudyStart, StudyEnd)

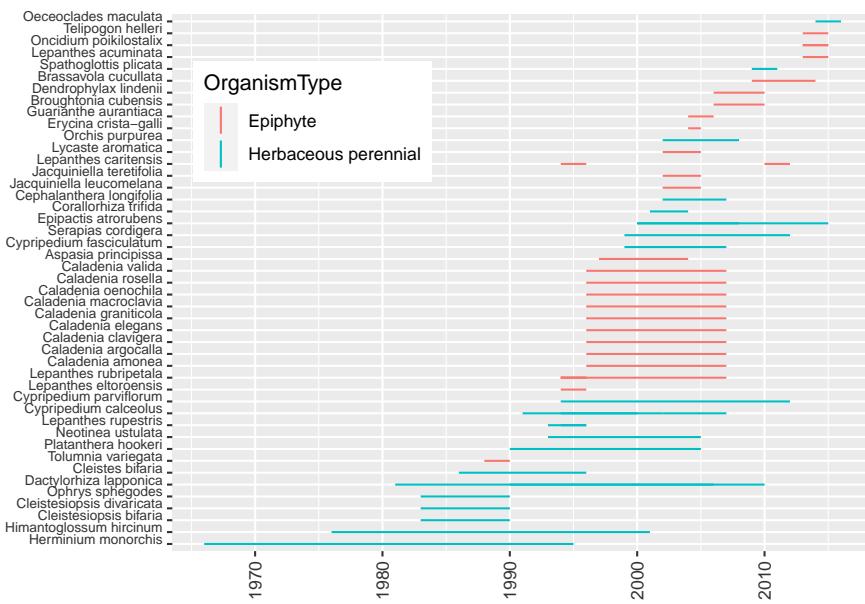
SPECIES_0 %>% kable()
```

SpeciesAccepted	YearPublication	Authors
<i>Lepanthes caritensis</i>	2018	Crain; Tremblay; Ferguson
<i>Epipactis atrorubens</i>	2017	Hens; Pakanen; Jäkäläniemi; Tuomi; Kvist
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2010	Schödelbauerová; Tremblay; Kindlmann
<i>Lepanthes rupestris</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Lepanthes rupestris</i>	2014	Tremblay; McCarthy
<i>Orchis purpurea</i>	2010	Jacquemyns; Brys; Jongejans
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2015	Tremblay; Raventós; Ackerman;
<i>Neotinea ustulata</i>	2007	Shefferson; Tali
<i>Serapias cordigera</i>	2014	Pellegrino; Bellusci
<i>Cephalanthera longifolia</i>	2012	Shefferson; Kull; Tali; Kellett
<i>Cleistesopsis bifaria</i>	1991	Wells; Willems
<i>Cypripedium calceolus</i>	2005	Nicolé; Brzosko; Till-Bottraud
<i>Cypripedium fasciculatum</i>	2011	Thorpe; Stanley; Kayne; Latham
<i>Oeceoclades maculata</i>	2019	Riverón-Giró; Raventós; Damon; García-González; Mú
<i>Platanthera hookeri</i>	2007	Reddoch; Reddoch
<i>Brassavola cucullata</i>	2020	Ackerman; Tremblay; Pérez; Madden; Bechtold; Boeke
<i>Cypripedium calceolus</i>	2012	Shefferson; Kull; Tali; Kellett
<i>Dactylorhiza lapponica</i>	2010	Sletvold; Øien; Moen
<i>Lepanthes eltoroensis</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Cleistes bifaria</i>	2006	Gregg; Kéry
<i>Cypripedium calceolus</i>	2010	García; Goñi; Guzman
<i>Erycina crista-galli</i>	2007	Mondragón; Maldonado; Aguilar-Santelises
<i>Jacquinia leucomelana</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Jacquinia teretifolia</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Lepanthes caritensis</i>	1997	Tremblay
<i>Lycaste aromatica</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Aspasia principissa</i>	2006	Zotz; Schmidt
<i>Broughtonia cubensis</i>	2015	Raventós; Gonzalez; Mújica; Bonet
<i>Caladenia amonea</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia argocalla</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia clavigera</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia elegans</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia graniticola</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia macroclavia</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia oenochila</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia rosella</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia valida</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Cleistesopsis divaricata</i>	1991	Wells; Willems
<i>Corallorrhiza trifida</i>	2009	Iriondo; Giménez-Benavides; Albert; Lozano; Escudero
<i>Cypripedium parviflorum</i>	2014	Shefferson; Warren II; Pulliam
<i>Dactylorhiza lapponica</i>	2013	Sletvold; Dahlgren; Øien; Moen; Ehrlén
<i>Dendrophylax lindenii</i>	2015	Raventós; Gonzalez; Mújica; Bonet
<i>Epipactis atrorubens</i>	2011	Jäkäläniemi; Crone; Närhi; Tuomi
<i>Guarianthe aurantiaca</i>	2009	Mondragón
<i>Herminium monorchis</i>	1998	Wells; Rothery; Cox; Bamford
<i>Himantoglossum hircinum</i>	2006	Pfeifer; Wiegand; Heinrich; Jetschke
<i>Lepanthes acuminata</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon
<i>Oncidium poikilostalix</i>	2017	García-González; Damon; Raventós; Riverón-Giró; Mú
<i>Oncidium poikilostalix</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon
<i>Ophrys sphegodes</i>	1991	Wells; Willems
<i>Spathoglottis plicata</i>	2017	Falcón; Ackerman; Tremblay
<i>Telipogon helleri</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon

```
write_csv(SPECIES_0, "Species_0.csv")
```

```
SPECIES_0$SpeciesAccepted <- fct_reorder(SPECIES_0$SpeciesAccepted, SPECIES_0$StudyStart, .desc = TRUE)

ggplot(SPECIES_0, aes(SpeciesAccepted, color=OrganismType))+
  geom_linerange(aes(x= SpeciesAccepted , ymin=StudyStart, ymax=StudyEnd))+
  coord_flip()+
  theme(legend.position = c(0.2, 0.8))+
  theme(axis.text.x = element_text(color = "grey20", size = 9, angle = 90, hjust = .5, vjust = .5),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20", size = 7, angle = 0, hjust = 1, vjust = 0, fontfamily = "italic"),
        axis.title.x = element_text(color = "grey20", size = 12, angle = 0, hjust = .5, vjust = 0),
        axis.title.y = element_text(color = "grey20", size = 12, angle = 90, hjust = .5, vjust = 1),
        plot.title = element_text(size = 14, color = "black", fontweight = "bold"))
  ylab("")+
  xlab("")
```



```
index_0=index_0 %>%
  mutate(StudyDuration=as.numeric(StudyDuration))

table(index_0$StudyDuration)
```

```
##
```

##	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	16	17	19	26	30
##	2	211	37	2	82	43	26	47	28	2	9	6	86	53	7	1	1	3

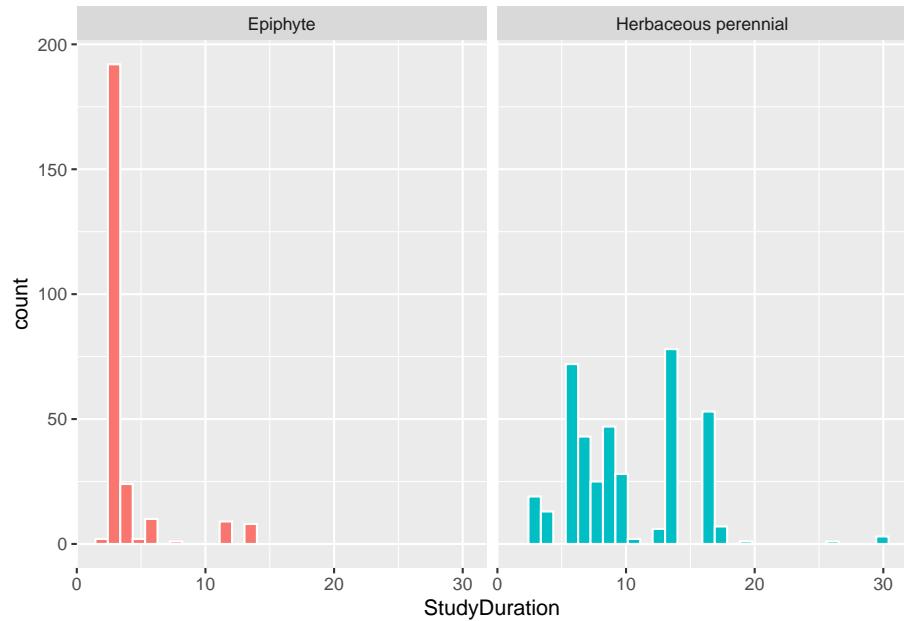
```
table(index_0$OrganismType)

##
##          Epiphyte Herbaceous perennial
##             248           399

ggplot(index_0, aes(StudyDuration, fill=OrganismType))+
  geom_histogram(colour="white")+
  facet_wrap(~OrganismType)+
  theme(legend.position = "none")

## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_bin()`).
```

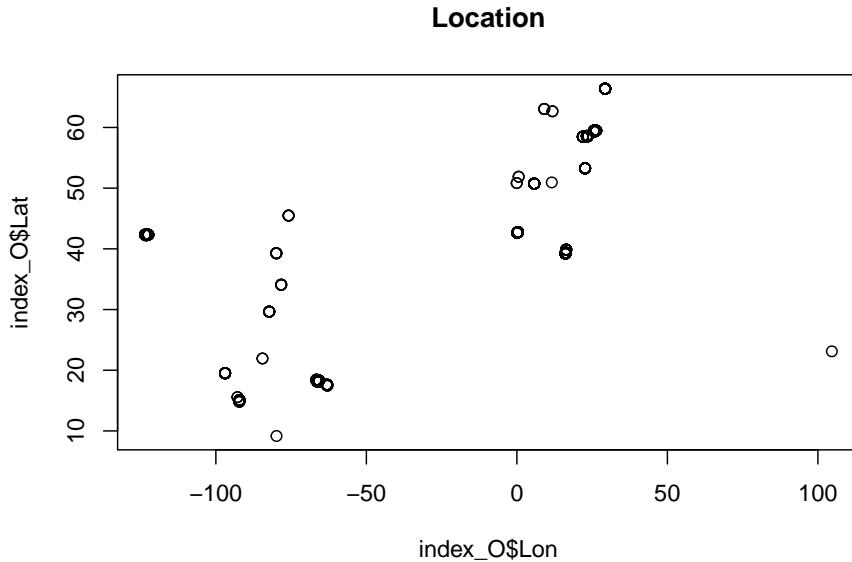


