

Análisis del medio biótico

Oscar Inostroza-Michael

2024-04-16

Este tutorial está diseñado para aprender a realizar análisis básicos sobre datos del *medio biótico* utilizando nuestro programa de R **limnoHOLON**. Los análisis implementados a la fecha son:

1. Gráfico barra de abundancia y riqueza de taxones por grupo taxonómico.
2. Gráfico de torta de composición porcentual de taxones por grupo taxonómico
3. Gráfico NMDS
4. Gráfico de índices de diversidad por sitio o estación de muestreo.

```
# cargar librerías
library(tidyverse)
library(scales)
library(RColorBrewer)
library(grDevices)
library(vegan)
library(ggpubr)
library(patchwork)
library(limnoHOLON)
```

Gráfico barra de abundancia y riqueza de taxones por grupo taxonómico.

```
# Gráfico sin factor o grupo
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_taxa <- "Taxa"
taxa_grupo <- "Clase"
col_N <- "N"
col_sitio <- "Sitio"
ord_sitio <- "asc"
code_sitio <- "P-"
taxa_id <- "fitoplancton"
width <- 10
height <- 9
fn_plot_bar_biotic(data = data, col_taxa = col_taxa, taxa_grupo = taxa_grupo, col_N = col_N,
  col_sitio = col_sitio, ord_sitio = ord_sitio, code_sitio = code_sitio, taxa_id = taxa_id,
  width = width, height = height)
```

```
# Gráfico con factor o grupo
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_taxa <- "Taxa"
taxa_grupo <- "Clase"
col_N <- "N"
col_sitio <- "Sitio"
ord_sitio <- "asc"
code_sitio <- "P-"
```

