

Distribución espacial de los géneros y especies de la familia *Malvaceae* en una parcela de 50 ,ha. Caso: Isla Barro Colorado, Panamá.

Ana Hilda Valera Arias *Estudiante, Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD)*

Este estudio fue realizado en una parcela de 50 hectárea dentro de la isla de Barro Colorado perteneciente al país de Panamá en Centroamérica y tenía como finalidad conocer cómo están asociadas, agrupadas y distribuidas las especies de la familia *Malvaceae*, asimismo, la identificación de patrones, especies alpha y beta, además, de las riquezas y abundancias de cada una de ellas. Los datos fueron obtenidos a través de censos realizados en varios años y sometidos a diversos software de información para el análisis, por medio de los cuáles se determinó que en dicha familia existen especies asociadas dentro de ellas y en el espacio por variables ambientales y elementos químicos. Siendo las zonas inclinadas, con acceso rápido al agua y disponibilidad elevada de materia orgánica las más favorecidas. Formando un patrón discontinuo en la agrupación de sus grupos, teniendo gran concentración en sitios húmedos en presencia del zinc (zn), el Boro (B) y pH, la especie indicadora fue la *Quararibea asterolepis* con índice de 0.978 y la *Sterculia apetala* con 0.914. Por otro lado, se estimó una representación significativa por cada área establecida de acuerdo al coeficiente de correlación de Pearson con un índice de 0.6807189, en la cual por medio del indicador de Hill se encontró una distribución equitativa entre las especies con un rango de riqueza de 5 a 13 y de abundancia de 31 a 127 especie por sitios, fungiendo la *Quararibea asterolepis* como principal contribuidora a la diversidad beta según el orden de Hellinger con 0.18005449.

Keywords: Género, Planta

1 Introducción

La vegetación terrestre está constituida por un conjunto de plantas pertenecientes a una familia en específico y esta a su vez se subdividen en géneros y especies para identificarse dentro de su clase. Por consiguiente, no sería la excepción de la *Malvaceae* la cual posee 243 géneros y más de 4,300 especies, sus flores son hermafroditas, pocas veces unisexuales, solitarias o fasciculadas en las axilas de las hojas o agrupadas en inflorescencia tal como la describen los siguientes autores (Marín, Hilario, & Andino, n.d.) y (Bayer, 2003).

Dentro de los géneros a encontrar en la familia *Malvaceae* están el *Abutilon* constituido por arbustos, subarbustos y hierbas bienales con pelo estrellados y tallos vellosos, son carentes del epicáliz conjunto de apéndices que por lo regular tienen otros grupos de dicha familia, así como de tener alrededor de 150 especies nativas en los trópicos y subtropicos de América, África, Asia y Australia, (Lorenzo-Cáceres, 2007). También, está el *Hibiscus* donde los segmentos del epicáliz están libres o unidos en la base, con estigmas alargados, semillas reniformes y numerosas, (ORTIZ, 2010). Del mismo modo, se encuentra la *Althaea*, *Lavatera* y la *Malva* cada una contienen sus respectivas especies las cuales pueden encontrarse en mayor o menor proporción en un espacio determinado el cual dependerá de factores abióticos incidentes entre ellos, lo que implicaría la necesidad de utilizar técnicas y análisis numéricos para conocer su asociación y distribución.

La implementación de análisis numéricos en las investigaciones ecológicas permiten dar a

conocer en terminos cuantificables la forma en que se encuentran asociadas y el tipo de patrón que presenta algunas especies, es por ello la importancia de la estratificación y zonificación del objeto de estudio en cuestión. De acuerdo con (González, 2006) esto permite conjugar en un mismo grupo información de aquellos organismos que pueden ser calculable junto con otros que son reproductivos y de manera general con toda la vegetación.

En tal sentido, este estudio por medio de la ecología numérica busca conocer cómo están asociados los diferentes géneros y especies de la familia *Malvaceae* y si las variables ambientales existente en la zona influyen en dicha asociación. También, analizar como están organizados los grupos y qué patrón presenta en su distribución, asimismo, establecer los indicadores ambientales que interfieren. De igual manera, examinar en qué volumen se encuentran representadas cada una y distinguir los sitios con especies alpha y beta. Por consiguiente, este estudio contribuirá al conocimiento de la dinámica ecológica espacial que envuelven las plantas pertenecientes a esta familia en la isla de Barro Colorado que en lo adelante será llamado BCI y con la misma gestionar estrategias para el cuidado y conservación de ésta.

2 Metodología

2.1 Área de estudio

La BCI se encuentra ubicada en el canal de Panamá en las proximidades del lago Gatún, de acuerdo con (Pérez et al., 2005) esta se formó cuando se construyó dicho canal embalsando las aguas del río Chagres, se localiza entre las coordenadas geográficas (latitud 9° 9'N, longitud 79° 50') y cubre una extensión de tierra de 1,500 hectáreas (ver figura 1). El clima se caracteriza por ser de bosque tropical, la temperatura promedio es de 27 grados centígrados, con temporadas lluviosas durante los meses mayo a diciembre y secas desde mediados de diciembre hasta abril, las tormentas convectivas son prevenidas por los vientos alisios dictando así las estaciones del año, (Sugasti, Eng, & Pinzón, 2018). Esta isla por sus características físicas sirve de hábitat para muchos animales e insectos y por consiguiente para una variedad de especie vegetal, convirtiéndola en un espacio de investigación de mucha importancia. Es por ello, la escogencia como lugar de estudio la parcela permanente de 50 hectárea de BCI, en la cual se identificó como están asociadas y distribuidas la familia *Malvaceae* a través del censo realizado por (Hubbell, Condit, & Foster, 2021) durante varios años (1981-1983 y 2010-2015, entre otros) donde se marcaron y cartografiaron todos los tallos leñosos independientes de al menos 10 mm de diámetro de altura.

2.1.1 Materiales y Técnicas de investigación

Para la realización de este estudio se utilizó el software de (R Core Team, 2019) donde se cargaron varios paquetes de ecología numérica como el *tidyverse* que ayudó a formar matriz de comunidad que permitió identificar las diferentes especies que abundan, en qué cantidad y orden de acuerdo a su pH. También, el *Simple Features* (sf) para crear área de hábitat por cuadros y obtener la densidad de cada especie por metro cuadrado y así conocer la abundancia y riqueza global. De igual manera, el *Vegan* para caracterizar y analizar el orden y disimilaridades entre cada especie y *ez* para examinar las unidades o variables repetitivas. Asimismo, el *graphics*, *psych* y *mapvie* para la representación gráfica de cada datos y (Kindt & Coe, 2005) para señalar las especies alpha y beta. Por último, cada *script* utilizados fueron suministrado a partir del repositorio de (Batlle, 2020) como fuente y el programa de información geográfica Qgis (QGIS Development Team, 2009) para actualizar el mapa de localización de la BCI.



Figure 1: Ubicación de la isla Barro Colorado

3 Resultados

Por medio de los datos obtenidos a través del análisis de agrupamiento al dividir el espacio en dos grupos uno con 42 y otro con 8 sitio, se observó que existen 16 especies de la familia *Malvaceae* con una distancia muy corta dentro de la parcela de 50,ha. Siendo la *Quararibea asterolepis* la que más se asocia en el primero con 2,171 y la *Sterculia apetala* en el segundo con 53 para un índice de 0.978 y 0.914 respectivamente. En cuanto, al nivel de representación y composición por cada 1,ha con el método *Hellinger* se formaron cluster donde la similaridad fue numerosa y la disparidad corta entre la cantidad de individuo desde los cuadros 33 hasta el 49, en tanto que, en el 8, 23, 30 y 35 fueron poco similares y con intervalo largo. De igual manera, en la correlación de la diversidad de especie existió una equidad en su distribución, al aplicar el índice de *Hill* la ratio no fueron afectadas a pesar de aumentar o disminuir las riquezas, (ver figura 3 & 4). También, se encontró una adecuación positiva en la zona del espolon,vaguada y vertiente, al igual, que entre los componentes químicos del *calsio* (Ca), *cobre* (Cu), *hierro* (Fe) y *zinc* (Zn), asimismo, una negativa en el piedemonte, el valle y la sima y en los elementos de *manganeso* (Mn) y *aluminio* (Al), esto al emplear la prueba *Moran's*, ver figura 2. Por otro lado, la mayor riqueza en especie alpha fue el espacio 30 con 13 y el de menor el 45 con 5 y abundancia de 110 y 123 cosecutivamente, los que más varían el 13 y 46. Por último, las especies que más contribuyen a la pluralidad beta son *Quararibea asterolepis* y la *Hampea appendiculata* con valor de 0.18 y 0.14 sucesivamente, (ver tabla 3).

Especie contribuidora a la diversidad beta

Especie	Valor
Apeiba membranacea	0.08
Apeiba tibourbou	0.07

Especie	Valor
<i>Hampea appendiculata</i>	0.14
<i>Herrania purpurea</i>	0.11
<i>Luehea seemannii</i>	0.09
<i>Quararibea asterolepis</i>	0.18

4 Discusión

La forma en que se encuentran asociados y distribuidos los géneros y especies de la familia *Malvaceae* en la parcela de 50,h de la BCI se debe a factores abióticos como el tipo de formación de suelo, determinado compuesto químico y por la presencia del pH los cuales influyen de manera directa en su ordenación creando una dependencia entre los grupos afectando su heterogeneidad. Aunque, el exceso de ciertos elementos pueden afectar la distribución y crecimiento de ciertas plantas (Clark, 2002), así, como el origen de formación del suelo los cuales ofrecen ciertas propiedades que definirían el tipo de colocación (Flores, Suvires, & Dalmasso, 2015). En tal sentido, estos factores ayudaron a formar patrones de aglomeración en la zona media de la isla, especialmente en la Vaguada, el espolón y la vertiente donde los elementos como el zinc (Zn), el boro (B) y el potasio (K) fueron determinante, a diferencia de los espacios del piedemonte, el valle, la sima y el conjunto de compuesto químico como el manganeso (Mn), cobre (Cu) y el aluminio (Al) donde la correlación fue menor. De igual modo, se identificó las plantas *Quararibea asterolepis* y *Sterculia apetala* como las que más se asocian de manera combinada dentro de la familia y de manera desigual en el espacio, esto posiblemente se deba a que fungen como alimento o refugio para otros grupos (Alvarado-Hernández, 2011) las cuales se encuentran dispersas por todo el terreno. Esta familia tiene alto nivel de representación por cada 1,h, específicamente en los bordes, como resultado de las condiciones climáticas y a la disponibilidad del agua (Stevenson & Rodríguez, 2008) existente en esa área. Al mismo tiempo, por tener aportaciones de otras clases como la *Apeiba membranacea*, *Hampea appendiculata* entre otras, que contribuyen a la variación espacial de la diversidad entre sitios.