```
ggsave("Duración_Epi_Ter.pdf")

## Saving 6.5 x 4.5 in image
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_bin()`).
```

```
plot(index_0$Lon, index_0$Lat, main = "Location")
```



Getting the whole database for orchids

```
index <- which(compadre$metadata$Family == "Orchidaceae")
names(Compadre)
```

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

```

subset(index_0, Family == "Orchidaceae" &
      MatrixDimension > 2)

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 46 SPECIES and 647 MATRICES.
##
## # A tibble: 647 x 59
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor  SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int> <chr>          <chr>           <chr>      <chr>  <chr>
## 1 <CompdrtMt> 238285 Caladenia_amon~ Caladenia amon~ <NA>       Plantae Trach-
## 2 <CompdrtMt> 238286 Caladenia_argo~ Caladenia argo~ <NA>       Plantae Trach-
## 3 <CompdrtMt> 238287 Caladenia_clav~ Caladenia clav~ <NA>       Plantae Trach-
## 4 <CompdrtMt> 238288 Caladenia_eleg~ Caladenia eleg~ <NA>       Plantae Trach-
## 5 <CompdrtMt> 238289 Caladenia_gran~ Caladenia gran~ <NA>       Plantae Trach-
## 6 <CompdrtMt> 238290 Caladenia_macr~ Caladenia macr~ <NA>       Plantae Trach-
## 7 <CompdrtMt> 238291 Caladenia_oeno~ Caladenia oeno~ <NA>       Plantae Trach-
## 8 <CompdrtMt> 238292 Caladenia_rose~ Caladenia rose~ <NA>       Plantae Trach-
## 9 <CompdrtMt> 238293 Caladenia_vali~ Caladenia vali~ <NA>       Plantae Trach-
## 10 <CompdrtMt> 238565 Epipactis_atro~ Epipactis atro~ Darkred h~ Plantae Trach-
## # i 637 more rows
## # i 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 <dbl>,
## #   StudyStart <chr>, StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, ...

subset(index_0, DicotMonoc == "Eudicot" &
      Country %in% c("USA", "CAN") &
      MatrixDimension > 2)

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 0 SPECIES and 0 MATRICES.
##
## # A tibble: 0 x 59
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor  SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int> <chr>          <chr>           <chr>      <chr>  <chr>
##   # i 59 variables: mat <list>, MatrixID <int>, SpeciesAuthor <chr>,
##   #   SpeciesAccepted <chr>, CommonName <chr>, Kingdom <chr>, Phylum <chr>,
##   #   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 <dbl>, StudyStart <chr>, ...

#cdb_compare(index_0, x)

```

```

x <- subset(index_0, Family == "Orchidaceae")

x_0T=x %>%
  group_by(OrganismType)

#Orchids_New=as_cdb(index)
#compadre$mat[index]

Compadre_flagged <- cdb_flag(index_0)

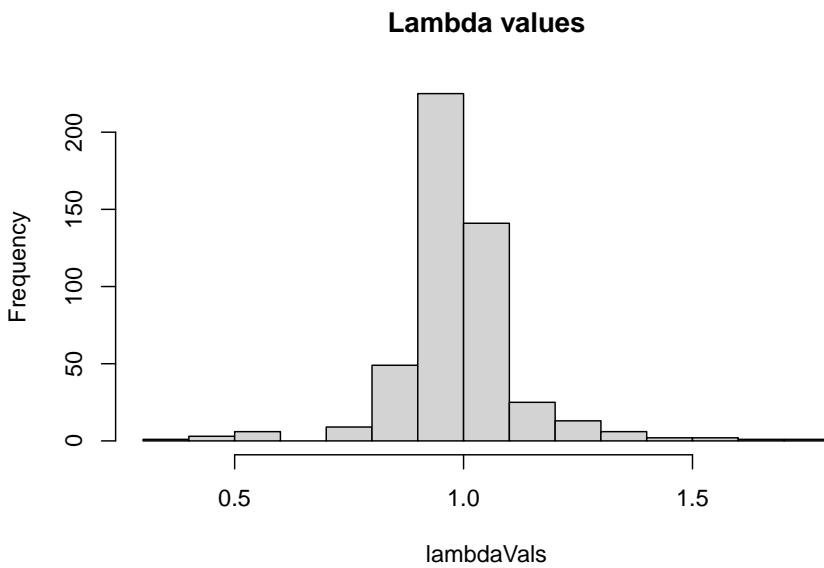
x <- subset(Compadre_flagged, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)

lambdaVals <- sapply(matA(x), popdemo::eigs, what="lambda")
summary(lambdaVals)

##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
##  0.3888  0.9635  0.9973  0.9944  1.0232  1.7760

hist(lambdaVals, main = "Lambda values")

```



```

library(purrr)
lambdaVals1 <- map_dbl(matA(x), ~popdemo::eigs(.x, what="lambda"))

```

```
#Or with popbio, which avoids some warning messages...
lambdaVals2 <- map_dbl(matA(x), ~popbio::lambda(.x))

x2=x %>%
  mutate(OrganismType = case_when(
    Genus == "Caladenia" & OrganismType == "Epiphyte" ~ "Herbaceous perennial",
    TRUE ~ OrganismType
  ))

epi=x2 %>%
  filter(OrganismType=="Epiphyte")

terr=x2 %>%
  filter(OrganismType=="Herbaceous perennial")

Compadre_flagged <- cdb_flag(index_O)

x <- subset(Compadre_flagged, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)

lambdaVals <- sapply(matA(x), popdemo::eigs, what="lambda") summary(lambdaVals) hist(lambdaVals, main = "Lambda values")

Compadre_flagged_epi <- cdb_flag(epi)

x_epi <- subset(Compadre_flagged_epi, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)

#sapply(matA(x_epi), popdemo::eigs, what="lambda")

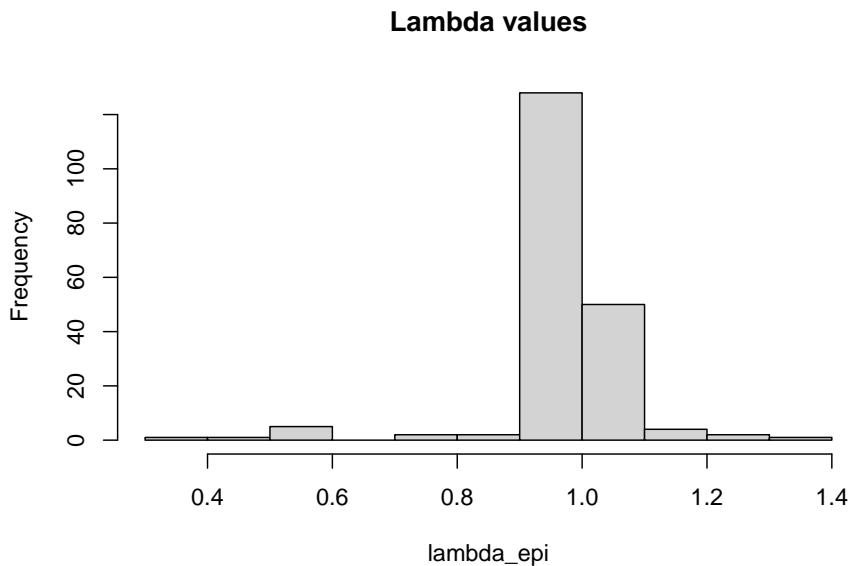
library(purrr)
lambda_epi <- map_dbl(matA(x_epi), ~popdemo::eigs(.x, what="lambda"))

#Or with popbio, which avoids some warning messages...
lambda_terr <- map_dbl(matA(terr), ~popbio::lambda(.x))

summary(lambda_epi)

##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
## 0.3888  0.9874  0.9972  0.9784  1.0027  1.3592

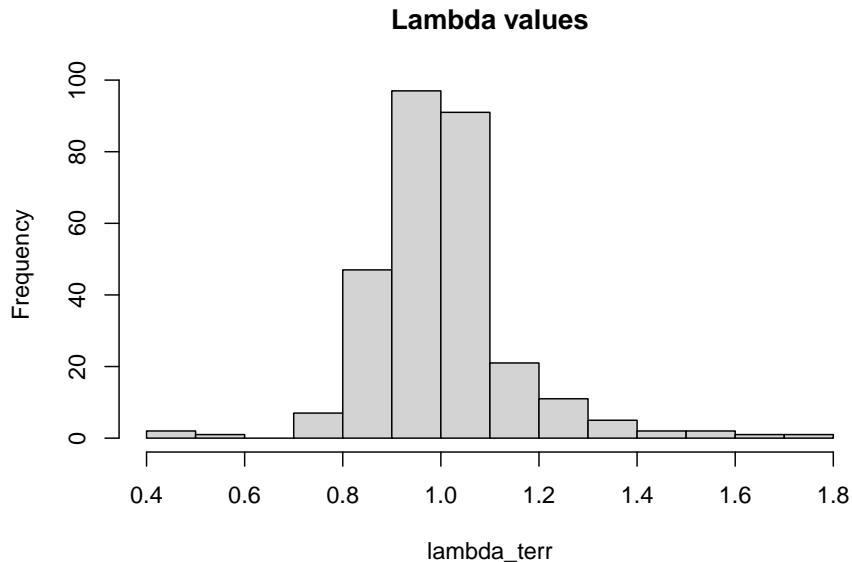
hist(lambda_epi, main = "Lambda values")
```



```
summary(lambda_terr)
```

```
##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
## 0.4089  0.9349  1.0000  1.0053  1.0538  1.7760
```

