

#Análisis de datos Manuscrito: Ferrufino-Acosta et al. Recurso floral utilizado por el Colibrí Esmeralda Hondureño (*Amazilia luciae*) en el Valle de Agalta, Honduras

#1. Cargar paquetes

```
library(tidyverse)
library(vegan)
library(patchwork)
library(iNEXT)
```

#Datos

```
Flora_sac_dat <- read_csv("Apendice1_Datos_detecciones.csv") #Para rarefaccion-ambos muestreos
Relative_floral_use_HE <- read_csv("Relative_floral_use_HE.csv") #Solo conteos por punto.
Relative_floral_use_HE_busqueda_area <-
read_csv("Relative_floral_use_HE_busqueda_area.csv")
```

#2. Preparar datos por tipo de muestreo para análisis rarefacción

```
Flora_sac_conteos<-Flora_sac_dat%>%
  filter(`Survey type`=="Conteo")%>%
  select(-`Survey type`, - Date, - Month) #Conteos por puntos 22 detecciones
```

```
Flora_sac_busq<-Flora_sac_dat%>%
  filter(`Survey type`=="Busqueda")%>%
  select(-`Survey type`, -Date, - Month) #Detecciones en busquedas de area 181 detecciones
```

Flora_sac_conteos_t<-t(Flora_sac_conteos) #iNext necesita los datos en una matriz de especies X unidad de muestreo

```
Flora_sac_conteos_tlist<-list(Flora_sac_conteos_t)
```

```
Flora_sac_busq_t<-t(Flora_sac_busq)
```

```
Flora_sac_busq_tlist<-list(Flora_sac_busq_t)
```

#3. Análisis de rarefacción

Conteo por punto

```
Flora.conteos.inext<- iNEXT(Flora_sac_conteos_tlist,q=0,datatype = "incidence_raw",
se=TRUE, conf = 0.95,nboot=1000)
names(Flora.conteos.inext$iNextEst) <- "out_conteo"
```

```
Flora.conteos.inext #resumen de riqueza y cobertura
```

Gráficos de riqueza y cobertura para el muestreo de conteo por punto

```
Flora.cont.graph.rich<-ggiNEXT(Flora.conteos.inext, type=1, grey=TRUE)+
  theme_classic()+
  theme(legend.position = "none")+
  ylab(label="Riqueza de especies") +
  xlab(label = "Detecciones de Colibrí Esmeralda Hondureño") +
  ggtitle("Registros de conteos por punto")+
```

```

theme(axis.title= element_text(size=18), axis.text.x=element_text(size=18),
axis.text.y=element_text(size=18), title = element_text(size=20))+annotate("text", x=50,
y=2.5, label="A", fontface=2,size=7)#Grafico de riqueza
A<-Flora.cont.graph.rich+theme(plot.margin = unit(c(20,20,20,20), "pt"))

```

```

Flora.cont.graph.sample.cover<-ggiNEXT(Flora.conteos.inext, type=3, grey=TRUE)+
theme_classic()+
theme(legend.position = "none")+
ylab(label="Riqueza de especies") +
xlab(label = "Cobertura de muestreo") +
ggtitle("Registros de conteos por punto")+
theme(axis.title= element_text(size=18), axis.text.x=element_text(size=18),
axis.text.y=element_text(size=18), title = element_text(size=20))+annotate("text", x=0.99,
y=2.5, label="B", fontface=2,size=7)#Grafico de cobertura

```

```

B<-Flora.cont.graph.sample.cover+theme(plot.margin = unit(c(20,20,20,20), "pt"))

```

Búsqueda de área

```

Flora.busq.inext<- iNEXT(Flora_sac_busq_tlist,q=0,datatype = "incidence_raw",
se=TRUE, conf = 0.95,nboot=1000)
Flora.busq.inext
names(Flora.busq.inext$iNextEst) <- "out_busq"

```

```

Flora.busq.graph.rich<-ggiNEXT(Flora.busq.inext, type=1, grey=TRUE)+
theme_classic()+
theme(legend.position = "none")+
ylab(label="Riqueza de especies") +
xlab(label = "Detecciones de Colibrí Esmeralda Hondureño") +
ggtitle("Registros de búsqueda de área")+
theme(axis.title= element_text(size=18), axis.text.x=element_text(size=18),
axis.text.y=element_text(size=18), title = element_text(size=20))+annotate("text", x=400,
y=3.5, label="C", fontface=2,size=7)#Grafico de riqueza
C<-Flora.busq.graph.rich+theme(plot.margin = unit(c(20,20,20,20), "pt"))

```

```

Flora.busq.graph.sample.cover<-ggiNEXT(Flora.busq.inext, type=3, grey=TRUE)+
theme_classic()+
theme(legend.position = "none")+
ylab(label="Riqueza de especies") +
xlab(label = "Cobertura de muestreo") +
ggtitle("Registros de búsqueda de área")+
theme(axis.title= element_text(size=18), axis.text.x=element_text(size=18),
axis.text.y=element_text(size=18), title = element_text(size=20))+annotate("text", x=0.99,
y=3.5, label="D", fontface=2,size=7)#Grafico de cobertura

