

# Informe Practica Laboral

Luis Pastenes

05-10-2020

## Agradecimientos

Muy agradecido con Don Claudio Quezada Romegialli por la oportunidad, el tiempo y los conocimientos que se me entregaron para desarrollar los objetivos de mi practica laboral. Espero que este informe sea de aporte para los proyectos que tiene a futuro.

## Presentacion

El presente informe es el resultado de los objetivos planteados al empezar la practica laboral, los cuales eran:

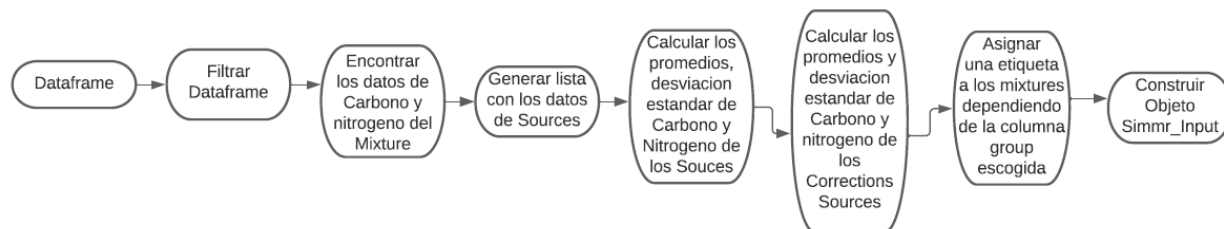
- Crear objetos isotopeData con la data del paquete Simmr.
- Crear objetos Simmr\_input con la data del paquete tRophicPosition.
- Pasar objeto Simmr\_input a isotopeData.
- Pasar objeto isotopeData a Simmr\_input.

Las dificultades que se presentaron al realizar estas tareas fueron mas que nada la inexperiencia que tenia trabajando con respecto al lenguaje R, y el desconocimiento y uso de los paquetes fundamentales para realizar estos objetivos los cuales eran Simmr y tRophicPosition.

La practica laboral se realizo desde el dia Lunes 24 de Agosto del 2020 hasta el Viernes 2 de Octubre del mismo año cumpliendo una jornada laboral de 30 horas semanales.

## TPtoSimmr

Genera una lista de objetos de la clase Simmr\_Input analizando un marco de valores de isotopos estables, analizados para un consumidor y uno o mas lineas de baselines, el filtro puede ser una o mas Estudios, Localidades,SPP,etc.



para utilizar TPtoSimmr se requieren instalar las siguientes librerias:

```
library(simmer)
library(tRophicPosition)
library(tidyverse)
library(xlsx)
```

crearemos valores de entrada para dar un ejemplo de como utilizar la funcion, en este caso seran:

```
filtro1="MEC"#STUDY
filtro2=NULL#LOCATION
filtro3=NULL #SPP
filtro4= NULL#NS
lista<-list(filtro1,filtro2,filtro3,filtro4)
lista
```

```
## [[1]]
## [1] "MEC"
##
## [[2]]
## NULL
##
## [[3]]
## NULL
##
## [[4]]
## NULL
```

```
column1="Study"
column2="Location"
column3="Spp"
column4="NS"
columnas<-c(column1,column2,column3,column4)
columnas
```

```
## [1] "Study"      "Location" "Spp"       "NS"
```

```
var<-matrix(ncol = 2,nrow=2)
var[1,1]<-5
var[1,2]<-NA
var[2,1]<-NA
var[2,2]<-10
var
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    5  NA
## [2,]   NA  10
```

```
ruta=system.file("extdata","Bilagay_for_tRophicPosition.xlsx",
                  package = "tRophicPosition")
datos2<-read.xlsx(ruta,1)
head(datos2)
```

##	Study	Location	Spp	FG	d13C	d15N	NS
## 1	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-10.14	16.28	4
## 2	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-11.73	16.33	4
## 3	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-9.79	16.41	4
## 4	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-11.04	16.61	4
## 5	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-7.43	12.53	4
## 6	MEL	CHI	Echinolittorina peruviana	Benthic_BL	-10.13	14.17	4

luego de crear valores de entrada llamamos a la funcion

```
resultados1<-TPToSimmr(datos=datos2,
  filtro=lista,
  columnass=columnas,
  mixture= "Bilagay",
  baselines=c("Pelagic_BL","Benthic_BL"),
  baseColumn="FG",
  mixtureColumn="FG",
  ColumnC="d13C",
  ColumnN="d15N",
  correctionsMeans=var,
  correctionsSD=var,
  columnGroup=NULL)
```

