

Variabilidad espacial de la abundancia y diversidad de especies de aves observadas en Bocas del Toro y Darién, Panamá, durante el 2024

Larissa Beltrán

Objetivo

Describir los patrones de variación espacial de la abundancia y diversidad de las especies registradas en las provincias de Bocas del Toro y Darién, identificando las especies con dominio ecológico usando los índices de diversidad

Método

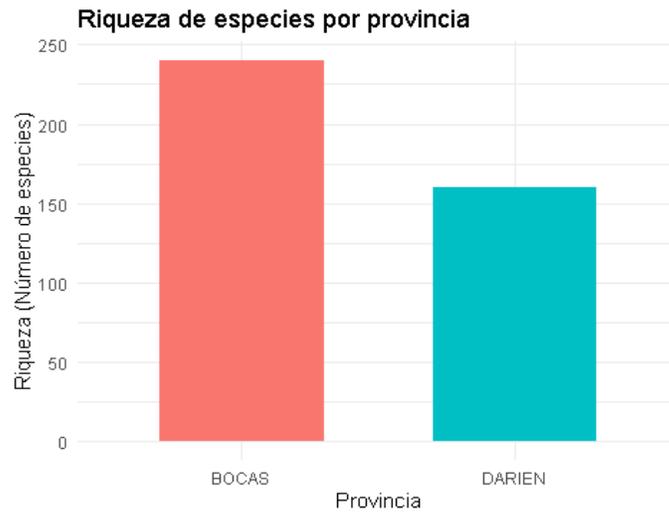
Los datos a analizar se obtuvieron de la base de datos ebird (<https://ebird.org/home>) filtrando previamente los avistamientos de aves en las provincias de Bocas del Toro y Darién durante el 2024.

Primeramente se realizará un conteo de las frecuencias de las especies por Provincia, posteriormente se ejecutarán los índices de Diversidad para obtener la riqueza, diversidad de especies (Shannon) y la equidad de especies (Simpson) en cada provincia estudiada.

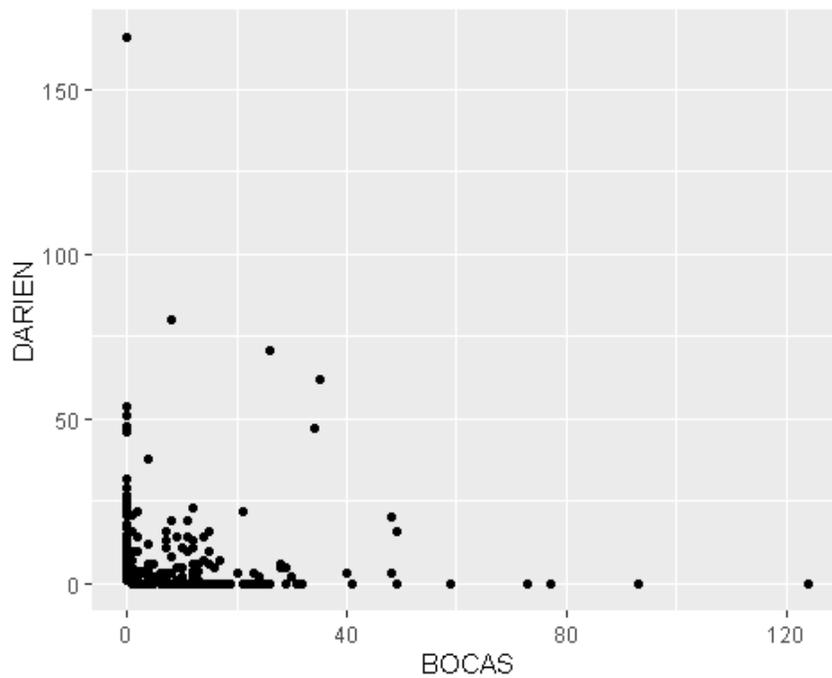
Con el fin de obtener una mejor descripción y visualización de los datos y resultados, se realizarán los siguiente gráficos:

- Gráfico de barras: Comparación de la riqueza de ambos sitios estudiados.
- Gráfico de dispersión: Permitirá visualizar la distribución de las especies al comparar las frecuencias de cada una en ambos sitios, el gráfico no mostrará los nombres de cada especie ya que solo se desea observar qué tan dispersos están los datos.
- Gráfico de caja y bigotes: Dicho gráfico detectará valores atípicos que permitirá comparar la variabilidad de las frecuencias en ambos sitios.
- Gráfico de densidad: En este gráfico se presenta la distribución de las frecuencias entre provincias, el cual complementa al gráfico anterior ya que permite visualizar de forma relativa la repetición de una frecuencia en nuestros datos.
- Gráfico de barras agrupadas: Comparación de los índices de Shannon y Simpson entre las dos provincias estudiadas.

