

Script de ejemplo para generar resumen del arbolado en CU

Viacheslav Shalisko

21 de octubre de 2016

Arboles en los Centros Universitarios

Nota: analisis en este ejemplo se realizo con datos simulados, no corresponden a los CU reales

Formato de tabla de entrada (.csv):

1. *Centro* - código del CU
2. *Especie* - nombre científico
3. *Codigo* - identificador único del arbol
4. *AB* - área basal del árbol (dm^2)
5. *DTr* - diametro del tronco equivalente (cm)
6. *Alt* - estatura del árbol (m)

Columnas posteriores a la sexta no se incluyen en el análisis y pueden contener cualquier información

Definición de variables

```
# Tabla de datos fuente en el formato .csv
tabla_fuente <- "Censo_3.csv"

# nombre de una subcarpeta donde se van a guardar las tablas con resultados (carpeta debe existir)
output_path <- 'resultados'
# prefijo de nombres de archivo de tablas con resultados
output_basename <- 'tabla_fase_3_'

# Superficies de los centros (simulado)
superficies <- c(24.83, 26.65)

# separación de rangos en histogramas
my_breaks_dbh <- c(0, 10, 15, 20, 25, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 100, 300)
my_breaks_dbh_centros <- c(0, 10, 15, 20, 25, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 300)
my_breaks_h <- c(0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35)
my_breaks_h_centros <- c(0, 2.5, 5, 7.5, 10, 12.5, 15, 17.5, 20, 22.5, 25, 27.5, 35)
```

Definición de funciones genéricas

```
simpleCap <- function (x) {  
  paste(toupper(substr(x, 1, 1)), tolower(substr(x, 2, nchar(x))), sep="")  
}  
trim <- function (x) gsub("^\\s+|\\s+$", "", x)
```

La función `bar()` permite simple generación de gráficas de barra por grupos. Código de la función fue tomado del repositorio público de *mrxiaoh*

https://github.com/mrxiaohe/R_Functions/blob/master/functions/bar

(https://github.com/mrxiaohe/R_Functions/blob/master/functions/bar).

```

# bar function by mrxiaohe https://github.com/mrxiaohe
bar <- function(dv, factors, dataframe, percentage=FALSE, errbar=!percentage, half.errbar=TRUE, conf.level=.95,
               xlab=NULL, ylab=NULL, main=NULL, names.arg=NULL, bar.col="black", whisker=.015, args.errbar=NULL,
               legend=TRUE, legend.text=NULL, args.legend=NULL, legend.border=FALSE, box=TRUE, args.yaxis=NULL,
               mar=c(5,4,3,2),...){
  axes=!percentage
  dv.name<-substitute(dv)
  if(length(dv.name)>1) stop("'dv' only takes one variable")
  dv.name<-as.character(dv.name)
  dv<-dataframe[[dv.name]]
  fnames<-substitute(factors)
  if(length(fnames)==1){
    factors<-as.character(fnames)
    nf<-1
  }else{
    factors<-as.character(fnames[-1L])
    nf<-length(factors)
  }
  if(nf>2) stop("This function accepts no more than 2 factors \n",
               "\t-i.e., it only plots one-way or two-way designs.")
  if(percentages & errbar){
    warning("percentage=TRUE; error bars were not plotted")
    errbar<-FALSE
  }
  if(!percentage) xbars<-tapply(dv, dataframe[,factors], mean, na.rm=TRUE)
  else {
    xbars<-tapply(dv, list(interaction(dataframe[,factors], lex.order=TRUE)), mean, na.rm=TRUE)
    if(sum(na.omit(dv)!=0&na.omit(dv)!=1)>0)
      stop("Data points in 'dv' need to be 0 or 1 in order to set 'percentage' to TRUE")
    xbars<-rbind(xbars, 1-xbars)*100
  }
  if(errbar){
    se<-tapply(dv, dataframe[,factors], sd, na.rm=TRUE)/sqrt(tapply(dv, dataframe[,factors], length))
    conf.level=1-(1-conf.level)/2
    lo.bar<-xbars-se*qnrm(conf.level)
    hi.bar<-xbars+se*qnrm(conf.level)
  }
  extras<-list(...)
  if(legend & !percentage){
    if(is.null(legend.text))
      legend.text<-sort(unique(dataframe[[factors[1]]]))
    args.legend.temp<-list(x="topright", bty=if(!legend.border)"n" else "o",
                          inset=c(0,0))
    if(is.list(args.legend))
      args.legend<-modifyList(args.legend.temp, args.legend)
    else
      args.legend<-args.legend.temp
  } else if(legend & percentage){
    if(is.null(legend.text))
      legend.text<-c("1", "0")
    args.legend.temp<-list(x="topright", bty=if(!legend.border)"n" else "o",

```

```

        inset=c(0,0))
    if(is.list(args.legend))
        args.legend<-modifyList(args.legend.temp, args.legend)
    else
        args.legend<-args.legend.temp
} else if(!legend){
    args.legend<-NULL
    legend.text<-NULL
}
if(errbar && legend && !percentage) ymax<-max(hi.bar)+max(hi.bar)/20
else if(errbar && legend && percentage) ymax<-115
else if(errbar && !legend) ymax <- max(xbars)
else if(!errbar && legend && percentage) ymax<-110
else if(!errbar) ymax<-max(xbars) + max(xbars)/20
if(!percentage){
    args.barplot<-list(beside=TRUE, height=xbars, ylim=c(0, ymax), main=main, names.arg=n
ames.arg,
        col=hcl(h=seq(0,270, 270/(length(unique(dataframe[[factors[1]]]])))[-length(u
nique(dataframe[[factors[1]]]]))),
        legend.text=legend.text, args.legend=args.legend, xpd=TRUE,
        xlab=if(is.null(xlab)) factors[length(factors)] else xlab,
        ylab=if(is.null(ylab)) dv.name else ylab, axes=axes)
} else {
    args.barplot<-list(beside=TRUE, height=xbars, ylim=c(0, ymax), main=main,
names.arg=names.arg,
        col=hcl(h=seq(0,270, 270/(length(unique(dataframe[[factors[1]]]])))[-length(u
nique(dataframe[[factors[1]]]]))),
        legend.text=legend.text, args.legend=args.legend, xpd=TRUE,
        xlab=if(is.null(xlab)) " "[length(factors)] else xlab,
        ylab=if(is.null(ylab)) "percentage" else ylab, axes=axes)
}
args.barplot<-modifyList(args.barplot, extras)
errbars = function(xvals, cil0, cihi, whisker, nc, args.errbar = NULL, half.errbar=TRUE)
{
    if(half.errbar){
        cil0<-(cihi+cil0)/2
    }
    fixedArgs.bar = list(matlines, x=list(xvals),
        y=lapply(split(as.data.frame(t(do.call("rbind",
list(cihi, cil0)))),1:nc),matrix,
        nrow=2, byrow=T))
    allArgs.bar = c(fixedArgs.bar, args.errbar)
    whisker.len = whisker*(par("usr")[2] - par("usr")[1])/2
    whiskers = rbind((xvals - whisker.len)[1,],
        (xvals + whisker.len)[1,])
    fixedArgs.lo = list(matlines, x=list(whiskers),
        y=lapply(split(as.data.frame(t(do.call("rbind",
list(cil0, cil0)))), 1:nc), matrix, nrow=2, byrow=T))
    allArgs.bar.lo = c(fixedArgs.lo, args.errbar)
    fixedArgs.hi = list(matlines, x=list(whiskers),
        y=lapply(split(as.data.frame(t(do.call("rbind",
list(cihi, cihi)))), 1:nc), matrix, nrow=2, byrow=T))
    allArgs.bar.hi = c(fixedArgs.hi, args.errbar)
    invisible(do.call(mapply, allArgs.bar))
    if(!half.errbar) invisible(do.call(mapply, allArgs.bar.lo))
    invisible(do.call(mapply, allArgs.bar.hi))
}
par(mar=mar)

```

```

errloc<-as.vector(do.call(barplot, args.barplot))
if(errbar){
  errloc<-rbind(errloc, errloc)
  lo.bar<-matrix(as.vector(lo.bar))
  hi.bar<-matrix(as.vector(hi.bar))
  args.errbar.temp<-list(col=bar.col, lty=1)
  args.errbar<-if(is.null(args.errbar)||is.list(args.errbar))
    args.errbar.temp
  else if(is.list(args.errbar))
    modifyList(args.errbar.temp, args.errbar)
  errbars(errloc, cilo=lo.bar, cihi=hi.bar, nc=1, whisker=whisker,
    args.errbar=args.errbar, half.errbar=half.errbar)
}
if(box) box()
if(percentage){
  args.yaxis.temp<-list(at=seq(0,100, 20), las=1)
  args.yaxis<-if(!is.list(args.yaxis)) args.yaxis.temp else modifyList(args.yaxis.temp,
args.yaxis)
  do.call(axis, c(side=2, args.yaxis))
}
}

```

Preparación de datos

```

arboles <- read.csv(tabla_fuente)

arboles[, "Centro"] <- as.factor(arboles[, "Centro"])
arboles[, 2] <- sapply(as.character(arboles[, 2]), simpleCap) # Primera letra mayuscula otras m
inusculas
arboles[, 2] <- as.factor(trim(arboles[, 2]))

list_centers <- unique(arboles[, "Centro"], incomparables = FALSE)
list_species <- unique(arboles[, 2], incomparables = FALSE)

```

Resumen general de datos

```
dim(arboles)
```

```
## [1] 575 13
```

```
summary(arboles)
```

```

##          Centro          Nombre.científico..especie.  Código.del.arbol
## CULAGOS:142  Casuarina equisetifolia :147          C12-5-1 : 1
## CUSUR :433   Ficus benjamina         : 57          C12-5-10 : 1
##          Psidium guajava             : 51          C12-5-100: 1
##          Jacaranda mimosifolia       : 25          C12-5-101: 1
##          Arecastrum romanzoffianum: 24          C12-5-102: 1
##          Ficus microcarpa            : 24          C12-5-103: 1
##          (Other)                     :247          (Other) :569
## Area.basal.de.arbol..dm². Diametro.de.tronco.equivalente..cm.
## Min.      : 0.200          Min.      : 5.00
## 1st Qu.: 1.010          1st Qu.: 11.35
## Median : 3.370          Median : 20.70
## Mean     : 8.058          Mean     : 26.00
## 3rd Qu.: 10.995         3rd Qu.: 37.40
## Max.     :102.970        Max.     :114.50
##
## Altura.de.arbol.normalizada..m. Altura.de.copa.normalizada..m.
## Min.      : 1.500          Min.      : 0.500
## 1st Qu.: 4.800          1st Qu.: 3.200
## Median : 6.700          Median : 5.000
## Mean     : 8.818          Mean     : 6.919
## 3rd Qu.:12.500         3rd Qu.: 9.850
## Max.     :30.400        Max.     :29.200
##
## Diametro.de.copa.promedio..m. Excentricidad.de.copa Volumen.de.copa..m³.
## Min.      : 0.900          Min.      :0.0000          Min.      : 0.10
## 1st Qu.: 4.300          1st Qu.:0.3600          1st Qu.: 12.40
## Median : 5.800          Median :0.5000          Median : 32.90
## Mean     : 6.342          Mean     :0.4943          Mean     : 103.65
## 3rd Qu.: 7.950          3rd Qu.:0.6300          3rd Qu.: 96.05
## Max.     :21.900        Max.     :0.9300          Max.     :2404.30
##
## Biomasa..kg.      Carbono.almacenado..kg.
## Min.      : 0.19      Min.      : 0.095
## 1st Qu.: 15.92      1st Qu.: 7.962
## Median : 74.95      Median : 37.474
## Mean     : 387.10    Mean     : 193.550
## 3rd Qu.: 414.41     3rd Qu.: 207.207
## Max.     :9199.41    Max.     :4599.707
##
## Dióxido.de.carbono.capturado..kg.
## Min.      : 0.349
## 1st Qu.: 29.220
## Median : 137.529
## Mean     : 710.328
## 3rd Qu.: 760.450
## Max.     :16880.925
##

```

```
sort(list_centers)
```

```
## [1] CULAGOS CUSUR
## Levels: CULAGOS CUSUR
```

```
sort(list_species)
```

```
## [1] Arecastrum romanzoffianum   Bucida buceras
## [3] Casuarina equisetifolia     Citrus x aurantiifolia
## [5] Citrus aurantium            Citrus reticulata
## [7] Cupressus lusitanica        Cupressus sempervirens
## [9] Dypsis lutescens            Eriobotrya japonica
## [11] Eucaliptus camaldulensis    Ficus benjamina
## [13] Ficus benjamina f. variegata Ficus microcarpa
## [15] Fraxinus uhdei              Grevillea robusta
## [17] Hibiscus tiliaceus          Jacaranda mimosifolia
## [19] Ligustrum lucidum           Liquidambar styraciflua
## [21] Magnolia grandiflora        Mangifera indica
## [23] Melia azedarach             Morus alba
## [25] Persea americana            Phoenix roebelenii
## [27] Pinus devoniana             Pinus herrerae
## [29] Plumeria rubra              Populus tremuloides
## [31] Prunus persica              Psidium cattleianum
## [33] Psidium guajava             Psidium sartorianum
## [35] Punica granatum             Roystonea oleracea
## [37] Schefflera actinophylla     Schinus terebinthifolia
## [39] Spathodea campanulata       Tabebuia donnell-smithii
## [41] Tabebuia rosea              Washingtonia filifera
## [43] Washingtonia robusta        Yucca aloifolia
## 44 Levels: Arecastrum romanzoffianum ... Yucca aloifolia
```