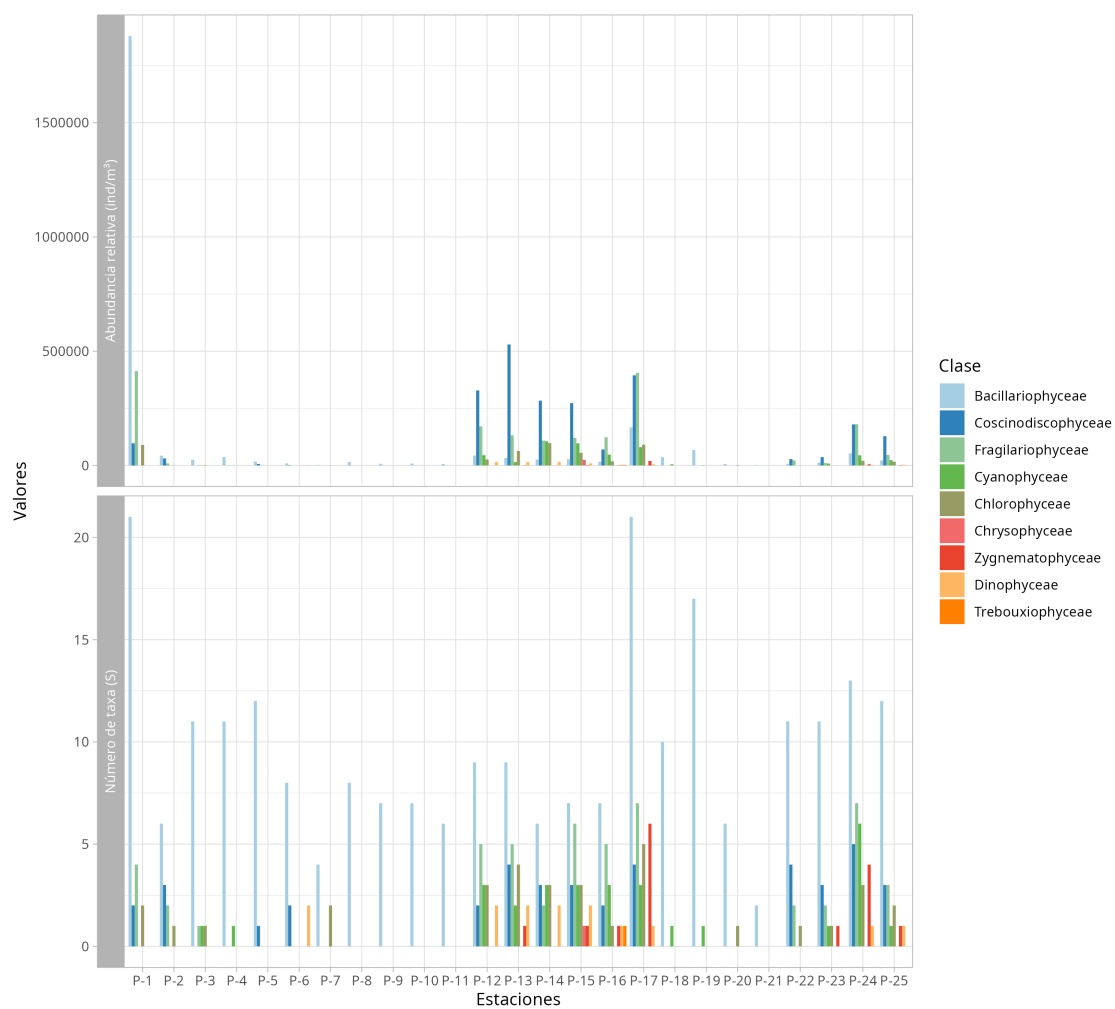


Figure 1: Gráfico de abundancia y riqueza de taxones por grupo taxonómicos y estaciones

```
col_factor <- "Grupo"
ord_factor <- c("Q1", "Q2", "Q3", "Q4", "Q5", "L")
taxa_id <- "fitoplancton"
width <- 12
height <- 12
fn_plot_bar_biotic(data = data, col_taxa = col_taxa, taxa_grupo = taxa_grupo, col_N = col_N,
  col_sitio = col_sitio, ord_sitio = ord_sitio, code_sitio = code_sitio, col_factor = col_factor,
  ord_factor = ord_factor, taxa_id = taxa_id, width = width, height = height)
```