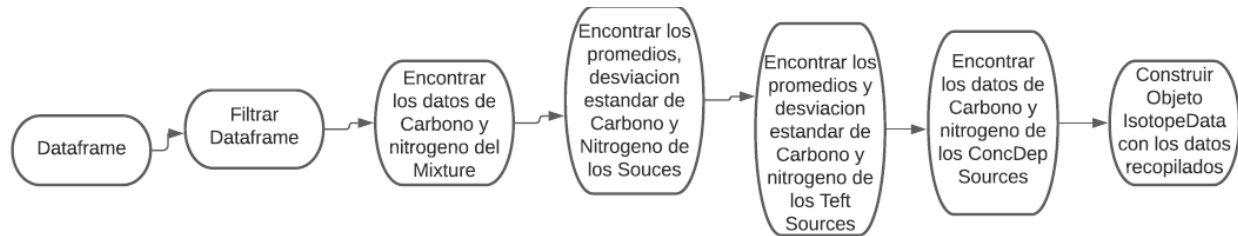
Visualizamos los Resultados

```
str(resultados1)
```

```
## List of 13
## $ mixtures          : num [1:10, 1:2] -15.7 -16.1 -15.7 -16 -15.2 ...
##   .. attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : NULL
##   .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ source_names      : chr [1:2] "Pelagic_BL" "Benthic_BL"
## $ source_means      : num [1:2, 1:2] -16.9 -12.9 15.4 16.2
## $ source_sds        : num [1:2, 1:2] 0.827 1.09 1.682 1.191
## $ correction_means  : num [1:2, 1:2] 5 0.39 3.4 10
##   .. attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : NULL
##   .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ correction_sds    : num [1:2, 1:2] 5 1.3 0.98 10
##   .. attr(*, "dimnames")=List of 2
##   .. ..$ : NULL
##   .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ concentration_means: num [1:2, 1:2] 1 1 1 1
## $ group              : Factor w/ 1 level "1": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
## $ group_int          : int [1:10] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
## $ n_obs              : int 10
## $ n_tracers          : int 2
## $ n_sources          : int 2
## $ n_groups           : int 1
## - attr(*, "class")= chr "simmr_input"
```

# SimmrToTP

Recoge los datos de un archivo para generar una lista de la clase isotopeData con los datos de los consumidores y sources.



para utilizar SimmrtoTp se requieren las siguientes librerias

```
library(simmr)
library(tRophicPosition)
library(tidyverse)
library(xlsx)
```

llamamos a la funcion

```
resultados2<-SimmrtoTP(df="geese_data.xls",
  numpestanatotal=4,
  columnCc="d13C_P1",
  columnNc="d15N_P1",
  ubipestcolumnCN=1,
  Sources=c("Zostera","Grass","Enteromorpha","U.lactuca"),
  columnSources="Sources",
  ubipestcolumnSources=2,
  ubipestTefs=3,
  ubipestConcDep=4,
  meancolumnC="meand13CP1",
  meancolumnN="meand15NP1",
  sdcolumnC="SDd13C",
  sdcolumnN="SDd15N",
  meanteftcolumnC="meand13CP1",
  meanteftcolumnN="meand15NP1",
  sdteftcolumnC="SDd13C",
  sdteftcolumnN="SDd15N",
  CondepC="d13CP1",
  CondepN="d15NP1"
)
```

visualizamos los resultados

```
str(resultados2)
```

```
## List of 26
## $ dNb1      : num [1:25] 5.22 6.48 7.52 4.86 7.4 ...
## $ dCb1      : num [1:25] -12.2 -11.2 -10.3 -12.5 -10.4 ...
## $ deltaNb1  : num [1:25] 2.9 3.54 4.06 2.71 4 ...
## $ deltaCb1  : num [1:25] 1.082 1.627 2.076 0.927 2.024 ...
```

```
## $ ConcDepCb1: num 0.359
## $ ConcDepNb1: num 0.0297
## $ dNb2      : num [1:25] 2.46 4.42 6.04 1.9 5.85 ...
## $ dCb2      : num [1:25] -31.4 -30.9 -30.4 -31.6 -30.5 ...
## $ deltaNb2   : num [1:25] 2.9 3.54 4.06 2.71 4 ...
## $ deltaCb2   : num [1:25] 1.082 1.627 2.076 0.927 2.024 ...
## $ ConcDepCb2: num 0.403
## $ ConcDepNb2: num 0.0355
## $ dNb3      : num [1:25] 9.1 9.81 10.4 8.89 10.33 ...
## $ dCb3      : num [1:25] -15.1 -14.1 -13.2 -15.4 -13.3 ...
## $ deltaNb3   : num [1:25] 2.9 3.54 4.06 2.71 4 ...
## $ deltaCb3   : num [1:25] 1.082 1.627 2.076 0.927 2.024 ...
## $ ConcDepCb3: num 0.184
## $ ConcDepNb3: num 0.0139
## $ dNb4      : num [1:25] 10.23 11.19 11.98 9.95 11.89 ...
## $ dCb4      : num [1:25] -12.87 -11.18 -9.78 -13.36 -9.94 ...
## $ deltaNb4   : num [1:25] 2.9 3.54 4.06 2.71 4 ...
## $ deltaCb4   : num [1:25] 1.082 1.627 2.076 0.927 2.024 ...
## $ ConcDepCb4: num 0.21
## $ ConcDepNb4: num 0.0192
## $ dNc       : num [1:251] 10.2 10.4 10.4 10.5 10.2 ...
## $ dCc       : num [1:251] -11.4 -11.9 -10.6 -11.2 -11.7 ...
## - attr(*, "class")= chr "isotopeData"
## - attr(*, "consumer")= chr "consumer"
## - attr(*, "baseline1")= chr "Zostera"
## - attr(*, "baseline2")= chr "Grass"
## - attr(*, "baseline3")= chr "Enteromorpha"
## - attr(*, "baseline4")= chr "U.lactuca"
```