Resumen por centro y por especie

Tablas intermedias

```
# número de individuos total por centro
n_por_centro <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles["Centro"], FUN = length)
names(n_por_centro) <- c("Centros","N")

# densidad por centro
densidad_por_centro <- data.frame(Centros = n_por_centro$Centros)
densidad_por_centro$D <- n_por_centro$N / superficies

# N por especie
n_por_especie <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles[,2], FUN = length)
names(n_por_especie) <- c("Especies","N")
n_por_especie
```

##	Especies	N
## 1	Arecastrum romanzoffianum	24
## 2	Bucida buceras	12
## 3	Casuarina equisetifolia	147
## 4	Citrus x aurantiifolia	7
## 5	Citrus aurantium	8
## 6	Citrus reticulata	2
## 7	Cupressus lusitanica	11
## 8	Cupressus sempervirens	9
## 9	Dypsis lutescens	3
## 10	Eriobotrya japonica	1
## 11	Eucaliptus camaldulensis	6
## 12	Ficus benjamina	57
## 13	Ficus benjamina f. variegata	2
## 14	Ficus microcarpa	24
## 15	Fraxinus uhdei	17
## 16	Grevillea robusta	18
## 17	Hibiscus tiliaceus	1
## 18	Jacaranda mimosifolia	25
## 19	Ligustrum lucidum	4
## 20	Liquidambar styraciflua	18
## 21	Magnolia grandiflora	2
## 22	Mangifera indica	4
## 23	Melia azedarach	1
## 24	Morus alba	4
## 25	Persea americana	6
## 26	Phoenix roebelenii	9
## 27	Pinus devoniana	1
## 28	Pinus herrerae	8
## 29	Plumeria rubra	1
## 30	Populus tremuloides	3
## 31	Prunus persica	1
## 32	Psidium cattleianum	2
## 33	Psidium guajava	51
## 34	Psidium sartorianum	24
## 35	Punica granatum	2
## 36	Roystonea oleracea	4
## 37	Schefflera actinophylla	7
## 38	Schinus terebinthifolia	8
## 39	Spathodea campanulata	8
## 40	Tabebuia donnell-smithii	4
## 41	Tabebuia rosea	7
## 42	Washingtonia filifera	10
## 43	Washingtonia robusta	8
## 44	Yucca aloifolia	4


```
n_por_especie_filename <- paste(output_path,paste(output_basename,"N_species_general.csv",sep=''),sep="/")
write.table(n_por_especie, file = n_por_especie_filename, sep = ",", row.names = FALSE)

# AB por centro
sumas_ab_por_centro <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles[, "Centro"], FUN = sum)
names(sumas_ab_por_centro) <- c("Centros", "AB")

# AB por especie
ab_por_especie <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles[, 2], FUN = sum)
names(ab_por_especie) <- c("Especies", "AB")
ab_por_especie
```

##	Especies	AB
## 1	Arecastrum romanzoffianum	58.99
## 2	Bucida buceras	11.37
## 3	Casuarina equisetifolia	2100.51
## 4	Citrus x aurantiifolia	7.44
## 5	Citrus aurantium	9.55
## 6	Citrus reticulata	5.31
## 7	Cupressus lusitanica	52.35
## 8	Cupressus sempervirens	26.71
## 9	Dypsis lutescens	1.24
## 10	Eriobotrya japonica	0.44
## 11	Eucaliptus camaldulensis	70.91
## 12	Ficus benjamina	265.41
## 13	Ficus benjamina f. variegata	1.05
## 14	Ficus microcarpa	73.49
## 15	Fraxinus uhdei	171.75
## 16	Grevillea robusta	157.42
## 17	Hibiscus tiliaceus	7.45
## 18	Jacaranda mimosifolia	728.83
## 19	Ligustrum lucidum	2.82
## 20	Liquidambar styraciflua	7.03
## 21	Magnolia grandiflora	1.71
## 22	Mangifera indica	16.88
## 23	Melia azedarach	0.22
## 24	Morus alba	13.22
## 25	Persea americana	46.76
## 26	Phoenix roebelenii	8.20
## 27	Pinus devoniana	0.41
## 28	Pinus herrerae	64.73
## 29	Plumeria rubra	0.38
## 30	Populus tremuloides	43.22
## 31	Prunus persica	2.52
## 32	Psidium cattleianum	0.97
## 33	Psidium guajava	57.31
## 34	Psidium sartorianum	23.49
## 35	Punica granatum	0.97
## 36	Roystonea oleracea	7.32
## 37	Schefflera actinophylla	17.87
## 38	Schinus terebinthifolia	96.09
## 39	Spathodea campanulata	253.55
## 40	Tabebuia donnell-smithii	2.85
## 41	Tabebuia rosea	9.12
## 42	Washingtonia filifera	65.76
## 43	Washingtonia robusta	126.68
## 44	Yucca aloifolia	13.25

```

ab_por_especie_filename <- paste(output_path,paste(output_basename,"AB_species_general.csv",s
ep=""),sep="/")
write.table(ab_por_especie, file = ab_por_especie_filename, sep = ",", row.names = FALSE)

# N por centro y especie
n_por_especie_centro <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles[,1] + arboles[,2], FUN = length)
names(n_por_especie_centro) <- c("Centros","Especies","N")
n_por_especie_centro

```

##	Centros	Especies	N
## 1	CULAGOS	Arecastrum romanzoffianum	4
## 2	CUSUR	Arecastrum romanzoffianum	20
## 3	CUSUR	Bucida buceras	12
## 4	CULAGOS	Casuarina equisetifolia	37
## 5	CUSUR	Casuarina equisetifolia	110
## 6	CUSUR	Citrus × aurantiifolia	7
## 7	CUSUR	Citrus aurantium	8
## 8	CUSUR	Citrus reticulata	2
## 9	CULAGOS	Cupressus lusitanica	11
## 10	CUSUR	Cupressus sempervirens	9
## 11	CUSUR	Dypsis lutescens	3
## 12	CULAGOS	Eriobotrya japonica	1
## 13	CULAGOS	Eucaliptus camaldulensis	6
## 14	CULAGOS	Ficus benjamina	13
## 15	CUSUR	Ficus benjamina	44
## 16	CUSUR	Ficus benjamina f. variegata	2
## 17	CULAGOS	Ficus microcarpa	3
## 18	CUSUR	Ficus microcarpa	21
## 19	CULAGOS	Fraxinus uhdei	14
## 20	CUSUR	Fraxinus uhdei	3
## 21	CULAGOS	Grevillea robusta	15
## 22	CUSUR	Grevillea robusta	3
## 23	CUSUR	Hibiscus tiliaceus	1
## 24	CUSUR	Jacaranda mimosifolia	25
## 25	CULAGOS	Ligustrum lucidum	3
## 26	CUSUR	Ligustrum lucidum	1
## 27	CUSUR	Liquidambar styraciflua	18
## 28	CUSUR	Magnolia grandiflora	2
## 29	CUSUR	Mangifera indica	4
## 30	CUSUR	Melia azedarach	1
## 31	CULAGOS	Morus alba	4
## 32	CULAGOS	Persea americana	3
## 33	CUSUR	Persea americana	3
## 34	CUSUR	Phoenix roebelenii	9
## 35	CULAGOS	Pinus devoniana	1
## 36	CUSUR	Pinus herrerae	8
## 37	CUSUR	Plumeria rubra	1
## 38	CULAGOS	Populus tremuloides	3
## 39	CULAGOS	Prunus persica	1
## 40	CUSUR	Psidium cattleianum	2
## 41	CUSUR	Psidium guajava	51
## 42	CUSUR	Psidium sartorianum	24
## 43	CUSUR	Punica granatum	2
## 44	CUSUR	Roystonea oleracea	4
## 45	CULAGOS	Schefflera actinophylla	5
## 46	CUSUR	Schefflera actinophylla	2
## 47	CULAGOS	Schinus terebinthifolia	8
## 48	CUSUR	Spathodea campanulata	8
## 49	CUSUR	Tabebuia donnell-smithii	4
## 50	CUSUR	Tabebuia rosea	7
## 51	CULAGOS	Washingtonia filifera	9
## 52	CUSUR	Washingtonia filifera	1
## 53	CULAGOS	Washingtonia robusta	1
## 54	CUSUR	Washingtonia robusta	7
## 55	CUSUR	Yucca aloifolia	4

```
n_por_especie_centro_filename <- paste(output_path,paste(output_basename,"N_species_centros.csv",sep=""),sep="/")
write.table(n_por_especie_centro, file = n_por_especie_centro_filename, sep = ",", row.names = FALSE)

# AB por centro y especie
ab_por_especie_centro <- aggregate(arboles[,4] ~ arboles[,1] + arboles[,2], FUN = sum)
names(ab_por_especie_centro) <- c("Centros","Especies","AB")
ab_por_especie_centro
```

##	Centros	Especies	AB
## 1	CULAGOS	Arecastrum romanzoffianum	6.10
## 2	CUSUR	Arecastrum romanzoffianum	52.89
## 3	CUSUR	Bucida buceras	11.37
## 4	CULAGOS	Casuarina equisetifolia	380.38
## 5	CUSUR	Casuarina equisetifolia	1720.13
## 6	CUSUR	Citrus x aurantiifolia	7.44
## 7	CUSUR	Citrus aurantium	9.55
## 8	CUSUR	Citrus reticulata	5.31
## 9	CULAGOS	Cupressus lusitanica	52.35
## 10	CUSUR	Cupressus sempervirens	26.71
## 11	CUSUR	Dypsis lutescens	1.24
## 12	CULAGOS	Eriobotrya japonica	0.44
## 13	CULAGOS	Eucaliptus camaldulensis	70.91
## 14	CULAGOS	Ficus benjamina	141.47
## 15	CUSUR	Ficus benjamina	123.94
## 16	CUSUR	Ficus benjamina f. variegata	1.05
## 17	CULAGOS	Ficus microcarpa	23.10
## 18	CUSUR	Ficus microcarpa	50.39
## 19	CULAGOS	Fraxinus uhdei	141.68
## 20	CUSUR	Fraxinus uhdei	30.07
## 21	CULAGOS	Grevillea robusta	79.95
## 22	CUSUR	Grevillea robusta	77.47
## 23	CUSUR	Hibiscus tiliaceus	7.45
## 24	CUSUR	Jacaranda mimosifolia	728.83
## 25	CULAGOS	Ligustrum lucidum	1.43
## 26	CUSUR	Ligustrum lucidum	1.39
## 27	CUSUR	Liquidambar styraciflua	7.03
## 28	CUSUR	Magnolia grandiflora	1.71
## 29	CUSUR	Mangifera indica	16.88
## 30	CUSUR	Melia azedarach	0.22
## 31	CULAGOS	Morus alba	13.22
## 32	CULAGOS	Persea americana	2.63
## 33	CUSUR	Persea americana	44.13
## 34	CUSUR	Phoenix roebelenii	8.20
## 35	CULAGOS	Pinus devoniana	0.41
## 36	CUSUR	Pinus herrerae	64.73
## 37	CUSUR	Plumeria rubra	0.38
## 38	CULAGOS	Populus tremuloides	43.22
## 39	CULAGOS	Prunus persica	2.52
## 40	CUSUR	Psidium cattleianum	0.97
## 41	CUSUR	Psidium guajava	57.31
## 42	CUSUR	Psidium sartorianum	23.49
## 43	CUSUR	Punica granatum	0.97
## 44	CUSUR	Roystonea oleracea	7.32
## 45	CULAGOS	Schefflera actinophylla	16.58
## 46	CUSUR	Schefflera actinophylla	1.29
## 47	CULAGOS	Schinus terebinthifolia	96.09
## 48	CUSUR	Spathodea campanulata	253.55
## 49	CUSUR	Tabebuia donnell-smithii	2.85
## 50	CUSUR	Tabebuia rosea	9.12
## 51	CULAGOS	Washingtonia filifera	60.97
## 52	CUSUR	Washingtonia filifera	4.79
## 53	CULAGOS	Washingtonia robusta	11.34
## 54	CUSUR	Washingtonia robusta	115.34
## 55	CUSUR	Yucca aloifolia	13.25

```

ab_por_especie_centro_filename <- paste(output_path,paste(output_basename,"AB_species_centro
s.csv",sep=""),sep="/")
write.table(ab_por_especie_centro, file = ab_por_especie_centro_filename, sep = ",", row.name
s = FALSE)

# Especies por centro
especies_por_centro <- aggregate(ab_por_especie_centro[,3] ~ ab_por_especie_centro[,1], FUN =
length)
names(especies_por_centro) <- c("Centros","Especies")

# AB por centro por unidad de superficie
ab_por_centro_relativa <- data.frame(Centros = n_por_centro$Centros)
ab_por_centro_relativa$AB <- sumas_ab_por_centro$AB / superficies

# AB de arbol promedio por centro
promedio_ab_por_centro <- data.frame(Centros = n_por_centro$Centros)
promedio_ab_por_centro$AB <- sumas_ab_por_centro$AB / n_por_centro$N

```

Imprimir resultados numéricos básicos

```

cat("\nNúmero total de arboles (arboles)\n")
n_por_centro
cat("\nDensidad de arboles por unidad de superficie (arboles/ha)\n")
densidad_por_centro
cat("\nNúmero de especies de arboles (especies)\n")
especies_por_centro
cat("\nArea basal total (dm²)\n")
sumas_ab_por_centro
cat("\nArea basal por unidad de superficie (dm²/ha)\n")
ab_por_centro_relativa
cat("\nArea basal promedia por individuo (dm²/arbol)\n")
promedio_ab_por_centro