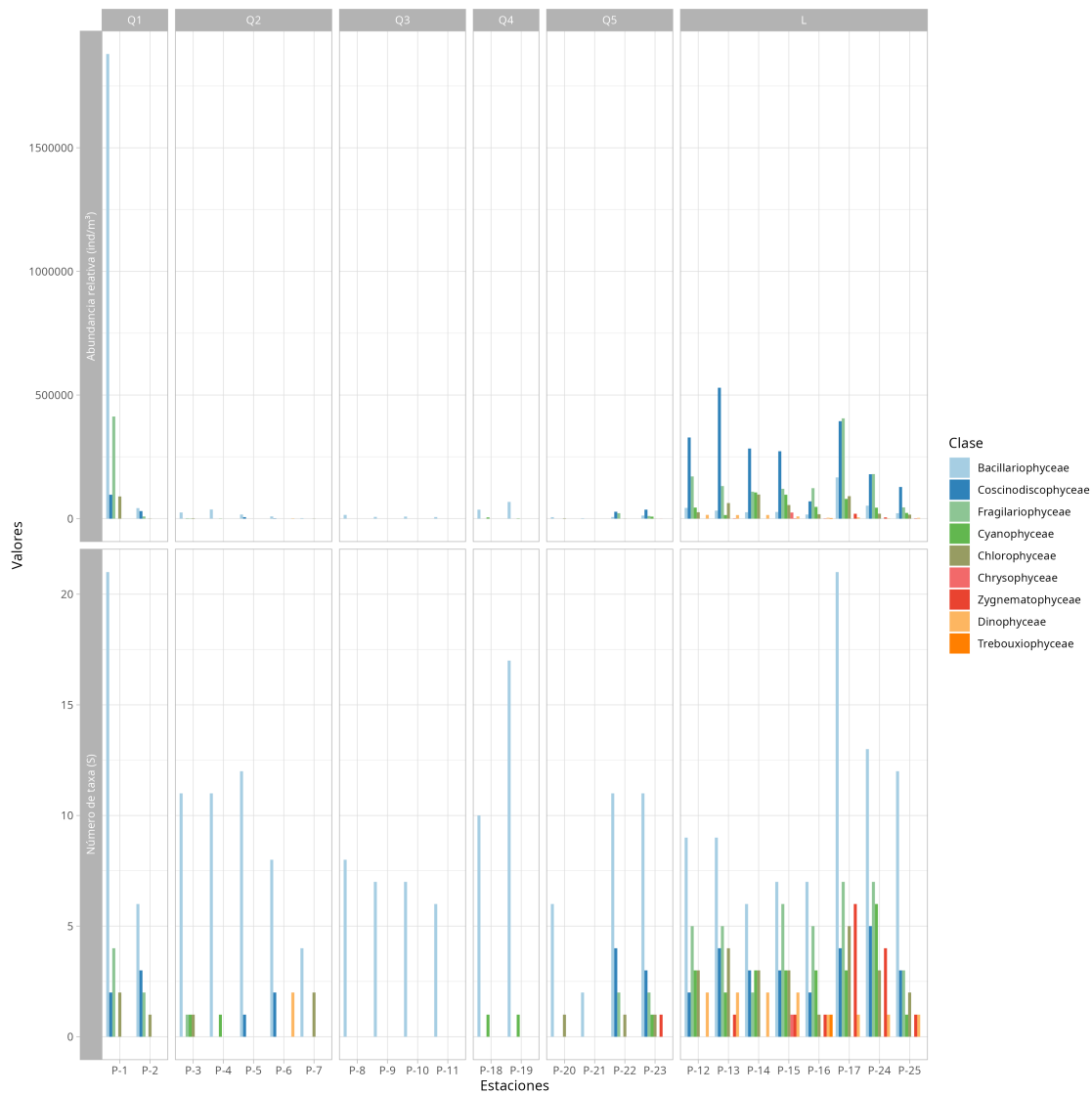


Figure 2: Gráfico de abundancia y riqueza de taxones por grupo taxonómico y estaciones. Además, las observaciones se encuentran agrupadas por la variable `col_factor`

Gráfico de torta de composición porcentual de taxones por grupo taxonómico

```
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
taxa_id <- "fitoplancton"
```

```

col_N <- "N"
col_taxa <- "Taxa"
taxa_grupo <- "Clase"
cumsum_cut <- 96
n_size <- 5
width <- width
height <- height
fn_plot_pie(data = data, col_N = col_N, taxa_grupo = taxa_grupo, cumsum_cut = cumsum_cut,
  n_size = n_size, width = width, height = height)

