

# T1\_H1

José Carlos Del Valle

11/11/2021

## Introducción

ZONA H1, Hybrid Zone del transecto 1.

En este script voy a analizar cómo ven las flores de *Erysimum merxmülleri* y *E. lagascae* los principales grupos de polinizadores de la zona: dípteros, coleópteros, lepidópteros e himenópteros. Este script será un poco más largo porque es la primera zona con la que trabajo y he hecho varios test que no tengo que repetir en los siguientes scripts.

Cada zona la analizaré en scripts separados porque si no va a ser demasiado largo y un poco caótico

## Importando y limpiando el dataset

Los datos de reflectancia de la zona T1-H1 están en la carpeta “T1\_Hibrida\_101-178”. En esa carpeta encontraremos dos mediciones: una hecha para la parte distal y otra para la parte apical. Nosotros utilizaremos el promedio de ambas mediciones, obteniendo tan solo una medición por flor.

Lo primero que haremos será cargar la librería *pavo*. Luego, cargaremos los datos (seleccionar el directorio apropiado) y crearemos el objeto **plotH1**.

```
library(pavo)
H1 <- "/Users/delValle/Dropbox/UGR/T1_Hibrida_101-178"
plotH1<-getspec(H1)
```

Ahora hay que pulir un poco los espectros en bruto que se obtienen del espectrofotómetro. Para ello utilizaremos las funciones “prospec” contenidas en el paquete *pavo*.

Lo primero que voy a hacer es eliminar posibles valores negativos de los espectros añadiendo el valor absoluto del valor negativo más alto a todo el espectro. A continuación, suavizo un poco los espectros.

```
plotH1.fix <- specsproc(plotH1, fixneg = "addmin")

## processing options applied:
## Negative value correction: added min to all reflectance

plotH1.sm <- specsproc(plotH1.fix, opt = "smooth", span = 0.2)

## processing options applied:
## smoothing spectra with a span of 0.2
```

```
is.rspec(plotH1.sm)
```

```
## [1] TRUE
```