```

```
##
## Número total de arboles (arboles)
## Centros N
## 1 CULAGOS 142
## 2 CUSUR 433
##
## Densidad de arboles por unidad de superficie (arboles/ha)
## Centros D
## 1 CULAGOS 5.718888
## 2 CUSUR 16.247655
##
## Número de especies de arboles (especies)
## Centros Especies
## 1 CULAGOS 19
## 2 CUSUR 36
##
## Area basal total (dm²)
## Centros AB
## 1 CULAGOS 1144.79
## 2 CUSUR 3488.76
##
## Area basal por unidad de superficie (dm²/ha)
## Centros AB
## 1 CULAGOS 46.10511
## 2 CUSUR 130.91032
##
## Area basal promedia por individuo (dm²/arbol)
## Centros AB
## 1 CULAGOS 8.061901
## 2 CUSUR 8.057182
```

Indicadores

```

# calculo de abundancias relativas por centro
n_por_centro_vector <- n_por_centro[as.numeric(n_por_especie_centro[,1]),2]
P <- n_por_especie_centro[,3] / n_por_centro_vector

# calculo de componentes de los indices de Simpson y Shannon por centro
componente_simpson <- P ^ 2
componente_shannon <- P * log(P)
n_por_especie_centro$P <- P
n_por_especie_centro$sim <- componente_simpson
n_por_especie_centro$sh <- componente_shannon
names(n_por_especie_centro) <- c("Centro","Especies","N","P","sim","sh")
#n_por_especie_centro

# calculo de los indices de Simpson y Shannon por centro
sh_por_centro <- aggregate(n_por_especie_centro$sh ~ n_por_especie_centro$Centro, FUN = sum)
names(sh_por_centro) <- c("Centros","Valor")
sh_por_centro$Valor <- -1 * sh_por_centro$Valor
sh_por_centro$Indicador <- rep("Shannon",length(sh_por_centro$Valor))
#sh_por_centro

pi_por_centro <- data.frame(Centros = sh_por_centro$Centros)
pi_por_centro$Valor <- sh_por_centro$Valor / log(especies_por_centro$Especies)
pi_por_centro$Indicador <- rep("Pielou",length(pi_por_centro$Valor))
#pi_por_centro

sim_por_centro <- aggregate(n_por_especie_centro$sim ~ n_por_especie_centro$Centro, FUN =
sum)
names(sim_por_centro) <- c("Centros","Valor")
sim_por_centro$Indicador <- rep("Simpson",length(sim_por_centro$Valor))
#sim_por_centro

# Margalef por centro
margalef <- (especies_por_centro$Especies - 1) / log(n_por_centro$N)
margalef_por_centro <- data.frame(Centros = sim_por_centro$Centros,Valor = margalef)
margalef_por_centro$Indicador <- rep("Margalef",length(margalef_por_centro$Valor))
#margalef_por_centro

# Tabla para grafica de Simpson y Pielou
sim_pi_por_centro <- rbind(sim_por_centro, pi_por_centro)
names(sim_pi_por_centro) <- c("Centro","Valor","Indicador")
sim_pi_por_centro

```

```

##      Centro      Valor Indicador
## 1 CULAGOS 0.1169411 Simpson
## 2 CUSUR 0.1054835 Simpson
## 3 CULAGOS 0.8451184 Pielou
## 4 CUSUR 0.7785876 Pielou

```

```

# Tabla para grafica de Margalef y Shannon
mar_sh_por_centro <- rbind(margalef_por_centro, sh_por_centro)
names(mar_sh_por_centro) <- c("Centro","Valor","Indicador")
mar_sh_por_centro

```

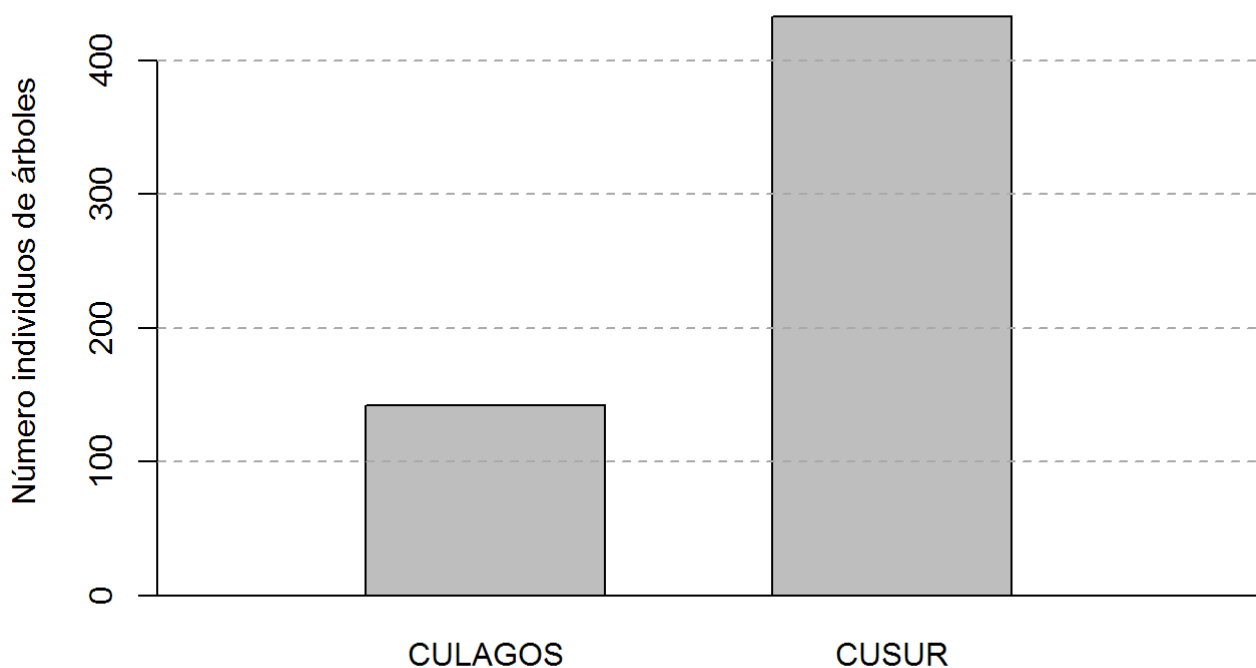


```
##      Centro      Valor Indicador
## 1 CULAGOS 3.632088 Margalef
## 2 CUSUR 5.765362 Margalef
## 3 CULAGOS 2.488400 Shannon
## 4 CUSUR 2.790084 Shannon
```

Gráficas de número de individuos

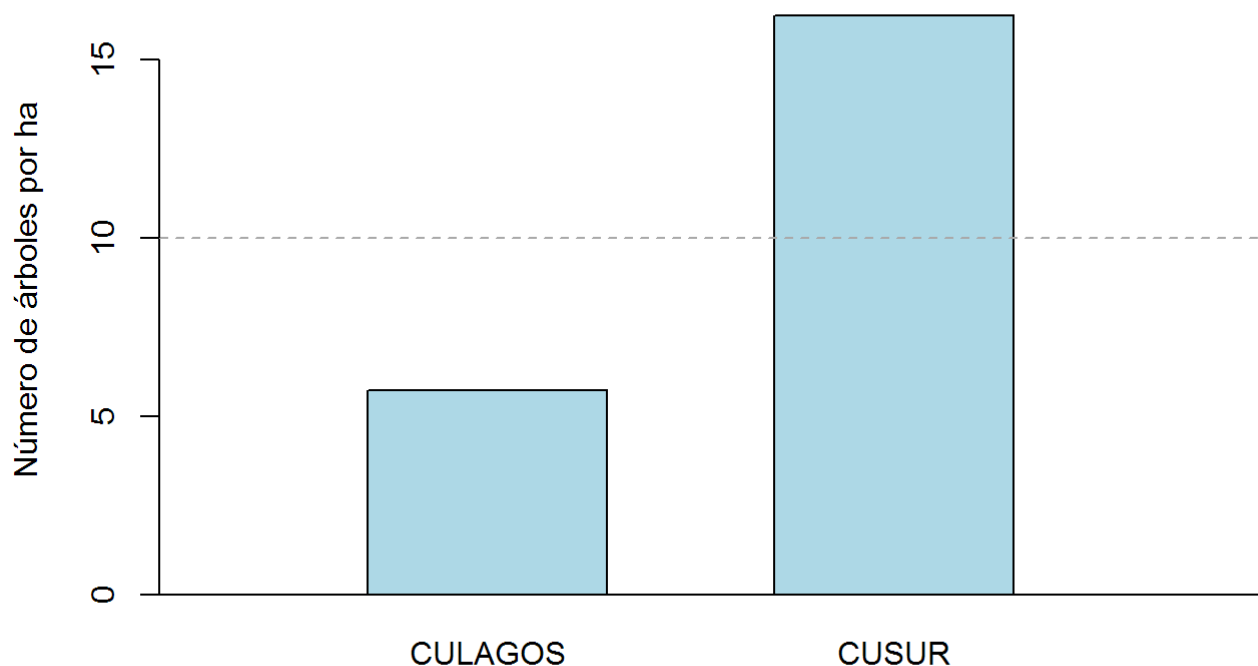
```
barplot(n_por_centro$N, ylim = c(0,1.05*max(n_por_centro$N)),
        names.arg = n_por_centro$Centros, axisnames = TRUE,
        col = "gray", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Número individuos de árboles",
        main = "Árboles por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 100, to = max(n_por_centro$N), by = 100),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```

Árboles por centro



```
barplot(densidad_por_centro$D, ylim = c(0,1.05*max(densidad_por_centro$D)),
        names.arg = densidad_por_centro$Centros, axisnames = TRUE,
        col = "lightblue", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Número de árboles por ha",
        main = "Árboles por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 10, to = max(densidad_por_centro$D), by = 10),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```