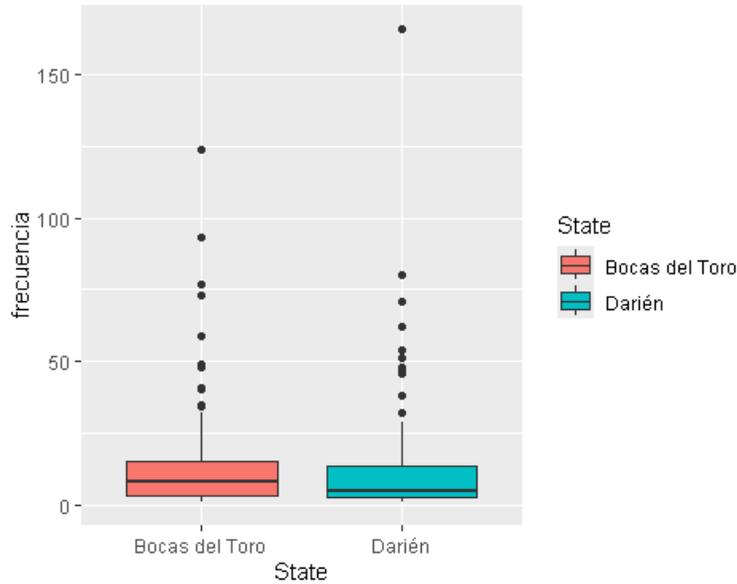
Resultados



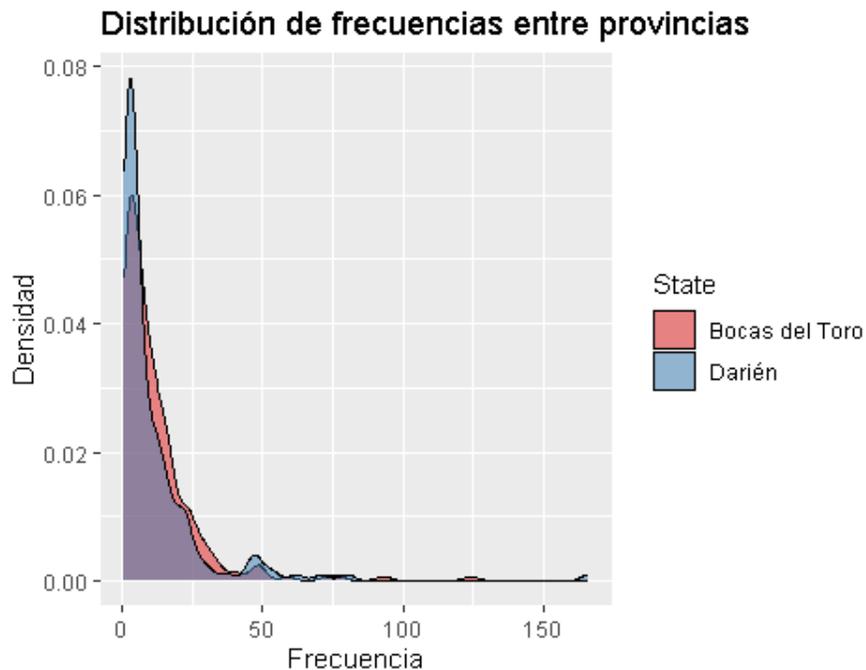
El gráfico de barras nos confirma que el área de Bocas del Toro presenta una mayor riqueza de especies frente a la provincia de Darién.