```

```

D<-Flora.busq.graph.sample.cover+theme(plot.margin = unit(c(20,20,20,20), "pt"))

```

```

rare<-(A + B)/(C+D)
quartz()
rare

```

```
ggsave("Fig4_CurvaRare_FloraVisitada_v5.tiff", units="in", width=13, height=7, dpi=300,
compression = 'lzw')
```

#4. Visualizacion proporcion de visitas por periodo del año para cada tipo de muestreo

Conteo por punto

Formato de nombres científicos

```
species.names<-c(expression(paste( italic("Bromelia plumieri"))),
  expression(paste( italic("Luehea candida"))),
  expression(paste( italic("Stachytarpheta frantzii"))),
  expression(paste( italic("Mandevilla subsagittata"))),
  expression(paste( italic("Aphelandra scabra"))),
  expression(paste( italic("Aechmea bracteata"))),
  expression(paste( italic("Combretum fruticosum"))),
  expression(paste( italic("Salvia coccinea"))),
  expression(paste( italic("Opuntia hondurensis")))) )
```

Determinar los nombres como un factor

```
Relative_floral_use_HE$Species = as.factor(Relative_floral_use_HE$Species)
```

```
Relative_floral_use_HE$Meses<-factor(Relative_floral_use_HE$Meses,levels=c("marzo-
abril", "junio-julio", "septiembre-diciembre"))
```

Graficar

```
Flora_conteos<-Relative_floral_use_HE%>%
  mutate(Species = fct_relevel(Species,
    "Bromelia plumieri", "Luehea candida", "Stachytarpheta frantzii",
    "Mandevilla subsagittata", "Aphelandra scabra", "Aechmea bracteata", "Combretum
fruticosum", "Salvia coccinea", "Opuntia hondurensis"))%>%
  ggplot(aes( x = Species, y = Relative_count, fill=Meses))+
  geom_bar(stat = "identity", position = "stack")+
  coord_flip()+
  theme_bw()+
  theme_test() +
  scale_fill_manual(values=c("gray", "gray31", "black"))+
  scale_x_discrete(labels=species.names)+
  labs(x="Especies",y="Proporción detecciones conteo por punto")+
  #ggtitle("Registros de Conteo por Punto")+
  theme(legend.position = "bottom",text = element_text(size=20), axis.title.x =
element_text(size=18), title=element_text(size=20))+annotate("text", x=1, y=1, label="A",
fontface=2,size=7)
```

Formato de nombres científicos

```
species.names2<-c(expression(paste( italic("Aphelandra scabra"))),
  expression(paste( italic("Coccoloba acapulcensis"))),
  expression(paste( italic("Inga vera"))),
  expression(paste( italic("Cochlospermum vitifolium"))),
  expression(paste( italic("Pedilanthus tithymaloides"))),
  expression(paste( italic("Ruellia nudiflora"))),
  expression(paste( italic("Stachytarpheta frantzii"))),
  expression(paste( italic("Tillandsia balbisiana"))),
```

```

expression(paste( italic("Ipomoea pauciflora"))),
expression(paste( italic("Salvia purpurea"))),
expression(paste( italic("Bromelia plumieri"))),
expression(paste( italic("Salvia coccinea"))),
expression(paste( italic("Aechmea bracteata"))),
expression(paste( italic("Tillandsia fasciculata"))),
expression(paste( italic("Opuntia hondurensis"))))

```

```

# Determinar los nombres como un factor

```

```

Relative_floral_use_HE_busqueda_area$Species =
as.factor(Relative_floral_use_HE_busqueda_area$Species)

```

```

Relative_floral_use_HE_busqueda_area$Meses<-

```

```

factor(Relative_floral_use_HE_busqueda_area$Meses,levels=c("enero-abril", "mayo-
julio"))

```

```

# Graficar

```

```

Flora_busq<-Relative_floral_use_HE_busqueda_area%>%

```

```

mutate(Species = fct_relevel(Species,

```

```

"Aphelandra scabra", "Coccoloba acapulcensis", "Inga
vera", "Cochlospermum vitifolium", "Pedilanthus tithymaloides", "Ruellia
nudiflora", "Stachytarpheta frantzii", "Tillandsia balbisiana", "Ipomoea pauciflora", "Salvia
purpurea", "Bromelia plumieri", "Salvia coccinea", "Aechmea bracteata", "Tillandsia
fasciculata", "Opuntia hondurensis"))%>%

```

```

ggplot(aes( x = Species, y = Relative_count, fill = Meses))+

```

```

geom_bar(stat = "identity", position = "stack")+

```

```

coord_flip()+

```

```

theme_bw()+

```

```

theme_test() +

```

```

scale_fill_manual(values=c("gray", "gray31"))+

```

```

scale_x_discrete(labels=species.names2)+

```

```

labs(x="Especies",y="Proporción detecciones búsqueda de área")+

```

```

#ggtitle("Registros de Conteo por Punto")+

```

```

theme(legend.position = "bottom",text = element_text(size=20), axis.title.x =
element_text(size=18), title=element_text(size=20))+annotate("text", x=1, y=1, label="B",
fontface=2,size=7)

```

```

quartz()

```

```

Floras_visitadas<-Flora_conteos+Flora_busq

```

```

Floras_visitadas

```