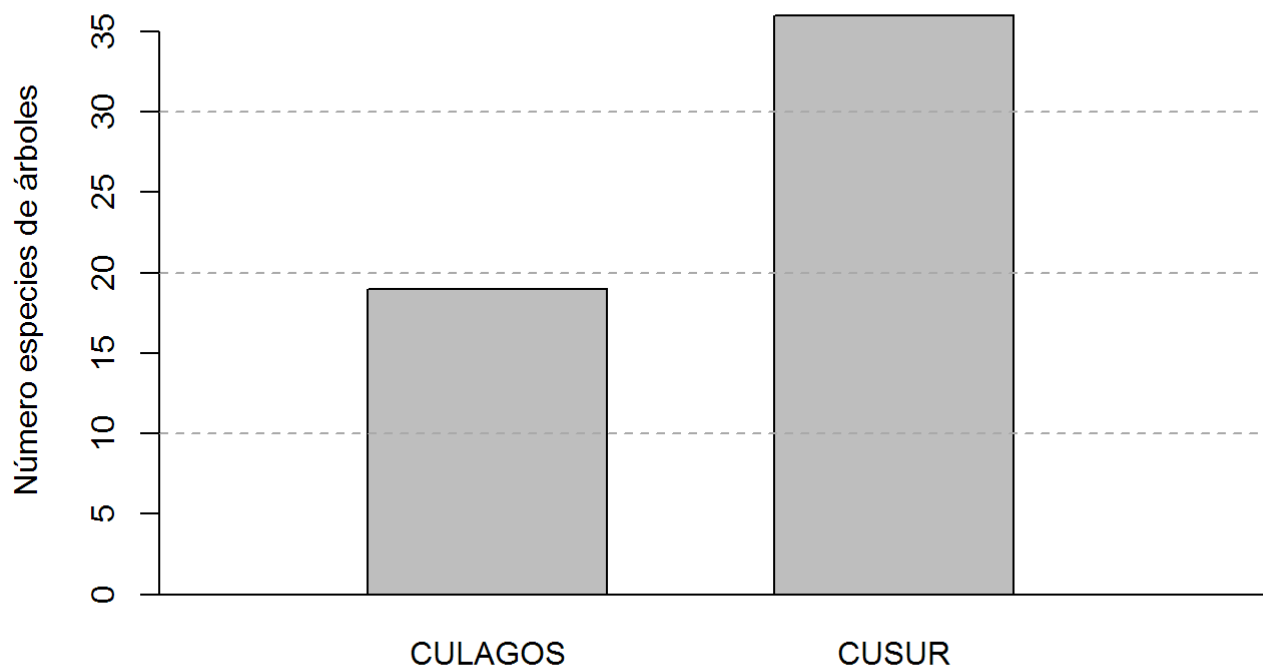
Árboles por centro



Número de especies

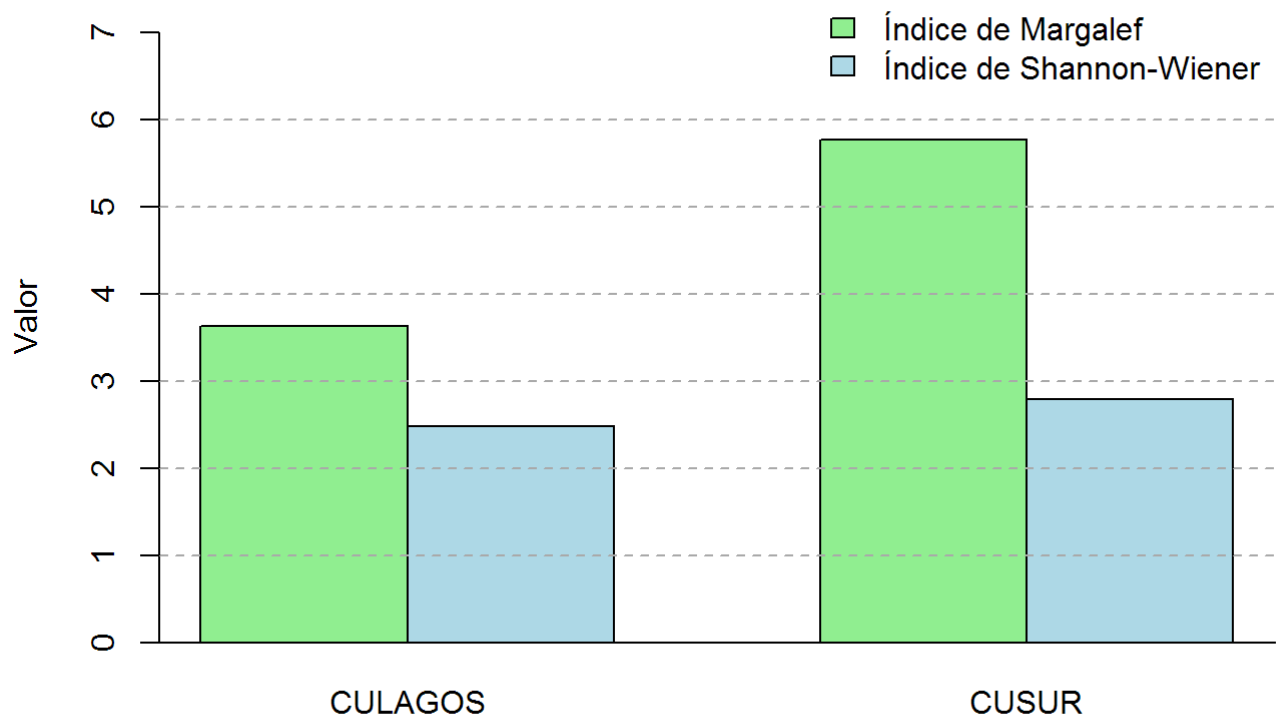
```
barplot(especies_por_centro[,2], ylim = c(0,1.05*max(especies_por_centro[,2])),
        names.arg = especies_por_centro[,1], axisnames = TRUE,
        col = "gray", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Número especies de árboles",
        main = "Especies por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 10, to = max(especies_por_centro[,2]), by = 10),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```

Especies por centro



Índices

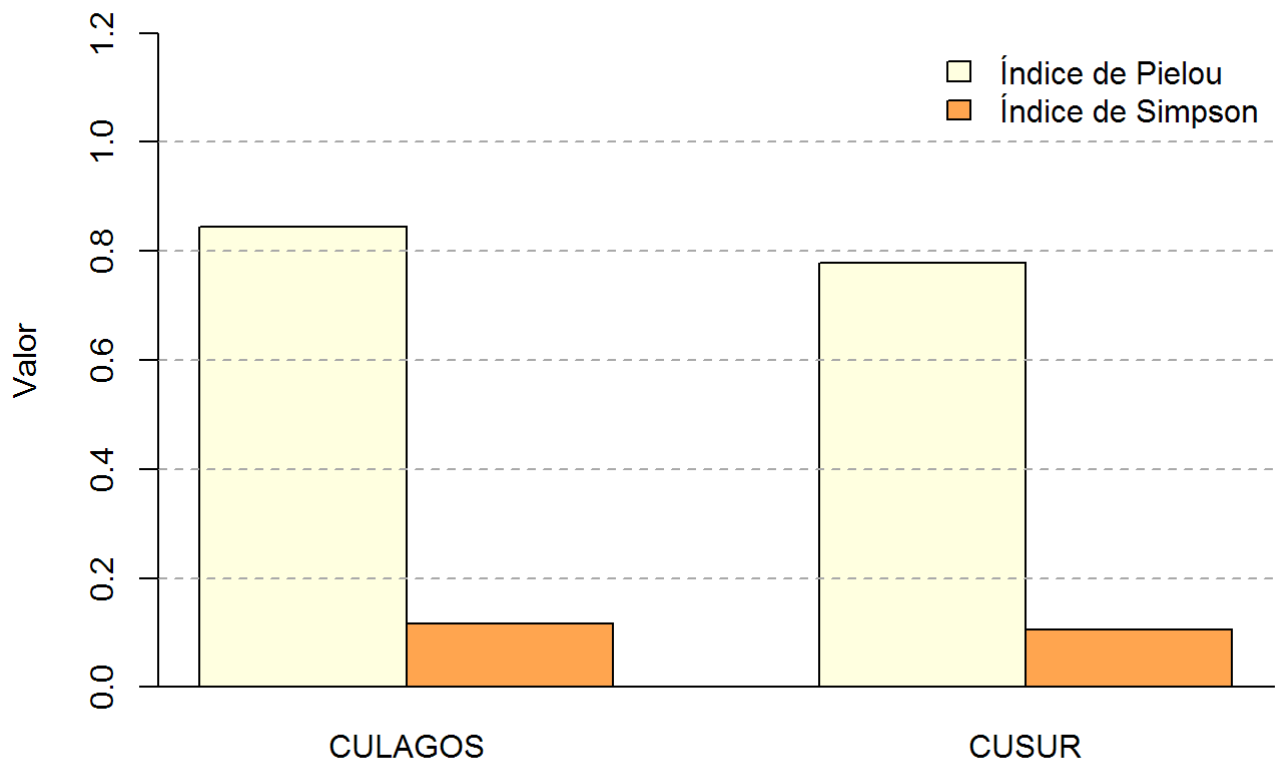
```
bar(dv = Valor,
    factors = c(Indicador, Centro),
    dataframe = mar_sh_por_centro,
    errbar = FALSE, box = FALSE,
    legend.text = c("Índice de Margalef", "Índice de Shannon-Wiener"),
    xlab = "", col = c("lightgreen", "lightblue"),
    ylim=c(0, 1.3 * max(mar_sh_por_centro$Valor)))
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 1, to = 1.2 * max(mar_sh_por_centro$Valor), by = 1),
       lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```



```

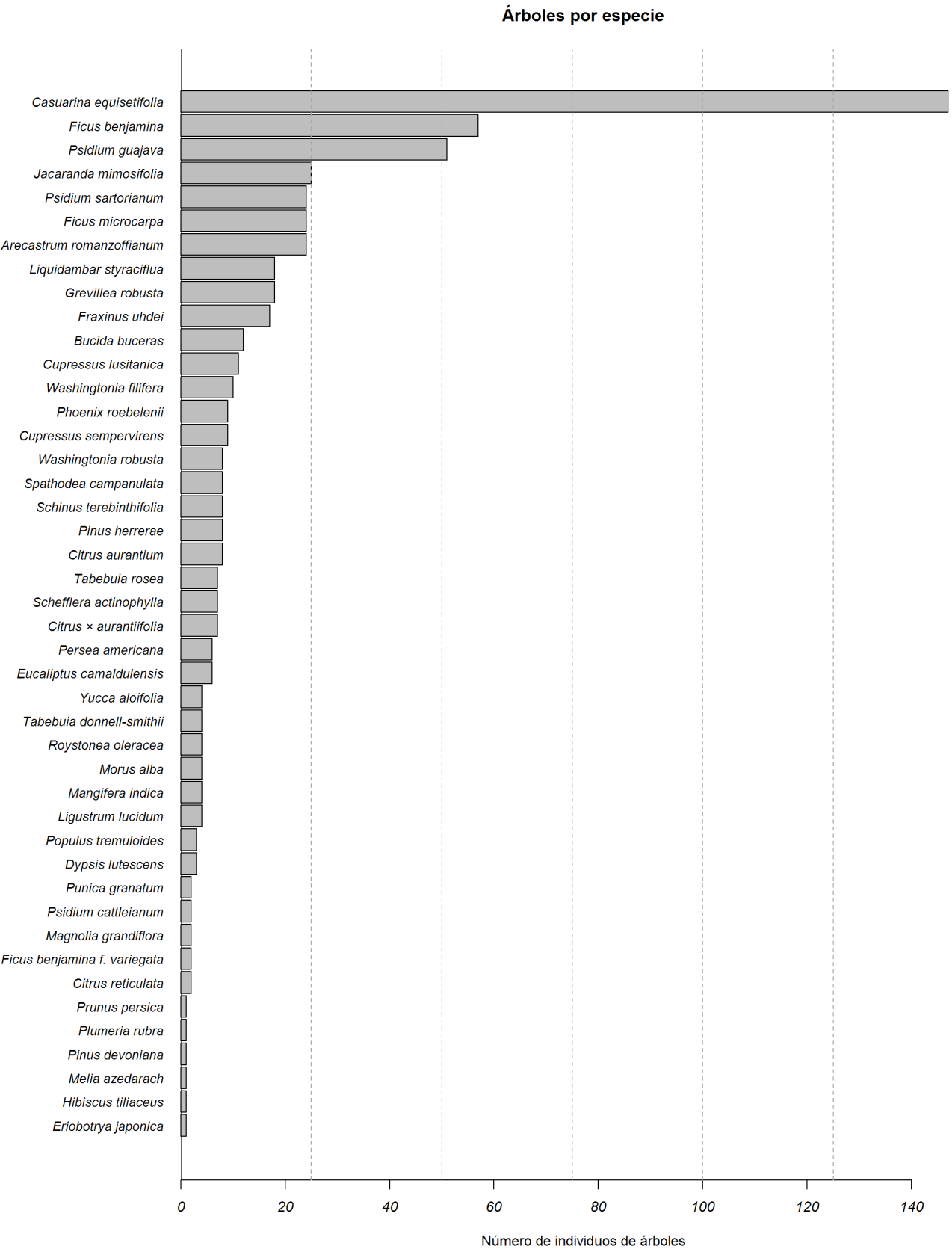
bar(dv = Valor,
  factors = c(Indicador, Centro),
  dataframe = sim_pi_por_centro,
  legend.text = c("Índice de Pielou", "Índice de Simpson"),
  errbar = FALSE, box = FALSE,
  xlab = "", col = c("lightyellow", "tan1"),
  ylim=c(0, 1.2))
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 0.2, to = 1, by = 0.2),
  lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")

```



Individuos por especie

```
par(las = 1, mar = c(5,11,4,2))
n_por_especie_ordered <- n_por_especie[order(n_por_especie$N, decreasing = FALSE),]
barplot(n_por_especie_ordered$N, xlim = c(0,1.05*max(n_por_especie_ordered$N)),
        horiz = TRUE, ylim = c(0,1.1*length(n_por_especie_ordered$Especies)),
        names.arg = n_por_especie_ordered$Especies,
        axisnames = TRUE, cex.names = 0.9, font = 3,
        col = "gray", space = 0.1, width = 1,
        ylab = "", xlab = "Número de individuos de árboles",
        main = "Árboles por especie")
abline(v = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(v = seq(from = 25, to = max(n_por_especie_ordered$N), by = 25),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```



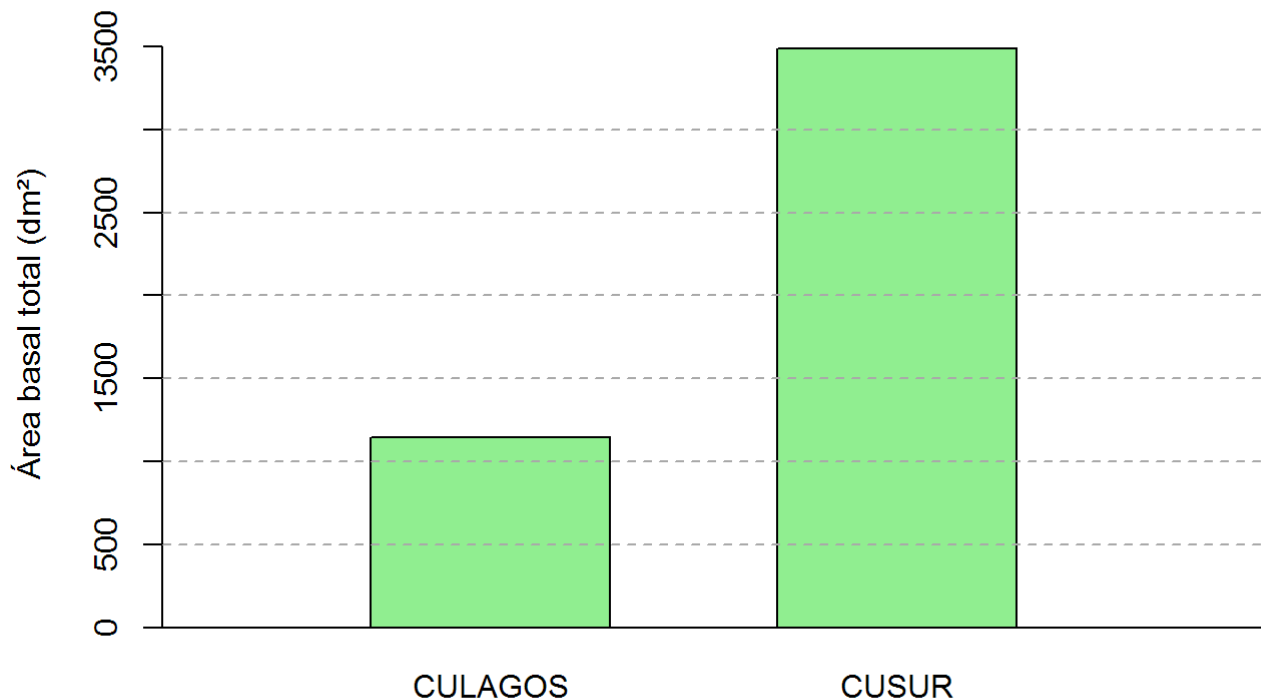
Área basal

