

Análisis de la presencia de mariposas del género *Eacles* en Costa Rica entre los años 2020-2024

María Fernanda Biarreta

2024-12-11

Tabla de contenidos

Objetivo del análisis	1
Método	2
Resultados	4
Discusión	13

Objetivo del análisis

El objetivo del proyecto es realizar un análisis de la presencia de mariposas del género *Eacles* en territorio costarricense. Para facilitar el proceso de obtención y selección de datos se utilizarán las observaciones disponibles en el repositorio público Global Biodiversity Information Facility ([GBIF](#)).

Con el fin de que funja como un estudio inicial del género *Eacles* basado en las observaciones que se espera se acerquen a la distribución de los individuos real. De tal forma, como parte de la discusión final, se pueden formar conjeturas respecto a la razón por la que ciertas especies predominan más dentro de un área que otras.

Método

Inicialmente, se extrajeron los datos a partir de las observaciones encontradas en GBIF en Costa Rica entre los años 2020-2024.

Específicamente, se buscaron individuos de la especie *Eacles* que presentan la siguiente taxonomía:

Tabla 1: Taxonomía de las observaciones extraídas

Reino	Animalia
Filo	Anthropoda
Clase	Insecta
Orden	Lepidoptera
Familia	Saturniidae
Género	Eacles

```
library(vegan)
```

```
Loading required package: permute
```

```
Loading required package: lattice
```

```
This is vegan 2.6-8
```

```
library(tidyverse)
```

```
-- Attaching core tidyverse packages ----- tidyverse 2.0.0 --
v dplyr      1.1.4    v readr      2.1.5
v forcats    1.0.0    v stringr    1.5.1
v ggplot2    3.5.1    v tibble     3.2.1
v lubridate  1.9.3    v tidyr      1.3.1
v purrr      1.0.2
```

```
-- Conflicts ----- tidyverse_conflicts() --
```

```
x dplyr::filter() masks stats::filter()
```

```
x dplyr::lag()     masks stats::lag()
```

```
i Use the conflicted package (<http://conflicted.r-lib.org/>) to force all conflicts to become errors
```

```
library(sf)
```

Linking to GEOS 3.12.2, GDAL 3.9.3, PROJ 9.4.1; sf_use_s2() is TRUE

```
library(mapview)
library(readr)
library(iNEXT)
```

```
datos <- read.csv("mariposasCR.csv",
                  sep = '\t',
                  encoding = "utf-8")
```

Una vez observadas las columnas que incluye el conjunto de datos se seleccionaron las siguientes:

```
#Seleccionar las columnas de interés
datos <- datos |>
  select(species, scientificName, stateProvince, decimalLatitude, decimalLongitude, year)

#Ver muestra de nuevos datos
head(datos)
```

	species	scientificName	stateProvince	decimalLatitude
1	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Limón	10.029052
2	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Limón	10.029079
3	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Guanacaste	10.345414
4	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Guanacaste	10.057408
5	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Puntarenas	8.653808
6	Eacles imperialis	Eacles imperialis Drury, 1773	Alajuela	10.478845
	decimalLongitude	year		
1	-83.35095	2024		
2	-83.35092	2024		
3	-85.33827	2024		
4	-85.75354	2024		
5	-83.46558	2024		
6	-84.72528	2024		

Se obtienen las especies:

```
#Ver especies distintas
datos |> distinct(species)
```

```
      species
1 Eacles imperialis
2   Eacles ormondei
3     Eacles masoni
4   Eacles penelope
```

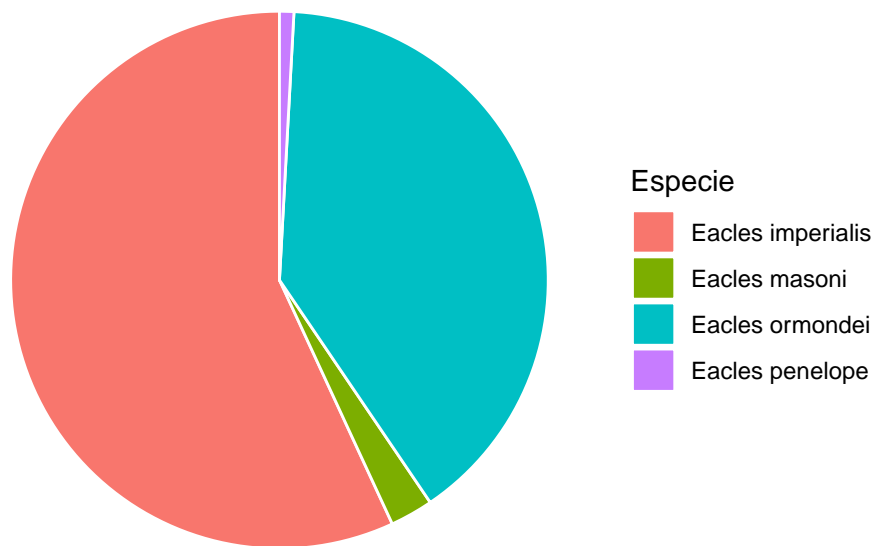
Con esta información se realizan los siguientes gráficos para el análisis:

- Gráfico pie con la distribución de la especies.
- Gráfico de barras con la distribución de observaciones por provincia.
- Gráfico de barras con la distribución de especies por provincia.
- Gráfico del mapa de Costa Rica con la distribución de observaciones.
- Gráfico del mapa de algunas provincias con la distribución de observaciones.
- Curva de acumulación de especies.

Resultados

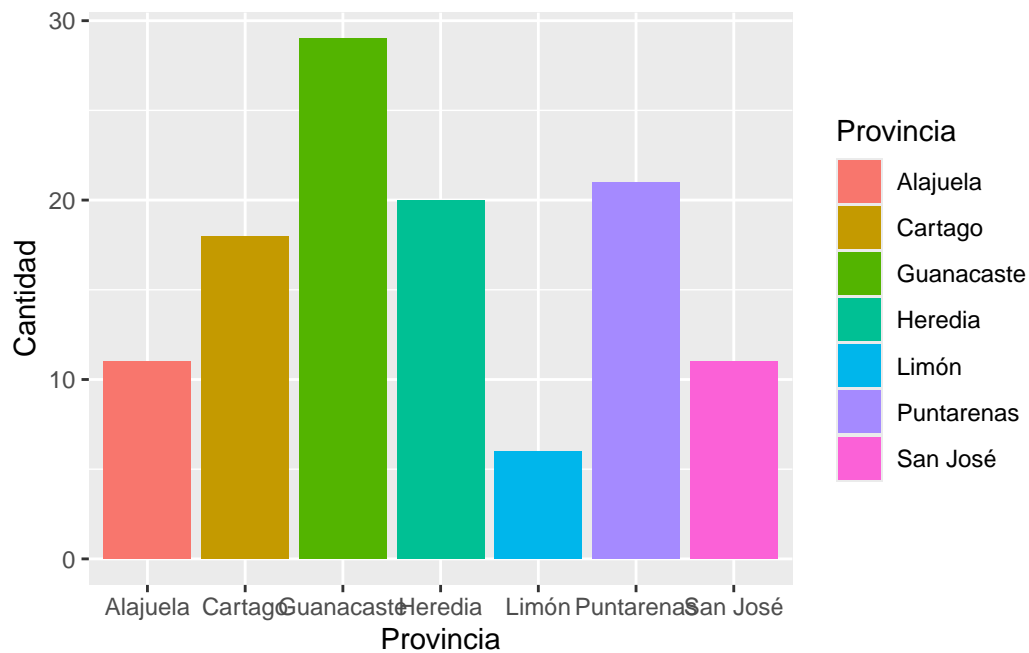
```
#Obtener la cantidad de cada especie
datos2 <- datos |>
  select(species) |>
  group_by(species) |>
  count() |>
  ungroup() |>
  select(species, n)

#Gráfico de pie con la distribución de especies
ggplot(datos2, aes(x="", y=n, fill=species)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, color="white") +
  coord_polar("y", start=0) +
  theme_void()+
  labs(x = "Especie",
       y = "Cantidad",
       fill = "Especie")
```



