

Análisis reproducible de datos de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos para la determinación de la calidad del agua utilizando índices biológicos

Código R para el cálculo del índice BMWP y ASPT para Panamá

José Ulises Jiménez S. y Kleveer Abilio Espino C.

2021-01-15

Contenido

1. Introducción	3
2. Trabajo de campo	3
3. Identificación de los macroinvertebrados	4
4. Base de datos	5
4.1. Exploración y visualización de los datos	8
5. Distribución de las abundancias por <i>taxa</i>	13
5.1. Órdenes más representativos	17
5.2. Familias más representativas	18
5.3. Distribución de la abundancia por familias de macroinvertebrados	19
5.4. Análisis Gráfico de abundancia por <i>taxa</i>	21
5.5. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por muestreo	25
5.6. Distribución de las abundancias en <i>Trichoptera</i>	29
5.7. Distribución de las abundancias en <i>Coleoptera</i>	30
5.8. Distribución de las abundancias en <i>Diptera</i>	31
5.9. Distribución de las abundancias en <i>Ephemeroptera</i>	32
5.10. Distribución de las abundancias en <i>Megaloptera</i>	33
5.11. Distribución de las abundancias en <i>Hemiptera</i>	34
5.12. Distribución de las abundancias en <i>Plecoptera</i>	35
5.13. Distribución de las abundancias en <i>Odonata</i>	36
6. BMWP para Panamá	37
6.1. Funciones para calcular el BMWP Panamá	37
6.2. Formato para el análisis del BMWP	37
6.3. Tabla con los valores BMWP para Panamá	39
6.4. Cálculo del índice BMWP y ASPT para Panamá	39
6.5. Mostrando la suma del puntaje de BMWP	41
6.6. Gráfica de valores de BMWP con fondo de la clasificación	43
7. Acerca de los autores	45
8. Referencias	46

Lista de tablas

1.	Base de datos de la comunidad de macroinvertebrados	10
2.	Número de individuos por orden taxonómico	18
3.	<i>Ranking</i> 10 de las familias más abundantes	19
4.	Formato para el análisis del BMWP	38
5.	Valores de indicación de calidad biológica para el BMWP Panamá	39
6.	Valores del BMWP	40

Lista de figuras

1.	Ejemplos de macroinvertebrados acuáticos.	4
2.	Interfaz gráfica de usuario del programa <i>RKward</i>	5
3.	Elaboración de la base de datos en <i>RKward</i>	6
4.	Creación de juego de datos ponderados en <i>RKward</i>	6
5.	Ventana emergente donde se establecen los ajustes de la ponderación en <i>RKward</i>	6
6.	Salida de ejecución correcta de la ponderación de datos en <i>RKward</i>	7
7.	Guardar la base de datos en <i>RKward</i>	7
8.	Ventana emergente para establecer los ajuste de la exportación de objetos en <i>RKward</i>	7
9.	Salida de ejecución correcta de la exportación de objetos en <i>RKward</i>	7
10.	Interfaz gráfica de usuario del programa <i>RStudio</i>	8
11.	Base de datos como objetos en el <i>Global Enviroment</i>	9
12.	Objetos de respaldo en el <i>Global Enviroment</i>	9
13.	Distribución de las abundancias por familia de macroinvertebrados acuáticos	20
14.	Acumulación de las abundancias por orden de macroinvertebrados acuáticos	22
15.	Acumulación de las abundancias por familia de macroinvertebrados acuáticos	23
16.	Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden y fecha de muestreo	25
17.	Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden y sitio de muestreo	26
18.	Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden, fecha y sitio de muestreo	27
19.	Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden, sitio y fecha de muestreo	28
20.	Distribución de las abundancias en <i>Trichoptera</i>	29
21.	Distribución de las abundancias en <i>Coleoptera</i>	30
22.	Distribución de las abundancias en <i>Diptera</i>	31
23.	Distribución de las abundancias en <i>Ephemeroptera</i>	32
24.	Distribución de las abundancias en <i>Megaloptera</i>	33
25.	Distribución de las abundancias en <i>Hemiptera</i>	34
26.	Distribución de las abundancias en <i>Plecoptera</i>	35
27.	Distribución de las abundancias en <i>Odonata</i>	36
28.	BMWP-PAN para dos sitios de muestreo	44