```

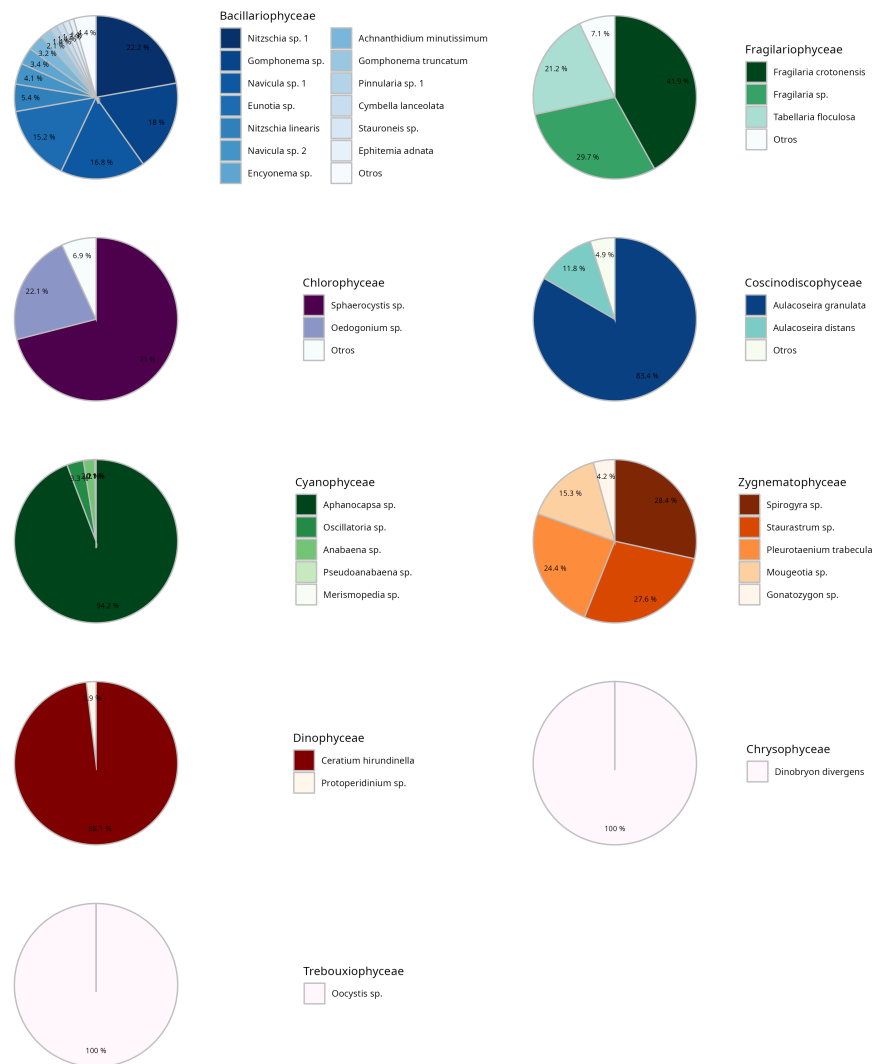


Figure 3: Gráfico de composición porcentual de taxones por grupo taxonómico

Gráfico NMDS

```

# Gráfico sin factor o grupo para Permanova
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_sitio <- "Sitio"

```

```
col_taxa <- "Sigla"
col_N <- "N"
dist <- "euc"
taxa_id <- "fitoplancton"
height <- 6
width <- 6
fn_plot_nmds(data = data, col_sitio = col_sitio, col_taxa = col_taxa, col_N = col_N,
  dist = dist, taxa_id = taxa_id, height = height, width = width)
```