5 Agradecimientos

Este estudio fue realizado gracias al Dr. José Ramón Martínez Batlle maestro de la asignatura de Biogeografía en la Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD) quién por medio de la escuela de geografía incentiva al conocimiento a través de la investigación de carácter científico. También, al Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales por suministrar los datos, resultado de años de observaciones y puesto a la disposición mediante censos.

6 Información de soporte

7 Script reproducible

```
library(vegan)
library(adespatial)
library(broom)
library(tidyverse)
```

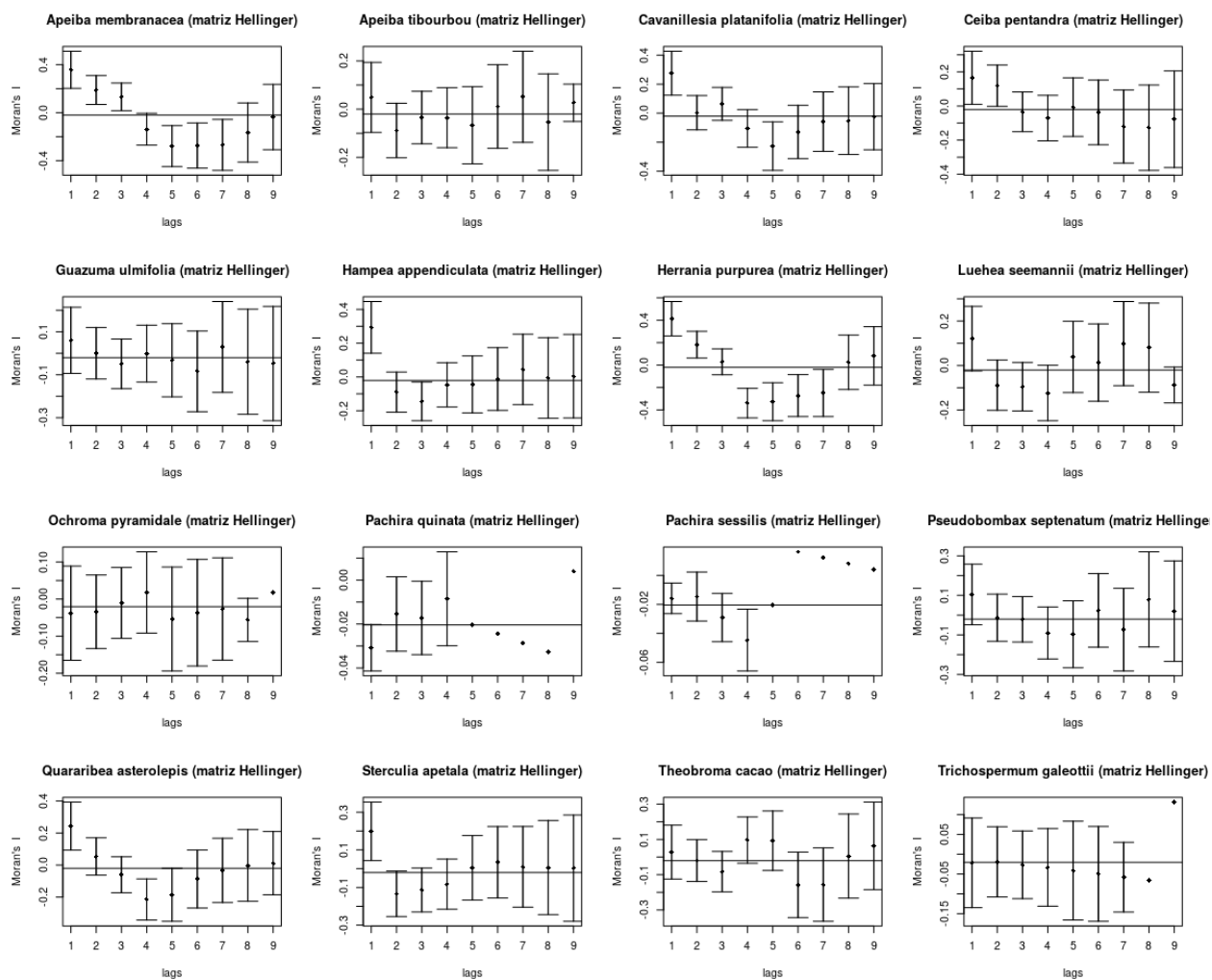


Figure 2: Correlación de las diferentes especies



Figure 3: Distribución de especies por ambiente

```
library(sf)
library(gclus)
source('biodata/funciones.R')

load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")

mi_fam_t <- mc_malvc %>%
  rename_all(gsub, pattern = ' ', replacement = '\\n') %>%
  t()
mi_fam_t %>% tibble

mi_fam_t_chi <- decostand(mi_fam_t, "chi.square")
mi_fam_t_chi %>% tibble

mi_fam_t_chi_d <- dist(mi_fam_t_chi)
mi_fam_t_chi_d %>% tidy

coldiss(mi_fam_t_chi_d, diag = TRUE)

mi_fam_t_jac <- vegdist(mi_fam_t, "jaccard", binary = TRUE)
mi_fam_t_jac %>% tidy
```