1. Introducción

En la actualidad existen diversos índices biológicos para determinar la calidad del agua. Entre los más comunes están los que utilizan medidas de tolerancia/intolerancia, que usan el nivel taxonómico de familia de macroinvertebrados. También, se utilizan los índices de biodiversidad (índice de Shannon–Wiener, índice de Simpson, etc.) que consideran el número de especies y el número de individuos por especie.

El propósito de este trabajo es proporcionar una guía para el análisis reproducible de datos de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos para la determinación de la calidad del agua utilizando índices biológicos. La guía trata principalmente sobre la secuencia detallada del proceso de análisis para la caracterización de la calidad del agua con base en la comunidad de macroinvertebrados acuáticos utilizando código R para la exploración de los datos, el cálculo del índice BMWP (*Biological Monitoring Working Party*) y ASPT (*Average Score per Taxon*) para Panamá.

La puntuación BMWP se obtiene de una sumatoria de los valores de tolerancia de cada una de las familias, que para Panamá van de 0 a 9. Como puede deducirse, el índice BMWP se incrementa cuantas más familias intolerantes haya, aunque pueden darse valores altos del índice cuando se registran muchas familias de puntuación intermedia. La medida ASPT representa el valor medio de tolerancia de la comunidad y se obtiene dividiendo el valor final del índice BMWP por el número de familias que puntúan; por lo que no solo depende de la asignación de valores de tolerancia de los *taxa* sino que incluye la riqueza de familia.

En esta guía mostramos de manera introductoria como es el trabajo para: obtener, preparar, explorar y analizar los datos de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos. Se presentan las funciones de paquetes básicos y especializados, para el análisis estadístico de estos datos.

2. Trabajo de campo

Para tomar muestras de macroinvertebrados los ayudantes de campo y los analistas de muestras biológicas deben tener práctica en el uso de todo el equipo que se utiliza para ello. Esto incluye tanto el equipo de seguridad como el de muestreo.

Un analistas de muestras biológicas es una persona con conocimiento y experiencia en la clasificación e identificación de los taxones de macroinvertebrados y la aplicación de las técnicas de muestreo. Todo trabajador de campo debe estar en buena forma física, porque a veces hay que visitar en lugares remotos y accesibles solamente a pie.

Todas las personas que trabajan en campo deben tomar un curso sobre seguridad, especialmente sobre seguridad en los ríos y en los laboratorios, para que pueda valorar los riesgos en cada sitio. Algunos temas que se tratan en el curso de seguridad son: el uso del chaleco salvavidas, la ropa adecuada para inspeccionar y tomar muestras, las enfermedades transmitidas por el agua, los accidentes y emergencia el laboratorio, los primeros auxilios, el uso del extintor, y el registro de riesgos y peligros potenciales.

La selección del o los sitios de muestreo es sumamente importante. El área del lecho del río debe contener los principales tipos de hábitats que se puedan muestrear en un lapso razonable de tiempo (quizás entre 30 a 45 minutos por punto de muestreo). Para hacer comparaciones, se deben escoger sitios prístinos y otros con posible afectación. También, debe muestrear la comunidad de macroinvertebrados acuáticos en temporada seca y lluviosa, ya que genera cambios en la distribución y composición de este grupo organismos.

El método de recolección de material para la búsqueda de macroinvertebrados que utilizamos se llama *kicking*. Este método consiste en utilizar una red tipo D de 250 μm de luz, la cual se apoya al substrato; entonces con los pies, dando patadas se remueve el fondo, moviéndose espalda contra la corriente, una distancia de 2 m, por cerca de 2 minutos. Esto se hace tres veces, en tres puntos de la misma sección del río. También, se revisa la hojarasca, la vegetación acuática y las piedras, las cuales se lavan sobre tamices para recoger el material. Es importante revisar todos los tipos de substratos presentes, porque de esto depende la precisión de la evaluación de la calidad del agua usando índices biológicos. Los organismos recolectados se colocan en recipientes de vidrio y preservan en alcohol al 70%. Cada recipiente se rotula con la fecha, el sitio, el nombre de los recolectores y el tipo de muestreo.