```
hist(lambda_terr, main = "Lambda values")
```



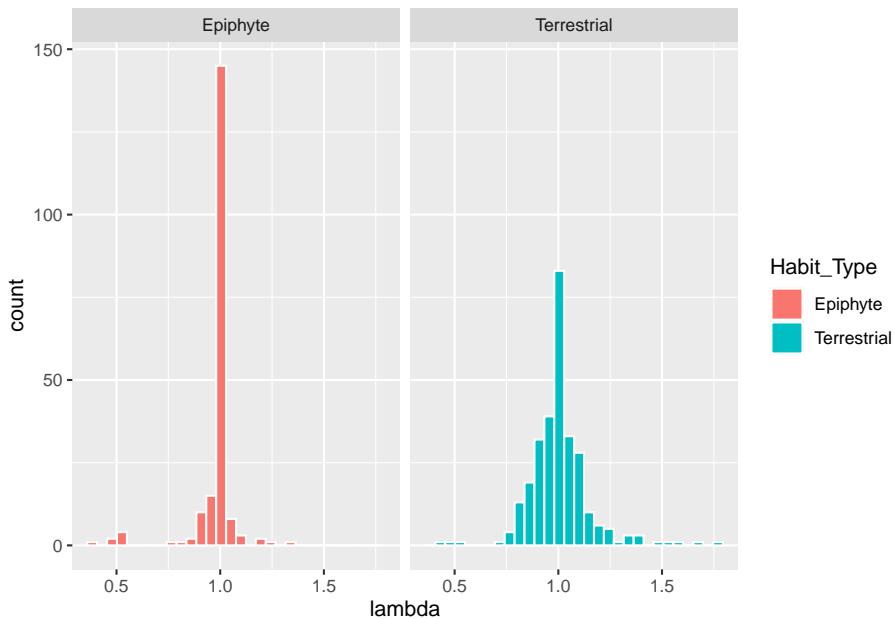
```
df_Lamb_epi=as.data.frame(lambda_epi)
df_Lamb_epi=df_Lamb_epi %>%
  add_column(Habit_Type = "Epiphyte") %>%
  rename(lambda=lambda_epi)

df_Lamb_terr=as.data.frame(lambda_terr)
df_Lamb_terr=df_Lamb_terr %>%
  add_column(Habit_Type = "Terrestrial")%>%
  rename(lambda=lambda_terr)

ALL_Lambdas=rbind(df_Lamb_epi, df_Lamb_terr)
```

```
ggplot(ALL_Lambdas, aes(lambda, fill=Habit_Type ))+
  geom_histogram(colour="white") +
  facet_wrap(~Habit_Type)

## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



The number of populations

```
x2 %>%
  group_by(SpeciesAccepted) %>%
  summarize(n_populations = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
  arrange(desc(n_populations))

## # A tibble: 45 x 2
##   SpeciesAccepted      n_populations
##   <chr>                  <int>
## 1 Lepanthes rubripetala     20
## 2 Lepanthes rupestris      14
## 3 Lepanthes caritensis      13
## 4 Cypripedium calceolus       9
## 5 Orchis purpurea          7
## 6 Neotinea ustulata          6
## 7 Serapias cordigera          6
## 8 Cypripedium fasciculatum      4
## 9 Epipactis atrorubens          4
## 10 Oeceoclades maculata         4
## # i 35 more rows

compadre_replicated_pops <- x2 %>%
  group_by(SpeciesAccepted) %>%
```

```

mutate(n_pops = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
ungroup() %>%
subset(n_pops >= 10)

compadre_replicated_pops

```

```

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 3 SPECIES and 167 MATRICES.
##
## # A tibble: 167 x 74
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor  SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int> <chr>          <chr>           <chr>    <chr>
## 1 <CompdrtMt> 238838 Lepanthes_rubr~ Lepanthes rubr~ <NA>     Plantae Magno~
## 2 <CompdrtMt> 239751 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 3 <CompdrtMt> 239752 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 4 <CompdrtMt> 239753 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 5 <CompdrtMt> 239754 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 6 <CompdrtMt> 239755 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 7 <CompdrtMt> 239756 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 8 <CompdrtMt> 239757 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 9 <CompdrtMt> 239758 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>     Plantae Magno~
## 10 <CompdrtMt> 239759 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## # i 157 more rows
## # i 67 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 <dbl>,
## #   StudyStart <chr>, StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, ...

```

```

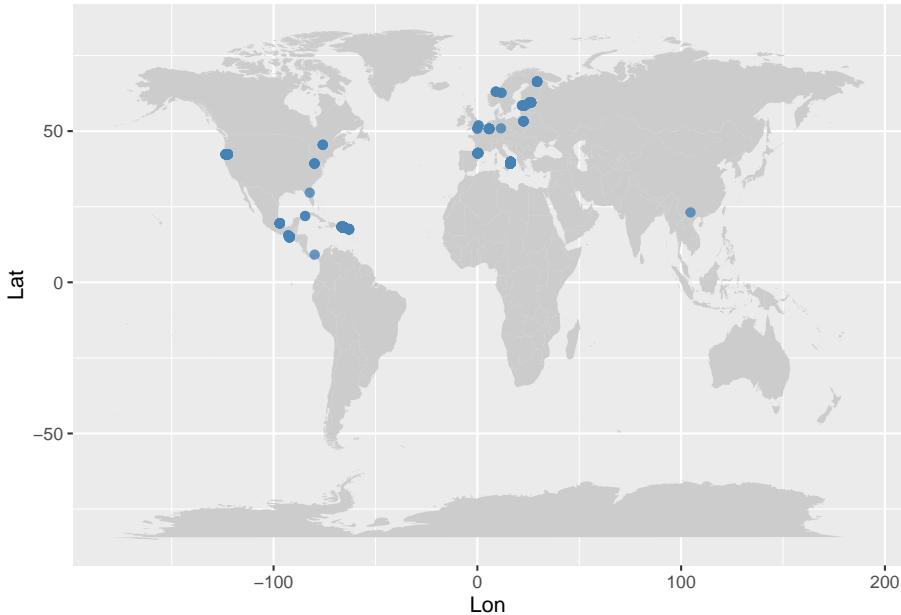
ggplot2::ggplot(x2, aes(Lon, Lat)) +
  borders(database = "world", fill = "grey80", col = NA) +
  geom_point(col = "steelblue", size = 1.8, alpha = 0.8)

```

```

## Warning: Removed 28 rows containing missing values (`geom_point()`).

```



```
# function to calculate life expectancy
lifeExpectancy <- function(matU, startLife) {
  N <- solve(diag(nrow(matU)) - matU)
  return(colSums(N)[startLife])
}

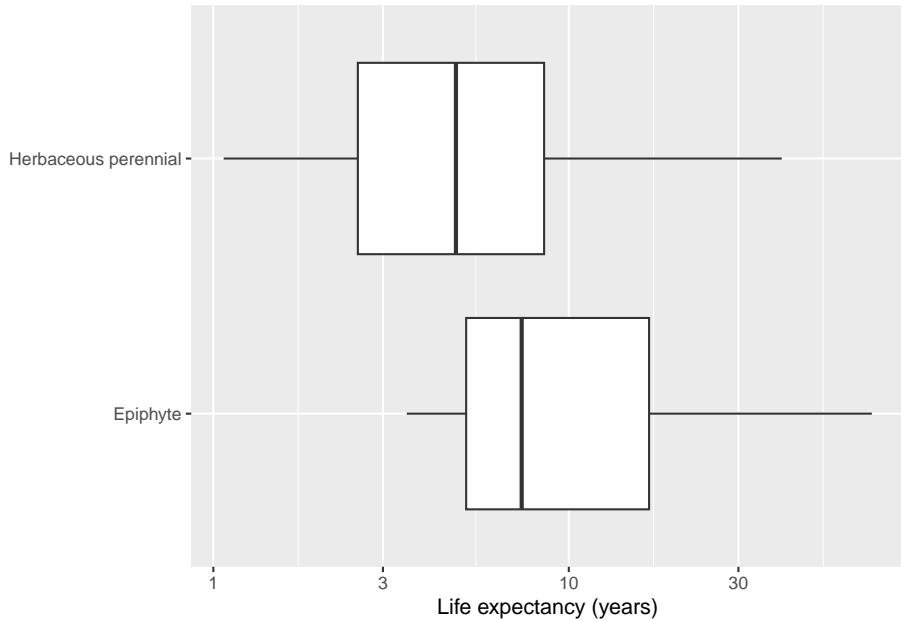
compadre_life_expect <- x2 %>%
  filter(MatrixComposite == "Mean", # filter is the dplyr version of subset
         MatrixTreatment == "Unmanipulated",
         MatrixCaptivity == "W",
         #ProjectionInterval == "1"
         ) %>%
  mutate(StageID = cdb_id_stages(.)) %>%
  cdbCollapse(columns = "StageID") %>%
  cdb_flag() %>%
  filter(check_NA_U == FALSE,
        check_zero_U == FALSE,
        check_singular_U == FALSE) %>%
  mutate(matU = matU(.), start_life = mpm_first_active(.)) %>%
  mutate(life_expectancy = mapply(lifeExpectancy, matU, start_life)) %>%
# filter(life_expectancy >= 1) %>%
  mutate(OrganismType = reorder(OrganismType, life_expectancy, median))

## Warning in mpm_mean(x$mat): CompadreMat objects in given list do not all have
```

```
## the same MatrixClassOrganized. Returning MatrixClassOrganized from first list
## element

ggplot2::ggplot(compadre_life_expect, aes(OrganismType, life_expectancy)) +
  geom_boxplot() +
  scale_y_log10() +
  coord_flip() +
  labs(x = NULL, y = "Life expectancy (years)")

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_boxplot()`).
```



```
library(Rcompadre)
library(popdemo)

## 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/iainmstott/popdemo

data(Compadre)
```

```
Compadre$matA <- matA(Compadre)

# create empty vector to store output
Compadre$dim <- numeric(nrow(Compadre))

index$dim <- numeric(nrow(index_0))

## Warning in index$dim <- numeric(nrow(index_0)): Coercing LHS to a list

# loop through all rows of Compadre
for (i in seq_len(nrow(Compadre))) {
  Compadre$dim[i] <- nrow(Compadre$matA[[i]])
}

# function to determine whether matrix 'mat' has any stages with no transitions
NullStages <- function(mat) any(colSums(mat) == 0)

# apply function to every element of A
Compadre>null_stages <- sapply(Compadre$matA, NullStages)

NullStages(Compadre$matA[[1]]) # apply function to single element

## [1] FALSE

Compadre>null_stages <- sapply(matA(Compadre), NullStages)
```


Chapter 15

L TRE

Por: Adriana Ramirez Martinez

15.1 Introducción a L TRE

Ahora el primer paso es explicar a que

15.2 Métodos

Chapter 16

Metodos de Simulaciones

Por: ???