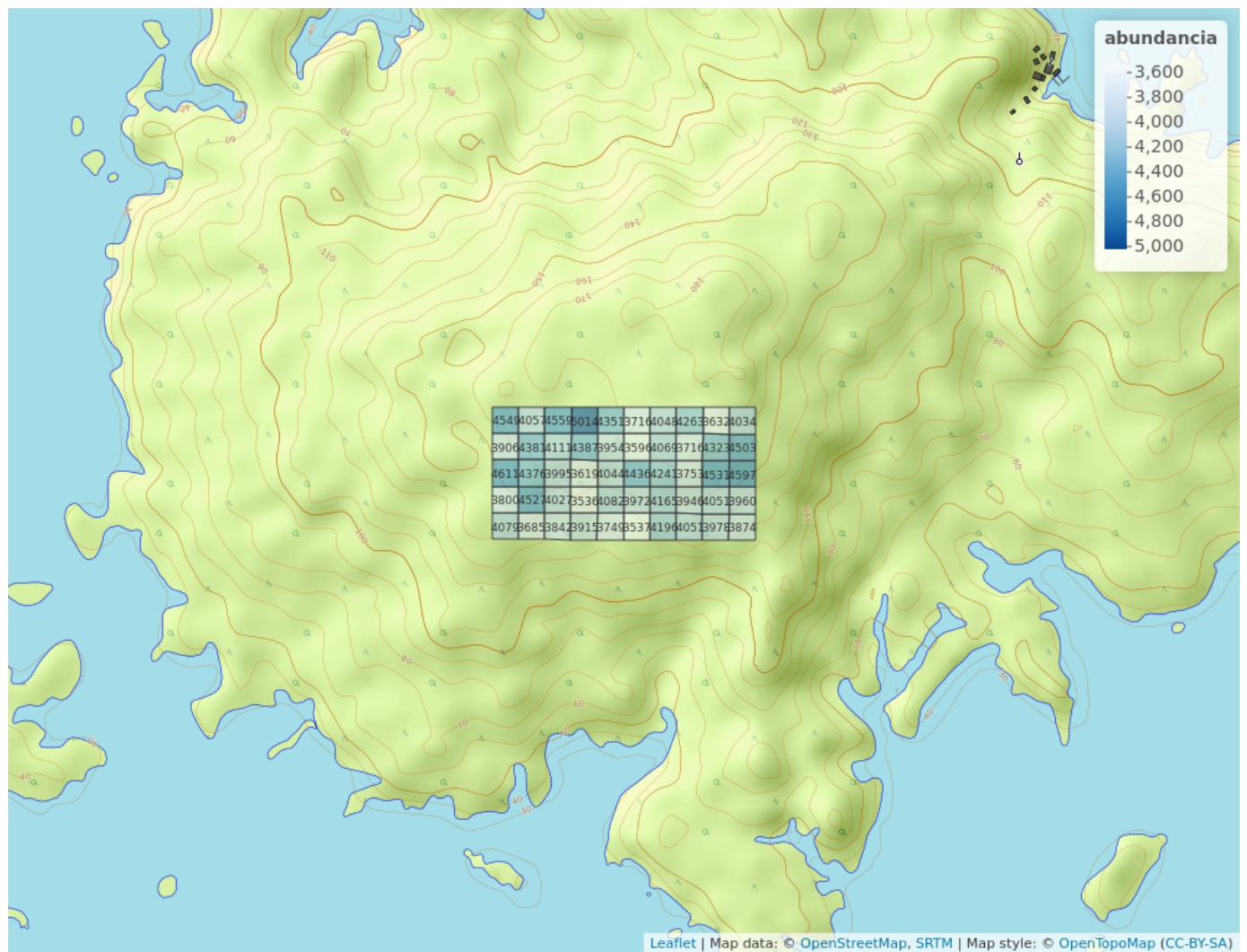



Figure 4: Número de individuo por especie

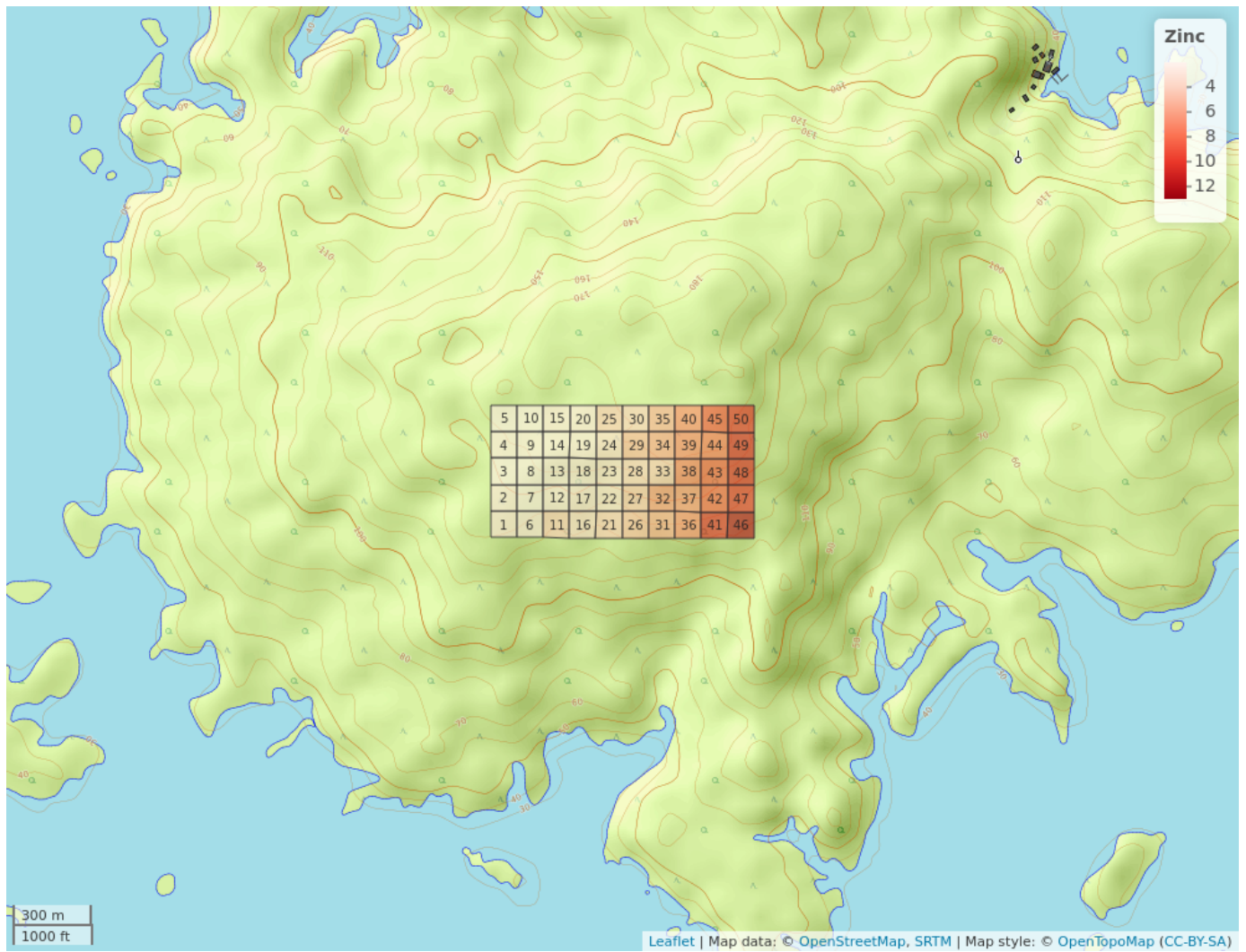


Figure 5: Mapa de asociación de especie con el elemento Zinc

Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a 1

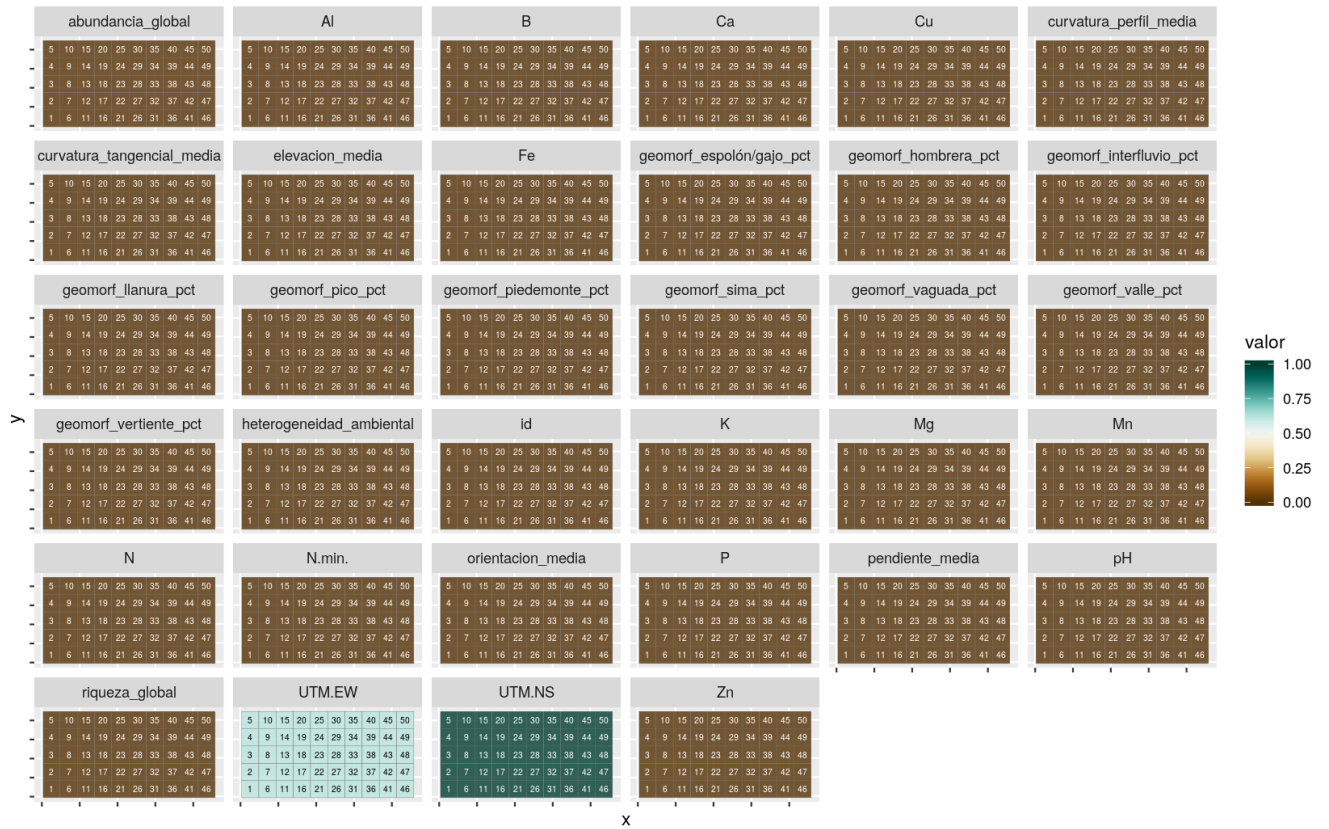


Figure 6: Variables ambientales numéricas

Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales nominales

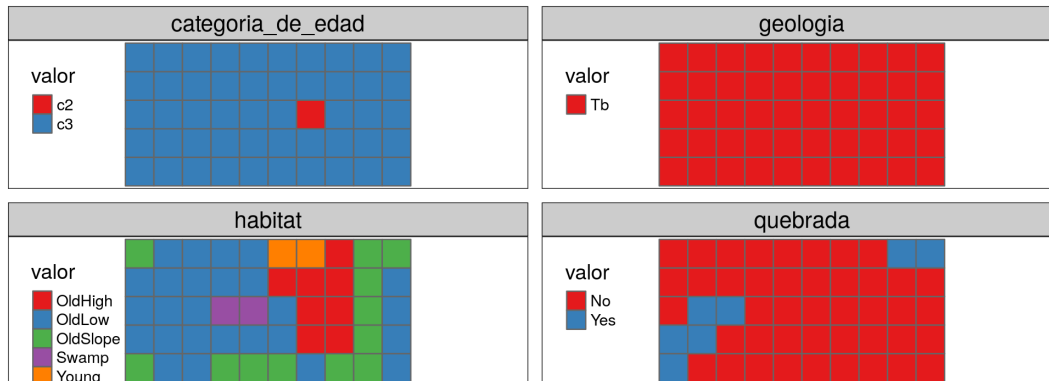


Figure 7: Variables ambientales nominales

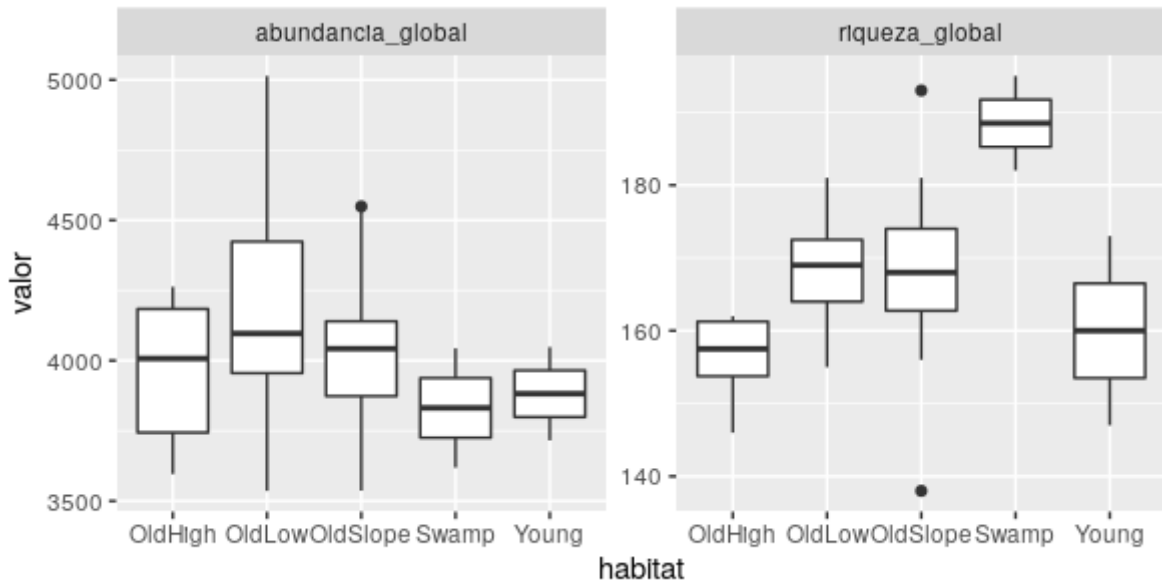


Figure 8: Diagrama de caja de abundancia y riqueza de especie

```
coldiss(mi_fam_t_jac, diag = TRUE)

env_num <- bci_env_grid %>%
  dplyr::select_if(is.numeric) %>%
  dplyr::select(-id, -matches('^U.*')) %>%
  st_drop_geometry %>%
  mutate(
    riqueza_mifam = specnumber(mc_malvc),
    abundancia_mifam = rowSums(mc_malvc)) %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_pct$', replacement = '') %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\\n')
env_num %>% tibble

#Medición de asociación con el modo Q: matriz de disimilaridad.
library(vegan)
library(adespatial)
library(broom)
library(tidyverse)
library(sf)
library(cluster)
library(gclus)
source('biodata/funciones.R')

load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")

#' matriz de distancia euclídea, utilizando la transformación *Hellinger*:
```

```

#'
mi_fam_d_hel <- dist.ldc(mc_malvc, "hellinger", silent = T)
mi_fam_d_hel %>% tidy # Para evitar desbordar la consola

coldiss(mi_fam_d_hel, diag = T)

coldissgg(mi_fam_d_hel, ordered = T, nc = 4, fsz = 0)

coldissgg(mi_fam_d_hel, ordered = T, nc = 4, fsz = 1.5)

png(
  filename = 'matriz_disimilaridad_hellinger.png',
  width = 2400, height = 1200, pointsize = 32
)
coldiss(mi_fam_d_hel, diag = T)
dev.off()

**distancia de Jaccard** ( $D_{J}$ ) en un único paso usando la función 'vegdist'.
#'
mi_fam_jac <- vegdist(mc_malvc, method = 'jac', binary = T)
mi_fam_jac %>% tidy # Mostrando sólo las primeras 10 combinaciones en modo data.frame

coldiss(mi_fam_jac, diag = T)

#'
(1 - mi_fam_jac) %>% tidy %>% rename(similaridad=distance) #Similaridad

#' La fórmula de la similaridad de Jaccard es  $S_{J} = a/(a+b+c)$ , donde a es el número
#'
mi_fam_abc <- betadiver(mc_malvc)
mi_fam_abc %>%
  map(tidy) %>%
  map(slice, 1) %>%
  map_df(I, .id = 'tipo') %>%
  dplyr::select(tipo, n_especies=distance)

round(11/12*100,2) #Porcentaje de especies compartidas = similaridad

#' índices de similaridad. Por ejemplo, el Jaccard se calcula así:
#'
betadiver(mc_malvc, method = 'j') %>% tidy

#' Además de la distancia de Jaccard, otra distancia muy utilizada es la de Sorensen o Bray-Curt
#'
mi_fam_sor <- vegdist(mc_malvc, method = 'bray', binary = T)
mi_fam_sor %>% tidy
coldiss(mi_fam_sor, diag = T)

```

```

#'
#' ### Modo Q para datos cuantitativos, NO de abundancia de especies (variables ambientales)

env_suelo_punt_z <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry() %>%
  dplyr::select(matches('~[A-T,Z]|~pH$', ignore.case = F)) %>%
  scale()
env_suelo_punt_z_d <- dist(env_suelo_punt_z)
env_suelo_punt_z_d %>% tidy
coldiss(env_suelo_punt_z_d, diag = T)
#'
#' ### Modo Q para datos cualitativos y cuantitativos (mixtos), NO de abundancia de especies (v
#'

env_mix <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry() %>%
  dplyr::select(heterogeneidad_ambiental, habitat, quebrada)
env_mix_d <- daisy(x = env_mix, metric = 'gower')
env_mix_d %>% as.dist %>% tidy
env_mix_d %>% coldiss(diag = T)
#'

```

```

#'Medición de asociación de especie modo R

library(vegan)
library(adespatial)
library(broom)
library(tidyverse)
library(sf)
library(gclus)
source('biodata/funciones.R')

load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
#'
#' ## Modo R: matrices de dependencia entre variables (índice de correlación)
#'
#' ### Modo R para datos cuantitativos de especies (abundancia)

mi_fam_t <- mc_malvc %>%
  rename_all(gsub, pattern = ' ', replacement = '\\n') %>%
  t()
mi_fam_t %>% tibble
#'
#' Segundo, transformo la matriz transpuesta usando estandarización *Chi*.
#'
mi_fam_t_chi <- decostand(mi_fam_t, "chi.square")

```

```

mi_fam_t_chi %>% tibble
#'
#' Tercero, calculo la distancia euclídea.
#'
mi_fam_t_chi_d <- dist(mi_fam_t_chi)
mi_fam_t_chi_d %>% tidy
#'
#' Finalmente, creo el "mapa de calor".
#'
coldiss(mi_fam_t_chi_d, diag = TRUE)

#' ### Modo R para datos binarios (presencia/ausencia)

mi_fam_t_jac <- vegdist(mi_fam_t, "jaccard", binary = TRUE)
mi_fam_t_jac %>% tidy
coldiss(mi_fam_t_jac, diag = TRUE)
#'
#' ### Modo R para datos cuantitativos, NO de abundancia de especies (variables ambientales)

env_num <- bci_env_grid %>%
  dplyr::select_if(is.numeric) %>%
  dplyr::select(-id, -matches('^U.*')) %>%
  st_drop_geometry %>%
  mutate(