```

barplot(sumas_ab_por_centro$AB, ylim = c(0,1.05*max(sumas_ab_por_centro$AB)),
        names.arg = sumas_ab_por_centro$Centros, axisnames = TRUE,
        col = "lightgreen", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Área basal total (dm²)",
        main = "Área basal por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 500, to = max(sumas_ab_por_centro$AB), by = 500),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")

```

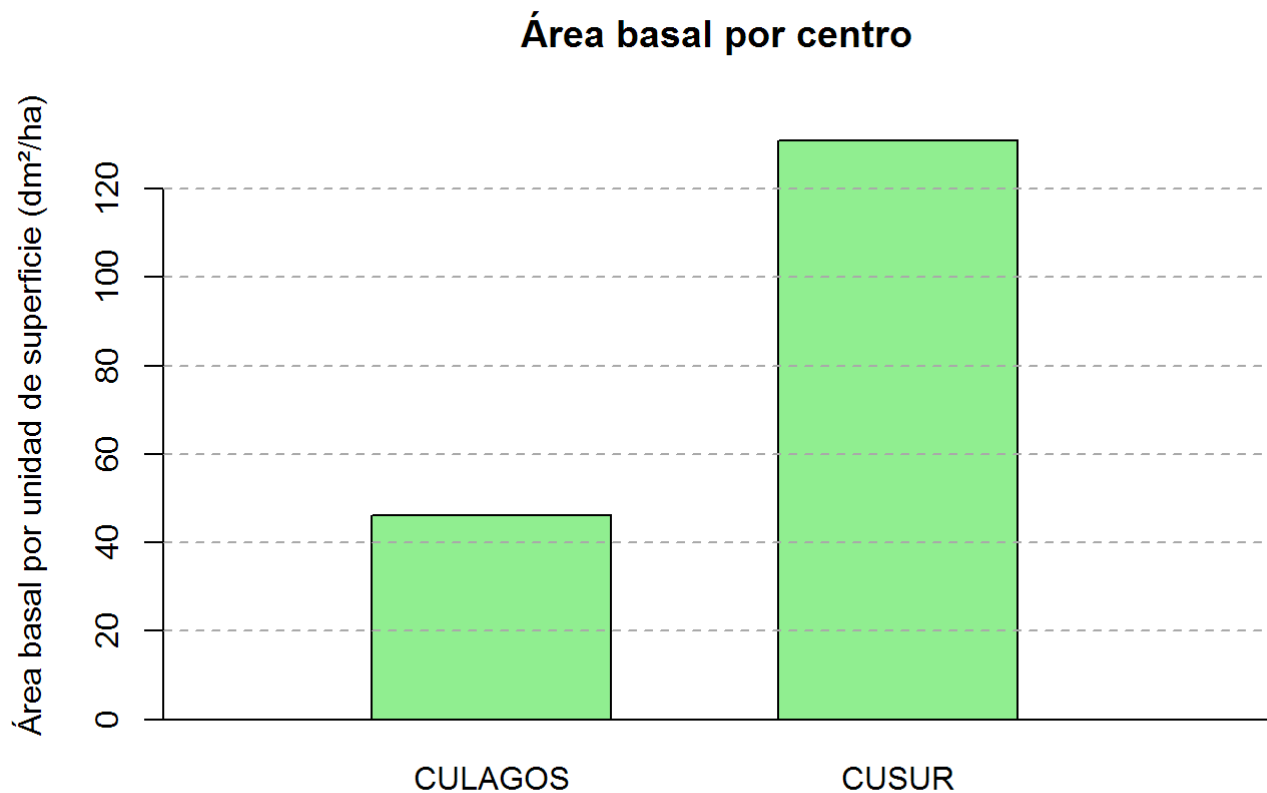
Área basal por centro



```

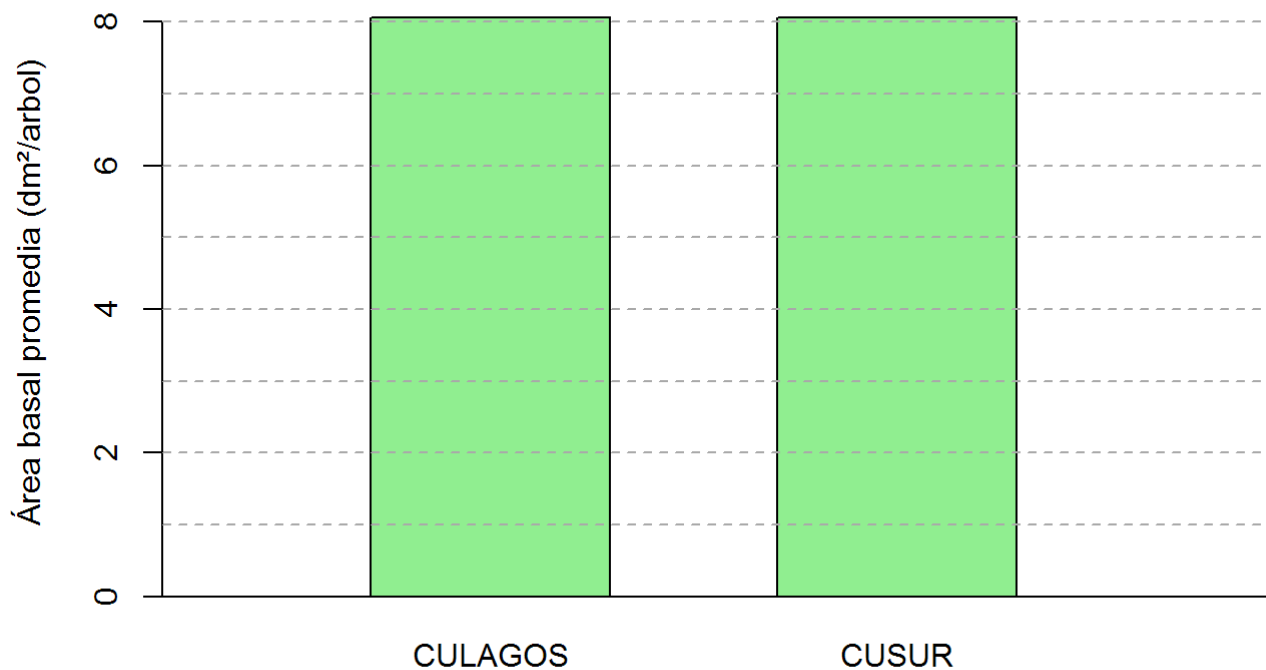
barplot(ab_por_centro_relativa$AB, ylim = c(0,1.05*max(ab_por_centro_relativa$AB)),
        names.arg = ab_por_centro_relativa$Centros, axisnames = TRUE,
        col = "lightgreen", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Área basal por unidad de superficie (dm²/ha)",
        main = "Área basal por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 20, to = max(ab_por_centro_relativa$AB), by = 20),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")

```



```
barplot(promedio_ab_por_centro$AB, ylim = c(0,1.05*max(promedio_ab_por_centro$AB)),
        names.arg = promedio_ab_por_centro$Centros, axisnames = TRUE,
        col = "lightgreen", space = 0.7, width = 0.7, xlim = c(0, 3),
        xlab = "", ylab = "Área basal promedia (dm²/árbol)",
        main = "Área basal promedia por centro")
abline(h = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(h = seq(from = 1, to = max(promedio_ab_por_centro$AB), by = 1),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```

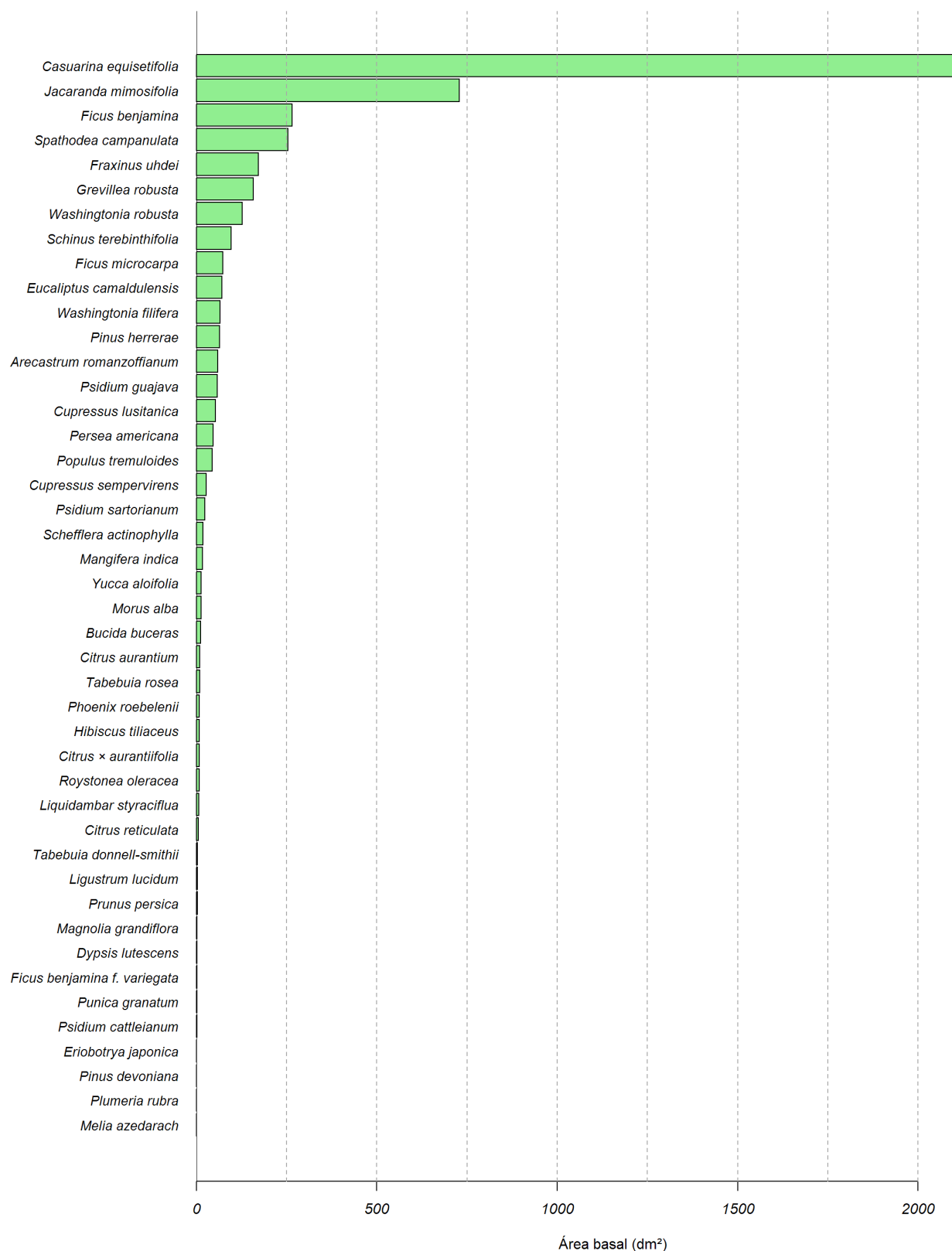

Área basal promedio por centro



Área basal por especie

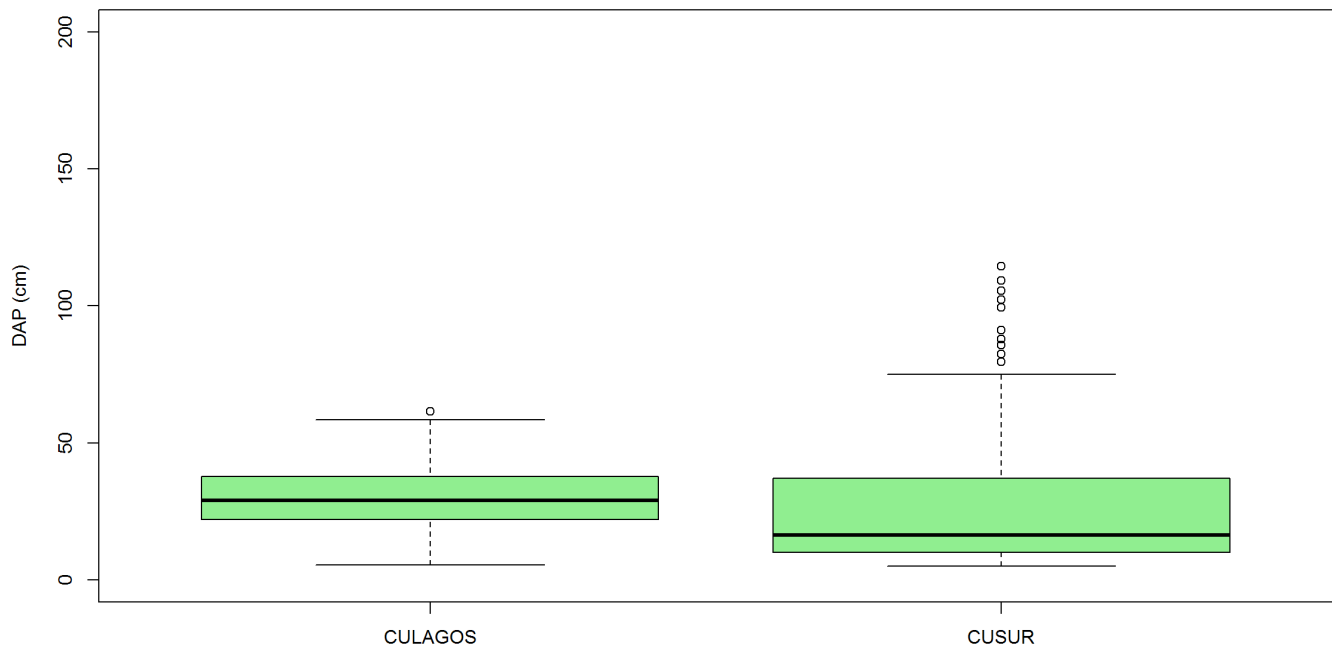
```
par(las = 1, mar = c(5,11,4,2))
ab_por_especie_ordered <- ab_por_especie[order(ab_por_especie$AB, decreasing = FALSE),]
barplot(ab_por_especie_ordered$AB, xlim = c(0,1.1*max(ab_por_especie_ordered$AB)),
        horiz = TRUE, ylim = c(0,1.1*length(ab_por_especie_ordered$Especies)),
        names.arg = ab_por_especie_ordered$Especies,
        axisnames = TRUE, cex.names = 0.9, font = 3,
        col = "lightgreen", space = 0.1, width = 1,
        ylab = "", xlab = "Área basal (dm²)",
        main = "Área basal por especie")
abline(v = 0, lty = 1, lwd = 1)
abline(v = seq(from = 250, to = max(ab_por_especie_ordered$AB), by = 250),
        lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
```