16.1 Introducciones a métodos de simulaciones

16.2 Ventaja de usar simulaciones

16.3 Ejemplo Simple de simulaciones

Chapter 17

El uso de matrices para estudios evolutivos

Por: Roberto Salguero-Gómez

17.1

Chapter 18

PPM_Orquidea sinopsis historico

18.1 Por: Raymond y todos

Por: Un overview de la historia de estudios PPm con orquideas

Chapter 19

Compadre_Orchid PPM y su uso

19.1 Raymond y Roberto

```
library(Rcompadre)
library(tidyverse)
library(gt)
library(kableExtra)
```

19.2 Load data from COMPADRE

```
load("~/Dropbox/GitHub_Dropbox_Drive/GitHub/Taller_Demo_Peru/Taller_Diagnostico_Poblacional/COMPADRE.RData")
ALLSp=as_cdb(compadre) # Un baso critico: Convertir la base de datos anterior COM(P)ADRE (de celdas)
names(ALLSp) # Nombre de las variables

## [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] "Jurnal"                "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"

```

```

index_0<-ALLSp %>%
  filter(Family %in% c("Orchidaceae")) # Extraer la orquídeas de la base de datos.

```

19.3 Lista de especies de orquídeas en la base de datos de COPADRE

```
unique(index_0$SpeciesAccepted)
```

```

## [1] "Caladenia amonea"          "Caladenia argocalla"
## [3] "Caladenia clavigera"       "Caladenia elegans"
## [5] "Caladenia graniticola"     "Caladenia macroclavia"
## [7] "Caladenia oenochila"        "Caladenia rosella"
## [9] "Caladenia valida"          "Epipactis atrorubens"
## [11] "Lepanthes rubripetala"      "Spathoglottis plicata"
## [13] "Broughtonia cubensis"       "Cephalanthera longifolia"
## [15] "Cleistes bifaria"          "Cypripedium calceolus"
## [17] "Dendrophylax lindenii"      "Erycina crista-galli"
## [19] "Lepanthes acuminata"        "Lepanthes caritensis"
## [21] "Oncidium poikilostalix"     "Serapias cordigera"
## [23] "Telipogon helleri"          "Aspasia principissa"
## [25] "Guarianthe aurantiaca"      "Jacquinia leucomelana"
## [27] "Jacquinia teretifolia"       "Lepanthes eltoroensis"
## [29] "Lycaste aromatica"          "Tolumnia variegata"
## [31] "Cleistesiopsis bifaria"      "Cleistesiopsis divaricata"
## [33] "Corallorrhiza trifida"       "Cypripedium fasciculatum"
## [35] "Cypripedium lentiginosum"    "Cypripedium parviflorum"
## [37] "Dactylorhiza lapponica"      "Herminium monorchis"
## [39] "Himantoglossum hircinum"     "Lepanthes rupestris"

```

```

## [41] "Neotinea ustulata"      "Ophrys sphegodes"
## [43] "Orchis purpurea"        "Platanthera hookeri"
## [45] "Oeceoclades maculata"   "Brassavola cucullata"

```

19.4 How many unique studies?

To know how long the studies were and be unique I need to select combinations of variables that make it unique.

Subset

```

names(index_0)

## [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"

```

```

SPECIES_0=index_0 %>% select(StudyStart, StudyEnd, SpeciesAccepted, YearPublication, Authors, DOI_ISBN)
group_by(SpeciesAccepted, YearPublication, Authors, DOI_ISBN, OrganismType, StudyStart, StudyEnd)
summarize(n_populations = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
arrange(desc(n_populations)) %>%
mutate(StudyStart=as.numeric(StudyStart)) %>%
mutate(StudyEnd=as.numeric(StudyEnd)) %>%
drop_na(StudyStart, StudyEnd)

SPECIES_0 %>% kable()

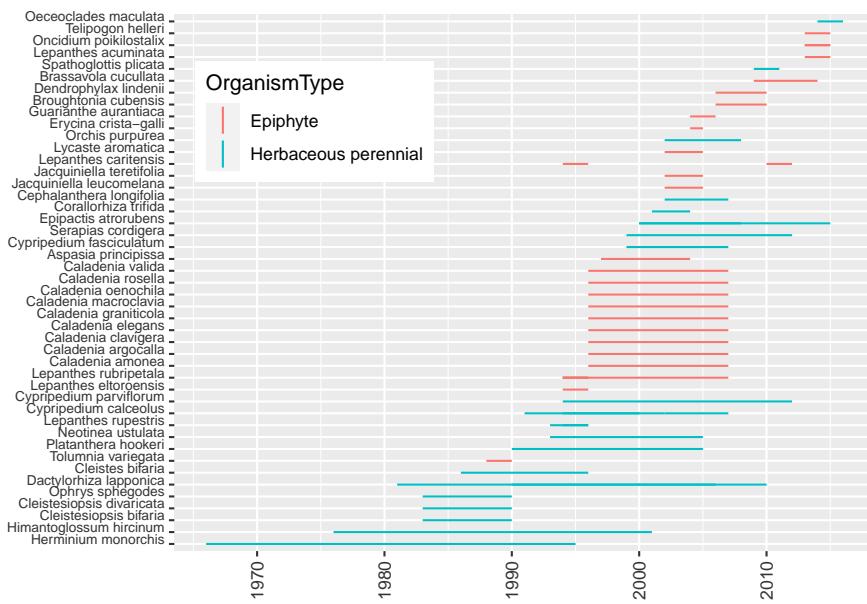
```

SpeciesAccepted	YearPublication	Authors
<i>Lepanthes caritensis</i>	2018	Crain; Tremblay; Ferguson
<i>Epipactis atrorubens</i>	2017	Hens; Pakanen; Jäkäläniemi; Tuomi; Kvist
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2010	Schödelbauerová; Tremblay; Kindlmann
<i>Lepanthes rupestris</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Lepanthes rupestris</i>	2014	Tremblay; McCarthy
<i>Orchis purpurea</i>	2010	Jacquemyns; Brys; Jongejans
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Lepanthes rubripetala</i>	2015	Tremblay; Raventós; Ackerman;
<i>Neotinea ustulata</i>	2007	Shefferson; Tali
<i>Serapias cordigera</i>	2014	Pellegrino; Bellusci
<i>Cephalanthera longifolia</i>	2012	Shefferson; Kull; Tali; Kellett
<i>Cleistesopsis bifaria</i>	1991	Wells; Willems
<i>Cypripedium calceolus</i>	2005	Nicolé; Brzosko; Till-Bottraud
<i>Cypripedium fasciculatum</i>	2011	Thorpe; Stanley; Kayne; Latham
<i>Oeceoclades maculata</i>	2019	Riverón-Giró; Raventós; Damon; García-González; Mú
<i>Platanthera hookeri</i>	2007	Reddoch; Reddoch
<i>Brassavola cucullata</i>	2020	Ackerman; Tremblay; Pérez; Madden; Bechtold; Boeke
<i>Cypripedium calceolus</i>	2012	Shefferson; Kull; Tali; Kellett
<i>Dactylorhiza lapponica</i>	2010	Sletvold; Øien; Moen
<i>Lepanthes eltoroensis</i>	2001	Tremblay; Ackerman
<i>Cleistes bifaria</i>	2006	Gregg; Kéry
<i>Cypripedium calceolus</i>	2010	García; Goñi; Guzman
<i>Erycina crista-galli</i>	2007	Mondragón; Maldonado; Aguilar-Santelises
<i>Jacquinia leucomelana</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Jacquinia teretifolia</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Lepanthes caritensis</i>	1997	Tremblay
<i>Lycaste aromatica</i>	2009	Winkler; Hülber; Hietz
<i>Aspasia principissa</i>	2006	Zotz; Schmidt
<i>Broughtonia cubensis</i>	2015	Raventós; Gonzalez; Mújica; Bonet
<i>Caladenia amonea</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia argocalla</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia clavigera</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia elegans</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia graniticola</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia macroclavia</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia oenochila</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia rosella</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Caladenia valida</i>	2009	Tremblay; Pérez; Larcombe; Brown; Quarmby; Bickert
<i>Cleistesopsis divaricata</i>	1991	Wells; Willems
<i>Corallorrhiza trifida</i>	2009	Iriondo; Giménez-Benavides; Albert; Lozano; Escudero
<i>Cypripedium parviflorum</i>	2014	Shefferson; Warren II; Pulliam
<i>Dactylorhiza lapponica</i>	2013	Sletvold; Dahlgren; Øien; Moen; Ehrlén
<i>Dendrophylax lindenii</i>	2015	Raventós; Gonzalez; Mújica; Bonet
<i>Epipactis atrorubens</i>	2011	Jäkäläniemi; Crone; Närhi; Tuomi
<i>Guarianthe aurantiaca</i>	2009	Mondragón
<i>Herminium monorchis</i>	1998	Wells; Rothery; Cox; Bamford
<i>Himantoglossum hircinum</i>	2006	Pfeifer; Wiegand; Heinrich; Jetschke
<i>Lepanthes acuminata</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon
<i>Oncidium poikilostalix</i>	2017	García-González; Damon; Raventós; Riverón-Giró; Mú
<i>Oncidium poikilostalix</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon
<i>Ophrys sphegodes</i>	1991	Wells; Willems
<i>Spathoglottis plicata</i>	2017	Falcón; Ackerman; Tremblay
<i>Telipogon helleri</i>	2018	Raventós; García-González; Riverón-Giró; Damon

```
write_csv(SPECIES_0, "Species_0.csv")
```

```
SPECIES_0$SpeciesAccepted <- fct_reorder(SPECIES_0$SpeciesAccepted, SPECIES_0$StudyStart, .desc = TRUE)

ggplot(SPECIES_0, aes(SpeciesAccepted, color=OrganismType))+
  geom_linerange(aes(x= SpeciesAccepted , ymin=StudyStart, ymax=StudyEnd))+
  coord_flip()+
  theme(legend.position = c(0.2, 0.8))+
  theme(axis.text.x = element_text(color = "grey20", size = 9, angle = 90, hjust = .5, vjust = .5),
        axis.text.y = element_text(color = "grey20", size = 7, angle = 0, hjust = 1, vjust = 0, family = "mono"),
        axis.title.x = element_text(color = "grey20", size = 12, angle = 0, hjust = .5, vjust = 0),
        axis.title.y = element_text(color = "grey20", size = 12, angle = 90, hjust = .5, vjust = 1),
        ylab("")+
        xlab("")
```



```
index_0=index_0 %>%
  mutate(StudyDuration=as.numeric(StudyDuration))

table(index_0$StudyDuration)
```

```
##
```