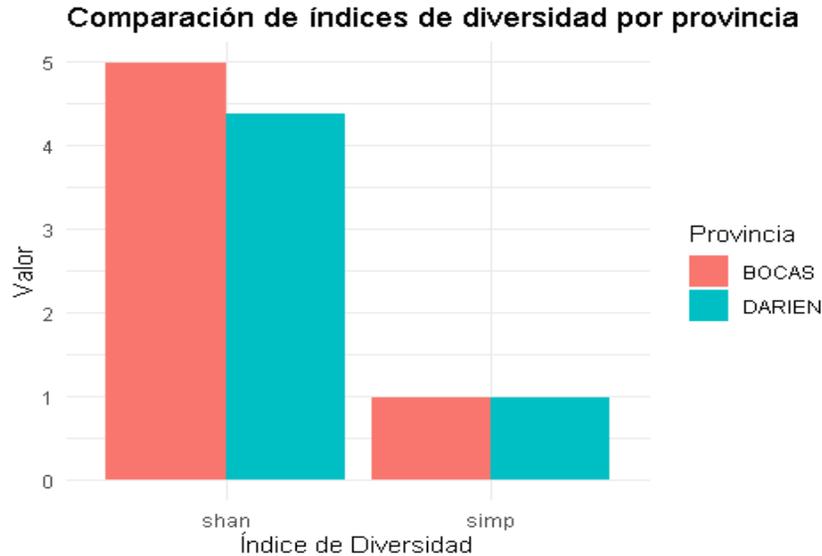
El gráfico de dispersión nos permite comparar entre Darién y Bocas del Toro y observar con qué frecuencia se registran las especies en una zona o en la otra y los valores que solo encuentras en un área. Podemos observar que son más las especies que se pueden ver solo en una zona a las especies que se comparten entre provincias.



El gráfico de caja y bigotes nos muestra que ambas provincias poseen valores atípicos, como podíamos observar también en el gráfico anterior, nos muestra que los valores en Darién se mantienen más alejados de la media, mientras que los de Bocas del Toro nos indican que su diversidad es relativamente proporcional a la cantidad de registros.



En el gráfico de densidad observamos que ambas curvas se superponen mucho, esto significa que las distribuciones de las frecuencias en ambas provincias son bastante similares.



El índice de Shannon es mayor para Bocas del Toro, que como ya hemos visto en los índices presenta mayor diversidad que la provincia de Darién. Mientras que el índice de Simpson es muy similar para ambas provincias, lo que nos indica que la frecuencia de la distribución de especies en ambas áreas es muy similar, sin embargo, es ligeramente mayor para Bocas del Toro.

Discusión

El cálculo de la riqueza nos indica cuántas especies diferentes están presentes en cada provincia, Bocas del Toro tiene 240 especies y Darién tiene 160 especies. Esto se observa gráficamente en el gráfico de barras de la Riqueza de especie.

A partir del índice de Shannon podemos decir que Bocas del Toro tiene una diversidad más alta que Darién, considerando tanto el número de especies como su distribución, al Bocas del Toro tener un índice de Shannon de 4.98. y Darién de 4.38.

Bocas del Toro tiene un índice de Simpson de 0.990, y Darién tiene 0.978. Ambos valores son bastante altos, lo que sugiere que hay una distribución relativamente equitativa de especies en ambas provincias, pero Bocas del Toro tiene una ligera mayor diversidad en comparación con Darién.

Al igual que el índice de Shannon, el índice inverso de Simpson nos indica que Bocas del Toro tiene una diversidad más alta que Darién, al ser en índice de Bocas más alto que Darién con 96.0 comparado a 44.8.

A partir de nuestros datos, concluimos que Bocas del Toro presenta una mayor riqueza de especies, esto se puede deber a un esfuerzo de muestreo diferente en cada área, a mayor grado de perturbación de los ecosistemas o a las condiciones del ambiente y climatológicas de cada provincia que dan lugar a una mayor reproducción y uso de hábitat de las especies.