Área basal por especie

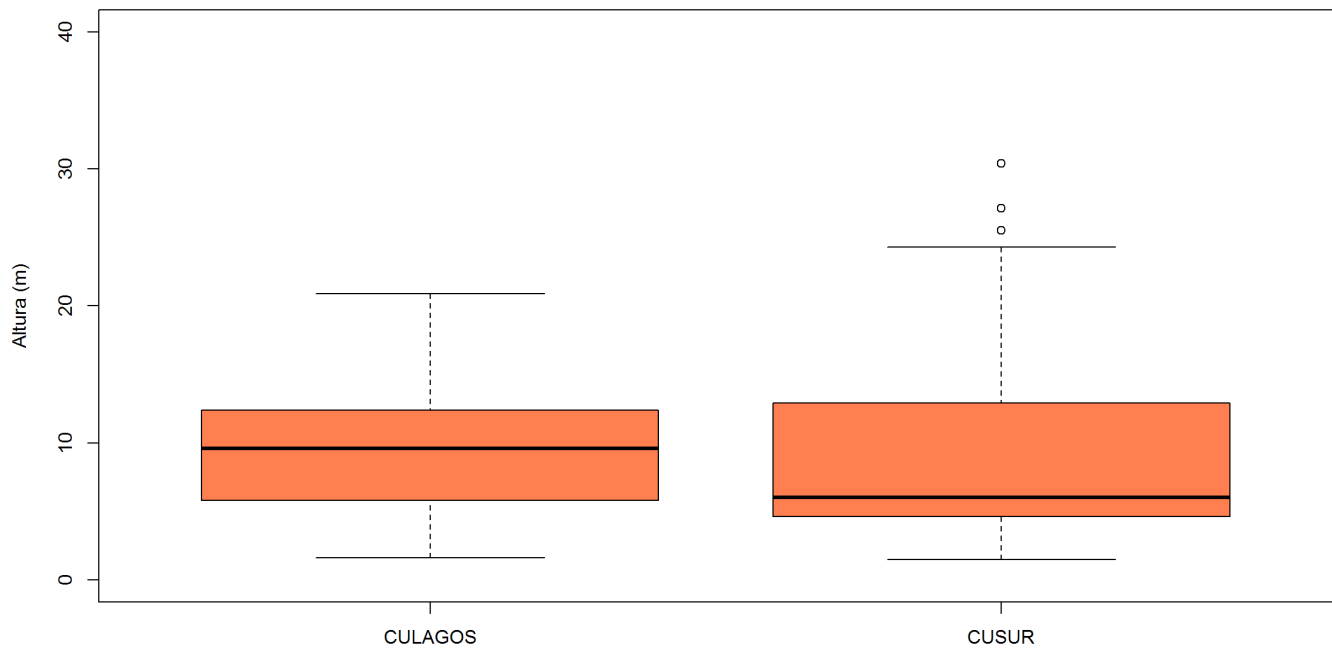


Graficas de caja generales

```
boxplot(arboles[,5]~arboles[, "Centro"],
        col=c("lightgreen"),
        ylim=c(0,200),
        main="",
        xlab="", ylab="DAP (cm)")
```



```
boxplot(arboles[,6]~arboles[,"Centro"],
       col=c("coral"),
       ylim=c(0,40),
       main="",
       xlab="", ylab="Altura (m)")
```

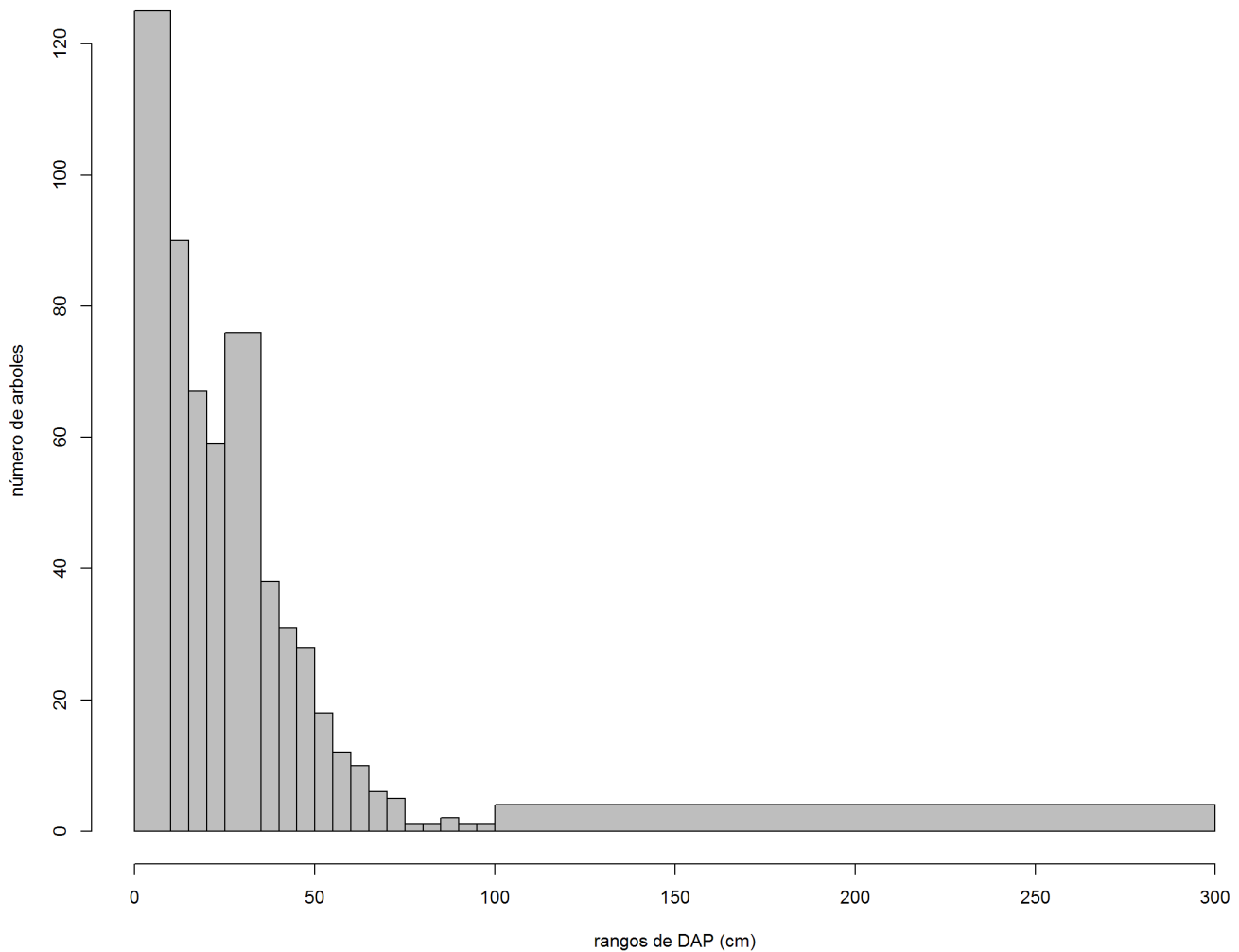


Histogramas generales

```
H0 <- hist(arboles[,5],
           col="grey", xlab="rangos de DAP (cm)", ylab="número de arboles", main="Dos CU",
           breaks=my_breaks_dbh,prob=FALSE)
```

```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```

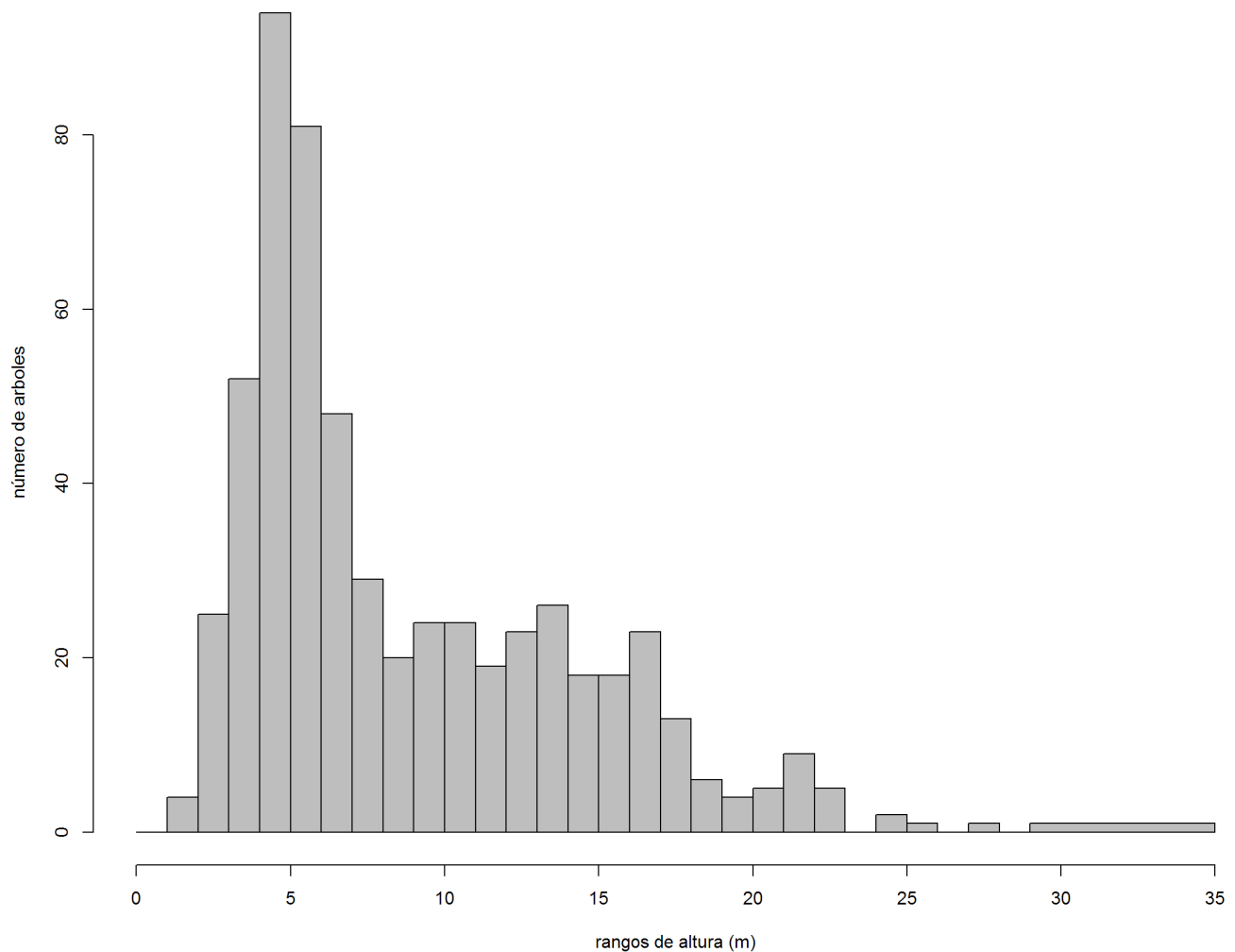
Dos CU



```
H1 <- hist(arboles[,6],
           col="grey", xlab="rangos de altura (m)", ylab="número de arboles", main="Dos CU",
           breaks=my_breaks_h,prob=FALSE)
```