NMDS de Fitoplancton

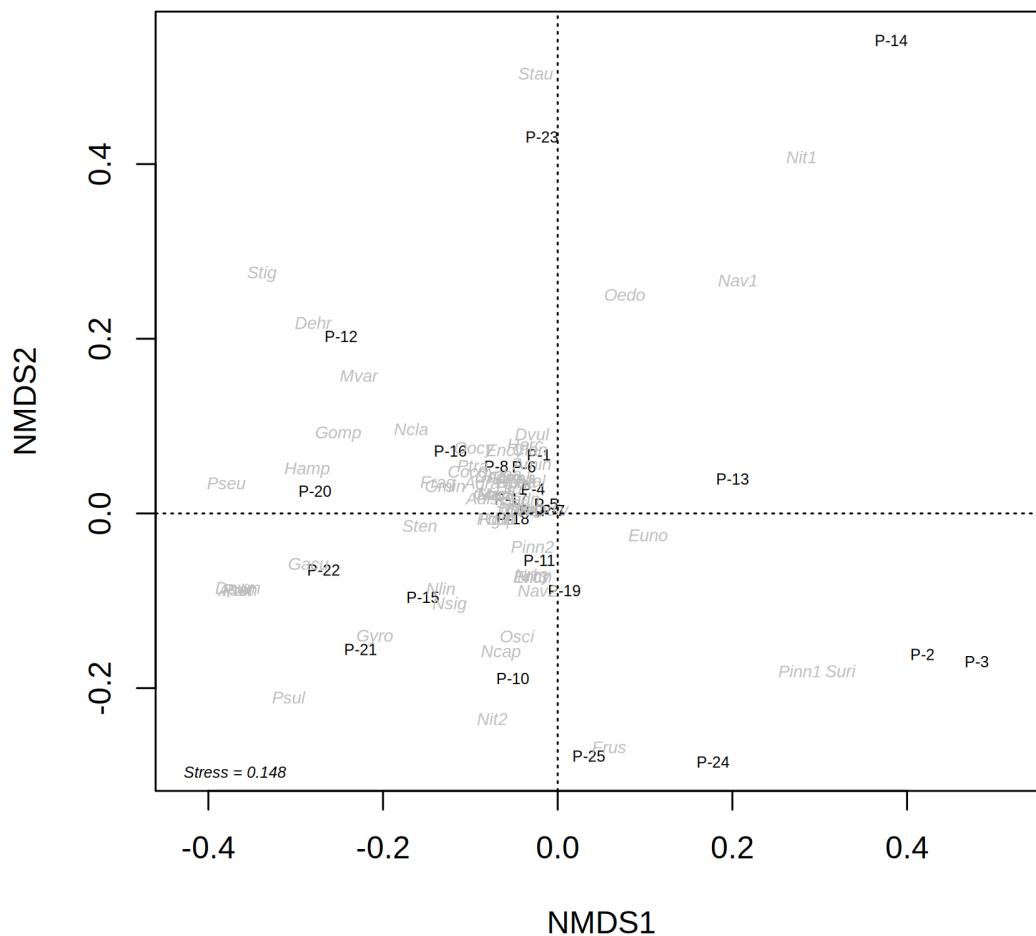


Figure 4: Gráfico NMDS sin factores

```
# Gráfico con factor o grupo para Permanova
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_sitio <- "Sitio"
col_taxa <- "Sigla"
col_N <- "N"
col_factor <- "Grupo"
```

```

dist <- "euc"
taxa_id <- "fitoplancton"
height <- 6
width <- 6
title_factor <- "Zonas geográficas"
fn_plot_nmds(data = data, col_sitio = col_sitio, col_taxa = col_taxa, col_factor = col_factor,
  col_N = col_N, dist = dist, taxa_id = taxa_id, height = height, width = width,
  title_factor = title_factor)