Anexo

```
library(tidyverse)
library(tidyr)
library(ggplot2)
library(dplyr)
library(rstatix)
library(BiodiversityR)

datosb <- read.csv("C:/Users/HP PC/Downloads/Proyecto R/Birds Bocas.csv",
                  header=T,
                  stringsAsFactors = F,
                  encoding = "utf-8")

datosd <- read.csv("C:/Users/HP PC/Downloads/Proyecto R/Birds
Darien.csv",
                  header=T,
                  stringsAsFactors = F,
                  encoding = "utf-8")

#Convertimos nuestros datos a tibble
datosbt <- datosb |>
  as_tibble()

datosdt <- datosd |>
  as_tibble()

#Analizamos la estructura de nuestros datos
datosbt
datosdt

#Preprocesamiento de datos

datosbt <- datosbt |>
  select(Common.Name, Scientific.Name, Year, State) |>
  rename("NombCom" = "Common.Name",
         "NombCien" = "Scientific.Name") |>
  filter(!is.na(NombCom) & !is.na(NombCien)) |>
  filter(Year == 2024)

datosdt <- datosdt |>
  select(Common.Name, Scientific.Name, Year, State) |>
  rename("NombCom" = "Common.Name",
         "NombCien" = "Scientific.Name") |>
  filter(!is.na(NombCom) & !is.na(NombCien)) |>
  filter(Year == 2024)
```

```

#Unir los dos tibble en uno solo para su análisis
datosf <- bind_rows(datosdt,datosbt)

#Buscando irregularidades en las columnas de interés
val_uniq <- lapply(datosf[, c("NombCien", "Year")], function(col)
sort(unique(col)))
print(val_uniq)

#Algunos registros en "NombCien" están erróneos o tienen información
adicional que no utilizaremos
#y por tanto hay que eliminarlos para que solo nos quede el nombre
científico
datosf <- datosf |>
  mutate(NombCien = sapply(NombCien, function(x) paste(head(str_split(x,
" ")[[1]], 2), collapse = " ")))

#Frecuencia de variables por provincia, año y Nombre científico para
comprender las cantidades
frecuencias <- datosf |>
  group_by(NombCien, Year, State) |>
  summarise(Frecuencia = n(), .groups = "drop") |>
  pivot_wider(
    names_from = c(Year, State),
    values_from = Frecuencia,
    values_fill = 0
  )

frecuencias <- frecuencias |>
  rename("BOCAS"="2024_Bocas del Toro",
        "DARIEN" = "2024_Darién")

#Indices de diversidad por especie

indices_diversidad <- frecuencias |>
  pivot_longer(cols = c(`DARIEN`, `BOCAS`), # Convertir las columnas de
frecuencia en formato largo
              names_to = "State",
              values_to = "frecuencia") |>
  group_by(State) |>
  summarise(
    rich = specnumber(frecuencia), # Número de especies (especie por
cada fila de frecuencia)
    shan = diversity(frecuencia, index = "shannon"),
    simp = diversity(frecuencia, index = "simpson"),
    invsimp = diversity(frecuencia, index = "invsimpson")
  )

print(indices_diversidad)

```

```

#Gráficos descriptivos

#Gráfico de barras para comparar riqueza
ggplot(indices_diversidad, aes(x = State, y = rich, fill = State)) +
  geom_bar(stat = "identity", width = 0.6) +
  labs(
    title = "Riqueza de especies por provincia",
    x = "Provincia",
    y = "Riqueza (Número de especies)",
    fill = "Provincia"
  ) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "none")

#el scatter plot compara las cantidades de cada especie por Sitio
frecuencias |>
  ggplot(aes(x = BOCAS,
             y = DARIEN)) +
  geom_point()

#caja de bigotes
frecuencias2 <- datosf |>
  group_by(State, NombCien) |> # Agrupar por estado y especie
  summarise(frecuencia = n(), .groups = "drop")

frecuencias2 |>
  ggplot(aes(x = State, y = frecuencia, fill = State)) +
  geom_boxplot()

#distribucion de frecuencias
frecuencias2 |>
  ggplot(aes(x = frecuencia, fill = State)) +
  geom_density(alpha = 0.5) +
  labs(title = "Distribución de frecuencias entre provincias",
       x = "Frecuencia",
       y = "Densidad") +
  scale_fill_brewer(palette="Set1")

#Gráfico de barras agrupadas para los índices Shannon y Simpson
indices_long <- indices_diversidad |>
  select(-rich & -invsimp) |> # Excluir la columna de riqueza
  pivot_longer(cols = -State, names_to = "Indice", values_to = "Valor")

ggplot(indices_long, aes(x = Indice, y = Valor, fill = State)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = position_dodge()) +
  labs(title = "Comparación de índices de diversidad por provincia",
       x = "Índice de Diversidad",

```

```
y = "Valor",  
  fill = "Provincia") +  
theme_minimal()
```