3. Identificación de los macroinvertebrados

Las muestras se colocan, parte por parte, en una placa de Petri para limpiarlas. Con la ayuda de un estéreo microscopio y agujas de disección se extraen los individuos. Se identifican los organismos utilizando claves taxonómicas de órdenes y familias de macroinvertebrados acuáticos. Entre las claves que usamos están: Pacheco-Chaves (2010), Sermeño-Chicas et al., (2010), Springer (2006), Domínguez y Fernández (2001), Roldán-Pérez (1988). Luego, se agrupan los organismos por familia taxonómica y se cuentan todos los individuos dentro de una familia para cada una de las muestras. También, se toman fotos de los especímenes con el estéreo microscopio. La figura 1 muestra algunos de los especímenes fotografiados e identificados a nivel de familia.

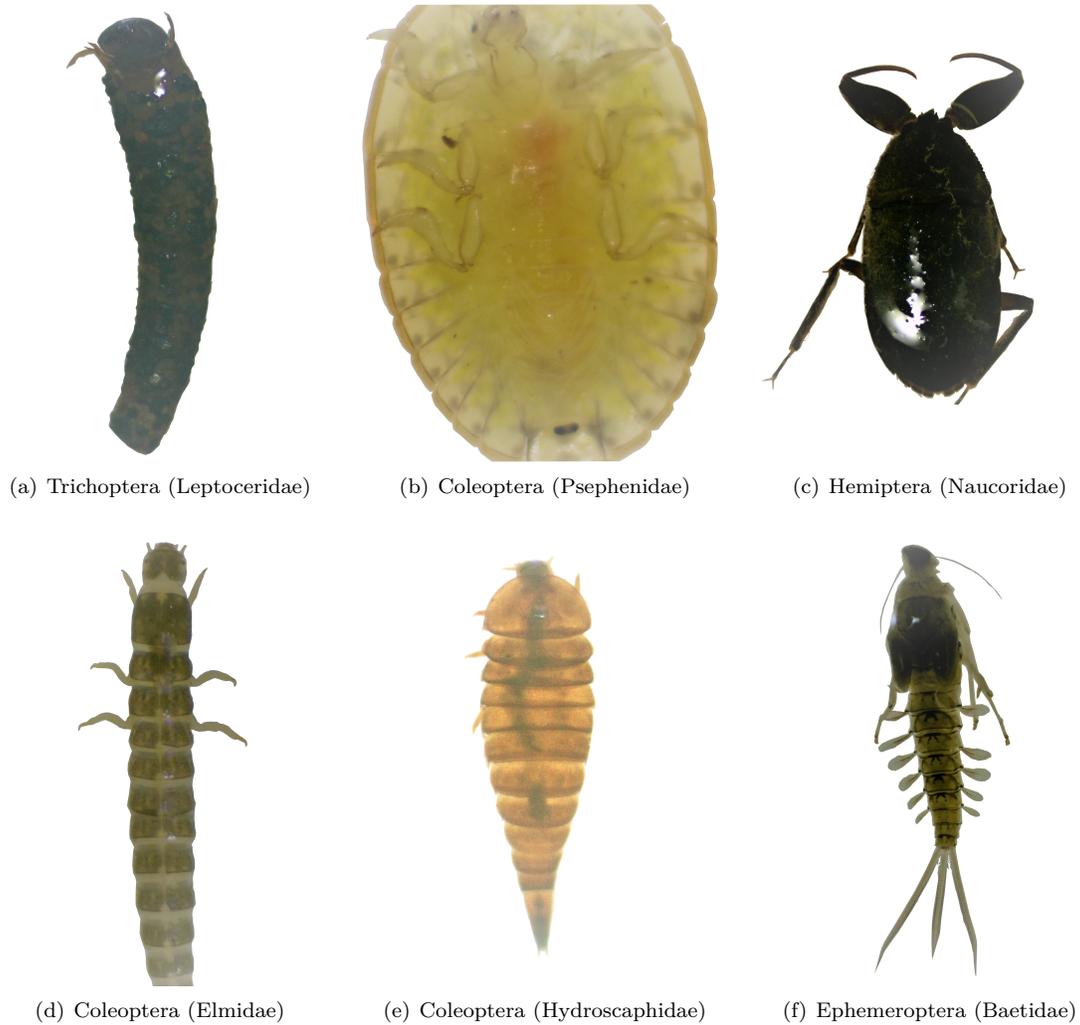


Figura 1. Ejemplos de macroinvertebrados acuáticos.

4. Base de datos

Para el análisis se necesita una base tabulada de datos de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos, que generalmente presentan las variables: sitio, fecha, orden, familia y abundancia. El investigador que identifica los macroinvertebrados, cuenta los individuos por grupo taxonómico de familia para cada muestra y genera una tabla de abundancia. Por facilidad se utiliza *Excel* para digitalizar la base de datos y se guarda generalmente como un archivo de extensión *csv*. En este caso, se utilizó R desde la interfaz del programa *RKward* para crear la base de datos. La figura 2 muestra la interfaz gráfica de usuario del programa *RKward* mientras se introducían las respuestas posible en la variable **Familia**.