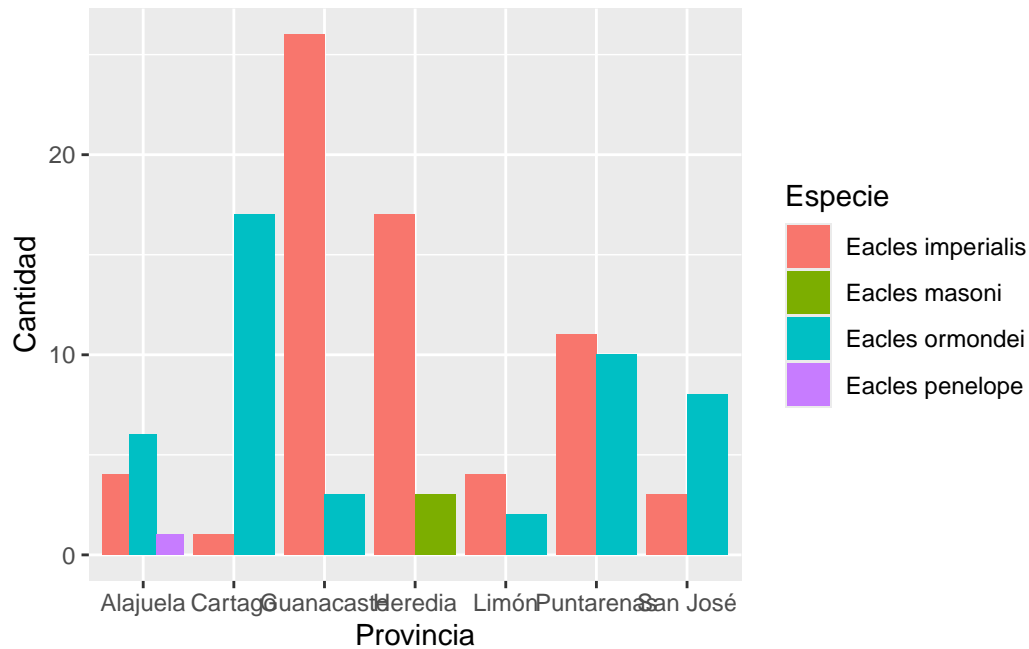
```
#Obtener la cantidad de observaciones por provincia
datos3 <- datos |>
  select(stateProvince) |>
  group_by(stateProvince) |>
  count() |>
  ungroup() |>
  select(stateProvince, n)

#Gráfico de barras con la distribución de observaciones por provincia.
ggplot(datos3, aes(fill=stateProvince, x=stateProvince, y=n)) +
  geom_bar(stat="identity") +
  labs(x = "Provincia",
       y = "Cantidad",
       fill = "Provincia")
```



```
#Obtener la cantidad de especies por provincia
datos4 <- datos |>
  select(stateProvince, species) |>
  group_by(stateProvince, species) |>
  count() |>
  ungroup() |>
  select(stateProvince, species, n)

#Gráfico de barras con la distribución de especies por provincia.
ggplot(datos4, aes(fill=species, y=n, x=stateProvince)) +
  geom_bar(position="dodge", stat="identity") +
  labs(x = "Provincia",
       y = "Cantidad",
       fill = "Especie")
```