    riqueza_mifam = specnumber(mc_malvc),
    abundancia_mifam = rowSums(mc_malvc)) %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_pct$', replacement = '') %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\\n')
env_num %>% tibble

```

#'Técnica de ordenación

```

library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
library(mapview)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_malvc
(colnames(mi_fam) <- make.cepnames(colnames(mi_fam)))
(df_equivalencias <- data.frame(
  nombre_original = colnames(mc_malvc),
  colnames(mi_fam)))

```

```

bci_env_grid %>% tibble
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)
grupos_ward_k2 <- readRDS('grupos_ward_k2.RDS')
table(grupos_ward_k2)
# 'Matriz de correlaciones y obtener vectores propios para el PCA.
# '
env_suelo <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  dplyr::select(matches('~[A-T,Z]|~pH$', ignore.case = F))
env_suelo %>% tibble
env_suelo_pca <- rda(env_suelo, scale = TRUE)
env_suelo_pca
summary(env_suelo_pca)

# '
screeplot(env_suelo_pca, bstick = TRUE)
# '
# ' Usando función 'cleanplot.pca'
# '
par(mfrow = c(1, 2))
cleanplot.pca(env_suelo_pca, scaling = 1, mar.percent = 0.08, cex.char1 = 1.5)
cleanplot.pca(env_suelo_pca, scaling = 2, mar.percent = 0.04, cex.char1 = 1.5)
par(mfrow = c(1, 1))
# '
# ' Comparar distribución de los sitios en biplots con distribución real en el mapa:
# '
# ' ### Generar mapa de cuadros sin simbología
# '
mapa_cuadros <- mapView(
  bci_env_grid,
  col.regions = 'grey80',
  alpha.regions = 0.3,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = F, zoom = 14,
  zcol = 'id') %>% addStaticLabels() %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_cuadros
# '
# ' Comparar con resultados de un análisis de agrupamiento del mismo conjunto de datos. Primero a
# '
(env_agrupamiento <- hclust(dist(scale(env_suelo)), 'ward.D'))
(env_grupos <- cutree(env_agrupamiento, k = 3))
(mi_cluster <- factor(env_grupos))

```



```

(mi_cluster_l <- levels(mi_cluster))
(mi_cluster_l_seq <- 1:length(mi_cluster_l))

#’
(puntuaciones <- scores(env_suelo_pca, display = 'wa', scaling = 1))
#’
#’ Luego creo el gráfico base, coloco los puntos sobre el gráfico usando las puntuaciones, les c
#’
grafico_base <- plot(
  env_suelo_pca,
  display = "wa",
  scaling = 1,
  type = "n",
  main = "PCA y grupos"
)
abline(v = 0, lty = "dotted")
abline(h = 0, lty = "dotted")
for (i in mi_cluster_l_seq) {
  points(puntuaciones[mi_cluster == i, ],
    pch = (14 + i),
    cex = 2,
    col = i + 1)
}
text(puntuaciones, row.names(env_suelo), cex = 1, pos = 3)
legend(
  "topright", # Otras alternativas: "bottomleft", "bottomright" y "topleft"
  paste("Grupo", c(mi_cluster_l_seq)),
  pch = 14 + c(mi_cluster_l_seq),
  col = 1 + c(mi_cluster_l_seq),
  pt.cex = 2
)

# (mi_cluster_anterior <- grupos_upgma_k2)
(mi_cluster_anterior <- grupos_ward_k2)
(mi_cluster_anterior_l <- levels(mi_cluster_anterior))
(mi_cluster_anterior_l_seq <- 1:length(mi_cluster_anterior_l))
grafico_base <- plot(
  env_suelo_pca,
  display = "wa",
  scaling = 1,
  type = "n",
  main = "PCA y grupos"
)
abline(v = 0, lty = "dotted")
abline(h = 0, lty = "dotted")
for (i in mi_cluster_anterior_l_seq) {
  points(puntuaciones[mi_cluster_anterior == i, ],

```

```

        pch = (14 + i),
        cex = 2,
        col = i + 1)
}
text(puntuaciones, row.names(env_suelo), cex = 1, pos = 3)
legend(
  "topright", # Otras alternativas: "bottomleft", "bottomright" y "topleft"
  paste("Grupo", c(mi_cluster_anterior_l_seq)),
  pch = 14 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),
  col = 1 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),
  pt.cex = 2
)

#' ##### PCA aplicado a datos de comunidad transformados
#'
mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')
mi_fam_hel %>% tibble
mi_fam_hel_pca <- rda(mi_fam_hel)
summary(mi_fam_hel_pca)
screeplot(
  mi_fam_hel_pca,
  bstick = TRUE,
  npcs = length(mi_fam_hel_pca$CA$eig)
)
mi_fam_hel_pca_sc1 <- scores(mi_fam_hel_pca,
                           display = "species", scaling = 1)
mi_fam_hel_pca_sc2 <- scores(mi_fam_hel_pca,
                           display = "species", scaling = 2)

par(mfrow = c(1, 2))
cleanplot.pca(mi_fam_hel_pca, scaling = 1, mar.percent = 0.06, cex.char1 = 0.7)
cleanplot.pca(mi_fam_hel_pca, scaling = 2, mar.percent = 0.06, cex.char1 = 0.7)
par(mfrow = c(1, 1))

biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")
(mi_fam_hel_pca_envfit <- envfit(mi_fam_hel_pca, env_suelo, scaling = 2))
plot(mi_fam_hel_pca_envfit, p.max = 0.05 , col = 3)

env_num <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id) %>%
  st_drop_geometry
(mi_fam_hel_pca_envfit_num <- envfit(mi_fam_hel_pca, env_num, scaling = 2))
biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")