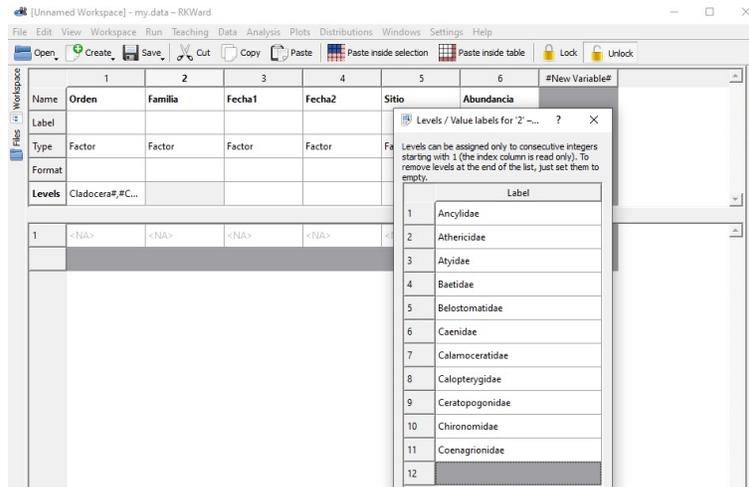


Figura 2. Interfaz gráfica de usuario del programa *RKward*

RKward proporciona funciones útiles para realizar computación estadística con R. Es muy cómodo usarlo para introducir valores en la hoja para crear conjuntos de datos. También, se pueden codificar las respuestas de las variables para introducir los valores más rápidamente. Por último, las bases de datos pueden guardarse como objetos en un archivo *RData*.

La figura 3 muestra la hoja donde se introdujeron los datos. El primer objeto creado fue un `data.frame` que nombramos `macro1.data` (aquí, `.data` no es una extensión sino parte del nombre). Se registraron 134 observaciones donde la variable **Abundancia** indica el número de veces que esta observación se repite. En los `data.frame` cada fila representa una observación y cada columna representa una variable o característica. Los `data.frame` son la estructura de datos clave en las estadísticas y en R.

La figura 4 muestra como se crea de otro juego de datos, los cuales provienen de la ponderación del conjunto de datos en el objeto `macro1.data` con base en la variable **Abundancia**.

La figura 5 muestra la ventana emergente para escoger el conjunto de datos a ponderar (`macro1.data`) y la variable con las frecuencias de ponderación (**Abundancia**). Se hace clic en **Submit** (enviar).