Study Duration (approx.)	Count
2	2
3	211
4	37
5	2
6	82
7	43
8	26
9	47
10	28
11	2
12	9
13	6
14	86
16	53
17	7
19	1
26	1
30	3

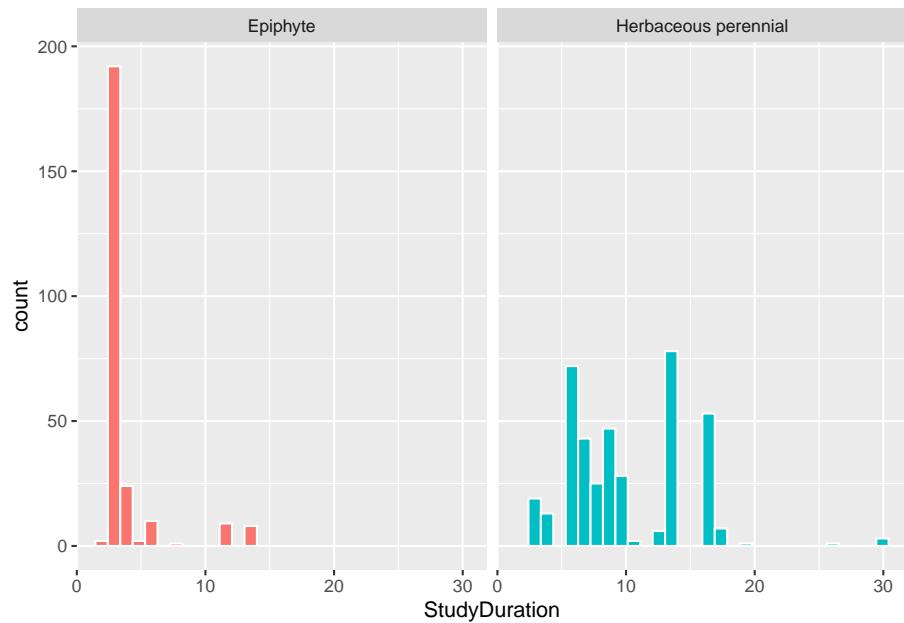
```
table(index_0$OrganismType)

##
##          Epiphyte Herbaceous perennial
##             248                  399

ggplot(index_0, aes(StudyDuration, fill=OrganismType))+
  geom_histogram(colour="white")+
  facet_wrap(~OrganismType)+
  theme(legend.position = "none")

## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_bin()`).
```

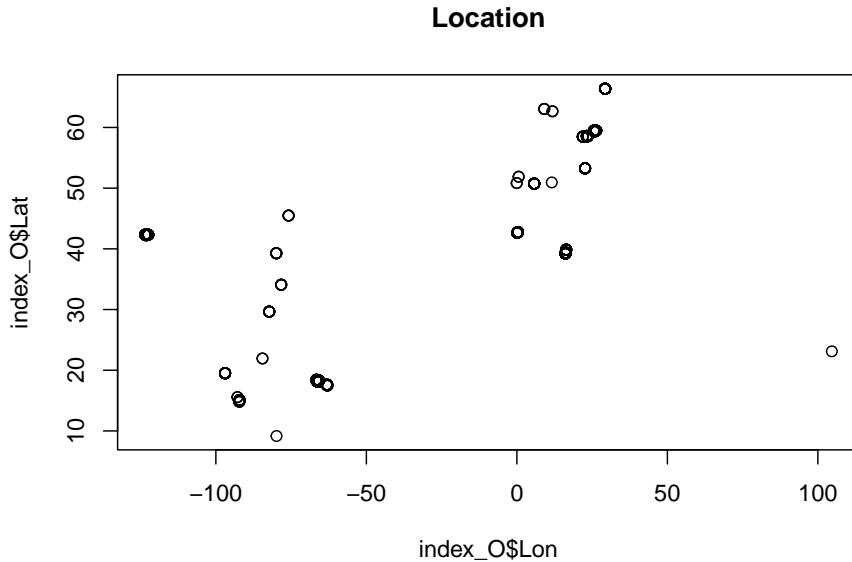


```
ggsave("Duración_Epi_Ter.pdf")
```

```
## Saving 6.5 x 4.5 in image
## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_bin()`).
```

```
plot(index_0$Lon, index_0$Lat, main = "Location")
```



Getting the whole database for orchids

```
index <- which(compadre$metadata$Family == "Orchidaceae")
names(Compadre)
```

```
## [1] "mat"                      "SpeciesAuthor"           "SpeciesAccepted"
## [4] "CommonName"                "Genus"                   "Family"
## [7] "Order"                     "Class"                   "Phylum"
## [10] "Kingdom"                  "OrganismType"            "DicotMonoc"
## [13] "AngioGymno"               "Authors"                 "Journal"
## [16] "YearPublication"          "DOI_ISBN"                "AdditionalSource"
## [19] "StudyDuration"             "StudyStart"               "StudyEnd"
## [22] "ProjectionInterval"       "NumberPopulations"        "MatrixCriteriaSize"
## [25] "MatrixCriteriaOntogeny"    "MatrixCriteriaAge"         "MatrixPopulation"
## [28] "Lat"                       "Lon"                     "Altitude"
## [31] "Country"                  "Continent"                "Ecoregion"
## [34] "StudiedSex"                "MatrixComposite"          "MatrixTreatment"
## [37] "MatrixCaptivity"           "MatrixStartYear"          "MatrixStartSeason"
## [40] "MatrixStartMonth"           "MatrixEndYear"             "MatrixEndSeason"
## [43] "MatrixEndMonth"             "MatrixSplit"               "MatrixFec"
## [46] "Observation"               "MatrixDimension"          "SurvivalIssue"
## [49] "AnnualPeriodicity"          "matA"                    "dim"
```

```

## [52] "null_stages"

subset(index_0, Family == "Orchidaceae" &
      MatrixDimension > 2)

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 46 SPECIES and 647 MATRICES.
## 
## # A tibble: 647 x 59
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor  SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int> <chr>        <chr>          <chr>      <chr>  <chr>
## 1 <CompdrtMt> 238285 Caladenia_amon~ Caladenia amon~ <NA>       Plantae Trach-
## 2 <CompdrtMt> 238286 Caladenia_argo~ Caladenia argo~ <NA>       Plantae Trach-
## 3 <CompdrtMt> 238287 Caladenia_clav~ Caladenia clav~ <NA>       Plantae Trach-
## 4 <CompdrtMt> 238288 Caladenia_eleg~ Caladenia eleg~ <NA>       Plantae Trach-
## 5 <CompdrtMt> 238289 Caladenia_gran~ Caladenia gran~ <NA>       Plantae Trach-
## 6 <CompdrtMt> 238290 Caladenia_macr~ Caladenia macr~ <NA>       Plantae Trach-
## 7 <CompdrtMt> 238291 Caladenia_oeno~ Caladenia oeno~ <NA>       Plantae Trach-
## 8 <CompdrtMt> 238292 Caladenia_rose~ Caladenia rose~ <NA>       Plantae Trach-
## 9 <CompdrtMt> 238293 Caladenia_vali~ Caladenia vali~ <NA>       Plantae Trach-
## 10 <CompdrtMt> 238565 Epipactis_atro~ Epipactis atro~ Darkred h~ Plantae Trach-
## # i 637 more rows
## # i 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 <dbl>,
## #   StudyStart <chr>, StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, ...

subset(index_0, DicotMonoc == "Eudicot" &
      Country %in% c("USA", "CAN") &
      MatrixDimension > 2)

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 0 SPECIES and 0 MATRICES.
## 
## # A tibble: 0 x 59
## # i 59 variables: mat <list>, MatrixID <int>, SpeciesAuthor <chr>,
## #   SpeciesAccepted <chr>, CommonName <chr>, Kingdom <chr>, Phylum <chr>,
## #   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 <dbl>, StudyStart <chr>, ...