```

```

plot(mi_fam_hel_pca_envfit_num, p.max = 0.05 , col = 3)
biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")
plot(mi_fam_hel_pca_envfit_num, p.max = 0.1 , col = 3)

#' ### Análisis de correspondencia (CA)
#'
mi_fam_ca <- cca(mi_fam)
summary(mi_fam_ca)
summary(mi_fam_ca, scaling = 1)
#'
#' Screeplot
#'
screeplot(mi_fam_ca, bstick = TRUE, npcs = length(mi_fam_ca$CA$eig))
#'
#' Biplots
#'
par(mfrow = c(1, 2))
plot(mi_fam_ca,
     scaling = 1,
     main = "Análisis de correspondencia, escalamiento 1"
)
plot(mi_fam_ca,
     scaling = 2, # Por defecto scaling=2, lo escribo sólo para fines didáticos
     main = "Análisis de correspondencia, escalamiento 2")
par(mfrow = c(1, 1))
#'
#' Excluyendo especie *Thevetia ahouai*, abreviada como *Thevahou*.
#'
mi_fam_ca <- cca(mi_fam[, -grep('Thevahou', colnames(mi_fam))])
summary(mi_fam_ca)
summary(mi_fam_ca, scaling = 1)
screeplot(mi_fam_ca, bstick = TRUE, npcs = length(mi_fam_ca$CA$eig))
par(mfrow = c(1, 2))
plot(mi_fam_ca,
     scaling = 1,
     main = "CA, escalamiento 1, sin Thevetia ahouai"
)
plot(mi_fam_ca,
     scaling = 2,
     main = "CA, escalamiento 2, sin Thevetia ahouai")
par(mfrow = c(1, 1))
#'
#' Análisis de coordenadas principales (PCoA)

mi_fam_d_bray <- vegdist(mi_fam, method = 'bray') # En realidad, 'bray' es la opción por defecto

```

```

mi_fam_d_bray_pcoa <- cmdscale(
  mi_fam_d_bray,
  k = (nrow(mi_fam) - 1),
  add = T,
  eig = TRUE)
round(mi_fam_d_bray_pcoa$eig, 2)
round(sum(mi_fam_d_bray_pcoa$eig[mi_fam_d_bray_pcoa$eig<0]),2)
round(sum(mi_fam_d_bray_pcoa$eig[mi_fam_d_bray_pcoa$eig>=0]),2)
ordiplot(scores(mi_fam_d_bray_pcoa, choices = c(1, 2)),
  type = "t",
  main = "PCoA con promedios ponderados de especies")
abline(h = 0, lty = 3)
abline(v = 0, lty = 3)
mi_fam_d_bray_pcoa_wa <- wascores(mi_fam_d_bray_pcoa$points[, 1:2], mi_fam)
text(
  mi_fam_d_bray_pcoa_wa,
  rownames(mi_fam_d_bray_pcoa_wa),
  cex = 0.7, col = "red")
(mi_fam_d_bray_pcoa_env <- envfit(mi_fam_d_bray_pcoa, env_num))
plot(mi_fam_d_bray_pcoa_env, p.max = 0.05, col = 3)

```

#'Técnica de ordenación 2

```

library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_malvc
(colnames(mi_fam) <- make.cepnames(colnames(mi_fam)))
(df_equivencias <- data.frame(
  nombre_original = colnames(mc_malvc),
  colnames(mi_fam)))
bci_env_grid %>% tibble
#'
#' ## Ordenación restringida

#' ### Análisis de redundancia (RDA)

#'Matriz ambiental de variables suelo:
#'
mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')
mi_fam_hel %>% tibble

```

```

env_suelo <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  dplyr::select(matches('^([A-T,Z]|~pH$'), ignore.case = F))
env_suelo %>% tibble
mi_fam_hel_rda_suelo <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_suelo)
summary(mi_fam_hel_rda_suelo)

RsquareAdj(mi_fam_hel_rda_suelo)$adj.r.squared

vif.cca(mi_fam_hel_rda_suelo)

# 'Representación del modelo se realiza en un *triplot*, que es un gráfico enriquecido, puesto qu
# '
# ' Escalamiento 1:
# '
plot(mi_fam_hel_rda_suelo,
     scaling = 1,
     display = c("sp", "lc", "cn"),
     main = "Triplot de RDA especies ~ var. suelo, escalamiento 1"
)
mi_fam_hel_rda_suelo_sc1 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_suelo,
        choices = 1:2,
        scaling = 1,
        display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
      mi_fam_hel_rda_suelo_sc1[, 1] * 0.9,
      mi_fam_hel_rda_suelo_sc1[, 2] * 0.9,
      length = 0,
      lty = 1,
      col = "red"
)

# ' Escalamiento 2
# '
plot(mi_fam_hel_rda_suelo,
     scaling = 2,
     display = c("sp", "lc", "cn"),
     main = "Triplot de RDA especies ~ var. suelo, escalamiento 2"
)
mi_fam_hel_rda_suelo_sc2 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_suelo,
        scaling = 2,
        choices = 1:2,
        display = "sp"
  )

```

```

arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_suelo_sc2[, 1] * 0.9,
       mi_fam_hel_rda_suelo_sc2[, 2] * 0.9,
       length = 0,
       lty = 1,
       col = "red"
)
# 'Matriz ambiental con las variables que resultaron significativas en el ajuste *post-hoc* (pas
env_selec <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, B, Ca, Cu, Fe, K, Mg, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec)
# '
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec)
# Comprobación por gráfico de asociación entre variables sin las flechas de especies:
# '
plot(mi_fam_hel_rda_selec,
     scaling = 2,
     display = c("sp", "lc", "cn"),
     main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec, escalamiento 2"
)

env_selec2 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, B, Cu, Fe, Mg, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec2 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec2)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec2)
plot(mi_fam_hel_rda_selec2,
     scaling = 2,
     display = c("sp", "lc", "cn"),
     main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec2, escalamiento 2"
)

env_selec3 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, Cu, Fe, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%

```



```

    st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec3 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec3)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec3)
plot(mi_fam_hel_rda_selec3,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec3, escalamiento 2"
)
#'
#' Exclusión de la coordenada 'UTM.EW' para mejorar los VIF de las demás variables, como por eje
#'
env_selec4 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    Al, Cu, Fe, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
    st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec4 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec4)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec4)
plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
)

summary(mi_fam_hel_rda_selec4)
RsquareAdj(mi_fam_hel_rda_selec4)$adj.r.squared
#'
#' Triplot, pero ahora con las flechas para las especies.
#'
#' Escalamiento 1:
#'
plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
      scaling = 1,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 1"
)
mi_fam_hel_rda_selec4_sc1 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_selec4,
         choices = 1:2,
         scaling = 1,
         display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc1[, 1] * 0.9,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc1[, 2] * 0.9,
       length = 0,

```

```

        lty = 1,
        col = "red"
    )
    #'
    #' Escalamiento 2
    #'
    plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
         scaling = 2,
         display = c("sp", "lc", "cn"),
         main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
    )
    mi_fam_hel_rda_selec4_sc2 <-
        scores(mi_fam_hel_rda_selec4,
              scaling = 2,
              choices = 1:2,
              display = "sp"
        )
    arrows(0, 0,
           mi_fam_hel_rda_selec4_sc2[, 1] * 0.9,
           mi_fam_hel_rda_selec4_sc2[, 2] * 0.9,
           length = 0,
           lty = 1,
           col = "red"
    )
    #'
    #' ### Análisis de correspondencia canónica (CCA)
    #'
    #' #### Ejemplo usando las matriz ambiental con variables seleccionadas:
    #'
    mi_fam_cca_selec4 <- cca(mi_fam ~ ., env_selec4)
    summary(mi_fam_cca_selec4)
    RsquareAdj(mi_fam_cca_selec4)
    #'
    #' Escalamiento 1
    #'
    plot(mi_fam_cca_selec4,
         scaling = 1,
         display = c("sp", "lc", "cn"),
         main = "Triplot de CCA especies ~ var. selec4, escalamiento 1"
    )
    #'
    #' Escalamiento 2
    #'
    plot(mi_fam_cca_selec4,
         scaling = 2,
         display = c("sp", "lc", "cn"),
         main = "Triplot de CCA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
    )

```

```

)
#'
#' Excluyendo especies con abundancia menor a 100 individuos
#'
colSums(mi_fam) %>% sort
mi_fam_no_raras <- mi_fam %>% select_if(colSums(.) > 100)
intersect(colnames(mi_fam), colnames(mi_fam_no_raras))
setdiff(colnames(mi_fam), colnames(mi_fam_no_raras))
mi_fam_no_raras_cca_selec4 <- cca(mi_fam_no_raras ~ ., env_selec4)
summary(mi_fam_no_raras_cca_selec4)
RsquareAdj(mi_fam_no_raras_cca_selec4)
#'

#' Variables ambientales
library(mapview)
library(tidyverse)
library(sf)
library(RColorBrewer)

#' ### Cargar datos
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anaalera29/biodata/Meliaceae.Rdata")

#' ### Paletas
azul <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Blues"))
rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Reds"))
rojo_inv <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(8, "Reds")))

#' ### Mapa de cuadros, simbología por pendiente
mapa_cuadros_pendiente <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'pendiente',
  alpha.regions = 0.4,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'pendiente_media') %>%
  addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$pendiente_media, 1)) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_cuadros_pendiente
mapa_cuadros_pendiente %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_pendiente.png') #Genera archivo

#' ### Mapa de cuadros, simbología por Nitrógeno
mapa_cuadros_nit <- mapView(
  bci_env_grid,

```

```

layer.name = 'N (mg/kg)',
alpha.regions = 0.4,
map.types = 'OpenTopoMap',
legend = T, zoom = 14,
col.regions = rojo,
zcol = 'N') %>%
addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$N, 1)) %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 15)
mapa_cuadros_nit
mapa_cuadros_nit %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_nit.png')

#' ### Mapa de cuadros, simbología por pH
mapa_cuadros_ph <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'pH',
  alpha.regions = 0.4,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo_inv,
  zcol = 'pH') %>%
addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$pH, 1)) %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 15)
mapa_cuadros_ph
mapa_cuadros_ph %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_ph.png')

```

```

#'Variables ambientales por Lote

library(tmap)
library(sf)
library(tidyverse)
library(RColorBrewer)
#'
#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
#'
#' ## Convertir a KML
#'
st_write(
  bci_env_grid %>% rename(Name = id),
  driver = 'KML',