Al final obtenemos dos conjuntos de datos, uno resumido (corto) y el otro ponderado (largo). Ambos tienen la misma información y se pueden hacer todos los análisis con cualquiera de los dos conjuntos de datos (con algunos cambios en los argumentos). La figura 6 muestra el final de la ponderación de datos que termina con la creación del objeto `macro2.data` con 2388 observaciones y sin la variable **Abundancia**.

La figura 7 muestra cuando exportamos y guardamos los objetos `macro1.data` y `macro2.data` como un archivo de `.RData`.

La figura 8 muestra la ventana emergente donde se establecen los ajustes de cuáles objetos va a exportar y en qué ubicación los va a guardar. Se hace clic en **Submit** (enviar).

La figura 9 muestra la salida que indica que se ejecuto correctamente la exportación de los datos a un archivo que llamamos `macro.RData`.

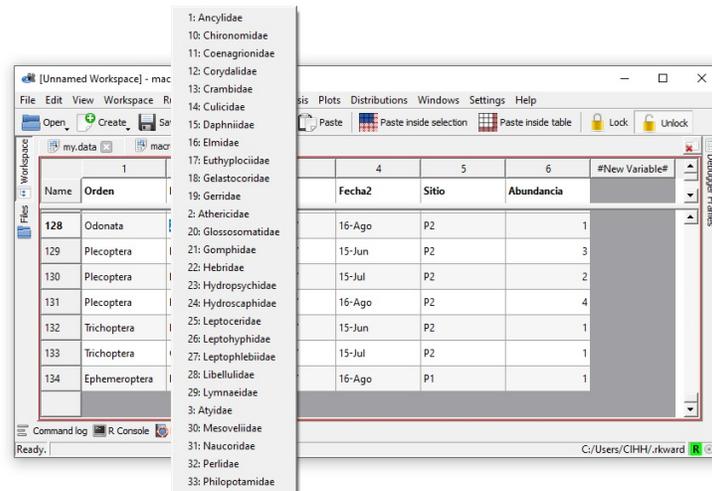


Figura 3. Elaboración de la base de datos en *RKward*

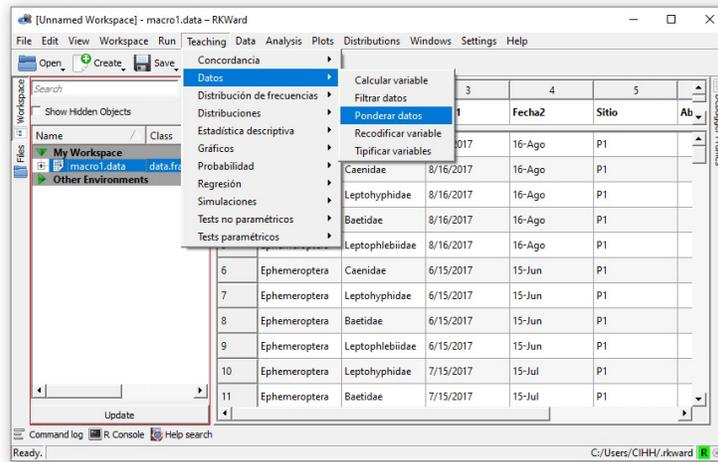


Figura 4. Creación de juego de datos ponderados en *RKward*

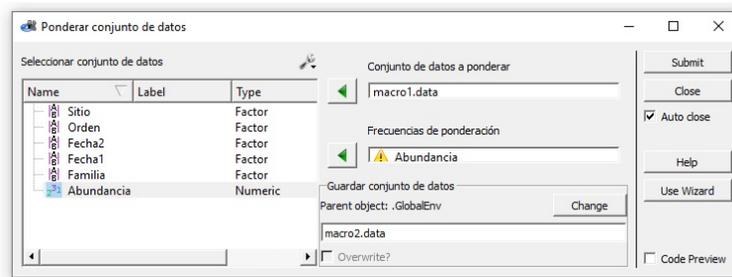


Figura 5. Ventana emergente donde se establecen los ajustes de la ponderación en *RKward*