```

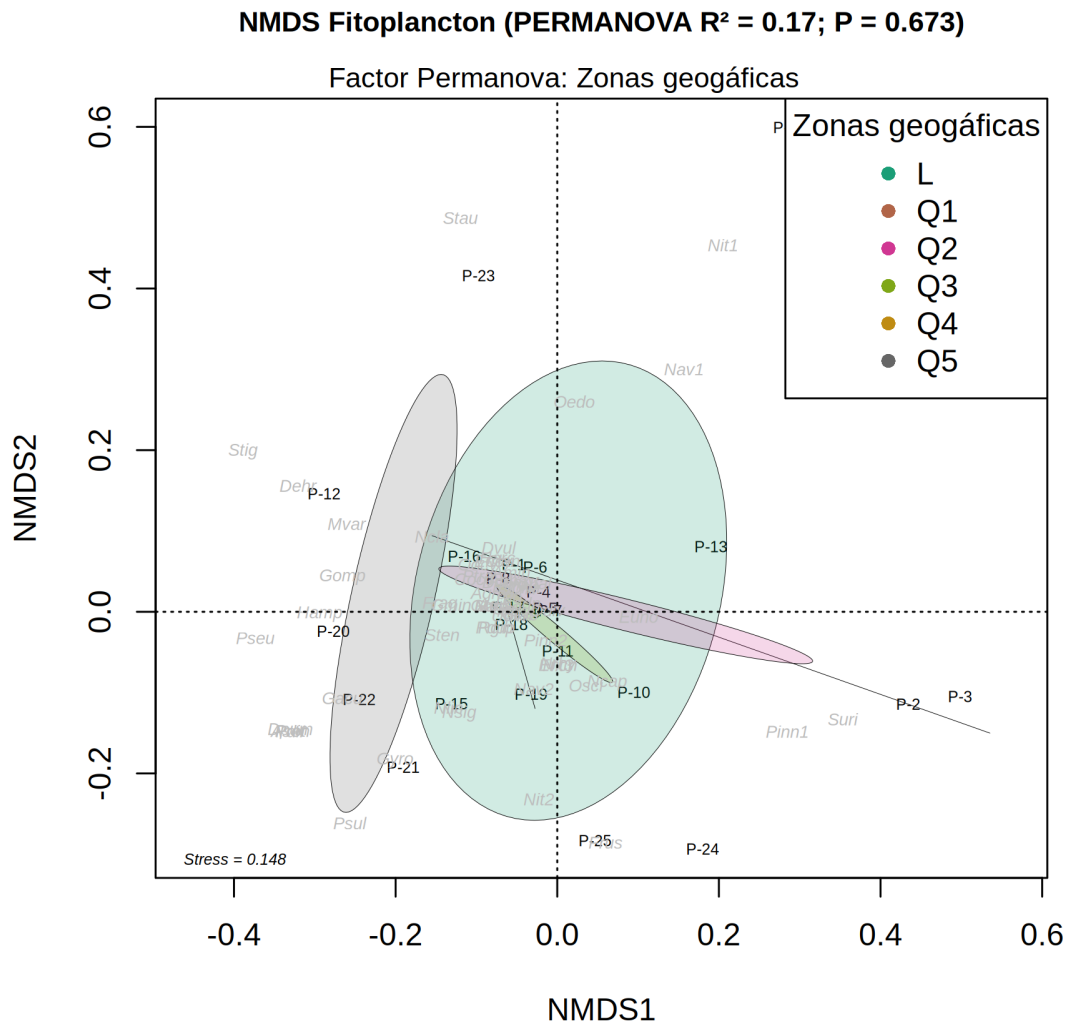


Figure 5: Gráfico NMDS con factores

Gráfico de índices de diversidad por sitio o estación de muestreo.

```

# Gráfico de índices de diversidad sin factor de agrupamiento
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_N <- "N"
col_sitio <- "Sitio"

```

```

code_sitio <- "P-"
col_taxa <- "Sigla"
fun <- "sum"
ord_sitio <- "asc"
taxa_id <- "fitoplancton"
height <- 6
width <- 9
fn_plot_div_index(data = data, col_sitio = col_sitio, code_sitio = code_sitio, col_taxa = col_taxa,
  fun = fun, ord_sitio = ord_sitio, col_N = col_N, taxa_id = taxa_id, height = height,
  width = width)