```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```

Dos CU

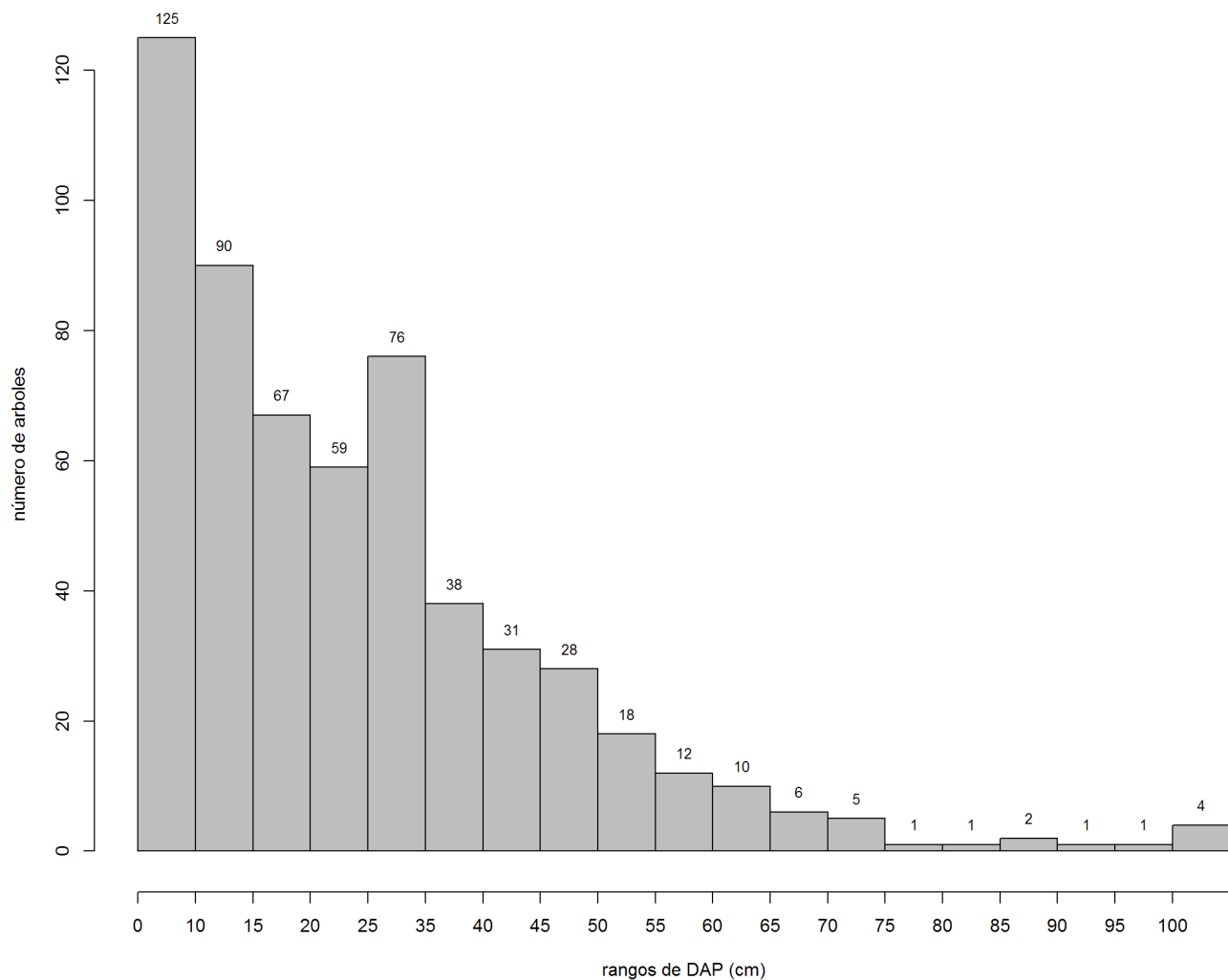


```

par(cex = 1)

B0 <- barplot(H0$counts,
  axes = FALSE,
  space = 0,
  ylim = c(-0.05 * max(H0$counts), 1.05 * max(H0$counts)), # this is scaling to make t
  he output similar to the other one
  col="grey", xlab="rangos de DAP (cm)", ylab="número de arboles", main="Dos CU")
Axis(side = 2)
Axis(at = seq(from = 0, to = length(my_breaks_dbh) - 1, by = 1),
  labels = c(my_breaks_dbh[1:(length(my_breaks_dbh)-1)],""), side = 1)
text(B0, H0$counts + 0.025 * max(H0$counts), labels=round(H0$counts), cex = 0.8) # adding and
  positioning bar labels

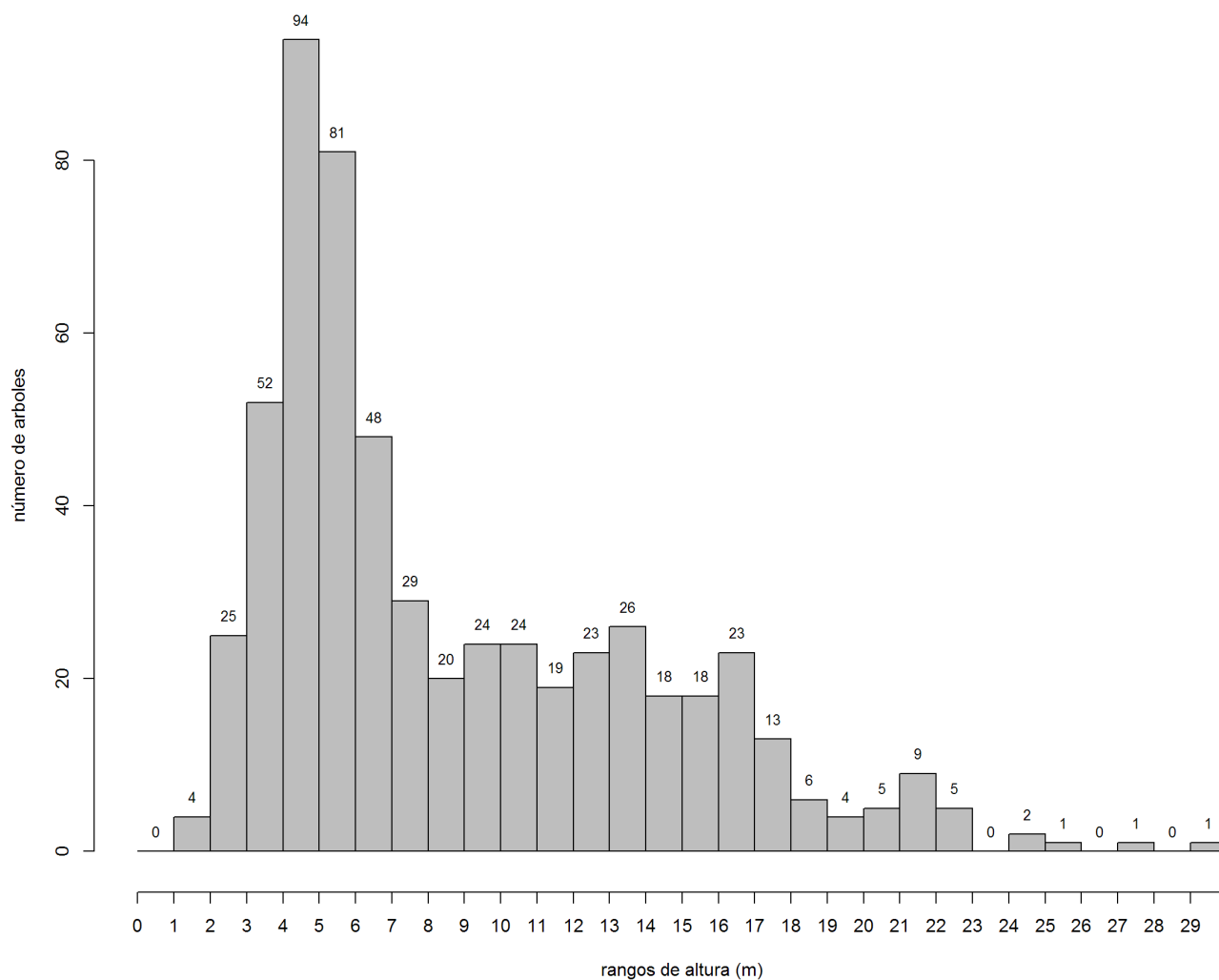
```

Dos CU

```

B1 <- barplot(H1$counts,
  axes = FALSE,
  space = 0,
  ylim = c(-0.05 * max(H1$counts), 1.05 * max(H1$counts)), # this is scaling to make t
he output similar to the other one
  col="grey", xlab="rangos de altura (m)", ylab="número de arboles", main="Dos CU")
Axis(side = 2)
Axis(at = seq(from = 0, to = length(my_breaks_h) - 1, by = 1),
  labels = c(my_breaks_h[1:(length(my_breaks_h)-1)],""), side = 1)
text(B1, H1$counts + 0.025 * max(H1$counts), labels=round(H1$counts), cex = 0.8) # adding and
positioning bar labels

```

Dos CU

Analisis por centro (histogramas)

```

for (i in 1:length(list_centers) ) {
  par(mfcol = c(1, 2), cex = 1)
  par(oma=c(0,0,3,0))

  print_text <- paste("Histogramas para",list_centers[i], sep = " ")
  print(print_text)

  max_dbh <- max(arboles[arboles[[1]] == list_centers[i], 5])

  HB <- hist(arboles[arboles[[1]] == list_centers[i], 5],
            prob=FALSE,
            breaks=my_breaks_dbh_centros,
            col="grey", xlab="rangos de DAP (cm)", ylab="número de arboles", main=list_centers[i])

  HC <- hist(arboles[arboles[[1]] == list_centers[i], 6],
            prob=FALSE,
            breaks=my_breaks_h_centros,
            col="grey", xlab="rangos altura (m)", ylab="número de arboles", main=list_centers[i])

  BB <- barplot(HB$counts,
               axes = FALSE,
               space = 0,
               ylim = c(-0.05 * max(HB$counts), 1.05 * max(HB$counts)),
               col="grey", xlab="rangos de DAP (cm)", ylab="número de arboles")
  Axis(side = 2)
  Axis(at = seq(from = 0, to = length(my_breaks_dbh_centros) - 1, by = 1),
       labels = c(my_breaks_dbh_centros[1:(length(my_breaks_dbh_centros)-1)],""), side = 1)
  #text(BB, HB$counts + 0.025 * max(HB$counts), Labels=round(HB$counts))

  mtext("DAP", side=3, line=0.4, adj=0.5, cex=1, outer=FALSE)

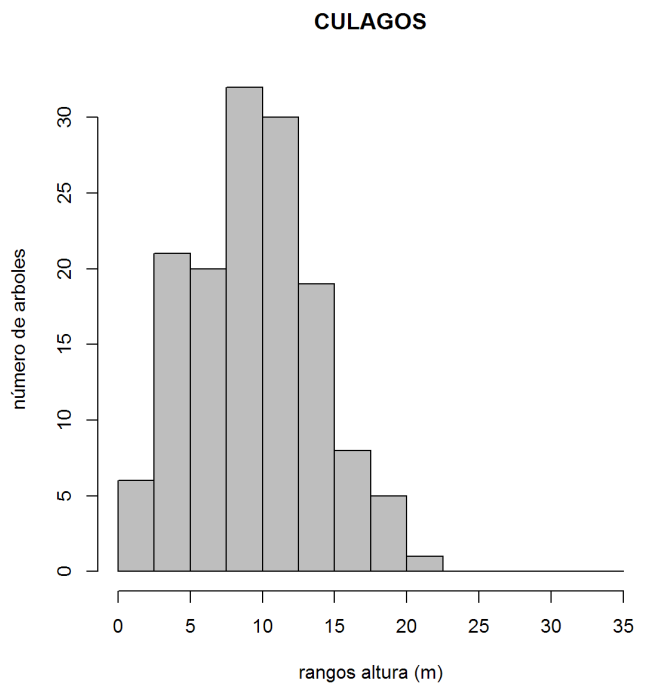
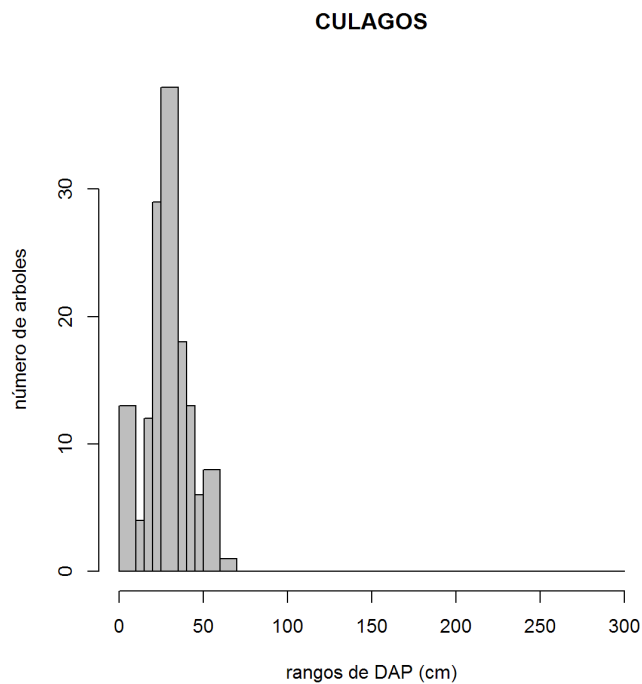
  BC <- barplot(HC$counts,
               axes = FALSE,
               space = 0,
               ylim = c(-0.05 * max(HC$counts), 1.05 * max(HC$counts)),
               col="grey", xlab="rangos altura (m)", ylab="número de arboles")
  Axis(side = 2)
  Axis(at = seq(from = 0, to = length(my_breaks_h_centros) - 1, by = 1),
       labels = c(my_breaks_h_centros[1:(length(my_breaks_h_centros)-1)],""), side = 1)
  #text(BC, HC$counts + 0.025 * max(HC$counts), Labels=round(HC$counts))
  mtext("altura", side=3, line=0.4, adj=0.5, cex=1, outer=FALSE)
  mtext(list_centers[i], side=3, line=0, adj=0.5, cex=1.2, font=2, outer=TRUE)
}