```

```
#cdb_compare(index_0,x)

x <- subset(index_0,Family == "Orchidaceae")
x_0T=x %>%
  group_by(OrganismType)

#Orchids_New=as_cdb(index)
#compadre$mat[index]

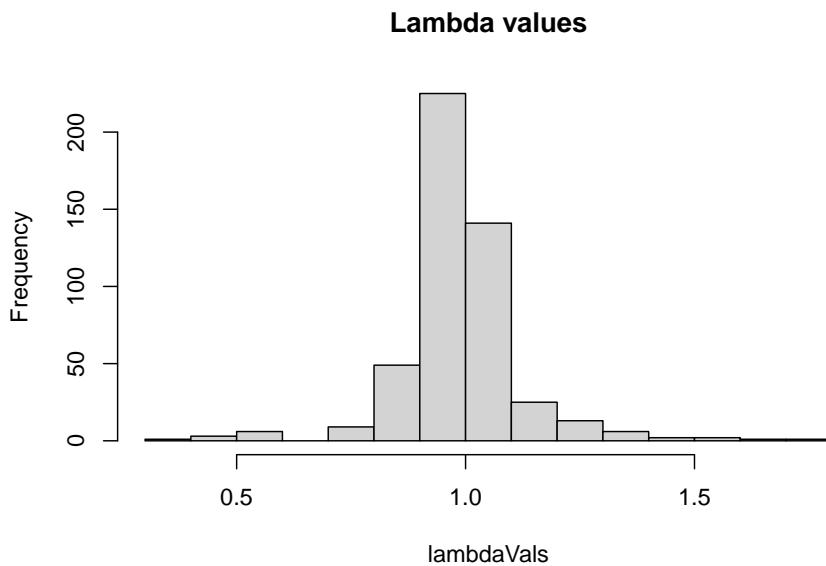
Compadre_flagged <- cdb_flag(index_0)

x <- subset(Compadre_flagged, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)

lambdaVals <- sapply(matA(x), popdemo::eigs, what="lambda")
summary(lambdaVals)

##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
## 0.3888  0.9635  0.9973  0.9944  1.0232  1.7760

hist(lambdaVals, main = "Lambda values")
```



```

library(purrr)
lambdaVals1 <- map_dbl(matA(x), ~popdemo::eigs(.x, what="lambda"))

#Or with popbio, which avoids some warning messages...
lambdaVals2 <- map_dbl(matA(x), ~popbio::lambda(.x))

x2=x %>%
  mutate(OrganismType = case_when(
    Genus == "Caladenia" & OrganismType == "Epiphyte" ~ "Herbaceous perennial",
    TRUE ~ OrganismType
  ))

epi=x2 %>%
  filter(OrganismType=="Epiphyte")

terr=x2 %>%
  filter(OrganismType=="Herbaceous perennial")

Compadre_flagged <- cdb_flag(index_O)
x <- subset(Compadre_flagged, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)
lambdaVals <- sapply(matA(x), popdemo::eigs, what="lambda") summary(lambdaVals, main = "Lambda values")

Compadre_flagged_epi <- cdb_flag(epi)
x_epi <- subset(Compadre_flagged_epi, check_NA_A == FALSE & check_ergodic == TRUE)

#sapply(matA(x_epi), popdemo::eigs, what="lambda")

library(purrr)
lambda_epi <- map_dbl(matA(x_epi), ~popdemo::eigs(.x, what="lambda"))

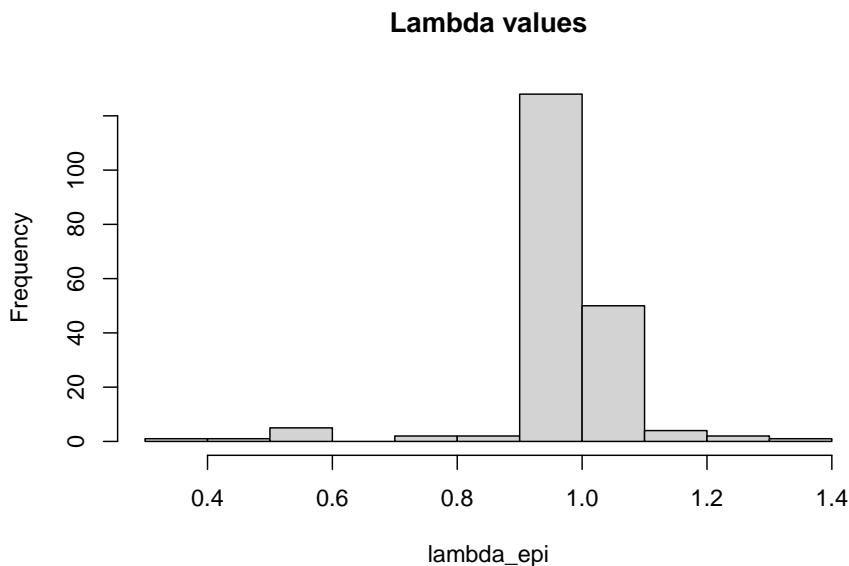
#Or with popbio, which avoids some warning messages...
lambda_terr <- map_dbl(matA(terr), ~popbio::lambda(.x))

summary(lambda_epi)

##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
## 0.3888  0.9874  0.9972  0.9784  1.0027  1.3592

```

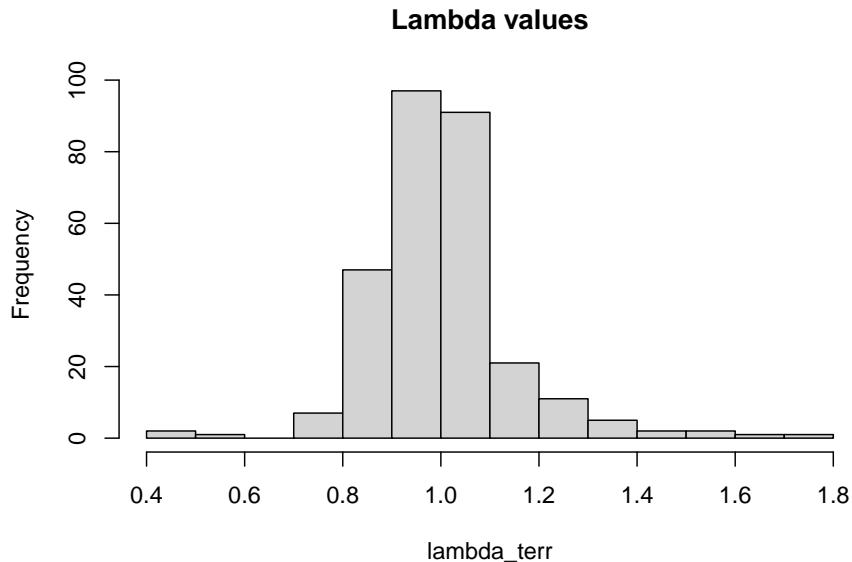
```
hist(lambda_epi, main = "Lambda values")
```



```
summary(lambda_terr)
```

```
##      Min. 1st Qu. Median      Mean 3rd Qu.      Max.
##  0.4089  0.9349  1.0000  1.0053  1.0538  1.7760
```

```
hist(lambda_terr, main = "Lambda values")
```



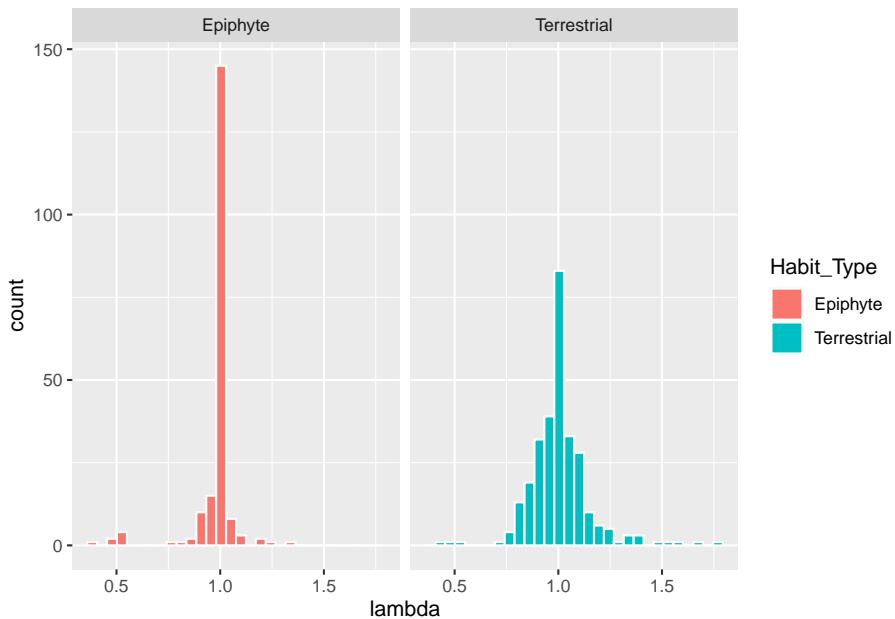
```
df_Lamb_epi=as.data.frame(lambda_epi)
df_Lamb_epi=df_Lamb_epi %>%
  add_column(Habit_Type = "Epiphyte") %>%
  rename(lambda=lambda_epi)

df_Lamb_terr=as.data.frame(lambda_terr)
df_Lamb_terr=df_Lamb_terr %>%
  add_column(Habit_Type = "Terrestrial")%>%
  rename(lambda=lambda_terr)

ALL_Lambdas=rbind(df_Lamb_epi, df_Lamb_terr)
```

```
ggplot(ALL_Lambdas, aes(lambda, fill=Habit_Type ))+
  geom_histogram(colour="white") +
  facet_wrap(~Habit_Type)

## `stat_bin()` using `bins = 30`. Pick better value with `binwidth`.
```



The number of populations

```
x2 %>%
  group_by(SpeciesAccepted) %>%
  summarize(n_populations = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
  arrange(desc(n_populations))

## # A tibble: 45 x 2
##   SpeciesAccepted      n_populations
##   <chr>                  <int>
## 1 Lepanthes rubripetala      20
## 2 Lepanthes rupestris       14
## 3 Lepanthes caritensis       13
## 4 Cypripedium calceolus        9
## 5 Orchis purpurea          7
## 6 Neotinea ustulata         6
## 7 Serapias cordigera        6
## 8 Cypripedium fasciculatum      4
## 9 Epipactis atrorubens       4
## 10 Oeceoclades maculata        4
## # i 35 more rows

compadre_replicated_pops <- x2 %>%
  group_by(SpeciesAccepted) %>%
```

```

mutate(n_pops = length(unique(MatrixPopulation))) %>%
ungroup() %>%
subset(n_pops >= 10)

compadre_replicated_pops

```

```

## A COM(P)ADRE database ('CompadreDB') object with 3 SPECIES and 167 MATRICES.
##
## # A tibble: 167 x 74
##   mat      MatrixID SpeciesAuthor SpeciesAccepted CommonName Kingdom Phylum
##   <list>     <int> <chr>       <chr>        <chr>    <chr>  <chr>
## 1 <CompdrtMt> 238838 Lepanthes_rubr~ Lepanthes rubr~ <NA>    Plantae Magno~
## 2 <CompdrtMt> 239751 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 3 <CompdrtMt> 239752 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 4 <CompdrtMt> 239753 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 5 <CompdrtMt> 239754 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 6 <CompdrtMt> 239755 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 7 <CompdrtMt> 239756 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 8 <CompdrtMt> 239757 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 9 <CompdrtMt> 239758 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>    Plantae Magno~
## 10 <CompdrtMt> 239759 Lepanthes_cari~ Lepanthes cari~ <NA>   Plantae Magno~
## # i 157 more rows
## # i 67 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 <dbl>,
## #   StudyStart <chr>, StudyEnd <chr>, ProjectionInterval <chr>, ...