```

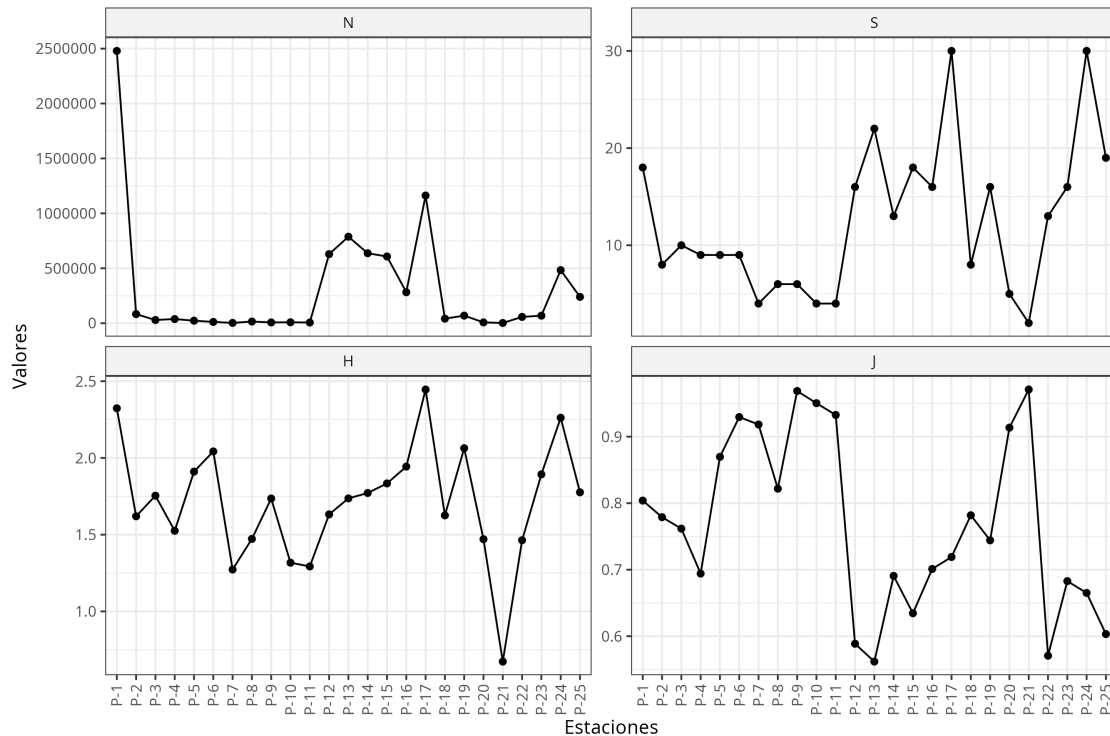


Figure 6: Gráfico de índices de diversidad por estación de muestreo

```

# Gráfico de índices diversidad con factor de agrupamiento
data <- read_tsv("data_fitoplancton_VEN.tsv")
col_N <- "N"
col_sitio <- "Sitio"
code_sitio <- "P-"
col_taxa <- "Sigla"
fun <- "sum"
ord_sitio <- "asc"
taxa_id <- "fitoplancton"
height <- 6
width <- 9
col_factor <- "Grupo"
fn_plot_div_index(data = data, col_sitio = col_sitio, code_sitio = code_sitio, col_taxa = col_taxa,
  col_factor = col_factor, fun = fun, ord_sitio = ord_sitio, col_N = col_N, taxa_id = taxa_id,
  height = height, width = width)