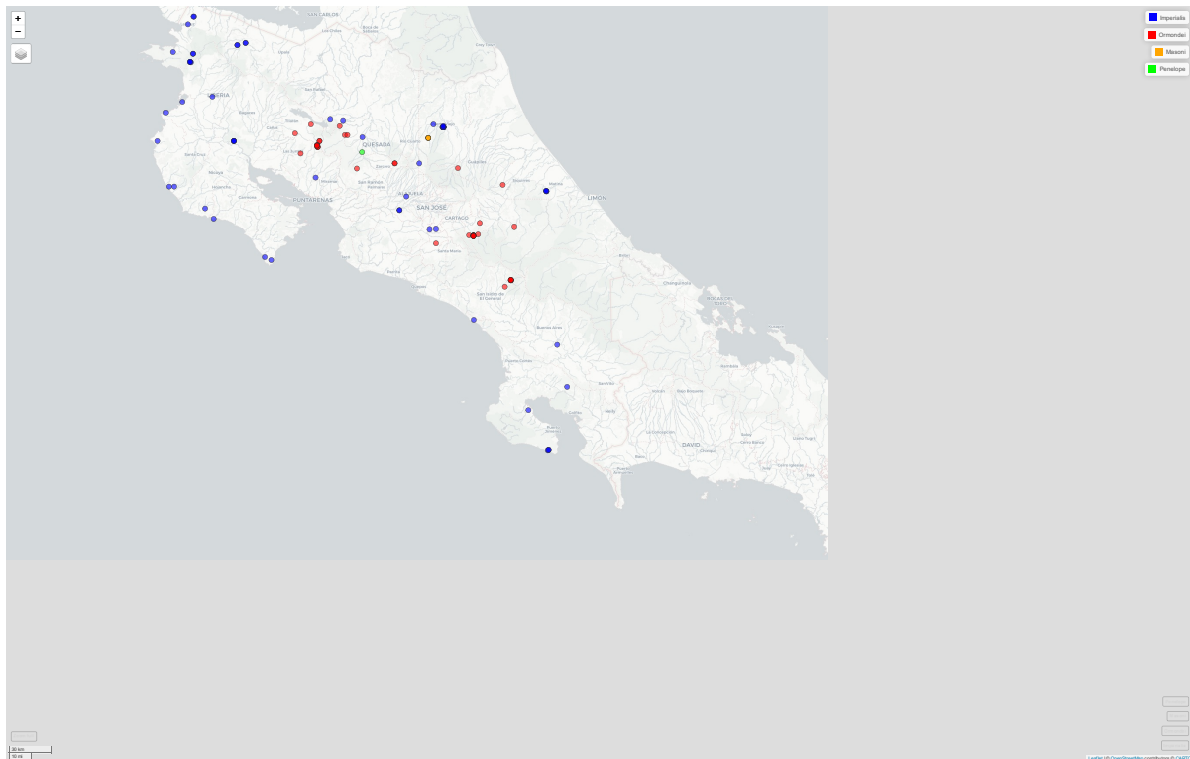
```
#Crear la columna de tipo geométrico con la latitud y longitud de las observaciones
datos <- st_as_sf(datos, coords = c("decimalLongitude", "decimalLatitude"), crs = 4326)

#Función para mapear las observaciones por territorio
map_especies<-function(datos){
  d1 = datos |> filter(species == "Eacles imperialis")
  d2 = datos |> filter(species == "Eacles ormondei")
  d3 = datos |> filter(species == "Eacles masoni")
  d4 = datos |> filter(species == "Eacles penelope")
  df_list <- list(d1, d2, d3, d4)
  col <- c("blue", "red", "orange", "green")
  names <- c("Imperialis", "Ormondei", "Masoni", "Penelope")
  maps = mapview()

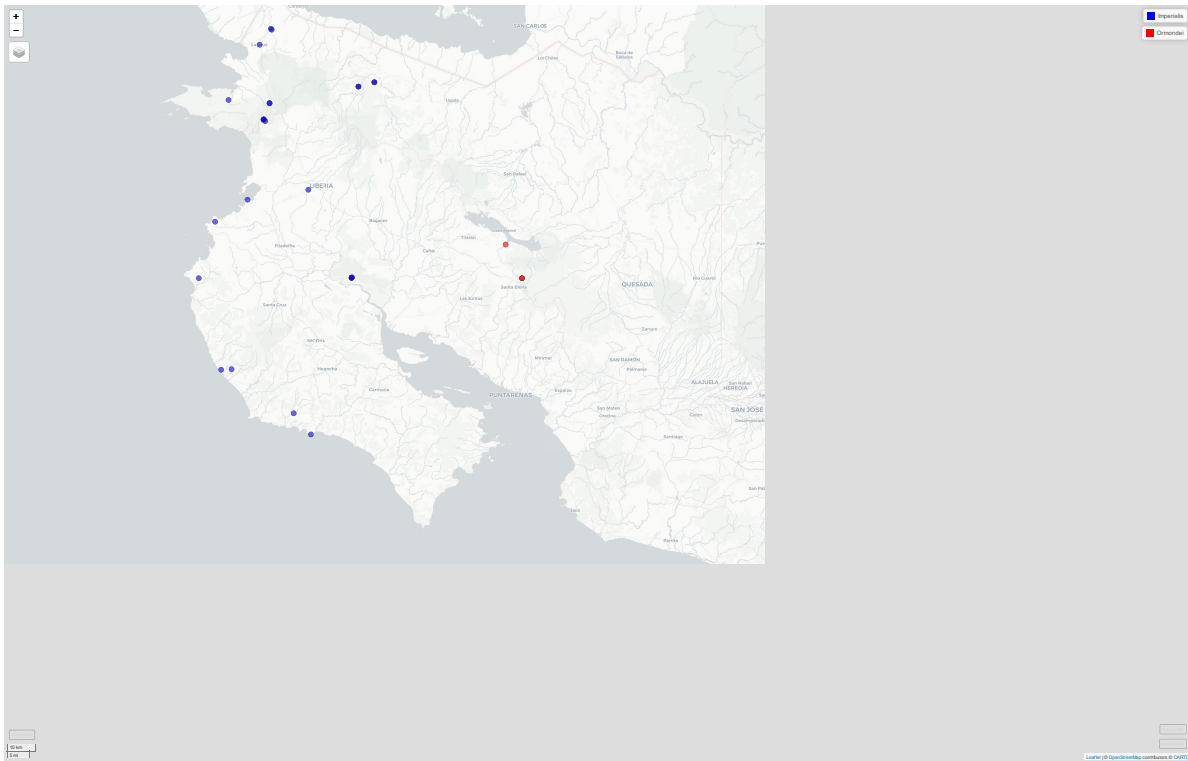
  for(i in 1:4){
    df <- df_list[[i]]
    if(NROW(df) > 0){
      new_m = mapview(df,
                       col.region = col[i],
                       layer.name = names[i])
      maps = maps+new_m
    }
  }
}
```

```
maps  
}
```

