

Análisis de la biodiversidad y estructura de las comunidades vegetales en ecosistemas tropicales mediante el conjunto de datos IFRI.

Milton Sandoval

Objetivo

Evaluar la biodiversidad y la estructura de las comunidades vegetales en diferentes áreas de estudio usando el conjunto de datos *IFRI*.

Método

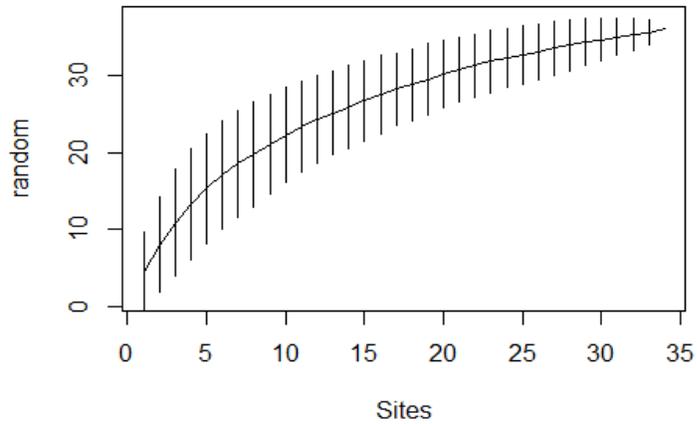
Los datos del conjunto IFRI incluyen variables relacionadas con la vegetación y la biodiversidad en diferentes parcelas o sitios. Las variables presentes en el dataset y que se utilizarán en este proyecto son los códigos que identifican los sitios de muestreo, nombres de las especies, la abundancia de las especies y el área basal de las plantas.

Se utilizarán índices de diversidad, una curva de acumulación de especies.

Resultados

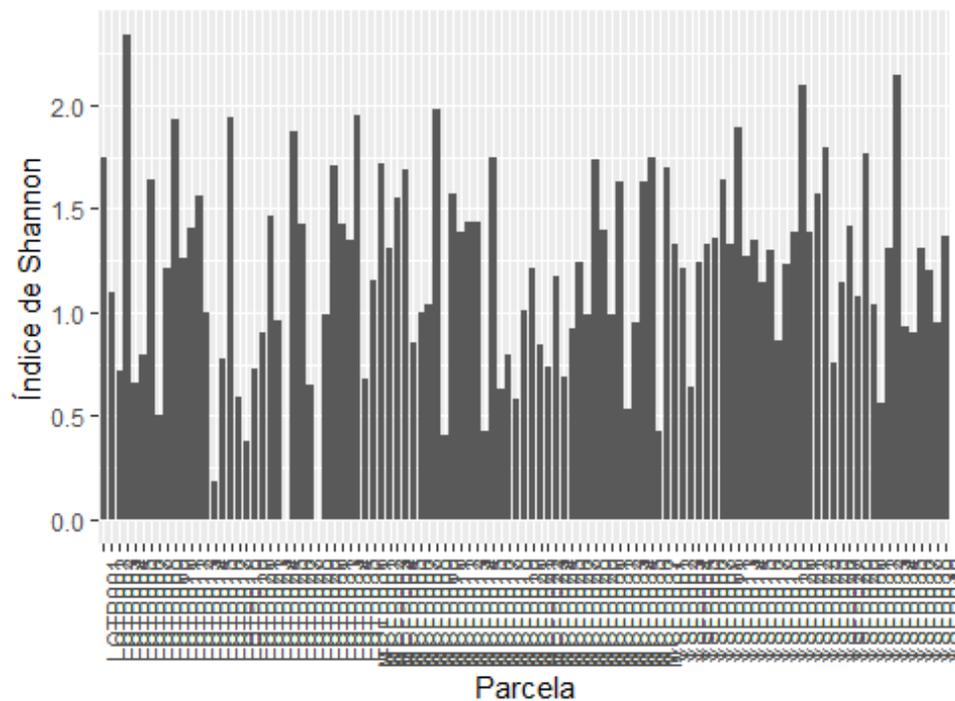
Las parcelas muestran una diversidad considerable en la riqueza de especies, con valores que van de 2 a 11 especies. El promedio de 5.47 especies indica que las parcelas no son demasiado homogéneas en términos de la cantidad de especies.