```

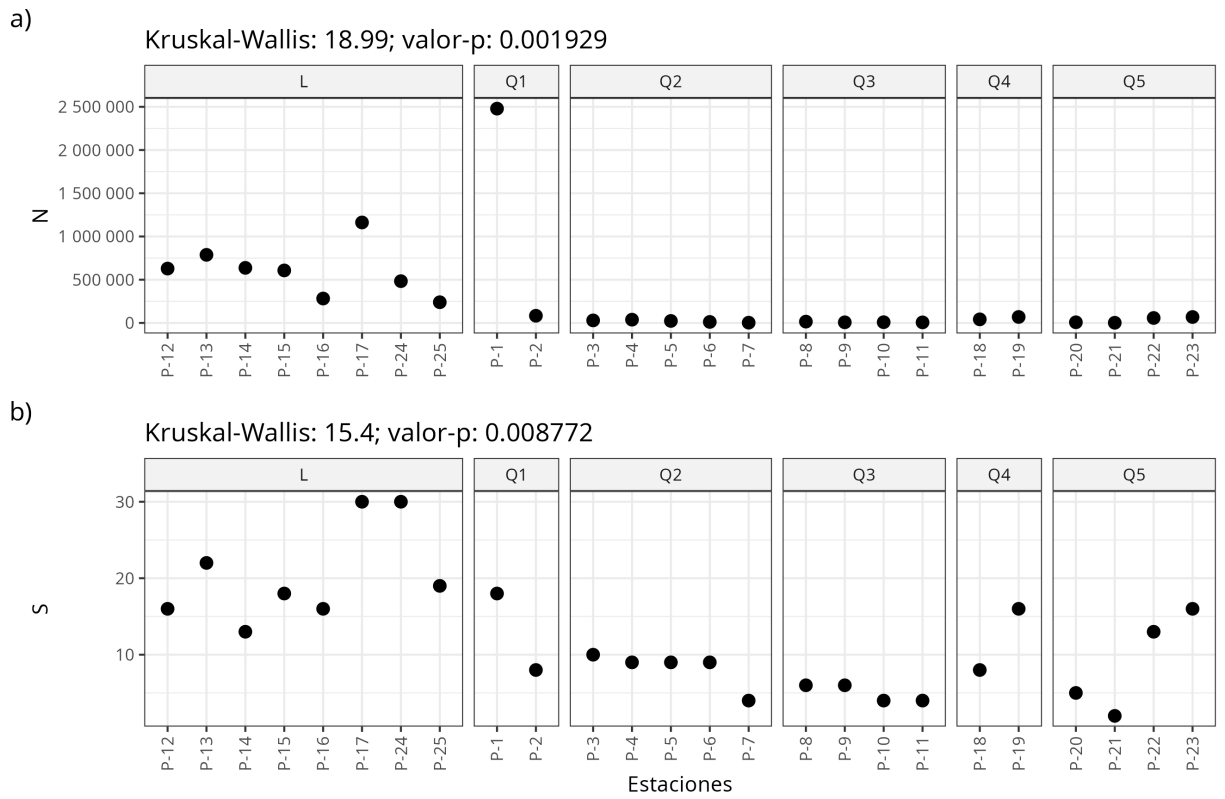


Figure 7: Gráfico de índices de diversidad por estación de muestreo. Las estaciones están agrupadas por un factor

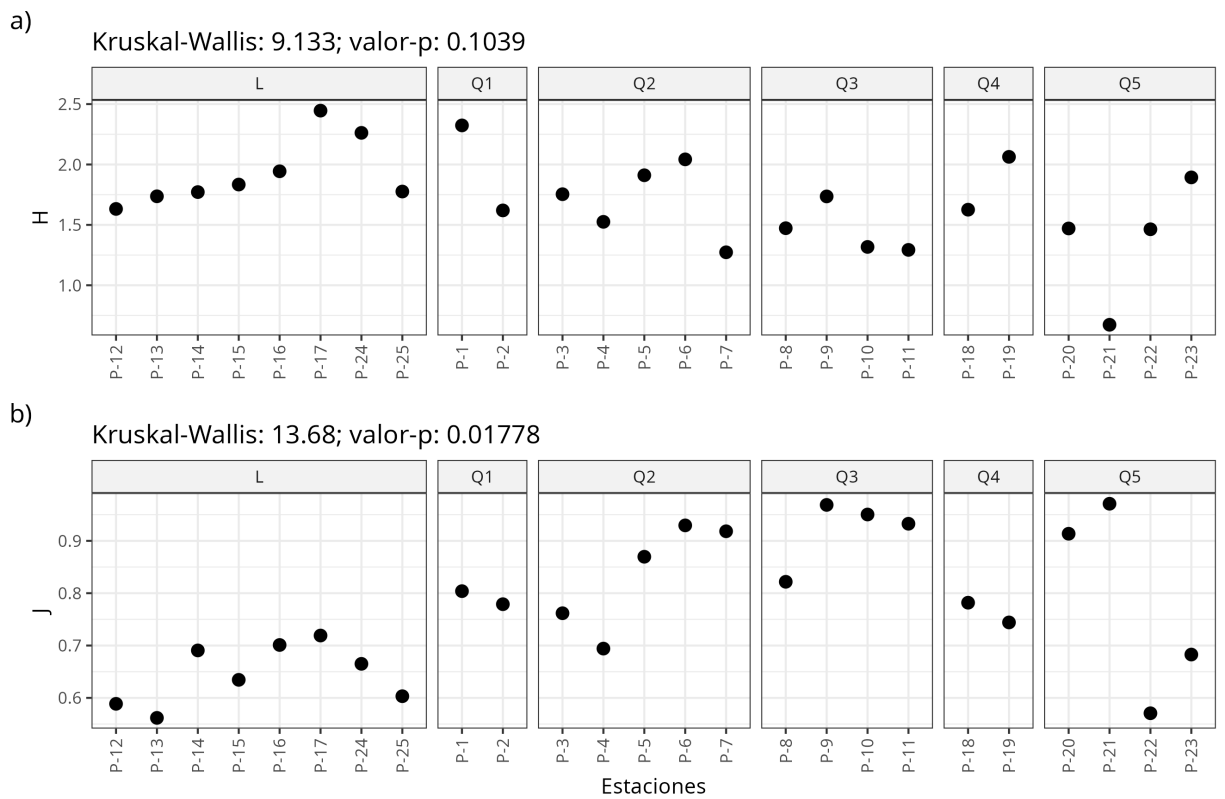


Figure 8: Gráfico de índices de diversidad por estación de muestreo. Las estaciones están agrupadas por un factor