## De Simmr\_\_Input a isotopeData

Toma una lista de la clase Simmr\_input y la devuelve a formato IsotopeData

utilizamos el resultado de la funcion TpToSimmr para pasarlo a estructura isotopeData

```
resultados3<-classfunction(datos=resultados1)
```

Visualizamos los resultados

```
str(resultados3)
```

```
## List of 10
## $ dNb1      : num [1:25] 13.9 15.4 16.6 13.5 16.4 ...
## $ dCb1      : num [1:25] -17.7 -16.9 -16.4 -17.9 -16.4 ...
## $ deltaNb1   : num [1:25] 2.55 3.4 4.09 2.31 4.01 ...
## $ deltaCb1   : num [1:25] 0.651 4.976 8.537 -0.577 8.13 ...
## $ dNb2      : num [1:25] 15.2 16.2 17.1 14.9 17 ...
## $ dCb2      : num [1:25] -13.9 -12.9 -12.1 -14.1 -12.2 ...
## $ deltaNb2   : num [1:25] 1.3 9.95 17.07 -1.15 16.26 ...
## $ deltaCb2   : num [1:25] -0.741 0.384 1.31 -1.06 1.204 ...
## $ dNc       : num [1:10] 20.7 20 20.5 20.8 21.3 ...
## $ dCc       : num [1:10] -15.7 -16.1 -15.7 -16 -15.2 ...
```

```
## - attr(*, "class")= chr "isotopeData"
## - attr(*, "consumer")= chr "consumer"
## - attr(*, "baseline1")= chr "Pelagic_BL"
## - attr(*, "baseline2")= chr "Benthic_BL"
```

## De IsotopeData a Simmr\_input

Toma una lista de la clase Isotopedata y la devuelve a formato Simmr\_input  
 utilizamos el resultado de la funcion de SimmrtoTP

```
resultados4<-classfunction2(datos=resultados2)
```

visualizamos el resultado de pasar la estructura de la funcion SimmrtoTP

```
str(resultados4)
```

```
## List of 13
## $ mixtures          : num [1:251, 1:2] -11.4 -11.9 -10.6 -11.2 -11.7 ...
## ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : NULL
## .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ source_names      : chr [1:4] "Zostera" "Grass" "Enteromorpha" "U.lactuca"
## $ source_means      : num [1:4, 1:2] -11.17 -30.88 -14.06 -11.17 6.49 ...
## $ source_sds        : num [1:4, 1:2] 1.215 0.641 1.172 1.959 1.459 ...
## $ correction_means  : num [1:4, 1:2] 1.63 1.63 1.63 1.63 3.54 3.54 3.54 3.54
## ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : NULL
## .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ correction_sds    : num [1:4, 1:2] 0.63 0.63 0.63 0.63 0.74 0.74 0.74 0.74
## ..- attr(*, "dimnames")=List of 2
## .. ..$ : NULL
## .. ..$ : chr [1:2] "d13C" "d15N"
## $ concentration_means: num [1:4, 1:2] 1 1 1 1 1 1 1 1
## $ group              : Factor w/ 1 level "1": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ group_int          : num [1:251] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ n_obs              : int 251
## $ n_tracers          : num 2
## $ n_sources          : num 4
## $ n_groups           : num 1
## - attr(*, "class")= chr "simmr_input"
```