```

```

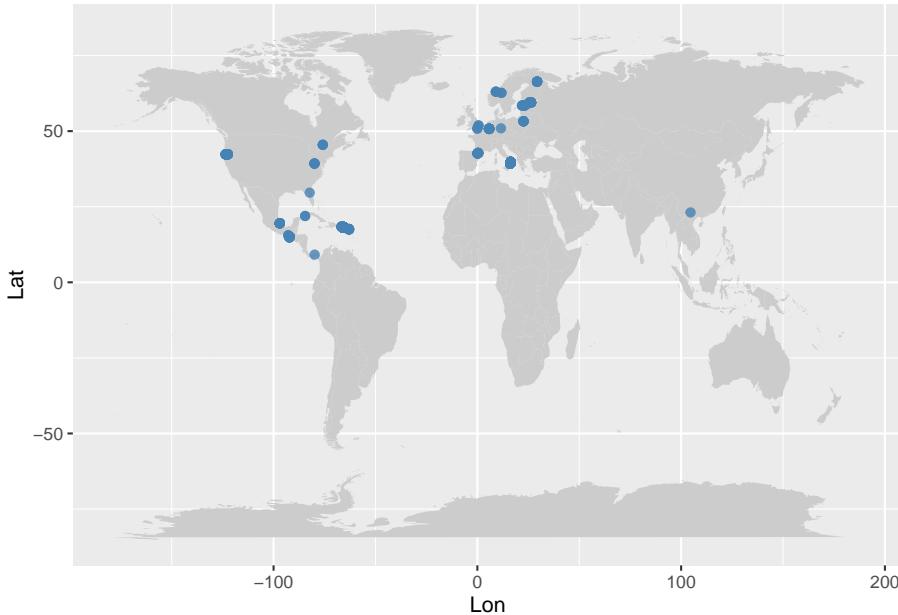
ggplot2::ggplot(x2, aes(Lon, Lat)) +
  borders(database = "world", fill = "grey80", col = NA) +
  geom_point(col = "steelblue", size = 1.8, alpha = 0.8)

```

```

## Warning: Removed 28 rows containing missing values (`geom_point()`).

```



```
# function to calculate life expectancy
lifeExpectancy <- function(matU, startLife) {
  N <- solve(diag(nrow(matU)) - matU)
  return(colSums(N)[startLife])
}

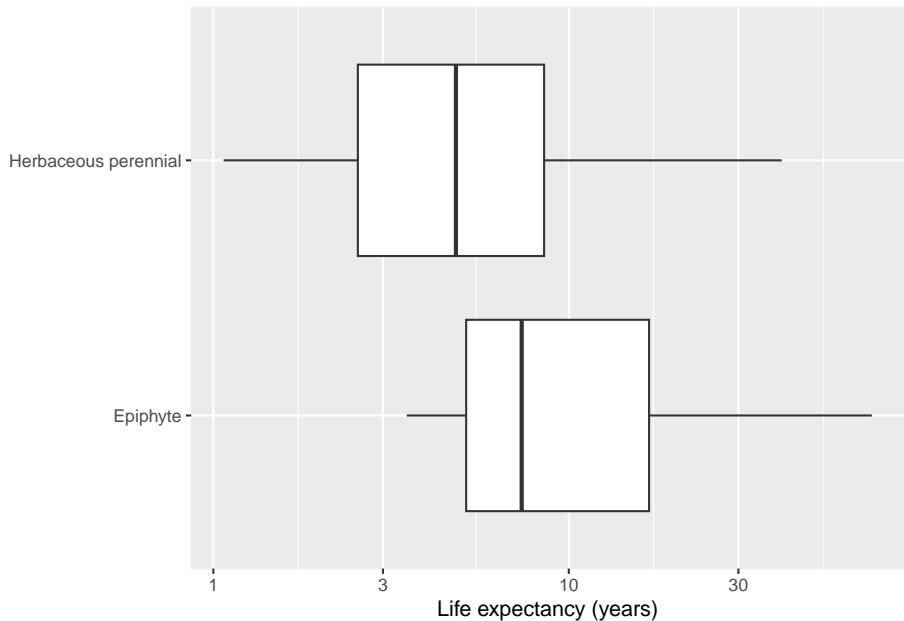
compadre_life_expect <- x2 %>%
  filter(MatrixComposite == "Mean", # filter is the dplyr version of subset
         MatrixTreatment == "Unmanipulated",
         MatrixCaptivity == "W",
         #ProjectionInterval == "1"
         ) %>%
  mutate(StageID = cdb_id_stages(.)) %>%
  cdbCollapse(columns = "StageID") %>%
  cdb_flag() %>%
  filter(check_NA_U == FALSE,
        check_zero_U == FALSE,
        check_singular_U == FALSE) %>%
  mutate(matU = matU(.), start_life = mpm_first_active(.)) %>%
  mutate(life_expectancy = mapply(lifeExpectancy, matU, start_life)) %>%
# filter(life_expectancy >= 1) %>%
  mutate(OrganismType = reorder(OrganismType, life_expectancy, median))

## Warning in mpm_mean(x$mat): CompadreMat objects in given list do not all have
```

```
## the same MatrixClassOrganized. Returning MatrixClassOrganized from first list
## element

ggplot2::ggplot(compadre_life_expect, aes(OrganismType, life_expectancy)) +
  geom_boxplot() +
  scale_y_log10() +
  coord_flip() +
  labs(x = NULL, y = "Life expectancy (years)")

## Warning: Removed 1 rows containing non-finite values (`stat_boxplot()`).
```



```
library(Rcompadre)
library(popdemo)
data(Compadre)

Compadre$matA <- matA(Compadre)

# create empty vector to store output
Compadre$dim <- numeric(nrow(Compadre))

index$dim <- numeric(nrow(index_0))

## Warning in index$dim <- numeric(nrow(index_0)): Coercing LHS to a list
```

```
# loop through all rows of Compadre
for (i in seq_len(nrow(Cmpadre))) {
  Compadre$dim[i] <- nrow(Cmpadre$matA[[i]])
}

# function to determine whether matrix 'mat' has any stages with no transitions
NullStages <- function(mat) any(colSums(mat) == 0)

# apply function to every element of A
Compadre>null_stages <- sapply(Cmpadre$matA, NullStages)

NullStages(Cmpadre$matA[[1]]) # apply function to single element

## [1] FALSE

Compadre>null_stages <- sapply(matA(Cmpadre), NullStages)
```


Chapter 20

Traducción del artículo Protocolo de información

Por: Grupo de Anne

Chapter 21

Dinámica espacial y temporal de Encyclia bocourtii después de 15 años en la Península de Guanahacabibes, Cuba

Por: Ernesto y Elaine

Chapter 22

Nhora

Por: Nhora

Chapter 23

Impactos de datos sin sentido sobre los análisis

Por: RLT

Chapter 24

Hojas de datos en el campo

Por: RLT, Nhora, Demetria, Anne....

La hoja de recoleccion de datos deberia estar preparada antes de ir al campo y estar sobre papel que es impermeable y escribir con lapiz. Ese ultimo punto es bien importante ya que la gran mayoria de los boligrafos son soluble en agua y si el papel se moja ud puede perder sus daos. RECUERDA que no se puede regresar en el tiempo y recoger los datos. Si Ud tiene su hoja de datos en el laboratorio y se le cae la taza cafe y fue escrito con boligrafo se puede perder los datos. No se arriega.

es importante tener la lista completa de todos los individuos en la hoja de datos, ya que esto le ayuda asegurarse durante el muestreo que no se le olvida ningun individuo. Datos olvidado no se puede recuperar

Hoja en blanco para llevarse

```
library(tidyverse)
library(gt)
Hoja_de_campo = tribble(
  ~Número_de_Ind, ~Etapa, ~Cantidad_flores_abierta, ~Cantidad_capullo, ~Cantidad_Frutos, ~Número,
  23001, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  23002, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  23003, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  23004, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  23005, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  24006, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  24007, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
  24008, "...", "...", "...", "...", "...", "...", "...",
)
```

```
Hoja_de_campo %>% gt()
```

Número_de_Ind	Etapa	Cantidad_flores_abierta	Cantidad_capullo	Cantidad_Frutos	Num
23001
23002
23003
23004
23005
24006
24007
24008

Usando ejemplo de Tremblay [] y su codificación

- p == **plantula**.
- j == **juvenil**
- A0 == **adulto non-reproductivo**
- A1 == **adulto reproductivo**
- M = **muerto**

Hoja llena al final del muestreo

```
library(tidyverse)
library(gt)
Hoja_llena = tribble(
  ~Número_de_Ind, ~Etapa, ~Cantidad_flores_abierta, ~Cantidad_capullo, ~Cantidad_Frutos,
  23001, "p", NA, NA, NA, NA, NA, NA,
  23002, "j", NA, NA, NA, 2, 10, NA,
  23003, "A1", 5, 10, 1, 5, 32, NA,
  23004, "Ao", 0, 0, 0, 2, 14, NA,
  23005, "m", NA, NA, NA, NA, NA, NA,
  24006, "p", NA, NA, NA, NA, NA, NA,
  24007, "j", NA, NA, NA, 1, 7, NA,
  24008, "p", NA, NA, NA, NA, NA, NA,
)

Hoja_llena %>% gt()
```

Número_de_Ind	Etapa	Cantidad_flores_abierta	Cantidad_capullo	Cantidad_Frutos	Num
---------------	-------	-------------------------	------------------	-----------------	-----

23001	p	NA	NA	NA	NA
23002	j	NA	NA	NA	2
23003	A1	5	10	1	5
23004	Ao	0	0	0	2
23005	m	NA	NA	NA	NA
24006	p	NA	NA	NA	NA
24007	j	NA	NA	NA	1
24008	p	NA	NA	NA	NA

Nota que solamente los individuos 23003 y 23004 son adultos, uno tiene flores, capullos y frutos y el otro nada. A todos los adultos hay que llenar la informacion, no dejarlo en blanco. Para las otras etapas, no es necesario llenar la mayoria de las columnas ya que para las plantulas y muertos no PUEDEN tener esas, pero los juveniles, se puede llenar la cantidad de hojas y sus tamaño. Nota que el individuo 23005 se murió.

Esa misma estructura de recoger los datos puede ser utilizado para ponerlo en una hoja de MSExcel, Google Sheet o MacOS Numbers.

Chapter 25

Nombre del capitulo.

All chapters start with a first-level heading followed by your chapter title, like the line above. There should be only one first-level heading (#) per .Rmd file.

25.1 A section

25.2 Otra seccion

All chapter sections start with a second-level (##) or higher heading followed by your section title, like the sections above and below here. You can have as many as you want within a chapter.

A subsection

The subtopic

25.2.0.1

More subdivision

25.2.0.1.1 Even more subdivision

An unnumbered section

Chapters and sections are numbered by default. To un-number a heading, add a `\f{.unnumbered}` or the shorter `\f{-}` at the end of the heading, like in this section.