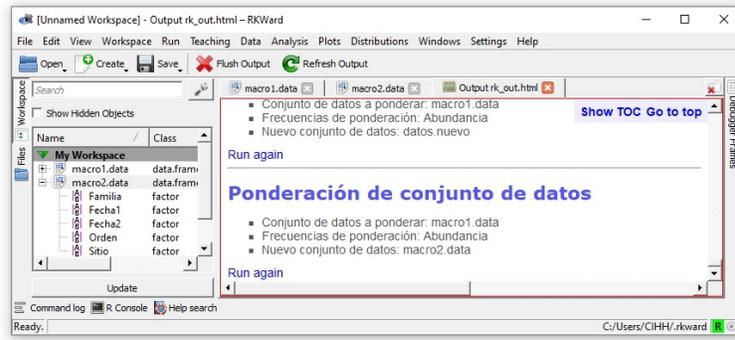


Figura 6. Salida de ejecución correcta de la ponderación de datos en *RKward*

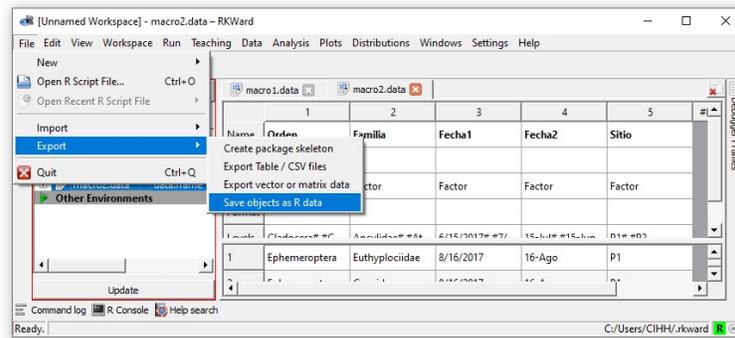


Figura 7. Guardar la base de datos en *RKward*

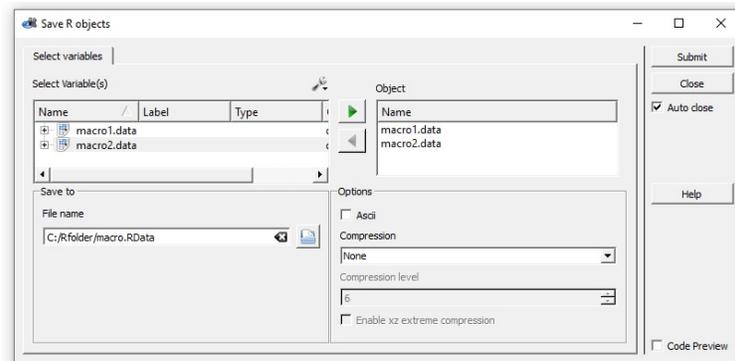


Figura 8. Ventana emergente para establecer los ajuste de la exportación de objetos en *RKward*

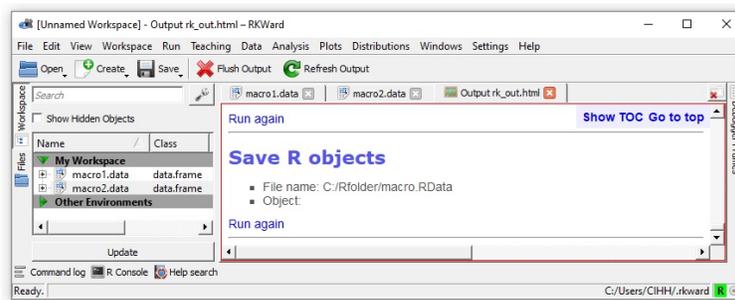


Figura 9. Salida de ejecución correcta de la exportación de objetos en *RKward*

Si la base de datos no es creada por Usted, la primera dificultad que puede encontrar es que le entreguen datos en alguna forma que no estén listos para ser analizados. Algunas veces pueden ser tablas con datos agrupados, tablas de contingencia con variables encabezando tanto las filas, como las columnas, tablas formateadas con fórmulas, tablas separadas y hasta repartidas en varias páginas o archivos, variables con nombres largos de varias palabras y con espacios entre estas, sin codificación o con códigos desconocidos, errores, etcétera. Entonces, la primera tarea antes de pretender analizar los datos será asegurarse de tener una base de datos ordenada, pulcra, completa y única.