El índice de Shannon tiene una media de 1.29, lo que indica una diversidad moderada en promedio, mientras que el índice de Simpson sugiere que algunas parcelas tienen una distribución menos equitativa de especies.



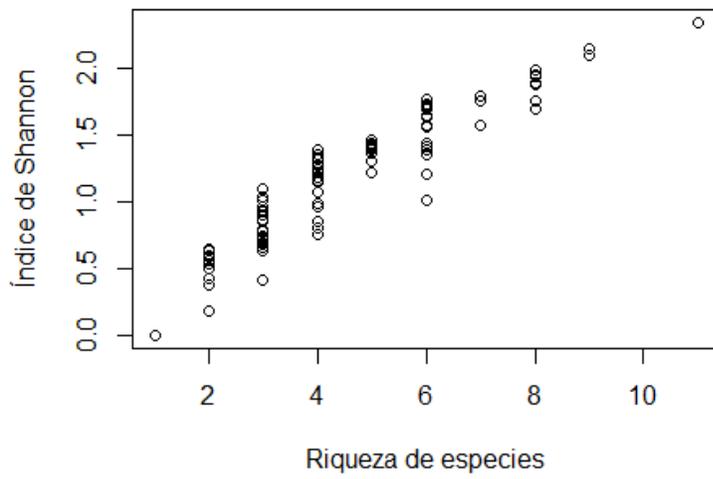
La curva de acumulación de especies presentó una estabilización temprana de la curva, lo cual indica que el área tiene una baja diversidad o que el muestreo ha sido exhaustivo.

Índice de Shannon por parcela

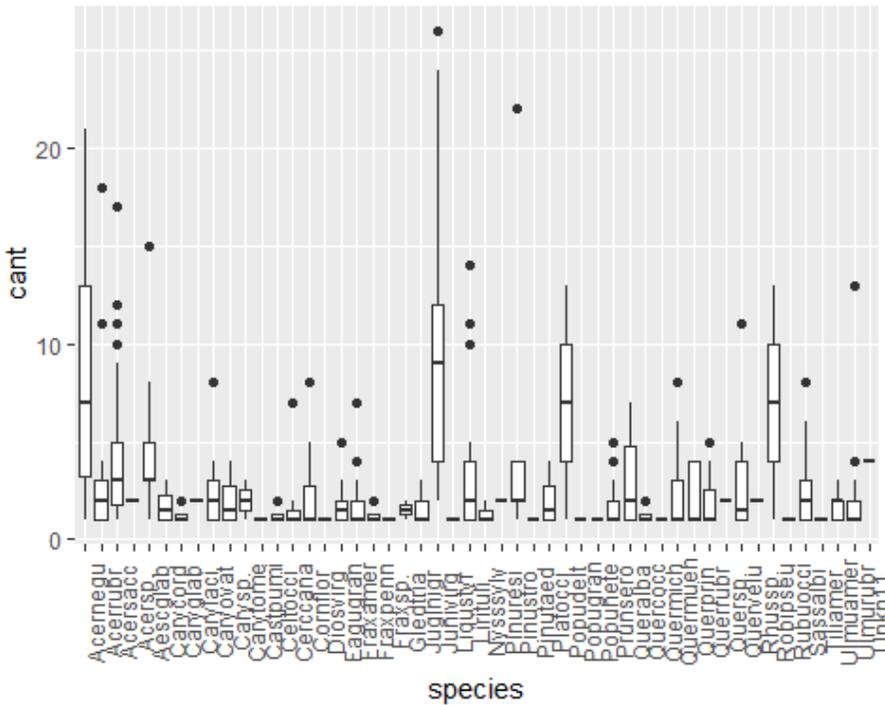


Este gráfico de barras muestra las diferencias de diversidad entre las parcelas y permite identificar las parcelas LOT3 y YSF34 como las parcelas con mayor diversidad y LOT25 y LOT29 como las que tienen menor diversidad.

Riqueza de especies vs. Índice de Shannon



Este gráfico de dispersión muestra que existe una tendencia en la que más riqueza de especies se correlaciona con mayor diversidad.