```

```

    dsn = 'matriz_ambiental.kml')
st_write(
  bci_env_grid %>% rename(Name = id) %>% st_centroid(),
  driver = 'KML',
  dsn = 'matriz_ambiental_puntos.kml')

#'
#' ## Generar mapas por lotes
#'
#' ### Variables ambientales numéricas con 'ggplot2'
#'
mapas_var_amb_num_gg <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  group_by(variable) %>%
  mutate(
    valor = scales::rescale(valor, to = c(0, 1)),
    id = rep(1:50)) %>%
  ggplot +
  aes(geometry = geometry, fill = valor) +
  theme(axis.text = element_blank()) +
  geom_sf(lwd = 0.1, color = 'grey50', alpha = 0.8) + coord_sf() +
  scale_fill_gradientn(colours = brewer.pal(11, 'BrBG')) +
  geom_sf_text(aes(label = id, color = between(valor, 0.3, 0.7)), size = 1.75) +
  scale_color_manual(guide = FALSE, values = c("white", "black")) +
  facet_wrap(~ variable, ncol = 6) +
  ggtitle('Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a 1')
mapas_var_amb_num_gg
#'
#' PNG
#'
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_numericas.png',
  width = 1700, height = 1080, res = 150)
mapas_var_amb_num_gg
dev.off()
#'
#' ### Variables ambientales numéricas con 'tmap'
#'
mapas_var_amb_num_tmap <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  group_by(variable) %>%
  mutate(
    valor = scales::rescale(valor, to = c(0, 1)),
    id = rep(1:50)) %>%
  tm_shape() +

```

```

tm_polygons(col = 'valor',
            palette = brewer.pal(11, 'BrBG'),
            style = 'cont',
            legend.is.portrait = FALSE) +
tm_facets(by = 'variable', ncol = 6, nrow = 6) +
tm_layout(main.title="Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a
            main.title.size = 0.7,
            legend.outside.position="bottom",
            legend.outside=TRUE,
            legend.width = 0.2,
            legend.text.size = 0.5,
            legend.stack="horizontal",
            outer.margins=0)
mapas_var_amb_num_tmap
#'
#' PNG
#'
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_numericas_tmap.png',
  width = 1800, height = 1400, res = 350, pointsize = 12)
mapas_var_amb_num_tmap
dev.off()
#'
#' ### Variables ambientales nominales con 'tmap'
#'
mapas_var_amb_nom_tmap <- bci_env_grid %>%
  select_if(negate(is.numeric)) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  tm_shape() +
  tm_polygons(col = 'valor',
            palette = brewer.pal(8, 'Set1'),
            legend.show = T) +
tm_facets(by = 'variable', ncol = 2, free.scales = T, free.coords = T) +
tm_layout(main.title="Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales nominales",
            main.title.size = 0.7,
            asp = 3.5,
            legend.text.size = 0.7)
mapas_var_amb_nom_tmap
#'
#' PNG
#'
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_nominales_tmap.png',
  width = 2000, height = 1200, res = 350, pointsize = 12)
mapas_var_amb_nom_tmap
dev.off()

```



```

# 'Correlación ambiental

library(tidyverse)
library(sf)
library(ez)
library(psych)
library(vegan)

# ' ### Cargar datos
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")

# ' ### Una correlación simple
cor(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)
plot(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)
cor.test(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)

# ' ### Generar objeto de columnas numéricas

env_num <- bci_env_grid %>%
  dplyr::select_if(is.numeric) %>%
  dplyr::select(-id, -matches('^U.*')) %>%
  st_drop_geometry %>%
  mutate(
    riqueza_mifam = specnumber(mc_malvc),
    abundancia_mifam = rowSums(mc_malvc)) %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_pct$', replacement = '') %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\\n')
env_num %>% tibble

# ' ### Panel de correlaciones con herramientas del paquete 'graphics' y 'psych'
cor(env_num)
ncol(env_num)
pairs(env_num[,sample(1:33, 15)]) # paquete graphics
env_num[,sample(1:33, 15)] %>% pairs.panels #paquete psych

# ' ### Panel de correlaciones con 'ez'

# ' #### Sólo suelo (elementos y pH), abundancia/riqueza
p_cor_suelo_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(matches('^([A-T,Z]|abundancia|riqueza|^pH$'), ignore.case = F)) %>%
  ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_suelo_ar

# ' #### Sólo heterogeneidad, geomorfología, abundancia/riqueza
p_cor_geomorf_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(-matches('^([A-T,Z]|pH$'), ignore.case = F)) %>%

```

```

    ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_geomorf_ar

#' #### Matriz de comunidad
p_cor_mc <- mc_malvc%>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\\n') %>%
  ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_mc

```

```

#'Análisis de agrupamiento 1

```

```

library(vegan)
library(magrittr)
library(broom)
source('biodata/funciones.R')

```

```

#' ### Cargar datos

```

```

#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
mi_fam <- mc_malvc
#'

```

```

#' ## Características de las técnicas de agrupamiento

```

```

#' ## Agrupamiento jerárquico

```

```

#'Método de normalización y distancia euclidea (distancia de cuerdas o *chord*).
#'

```

```

mi_fam_norm <- decostand(mi_fam, "normalize")
mi_fam_norm_d <- vegdist(mi_fam_norm, "euc")
mi_fam_norm_d %>% tidy
#'

```

```

#' Es importante, para garantizar consistencia a lo largo del agrupamiento, asignar los nombres
#'

```

```

attr(mi_fam_norm_d, "labels") <- rownames(mi_fam)
#'

```

```

#' Posteriormente, el agrupamiento jerárquico lo realizaré con la función 'hclust' del paquete '
#'

```

```

(cl_single <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'single'))
#'

```

```

#' Dendrograma:

```

```

plot(cl_single, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
     main = "Sitios de BCI según composición de especies de Malvaceae\\nEnlace simple a partir de
     xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#'

```

```

#' ### Agrupamiento "aglomerativo" por enlace completo

```

```

(cl_complete <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'))

```

```

plot(cl_complete, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
     main = "Sitios de BCI según composición de especies de Malvaceae\nEnlace completo a partir
     xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#'
#' ### Agrupamiento "aglomerativo" por enlace promedio

#'Dendrograma del método UPGMA.
#'
(cl_upgma <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'average'))
plot(cl_upgma, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
     main = "Sitios de BCI según composición de especies de Malvaceae\nUPGMA a partir de matriz
     xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#'
#' ### Agrupamiento por el método de Ward de varianza mínima

(cl_ward <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2'))
plot(cl_ward, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
     main = "Sitios de BCI según composición de especies de Malvaceae\nMétodo de Ward a partir d
     xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')

```

#'Análisis de agrupamiento 2

```

library(vegan)
library(tidyverse)
library(broom)
library(cluster)
library(gclus)
library(pvclust)
library(sf)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
mi_fam <- mc_malvc
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam %>% tibble
bci_env_grid %>% tibble
#'
#' ### Generar matriz de distancias de cuerdas
#'
mi_fam_norm <- decostand(mi_fam, "normalize")
mi_fam_norm_d <- vegdist(mi_fam_norm, "euc")
mi_fam_norm_d %>% tidy
#'
#' ## Interpretación visual de dendrogramas

```

```

#’ Para la exploración visual, objetos de cluster dentro de una lista:
#’
lista_cl <- list(
  cl_single = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'single'),
  cl_complete = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'),
  cl_upgma = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'average'),
  cl_ward = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2')
)
#’
#’ Un plot en panel 2x2 ayuda a visualizarlos todos de manera conjunta. En tu caso, observa y co
#’
par(mfrow = c(2,2))
invisible(map(names(lista_cl), function(x) plot(lista_cl[[x]], main = x, hang = -1)))
par(mfrow = c(1,1))

#’ Usando la lista de objetos de clústers, cálculo de correlación cofenética dentro de un ‘map’
#’
map_df(lista_cl, function(x) {
  coph_d <- cophenetic(x)
  corr <- cor(mi_fam_norm_d, coph_d)
  return(corr)
})

#’ cálculos para UPGMA y Ward.
#’
#’ Para UPGMA:
#’
anch_sil_upgma <- calcular_anchuras_siluetas(
  mc_orig = mi_fam,
  distancias = mi_fam_norm_d,
  cluster = lista_cl$cl_upgma)
anch_sil_upgma

u_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_upgma, mi_fam_norm_d)
plot(u_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = u_dend_reord,
  k = anch_sil_upgma$n_grupos_optimo)
#’
#’ Ahora compararé el dendrograma con el mapa de calor en un mismo gráfico, colocando los dendro
#’
heatmap(
  as.matrix(mi_fam_norm_d),
  Rowv = as.dendrogram(u_dend_reord),
  symm = TRUE,
  margin = c(3, 3),
  col = rev(cm.colors(4))
)

```

```

)

#’ Mostraré el resultado para Ward:
#’
anch_sil_ward <- calcular_anchuras_siluetas(
  mc_orig = mi_fam,
  distancias = mi_fam_norm_d,
  cluster = lista_cl$cl_ward)
anch_sil_ward
#’
w_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_ward, mi_fam_norm_d)
plot(w_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = w_dend_reord,
  k = anch_sil_ward$n_grupos_optimo)
plot(w_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = w_dend_reord,
  k = anch_sil_ward$n_grupos_optimo + 1)
#’
#’ Comparando el dendrograma con el mapa de calor. Verificar si el número de grupos hace sentido
#’
heatmap(
  as.matrix(mi_fam_norm_d),
  Rowv = as.dendrogram(w_dend_reord),
  symm = TRUE,
  margin = c(3, 3),
  col = rev(cm.colors(4))
)

#’ #### UPGMA
#’
cl_pvclust_upgma <-
  pvclust(t(mi_fam_norm),
    method.hclust = "average",
    method.dist = "euc",
    iseed = 91, # Resultado reproducible
    parallel = TRUE)
# Añadir los valores de p
plot(cl_pvclust_upgma, hang = -1)
# Añadir rectángulos a los grupos significativos
lines(cl_pvclust_upgma)
pvrect(cl_pvclust_upgma, alpha = 0.91, border = 4)
#’
#’ #### Ward
#’
cl_pvclust_ward <-