4.1. Exploración y visualización de los datos

Para el análisis de los datos utilizaremos el programa RStudio. Abrimos el programa y comenzamos a ejecutar las primeras secuencias de comandos en lenguaje R que fueron escritas, probadas y guardadas en un archivo R script. La guía misma fue escrita usando R Markdown.

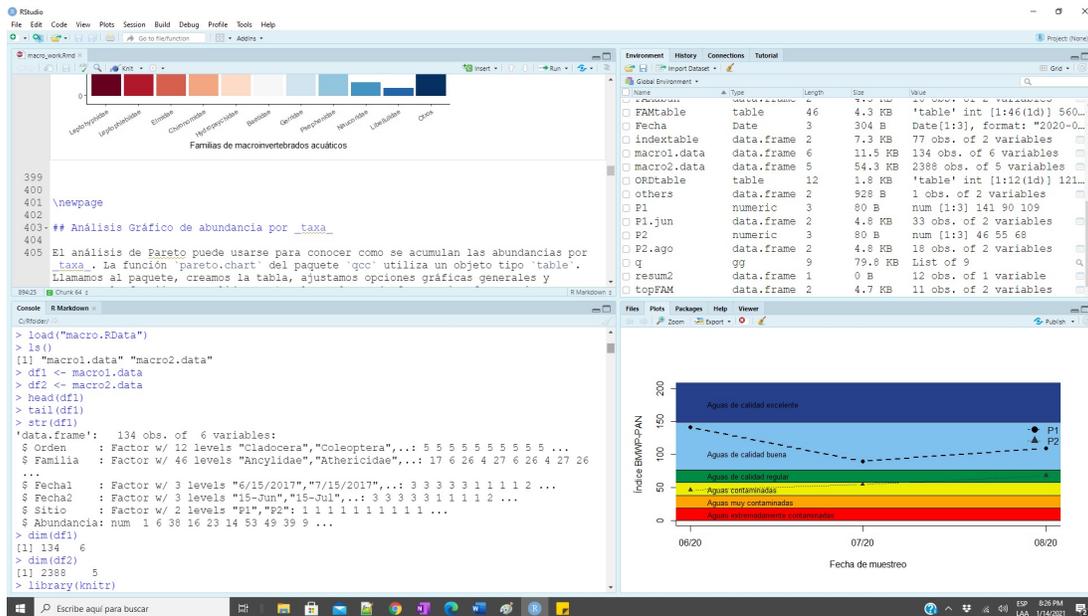


Figura 10. Interfaz gráfica de usuario del programa RStudio

Cuando iniciamos una sesión de tarea de análisis en R es conveniente configurar la carpeta de trabajo (lugar en donde están los archivos que vamos a utilizar y a donde irán las salidas que guardemos) usando la función `setwd` indicando en el argumento `dir` la ruta de la carpeta.

```
setwd(dir = "C:/Rfolder/macroinvertebrado")
```

Podemos revisar si se configuró bien la ruta a la carpeta. La función `getwd` devuelve la ruta de la carpeta de trabajo.