De acuerdo al gráfico anterior podemos decir que las especies *Acernegu* y *Junivirg* son las que poseen una cantidad de individuos que varía mucho entre las parcelas, y muestran varios valores atípicos. Mientras que la mayoría de especies tiene una caja estrecha, lo que indica que la cantidad de individuos de esta especie es bastante homogénea en las parcelas y sugiere una distribución simétrica.

Discusión

Las parcelas con mayor riqueza de especies y mayor equidad en la distribución (según los índices de Shannon e Inverso de Simpson) pueden ser áreas más estables y resilientes a perturbaciones, ya que una mayor diversidad puede aumentar la capacidad de la comunidad para adaptarse a cambios ambientales (Tilman, 1996).

Los resultados del análisis muestran que las parcelas estudiadas presentan una diversidad moderada tanto en términos de riqueza como de distribución de especies. Sin embargo, las parcelas con valores bajos de estos índices podrían estar enfrentando presiones de perturbación o alteración de su estructura ecológica, lo que limita la diversidad. Estas áreas pueden requerir intervenciones para promover la regeneración y aumentar la diversidad de especies, favoreciendo la equidad en la distribución de los individuos. Sin embargo, existe una gran variabilidad entre las parcelas, lo que refleja diferencias significativas en las condiciones locales y los procesos ecológicos. El siguiente paso sería explorar las causas de esta variabilidad, como los factores ambientales específicos o las prácticas de manejo, para poder hacer recomendaciones informadas sobre la conservación y el manejo de estas parcelas.

De acuerdo a la curva de acumulación de especies se puede concluir que las especies registradas tienden a ser representativas de todo el ecosistema.

De acuerdo al gráfico de bigotes, las especies con alta variabilidad en su cantidad (cajas anchas y bigotes largos) pueden estar más afectadas por factores ambientales o perturbaciones, mientras que las especies con una distribución más homogénea (cajas estrechas) pueden estar mejor adaptadas a las condiciones generales del área.

Referencias

Tilman, D. (1996). *Biodiversity: Population versus ecosystem stability*. *Ecology*, 77(2), 350-363.

Anexo

```
library(tidymodels)
library(dplyr)
library(tidyr)
library(rstatix)
library(BiodiversityR)
library(ggplot2)
library(skimr)

data(ifri)
ifri

str(ifri)

skim(ifri)
```

```

frecuencias <- ifri |>
  group_by(forest, species) |> # Agrupar por estado y especie
  summarise(frecuencia = n(), .groups = "drop")
frecuencias

summary(ifri)

#Medición de la diversidad de especies
bosque <- ifri |>
  group_by(plotID) |>
  summarise(rich = specnumber(count),
            shan = diversity(count,
                             index = "shannon"),
            simp = diversity(count,
                             index = "simpson"),
            invsimp = diversity(count,
                                index = "invsimpson"))
bosque

#Curva de acumulación de especies por bosque
ifri <- ifri |>
  rename( "cant" = "count")

bosqueaccum <- ifri |>
  filter(forest == "LOT") |>
  select(plotID, species, cant) |>
  group_by(plotID, species) |>
  summarise(n = sum(cant), .groups = "drop") |>
  ungroup() |>
  select(plotID, species, n) |>
  pivot_wider(id_cols = plotID,
              names_from = species,
              values_from = n,
              values_fill = list(n = 0)) |>
  select(-plotID) |>
  as.matrix()

spacum <- specaccum(comm = bosqueaccum,
                  method="random",
                  permutations=100,
                  gamma="chao.1")

plot(spacum)

# Gráfico de barras para comparar la diversidad entre parcelas
bosque |>
  ggplot(aes(x = plotID, y = shan)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  labs(title = "Índice de Shannon por parcela", x = "Parcela", y = "Índice de

```

```

Shannon") +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1))

# Gráfico de dispersión entre riqueza de especies y el índice de Shannon
plot(bosque$rich, bosque$shan, main = "Riqueza de especies vs. Índice de
Shannon",
      xlab = "Riqueza de especies", ylab = "Índice de Shannon")

#grafico de caja
ifri |>
  ggplot(aes(x = species,
             y = cant)) +
  geom_boxplot() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90))

#Regresion lineal
datosreg <- ifri |>
  filter(forest == "LOT") |>
  select(species, basal)

reglin <- linear_reg() |>
  fit(species ~ basal, data = datosreg)

```