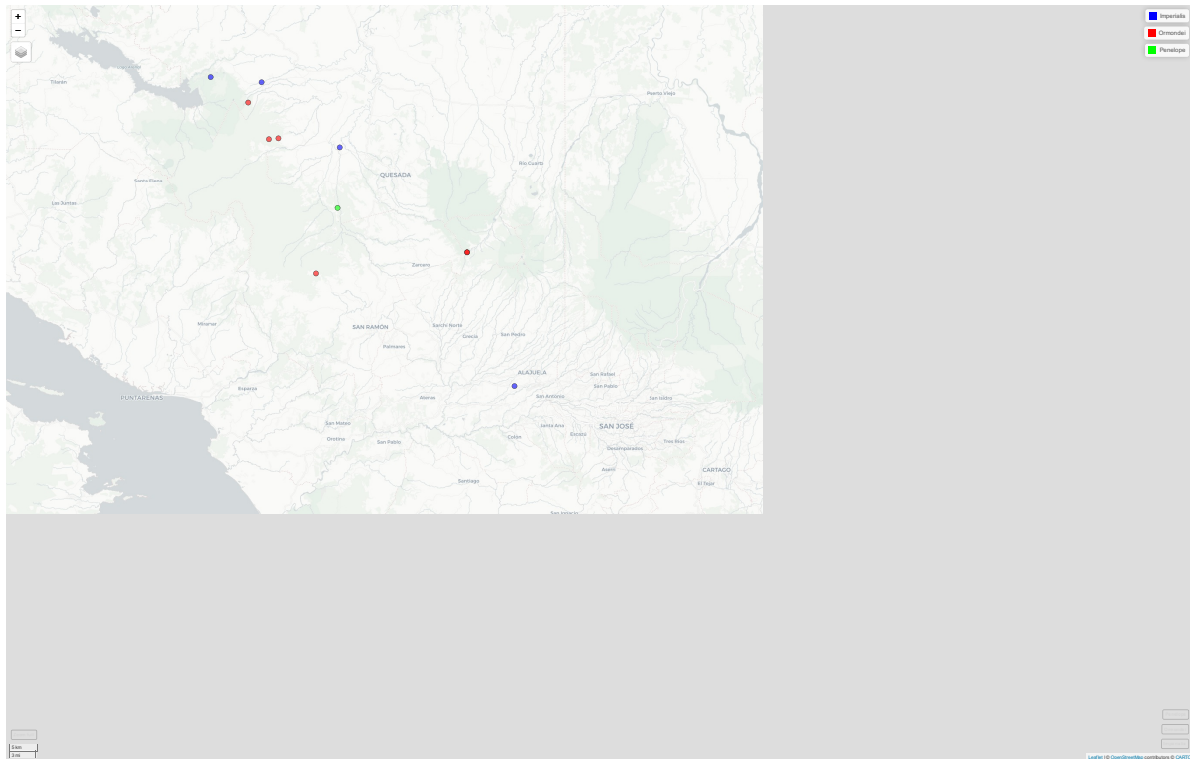
```
#Mapa de Costa Rica  
map_especies(datos)
```