Remember not to use only 1 `\#` as this indicates a new chapter

25.3 NOTE the size of font changes with the number `\#`**25.3.1 NOTE the size of font changes with the number `\#`****25.3.1.1 NOTE the size of font changes with the number `\#`**

25.3.1.1.1 NOTE the size of font changes with the number `\#` Don't miss Table 26.1.

Chapter 26

Cross-references

Cross-references make it easier for your readers to find and link to elements in your book.

26.1 Chapters and sub-chapters

There are two steps to cross-reference any heading:

1. Label the heading: `# Hello world {#nice-label}`.
 - Leave the label off if you like the automated heading generated based on your heading title: for example, `# Hello world = # Hello world {#hello-world}`.
 - To label an un-numbered heading, use: `# Hello world {-#nice-label}` or `{# Hello world .unnumbered}`.
 2. Next, reference the labeled heading anywhere in the text using `\@ref(nice-label)`; for example, please see Chapter 25.
 - If you prefer text as the link instead of a numbered reference use: any text you want can go here.
-

26.2 Captioned figures and tables

Figures and tables *with captions* can also be cross-referenced from elsewhere in your book using `\@ref(fig:chunk-label)` and `\@ref(tab:chunk-label)`, respectively.

See Figure 26.1.

```
par(mar = c(4, 4, .1, .1))
plot(pressure, type = 'b', pch = 19)
```

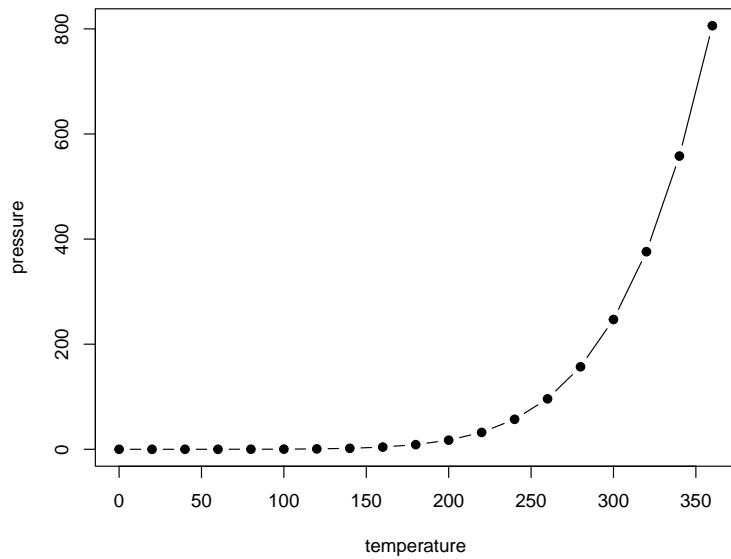


Figure 26.1: Here is a nice figure!

Don't miss Table 26.1.

```
knitr::kable(
  head(pressure, 10), caption = 'Here is a nice table!',
  booktabs = TRUE
)
```

Table 26.1: Here is a nice table!

temperature	pressure
0	0.0002
20	0.0012
40	0.0060
60	0.0300
80	0.0900
100	0.2700
120	0.7500
140	1.8500
160	4.2000
180	8.8000

(Appendix) List of epiphytic species

You can add parts to organize one or more book chapters together. Parts can be inserted at the top of an .Rmd file, before the first-level chapter heading in that same file.

Add a numbered part: `# (PART) Act one {-} (followed by # A chapter)`

Add an unnumbered part: `# (PART*) Act two {-} (followed by # A chapter)`

Add an appendix as a special kind of un-numbered part: `# (APPENDIX) Other stuff {-} (followed by # A chapter)`. Chapters in an appendix are prepended with letters instead of numbers.

(Appendix) List of terrestrial species

Chapter 27

Footnotes and citations

27.1 Footnotes

Footnotes are put inside the square brackets after a caret `^[]`. Like this one¹.

Let's add a second footnote. In this case we add information on the origin of matrix algebra²

Mi tercer footnote es filosofico³

27.2 Citations

Reference items in your bibliography file(s) using `@key`.

For example, we are using the **bookdown** package [Xie, 2023] (check out the last code chunk in index.Rmd to see how this citation key was added) in this sample book, which was built on top of R Markdown and **knitr** [Xie, 2015] (this citation was added manually in an external file book.bib). Note that the `.bib` files need to be listed in the index.Rmd with the YAML `bibliography` key.

27.2.0.1 Here is second citation.

Evolutionary processes in orchids are likely to be a interaction between natural selection and genetic drift [Tremblay et al., 2005].

¹This is a footnote.

²The term matrix was introduced by the 19th-century English mathematician James Sylvester, but it was his friend the mathematician Arthur Cayley who developed the algebraic aspect of matrices in two papers in the 1850s.

³kgjljgljhggjlhgjlgjhl

27.2.0.2 Here is a third citation

un articulo de Damon excepcional [Damon, 2000]

27.3 Links to websites

The RStudio Visual Markdown Editor can also make it easier to insert citations:

<https://rstudio.github.io/visual-markdown-editing/#/citations>

<https://www.researchgate.net/profile/Raymond-Tremblay>

Chapter 28

Blocks

28.1 Equations

Here is an equation.

$$f(k) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k} \quad (28.1)$$

You may refer to using `\@ref(eq:binom)`, like see Equation (28.1).

- this is the script to make the equation connectable in the text
- ** that the are to make the text visual

28.2 Theorems and proofs

Labeled theorems can be referenced in text using `\@ref(thm:tri)`, for example, check out this smart theorem ??.

::: {.theorem #tri} For a right triangle, if c denotes the *length* of the hypotenuse and a and b denote the lengths of the **other** two sides, we have

$$a^2 + b^2 = c^2$$

A site to help create your equations

$$\bar{x} = \frac{\sum x_i}{n}$$

<https://latex.codecogs.com/eqneditor/editor.php>

Ahora se enseña la formula del promedio 28.1

Theorem 28.1.

$$\bar{x} = \frac{\sum x_i}{n}$$

Si quiere la ecuación en la linea usa solamente un “\$” antes y despues de la formula. El promedio tiene la siguiente formula $\bar{x} = \frac{\sum x_i}{n}$ y la varianza se estima tomando la diferencia entre los valores y el promedio.

Read more here <https://bookdown.org/yihui/bookdown/markdown-extensions-by-bookdown.html>.

28.3 Callout blocks

The R Markdown Cookbook provides more help on how to use custom blocks to design your own callouts: <https://bookdown.org/yihui/rmarkdown-cookbook/custom-blocks.html>

Chapter 29

Sharing your book

29.1 Publishing

HTML books can be published online, see: <https://bookdown.org/yihui/bookdown/publishing.html>

29.2 404 pages

By default, users will be directed to a 404 page if they try to access a webpage that cannot be found. If you'd like to customize your 404 page instead of using the default, you may add either a `_404.Rmd` or `_404.md` file to your project root and use code and/or Markdown syntax.

29.3 Metadata for sharing

Bookdown HTML books will provide HTML metadata for social sharing on platforms like Twitter, Facebook, and LinkedIn, using information you provide in the `index.Rmd` YAML. To setup, set the `url` for your book and the path to your `cover-image` file. Your book's `title` and `description` are also used.

This `gitbook` uses the same social sharing data across all chapters in your book—all links shared will look the same.

Specify your book's source repository on GitHub using the `edit` key under the configuration options in the `_output.yml` file, which allows users to suggest an edit by linking to a chapter's source file.

Read more about the features of this output format here:

<https://pkgs.rstudio.com/bookdown/reference/gitbook.html>

Or use:

```
?bookdown::gitbook
```

Bibliography

- T Mitchell Aide, Matthew L Clark, H Ricardo Grau, David López-Carr, Marc A Levy, Daniel Redo, Martha Bonilla-Moheno, George Riner, María J Andrade-Núñez, and María Muñiz. Deforestation and reforestation of Latin America and the Caribbean (2001–2010). *Biotropica*, 45(2):262–271, 2013.
- Deborah T Crouse, Larry B Crowder, and Hal Caswell. A stage-based population model for loggerhead sea turtles and implications for conservation. *Ecology*, 68(5):1412–1423, 1987.
- Larry B Crowder, Deborah T Crouse, Selina S Heppell, and Thomas H Martin. Predicting the impact of turtle excluder devices on loggerhead sea turtle populations. *Ecological applications*, 4(3):437–445, 1994.
- Anne Damon. A review of the biology and control of the coffee berry borer, *hypothemus hampei* (coleoptera: Scolytidae). *Bulletin of entomological research*, 90(6):453–465, 2000.
- Grant M Harris, Matthew J Butler, David R Stewart, and James W Cain III. The abundance and persistence of caprinae populations. *Scientific Reports*, 12(1):13807, 2022.
- Leonard Nunney and Kathleen A Campbell. Assessing minimum viable population size: demography meets population genetics. *Trends in Ecology & Evolution*, 8(7):234–239, 1993.
- Isabel K Parés-Ramos, William A Gould, and T Mitchell Aide. Agricultural abandonment, suburban growth, and forest expansion in Puerto Rico between 1991 and 2000. *Ecology and Society*, 13(2), 2008.
- Mark L Shaffer and Fred B Samson. Population size and extinction: a note on determining critical population sizes. *The American Naturalist*, 125(1): 144–152, 1985.
- Stanley A Temple. Plant-animal mutualism: coevolution with dodo leads to near extinction of plant. *Science*, 197(4306):885–886, 1977.

- Raymond L Tremblay, James D Ackerman, Jess K Zimmerman, and Ricardo N Calvo. Variation in sexual reproduction in orchids and its evolutionary consequences: a spasmodic journey to diversification. *Biological Journal of the Linnean Society*, 84(1):1–54, 2005.
- Raymond L Tremblay, Andrew J Tyre, Maria-Eglée Pérez, and James D Ackerman. Population projections from holey matrices: Using prior information to estimate rare transition events. *Ecological Modelling*, 447:109526, 2021.
- Yihui Xie. *Dynamic Documents with R and knitr*. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton, Florida, 2nd edition, 2015. URL <http://yihui.org/knitr/>. ISBN 978-1498716963.
- Yihui Xie. *bookdown: Authoring Books and Technical Documents with R Markdown*, 2023. URL <https://CRAN.R-project.org/package=bookdown>. R package version 0.33.