```

```

pvclust(t(mi_fam_norm),
        method.hclust = "ward.D2",
        method.dist = "euc",
        iseed = 191, # Resultado reproducible
        parallel = TRUE)
# Añadir los valores de p
plot(cl_pvclust_ward, hang = -1)
# Añadir rectángulos a los grupos significativos
lines(cl_pvclust_ward)
pvrect(cl_pvclust_ward, alpha = 0.91, border = 4)
#'
#' ### Recapitulando los grupos de sitios.
#'
#' #### Patrones comunes y dispares

#' UPGMA:
(grupos_upgma_k2 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_upgma, k = 2)))

table(grupos_upgma_k2)

#' Ward:
#'
(grupos_ward_k2 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_ward, k = 2)))
table(grupos_ward_k2)
#'
#' Guardaré estos vectores en archivos para reutilizarlos en *scripts* posteriores:
#'
saveRDS(grupos_upgma_k2, 'grupos_upgma_k2.RDS')
saveRDS(grupos_ward_k2, 'grupos_ward_k2.RDS')

# 'Análisis de agrupamiento 3

library(mapview)
library(tidyverse)
library(sf)
library(RColorBrewer)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anaalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
grupos_ward_k2 <- readRDS('grupos_ward_k2.RDS')
table(grupos_ward_k2)
#'
#' ### Paletas
#'

```



```

rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Reds"))
rojo_inv <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(8, "Reds")))
colores_grupos <- brewer.pal(8, "Accent")
#'
#' ## Explorar efectos

# Creación de un objeto que permita realizar tanto las pruebas como los diagramas de cajas.
#'
(m_amb_ward_k2 <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>% select(-id) %>%
  mutate(grupos_ward_k2) %>%
  st_drop_geometry() %>%
  pivot_longer(-grupos_ward_k2, names_to = "variable", values_to = "valor"))
#'
#' A continuación, las pruebas:
#'
m_amb_ward_k2 %>%
  group_by(variable) %>%
  summarise(
    p_valor_t = t.test(valor ~ grupos_ward_k2)$p.value,
    p_valor_w = wilcox.test(valor ~ grupos_ward_k2, exact = F)$p.value) %>%
  arrange(p_valor_t) %>%
  print(n=Inf)

#' Los gráficos:
#'
m_amb_ward_k2 %>%
  group_by(variable) %>%
  ggplot() + aes(x = grupos_ward_k2, y = valor, fill = grupos_ward_k2) +
  geom_boxplot() +
  scale_fill_brewer(palette = 'Accent') +
  theme_bw() +
  theme(legend.position="none") +
  facet_wrap(~ variable, scales = 'free_y')
#'
#' Mapas:
#'
mapa_ward_k2 <- mapView(
  bci_env_grid %>% mutate(grupos_ward_k2),
  layer.name = 'Grupos (2) ward_k2',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = colores_grupos[1:2],
  zcol = 'grupos_ward_k2') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(

```

```

    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_ward_k2
mapa_ward_k2 %>% mapshot(
  file = 'mapa_ward_k2.png',
  remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton")
)
#'
#' Mapa de una de las variables donde se presentó efecto de su promedio (p<0.01), en este caso,
#'
mapa_zn <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'Zinc',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'Zn') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_zn
mapa_zn %>% mapshot(
  file = 'mapa_zinc.png',
  remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton")
)
#'
#' ### Pruebas de igualdad de promedios de las variables entre 3 grupos o más
#'
#' Objeto común:
#'
(m_amb_ward_k2 <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>% select(-id) %>%
  mutate(grupos_ward_k2) %>%
  st_drop_geometry() %>%
  pivot_longer(-grupos_ward_k2 names_to = "variable", values_to = "valor"))

```

```

#'Análisis de agrupamiento 4

```

```

library(indicspecies)
source('biodata/funciones.R')

```

```

#'
#' ### Cargar datos

```

```

#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
mi_fam <- mc_malvc
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)
grupos_ward_k2 <- readRDS('grupos_ward_k2.RDS')
table(grupos_ward_k2)
#'
#' ## Análisis de especies indicadoras mediante IndVal
#'
#' ### UPGMA
#'
iva_upgma_k2 <- multipatt(
  x = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = 'IndVal.g',
  max.order = 1,
  control = how(nperm = 999))
summary(iva_upgma_k2, indvalcomp = TRUE)
colSums(mi_fam)
(p_upgma_adj <- p.adjust(iva_upgma_k2$sign$p.value))
(iva_upgma_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = "IndVal.g",
  nboot = 1000))
#'
#' Ward
#'
iva_ward_k2 <- multipatt(
  x = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k2,
  func = 'IndVal.g',
  max.order = 2,
  control = how(nperm = 999))
summary(iva_ward_k2, indvalcomp = TRUE)
colSums(mi_fam)
(p_ward_adj <- p.adjust(iva_ward_k2$sign$p.value))
(iva_ward_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k2,
  func = "IndVal.g",
  nboot = 1000))
#'
#' ## Análisis de especies con preferencia por hábitat mediante el coeficiente de correlación bi
#'
#' ### UPGMA

```

```

#’
phi_upgma_k2 <- multipatt(
  mi_fam,
  grupos_upgma_k2,
  func = "r.g",
  max.order = 1,
  control = how(nperm = 999))
summary(phi_upgma_k2)
colSums(mi_fam)
(phi_upgma_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = "r.g",
  nboot = 1000))
#’
#’ Ward
#’
phi_ward_k2 <- multipatt(
  mi_fam,
  grupos_ward_k2,
  func = "r.g",
  max.order = 2,
  control = how(nperm = 999))
summary(phi_ward_k2)
colSums(mi_fam)
(phi_ward_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k2,
  func = "r.g",
  nboot = 1000))

```

```

#’Análisis de la diversidad de especie alpha

```

```

#’
library(vegan)
library(adespatial)
library(plyr)
library(RColorBrewer)
library(tidyverse)
library(sf)
library(SpadeR)
library(iNEXT)
source('biodata/funciones.R')
#’
#’ ### Cargar datos
#’
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")

```

```

load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_malvc
bci_env_grid %>% tibble
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)
grupos_ward_k2 <- readRDS('grupos_ward_k2.RDS')
table(grupos_ward_k2)
#'
#' ## Diversidad alpha

#' - Cinco especies, 55 individuos, abundancias desiguales:
#'
foo1 <- c(25, 16, 9, 4, 1)
diversity(foo1)
#'
#' - Cinco especies, 55 individuos, abundancias homogéneas
#'
foo2 <- c(11, 11, 11, 11, 11)
diversity(foo2)
log(5)

#' **Índices, entropías, equidades, ratios**
#'
(indices <- alpha_div(mi_fam))
pairs(indices,
      lower.panel = panel.smooth,
      upper.panel = panel.cor,
      diag.panel = panel.hist,
      main = "Pearson Correlation Matrix")
indices_env <- bind_cols(
  indices,
  bci_env_grid %>%
    select_if(is.numeric) %>%
    st_drop_geometry %>%
    select(-id) %>%
    select(-matches('^geom.*pct$')))
indices_env %>% tibble
ezCorM(indices_env, r_size_lims = c(3,5), label_size = 4)
#'
#' **Modelos de abundancia de especies**
#'
mi_fam_mae <- radfit(mi_fam)
plot(mi_fam_mae)
#'
#' **Rarefacción**
#'
#' Riqueza por sitios

```

```

#'
riqueza <- specnumber(mi_fam)
riqueza %>% sort
#'
#' Sitios con riqueza mínima y máxima
#'
riqueza[riqueza == min(riqueza)]
riqueza[riqueza == max(riqueza)]
range(riqueza)
#'
#' Abundancia por sitios
#'
abundancia <- rowSums(mi_fam)
abundancia %>% sort
#'
#' Sitios con abundancias mínima y máxima
#'
abundancia[abundancia == min(abundancia)]
abundancia[abundancia == max(abundancia)]
(rango_abun <- range(abundancia))
#'
#' Abundancia en el sitio más pobre
#'
abundancia[riqueza == min(riqueza)]
#'
#' Abundancia en el sitio más rico
#'
abundancia[riqueza == max(riqueza)]
#'
#' Riqueza en el sitio con menor abundancia
#'
riqueza[abundancia == min(abundancia)]
#'
#' Riqueza en el sitio con mayor abundancia
#'
riqueza[abundancia == max(abundancia)]
#'
#' Rarefacción a la abundancia más pequeña encontrada
#'
riqueza_menor_abun <- rarefy(mi_fam, sample = rango_abun[1])
sort(riqueza)
sort(round(riqueza_menor_abun))
rarecurve(
  mi_fam,
  step = 1,
  sample = rango_abun[1],
  xlab = "Número de individuos (tamaño de muestra)",

```

```

ylab = "Especies",
label = TRUE,
col = "blue"
)
#’
#’ ### Riqueza de especies, estimación y comparación, "completitud de muestra" (existe en el di
#’
#’ Aproximación básica:
#’
specpool(mi_fam)
specpool(mi_fam)[[1]]/specpool(mi_fam)*100

#’ Generar la matriz de comunidad combinada, en la que todos los sitios forman uno.
#’
mi_fam_combinada <- colSums(mi_fam)
mi_fam_combinada %>% sort
mi_fam_combinada_chao <- estimacion_riqueza_chao(
  mc = mi_fam_combinada,
  n_raras = 10)
mi_fam_combinada_chao$asintoticos_estimacion
mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion
mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico

#’ #’ Generar matriz de comunidad agrupada según el método de Ward (tres grupos), procedente de
#’
mi_fam_k3 <- mi_fam %>%
  mutate(g=grupos_ward_k2) %>%
  group_by(g) %>%
  summarise_all(sum) %>%
  select(-g) %>%
  data.frame
mi_fam_k3 %>% rowSums %>% sort
mi_fam_k3_chao <- estimacion_riqueza_chao(
  mc = mi_fam_k3,
  n_raras = 10)
mi_fam_k3_chao$asintoticos_estimacion
mi_fam_k3_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion
mi_fam_k3_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico

#’Análisis de diversidad beta

library(vegan)
library(adespatial)
library(plyr)
library(tidyverse)
library(sf)
library(vegetarian)