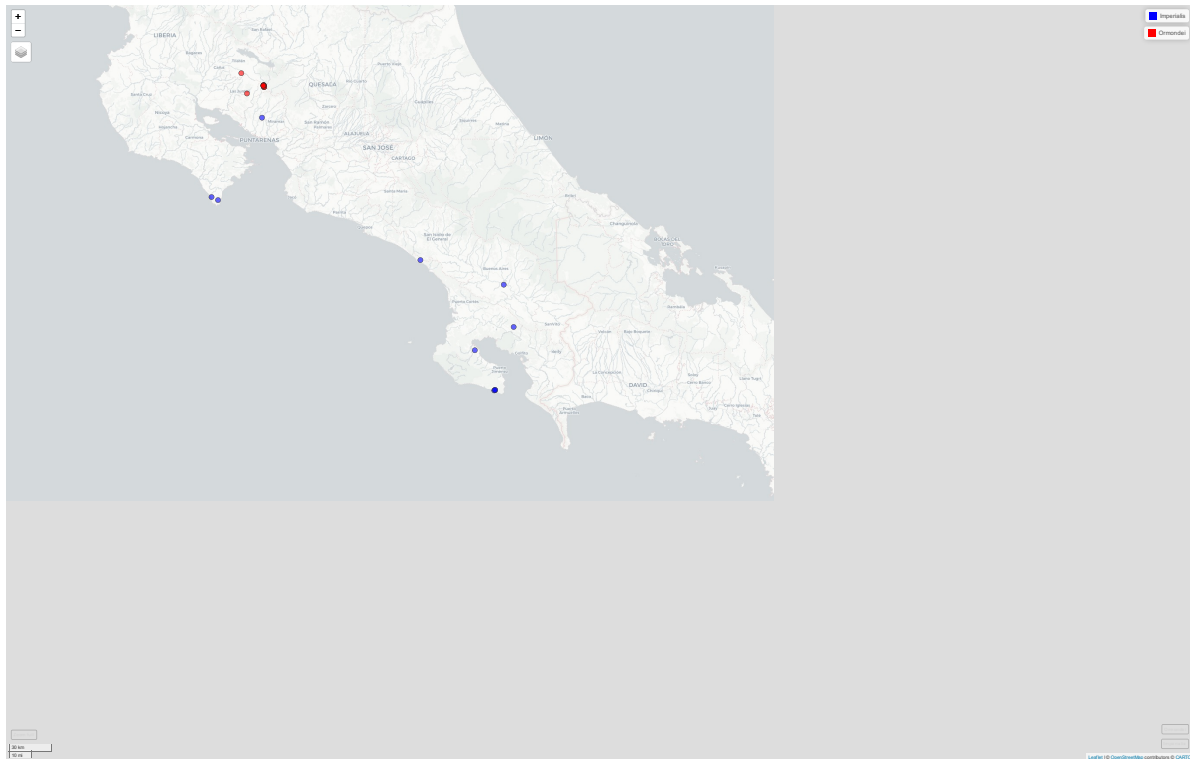
```
#Mapa de Guanacaste  
map_especies(datos |> filter(stateProvince == "Guanacaste"))
```

```
#Mapa de Alajuela  
map_especies(datos |> filter(stateProvince == "Alajuela"))
```



```
#Mapa de Puntarenas  
map_especies(datos |> filter(stateProvince == "Puntarenas"))
```



Por último se estimaron los número de Hill para las especies muestreadas:

```
datosHill <- datos4 |>
  pivot_wider(id_cols = species,
              names_from = stateProvince,
              values_from = n,
              values_fill = 0) |>
  select(-species) |>
  as.data.frame()

hills_tv <- estimated(
  x = datosHill,
  q = c(0, 1, 2),
  datatype = "abundance",
  base = "size",
  level = 4,
  nboot = 50,
  conf = 0.95
)

hills_tv
```