```

```
## [1] "Histogramas para CULAGOS"
```

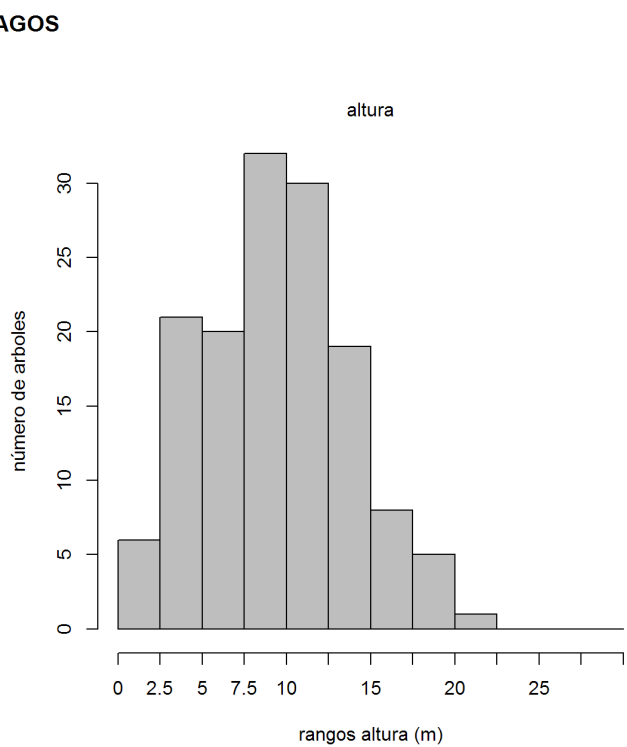
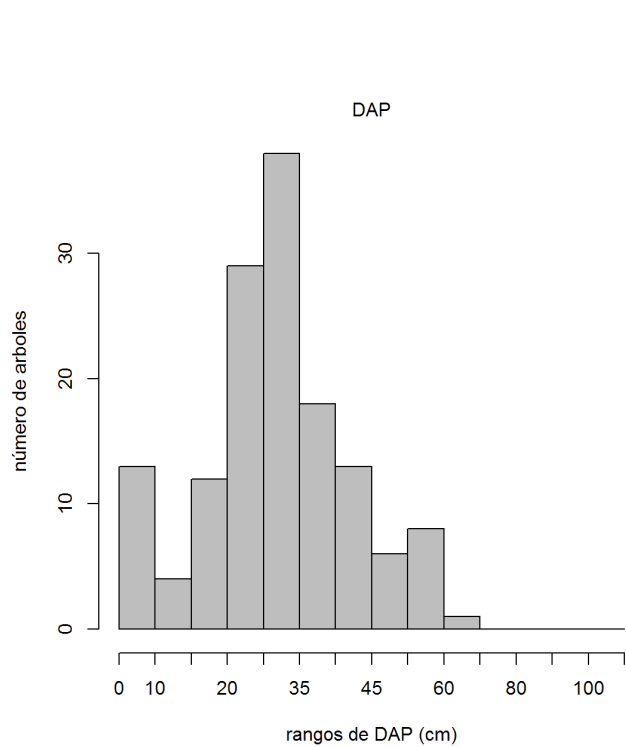
```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```

```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```

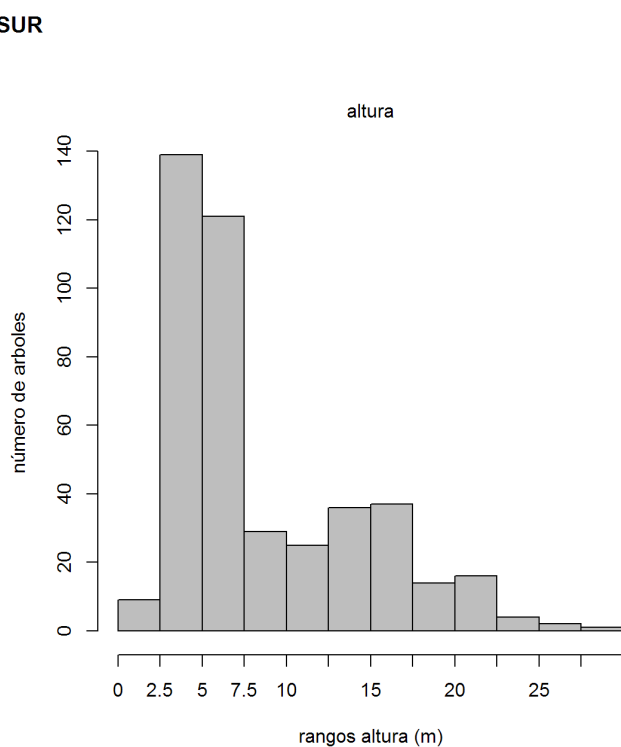
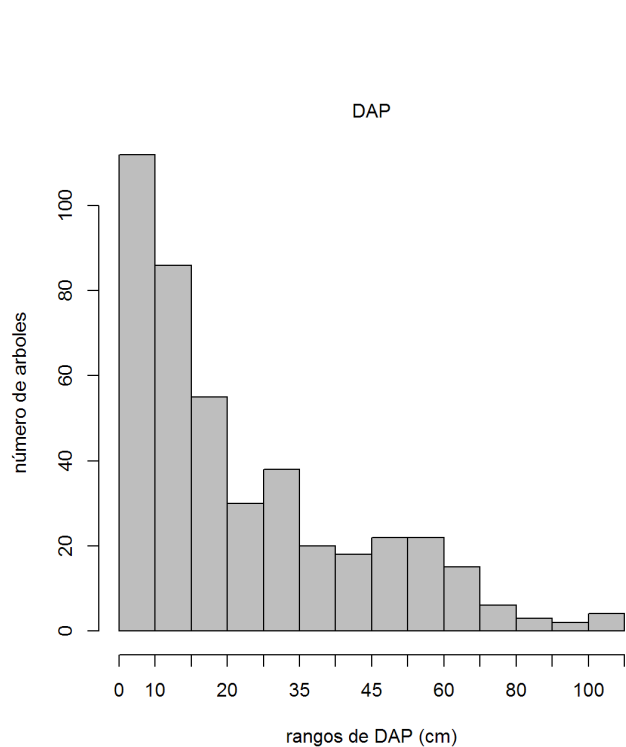
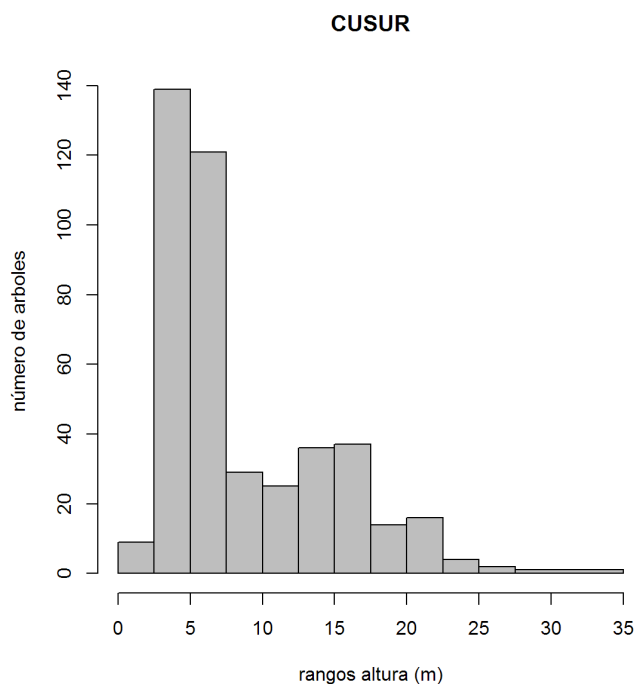
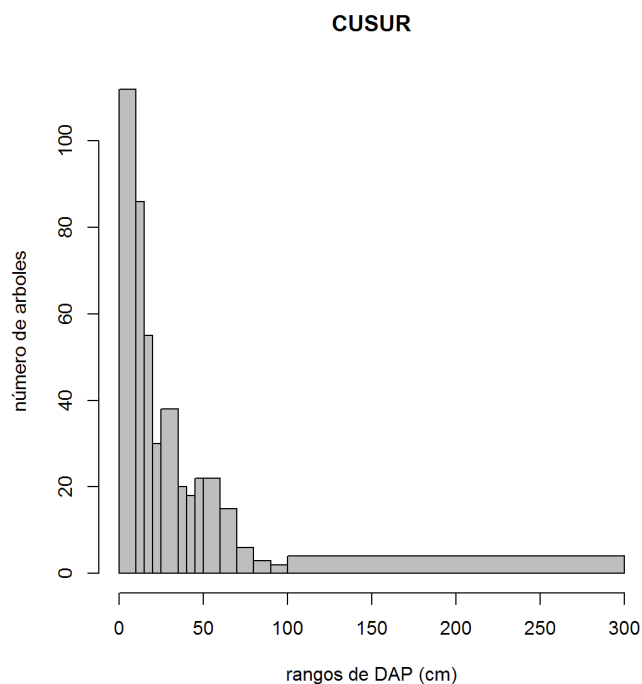



```
## [1] "Histogramas para CUSUR"
```

```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```



```
## Warning in plot.histogram(r, freq = freq1, col = col, border = border,
## angle = angle, : the AREAS in the plot are wrong -- rather use 'freq =
## FALSE'
```



Analisis por centro (Gráficas de abundancia por especie)

```

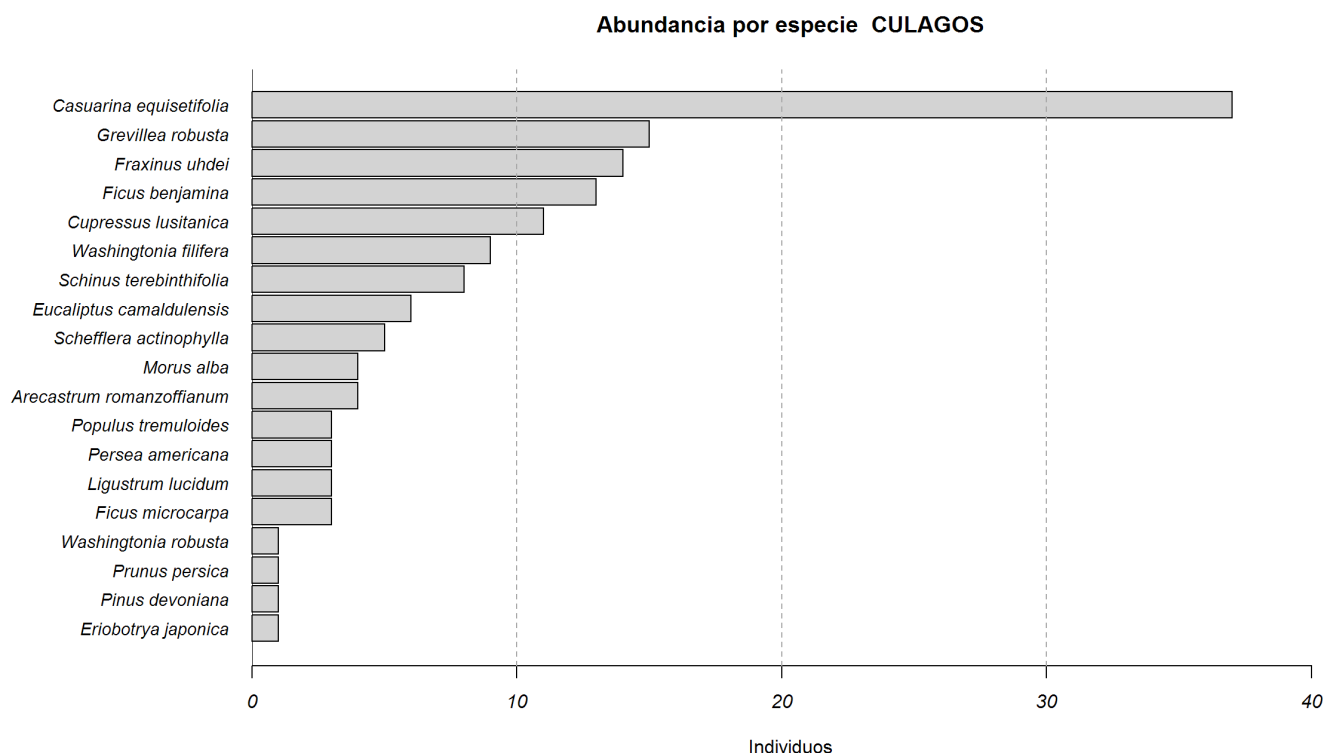
for (i in 1:length(list_centers) ) {
  print_text <- paste("Gráficas para",list_centers[i], sep = " ")
  print(print_text)

  n_por_especie_centro_solo <- n_por_especie_centro[n_por_especie_centro$Centro == list_centers[i],]

  par(las = 1, mar = c(5,11,4,2))
  n_por_especie_centro_solo_ordered <- n_por_especie_centro_solo[order(n_por_especie_centro_solo$N, decreasing = FALSE),]
  barplot(n_por_especie_centro_solo_ordered$N, xlim = c(0,1.1*max(n_por_especie_centro_solo_ordered$N)),
    horiz = TRUE, ylim = c(0,1.1*length(n_por_especie_centro_solo_ordered$Especies)),
    names.arg = n_por_especie_centro_solo_ordered$Especies,
    axisnames = TRUE, cex.names = 0.9, font = 3,
    col = "lightgray", space = 0.1, width = 1,
    ylab = "", xlab = "Individuos",
    main = paste("Abundancia por especie ",list_centers[i]))
  abline(v = 0, lty = 1, lwd = 1)
  abline(v = seq(from = 10, to = 1.05 * max(n_por_especie_centro_solo_ordered$N), by = 10),
    lty = 2, lwd = 1, col = "darkgray")
}

```

```
## [1] "Gráficas para CULAGOS"
```



```
## [1] "Gráficas para CUSUR"
```