```

```

library(mapview)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_malvc
bci_env_grid %>% tibble

#' ### Diversidad beta con un único número
#'
beta_multiplicativa <- calcular_beta_multiplicativa(
  mc = mi_fam,
  orden = 0:20)
beta_multiplicativa

#'
#' ### Contribución de especies a la diversidad beta (SCBD, *species contribution to beta divers
#'
determinar_contrib_local_y_especie(
  mc = mi_fam,
  alpha = 0.05,
  nperm = 9999,
  metodo = 'hellinger')
#'
mapa_cuadros <- mapView(
  bci_env_grid,
  col.regions = 'grey80',
  alpha.regions = 0.3,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = F, zoom = 14,
  zcol = 'id') %>% addStaticLabels() %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)

contrib_local_especie_guardado <- determinar_contrib_local_y_especie(
  mc = mi_fam,
  alpha = 0.05,
  nperm = 9999,
  metodo = 'hellinger')
contrib_local_especie_guardado$especies_contribuyen_betadiv %>%
  bind_rows %>% gather(especie, valor) %>%
  mutate(valor = round(valor, 2)) %>%
  knitr::kable()

```



```

#’
#’ Utilizar el mapa de cuadros para identificar aquellos que contribuyen más a la diversidad bet
#’
mapa_cuadros

```

```

#’Análisis de ecología espacial

```

```

library(ape)
library(spdep)
library(ade4)
library(adegraphics)
library(adespatial)
library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
library(gridExtra)
library(grid)
library(gtable)
source('biodata/funciones.R')
source('https://raw.githubusercontent.com/maestria-geotel-master/unidad-3-asignacion-1-vecindad-
#’
#’ ### Cargar datos
#’
load("~/unidad-0-asignacion-99-mi-manuscrito-anavalera29/biodata/Malvaceae.Rdata")
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_malvc
mi_fam %>% tibble
bci_env_grid %>% tibble

#’
#’ ### Generar matriz Hellinger
#’
mi_fam_hel <- decostand (mi_fam, "hellinger")
#’
#’ ### Transformar matriz ambiental en objeto 'sp', generar vecindad
#’
bci_env_grid_sp <- bci_env_grid %>% as_Spatial
centroides <- bci_env_grid %>% st_centroid
bci_xy <- centroides %>% st_coordinates %>% as.data.frame
(vecindad <- bci_env_grid_sp %>% poly2nb)
(pesos_b <- nb2listw(vecindad, style = 'B'))
#+ fig.width=12, fig.height=6
plot(bci_env_grid_sp)
plot(vecindad, coords = bci_xy, add=T, col = 'red')
#’
#’ ## Autocorrelación espacial mediante correlograma

```

```

#'
#' ### Una y solo una variable ambiental
#'
var_ph <- bci_env_grid %>% st_drop_geometry %>% pull(pH)
ph_correl <- sp.correlogram(vecindad,
                           var_ph,
                           order = 9,
                           method = "I",
                           zero.policy = TRUE)
print(ph_correl, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
#+ fig.width=12, fig.height=6
plot(ph_correl)
#'
#' ### Múltiples variables
#'
#' #### Abundancias de especies (matriz de comunidad transformada)
#'
suppressWarnings(auto_spp_hel <- calcular_autocorrelacion(
  df_fuente = mi_fam_hel,
  orden = 9,
  obj_vecindad = vecindad,
  pos_var = '(matriz Hellinger)'))
print(auto_spp_hel, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
dim_panel <- rev(n2mfrow(ncol(mi_fam_hel)))
#+ fig.width=12, fig.height=10
par(mfrow = dim_panel)
suppressWarnings(invisible(lapply(auto_spp_hel, function(x) plot(x, main = x$var))))
#'
#' ### Variables ambientales (matriz ambiental)
#'
bci_env_grid_num <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)
suppressWarnings(auto_amb <- calcular_autocorrelacion(
  df_fuente = bci_env_grid_num,
  orden = 9,
  obj_vecindad = vecindad))
print(auto_amb, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
dim_panel <- rev(n2mfrow(ncol(bci_env_grid_num)))
#+ fig.width=12, fig.height=14
par(mfrow = dim_panel)
suppressWarnings(invisible(lapply(auto_amb, function(x) plot(x, main = x$var))))
#'
#' ## Autocorrelación espacial mediante prueba Mantel (matrices de distancia)

mi_fam_sin_tendencia <- resid(

```

```

lm(as.matrix(mi_fam_hel) ~ .,
  data = bci_xy))
mi_fam_sin_tendencia_d <- dist(mi_fam_sin_tendencia)
(mi_fam_correlograma <- mantel.correlog(
  mi_fam_sin_tendencia_d,
  XY = bci_xy,
  nperm = 999))
# + fig.width=12, fig.height=6
plot(mi_fam_correlograma)
# '
# ' ## Autocorrelación espacial por medio de pruebas de permutación para el I de Moran
# '
# ' ### I de Moran global aplicado a abundancia de especies transformadas sin tendencia
# '
(autocor_global_residuos <- sapply(
  dimnames(mi_fam_sin_tendencia)[[2]],
  function(x)
    moran.mc(
      x = mi_fam_sin_tendencia[,x],
      listw = pesos_b,
      zero.policy = T,
      nsim = 9999),
  simplify = F))
# '
# ' ### I de Moran local
# '
# ' #### Aplicado a variables ambientales
# '
bci_env_grid_num_sf <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)
bci_env_grid_num_sf %>% tibble
lisamaps_amb <- sapply(grep('geometry', names(bci_env_grid_num_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = bci_env_grid_num_sf[x],
      var = x,
      pesos = pesos_b,
      titulo_leyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado por "y")',
      leyenda = F,
      anchuratitulo = 50,
      tamanotitulo = 10,
      fuentedatos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/ctfs/ctfs.html',
      titulomapa = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_amb$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_amb[[1]] + theme(legend.position = "bottom")))

```

```

grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[1:12], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 100)
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[13:22], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 100)
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[23:31], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 100)
#'
#' ##### Aplicado a abundancias de especies transformadas
#'
mi_fam_hel_sf <- bci_env_grid %>% select %>% bind_cols(mi_fam_hel)
lisamaps_mifam <- sapply(
  grep('geometry', names(mi_fam_hel_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = mi_fam_hel_sf[x],
                  var = x,
                  pesos = pesos_b,
                  titulo_leyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado de "y")',
                  leyenda = F,
                  anchura_titulo = 50,
                  tamanotitulo = 10,
                  fuente_datos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',
                  titulo_mapa = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    # dev.new(); print(m$grafico)
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_mifam$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_mifam[[1]] + theme(
  grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam[1:8], nrow = 3)), lisamaps_mifam$leyenda, height = 100)
  grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam[9:16], nrow = 3)), lisamaps_mifam$leyenda, height = 100)
  #
  #' ##### Aplicado a abundancias de especies transformadas sin tendencia
  #'
mi_fam_sintendencia_sf <- bci_env_grid %>% select %>% bind_cols(mi_fam_sin_tendencia %>% as.data.frame())
lisamaps_mifam_sintendencia <- sapply(
  grep('geometry', names(mi_fam_sintendencia_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = mi_fam_sintendencia_sf[x],
                  var = x,
                  pesos = pesos_b,
                  titulo_leyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado de "y")',
                  leyenda = F,
                  anchura_titulo = 50,
                  tamanotitulo = 10,
                  fuente_datos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',
                  titulo_mapa = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    # dev.new(); print(m$grafico)
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_mifam_sintendencia$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_mifam_sintendencia[[1]] + theme(

```

```

grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam_sintendencia[1:8], nrow = 3)), lisamaps_mif
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam_sintendencia[9:16], nrow = 3)), lisamaps_mi
\ldots

```

Referencias

- Alvarado-Hernández, A. M. (2011). *Caracterización florística de los hábitats utilizado por el tepalcuintle cuniculus paca*, (LINNEO, 1766; rodentia: Cuniculidae), en el piso basal del parque nacional carara, costa rica.
- Batlle, J. R. M. (2020). Biogeografia-master/scripts-de-analisis-BCI;coding sessions (Version v0.0.9000). <https://doi.org/10.5281/zenodo.4402362>
- Bayer, K., Clemens y Kubitzki. (2003). Malvaceae. In Springer (Ed.), *Plantas con flores textperiodcentered dicotiledóneas*.
- Clark, D. B. (2002). Los factores edáficos y la distribución de las plantas. *Ecología Y Conservación de Bosques Neotropicales*. LUR, Cartago, Costa Rica, 193–221.
- Flores, D. G., Suvires, G., & Dalmasso, A. (2015). Distribución de la vegetación nativa en ambientes geomorfológicos cuaternarios del monte Árido central de argentina. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 86(1), 72–79.
- González, A. R. (2006). *Ecología: Métodos de muestreo y análisis de poblaciones y comunidades*. Pontificia Universidad Javeriana.
- Hubbell, S., Condit, R., & Foster, R. (2021). *Parcela del censo forestal en la isla de barro colorado*.
- Kindt, R., & Coe, R. (2005). *Tree diversity analysis. a manual and software for common statistical methods for ecological and biodiversity studies*. Retrieved from <http://www.worldagroforestry.org/output/tree-diversity-analysis>
- Lorenzo-Cáceres, J. M. S. de. (2007). Las especies del género abutilon mill.(Malvaceae) cultivadas en españa. *PARJAP: Boletín de La Asociación Española de Parques Y Jardines*, (45), 45–49.
- Marín, J. Z., Hilario, R. F., & Andino, O. O. (n.d.). *Análisis filogenético de la familia malvaceae*.
- ORTIZ, D. G. (2010). *Claves para los taxones y cultones del género hibiscus l.(Malvaceae) cultivados y comercializados en la comunidad valenciana (e españa)*.
- Pérez, R., Aguilar, S., Condit, R., Foster, R., Hubbell, S., & Lao, S. (2005). Metodología empleada en los censos de la parcela de 50 hectareas de la isla de barro colorado, panamá. *Centro de Ciencias Forestales Del Tropico (CTFS) Y Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales (STRI)*, 1–24.
- QGIS Development Team. (2009). *QGIS geographic information system*. Retrieved from <http://qgis.osgeo.org>
- R Core Team. (2019). *R: A language and environment for statistical computing*. Retrieved from <https://www.R-project.org/>
- Stevenson, P. R., & Rodríguez, M. E. (2008). Determinantes de la composición florística y efecto de borde en un fragmento de bosque en el guaviare, amazonía colombiana. *Colombia Forestal*, 11, 5–17.
- Sugasti, L., Eng, B., & Pinzón, R. (2018). *Medición continua de flujo de co2 ensuelo en una parcela de bosque tropical en isla barro colorado, canal de panamá*.