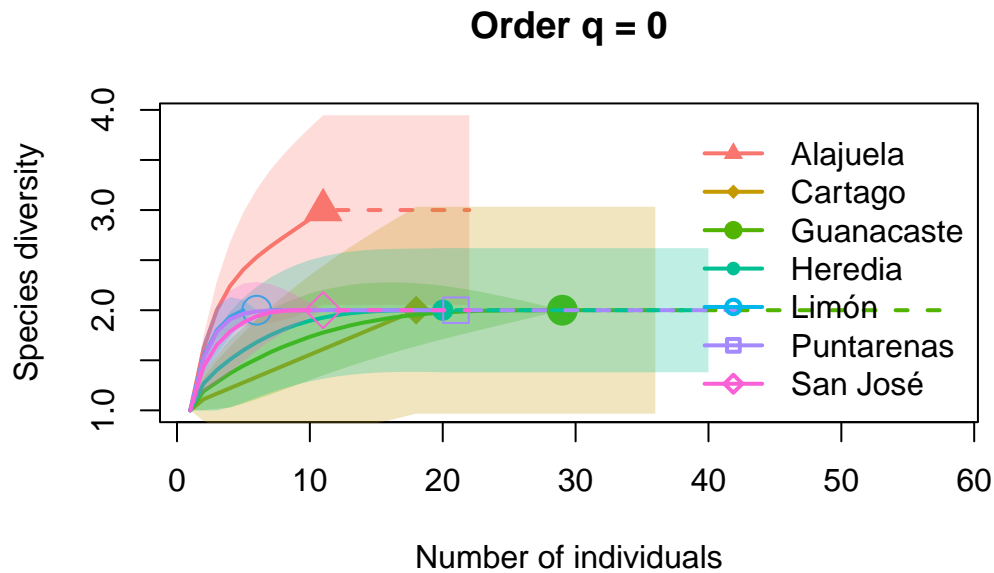
	Assemblage	m	Method	Order.q	SC	qD	qD.LCL	qD.UCL
1	Alajuela	4	Rarefaction	0	0.8354978	2.242424	1.7388890	2.745960
2	Alajuela	4	Rarefaction	1	0.8354978	2.033223	1.5614125	2.505034
3	Alajuela	4	Rarefaction	2	0.8354978	1.864407	1.4369902	2.291823
4	Cartago	4	Rarefaction	0	0.9444444	1.222222	0.8099906	1.634454
5	Cartago	4	Rarefaction	1	0.9444444	1.133107	0.8448552	1.421359
6	Cartago	4	Rarefaction	2	0.9444444	1.090909	0.8756528	1.306165
7	Guanacaste	4	Rarefaction	0	0.9244663	1.370553	1.0359634	1.705142
8	Guanacaste	4	Rarefaction	1	0.9244663	1.238307	0.9871516	1.489462
9	Guanacaste	4	Rarefaction	2	0.9244663	1.168345	0.9748832	1.361807
10	Heredia	4	Rarefaction	0	0.9078947	1.508772	1.1589927	1.858551
11	Heredia	4	Rarefaction	1	0.9078947	1.345972	1.0585542	1.633389
12	Heredia	4	Rarefaction	2	0.9078947	1.252059	1.0180929	1.486026
13	Limón	4	Rarefaction	0	0.9333333	1.933333	1.4052644	2.461402
14	Limón	4	Rarefaction	1	0.9333333	1.780993	1.2747195	2.287266
15	Limón	4	Rarefaction	2	0.9333333	1.666667	1.1818632	2.151470
16	Puntarenas	4	Rarefaction	0	0.9448622	1.909774	1.8021683	2.017381
17	Puntarenas	4	Rarefaction	1	0.9448622	1.760668	1.6374180	1.883918
18	Puntarenas	4	Rarefaction	2	0.9448622	1.647059	1.5204825	1.773635
19	San José	4	Rarefaction	0	0.9090909	1.787879	1.3927846	2.182973
20	San José	4	Rarefaction	1	0.9090909	1.610186	1.2355522	1.984819
21	San José	4	Rarefaction	2	0.9090909	1.486486	1.1437157	1.829257

Curva de acumulación de especies

```
#Curva de acumulacion de especie
curva <- iNEXT(x = datosHill,
              q = 0,
              datatype="abundance",
              nboot = 10)
```

Warning in matrix(apply(Abun.Mat, 2, function(x) invChat.Ind(x, q, goalSC)\$qD),
: data length [50] is not a sub-multiple or multiple of the number of rows [4]

```
plot(curva)
```



Discusión

A partir del análisis se obtuvieron las siguientes conclusiones:

- *Eacles imperialis* y *Eacles ormondei* son las especies más comunes.
- Guanacaste, Puntarenas y Heredia son las provincias con más observaciones.
- Alajuela es la provincia con mayor riqueza (mayor a 2.2).
- Cartago posee el menor valor de diversidad de Shannon, lo que representa una menor equidad entre especies, mientras que Alajuela tiene el mayor.
- Alajuela posee el mayor valor de diversidad de Simpson, lo que indica que tiene más especies dominantes, mientras que Cartago tiene menos.