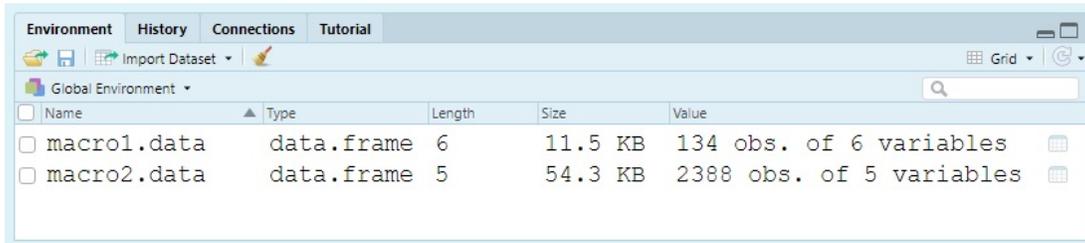
```
getwd()
```

```
## [1] "C:/Rfolder/macroinvertebrado"
```

Como ya se mencionó, la base de datos se creó usando R y se guardó como un archivo `RData`. El archivo con los datos se nombró `macro` y fue guardado en la carpeta de trabajo. Para usar los datos los llamamos usando la función `load`. `macro` que consta de dos objetos: `macro1.data`, el cual presenta las variables `sitio`, `fecha1`, `fecha2`, `orden`, `familia` y `abundancia` e `macro2.data`, el cual se creó ponderando la variable `Abundancia` (tiene todas las variables menos `abundancia`). La `fecha1` y `fecha2` son la misma fecha pero escritas en dos formatos diferentes.

```
load("macro.RData")
```

Aparecen dos objetos tipo dataframe en el Global Environment: macro1.data e macro2.data.



Name	Type	Length	Size	Value
macro1.data	data.frame	6	11.5 KB	134 obs. of 6 variables
macro2.data	data.frame	5	54.3 KB	2388 obs. of 5 variables

Figura 11. Base de datos como objetos en el *Global Environment*

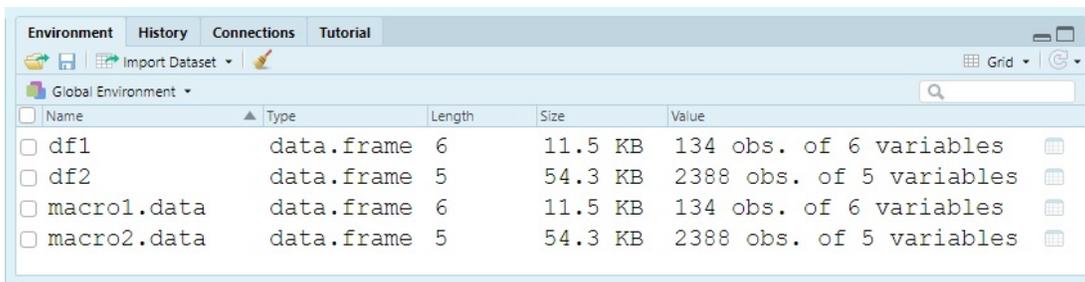
```
ls()
```

```
## [1] "macro1.data" "macro2.data"
```

Se hacen respaldos de los dataframes creando unos nuevos objetos pero con nombres más cortos.

```
df1 <- macro1.data
```

```
df2 <- macro2.data
```



Name	Type	Length	Size	Value
df1	data.frame	6	11.5 KB	134 obs. of 6 variables
df2	data.frame	5	54.3 KB	2388 obs. of 5 variables
macro1.data	data.frame	6	11.5 KB	134 obs. of 6 variables
macro2.data	data.frame	5	54.3 KB	2388 obs. of 5 variables

Figura 12. Objetos de respaldo en el *Global Environment*

Con head observamos las primeras seis observaciones en df1.

```
head(df1)
```

```
##           Orden      Familia  Fecha1 Fecha2 Sitio Abundancia
## 1 Ephemeroptera Euthyplociidae 8/16/2017 16-Ago P1           1
## 2 Ephemeroptera      Caenidae 8/16/2017 16-Ago P1           6
## 3 Ephemeroptera Leptohiphidae 8/16/2017 16-Ago P1          38
## 4 Ephemeroptera      Baetidae 8/16/2017 16-Ago P1          16
## 5 Ephemeroptera Leptophlebiidae 8/16/2017 16-Ago P1          23
## 6 Ephemeroptera      Caenidae 6/15/2017 15-Jun P1          14
```

Con tail observamos las últimas seis observaciones en df1.

```
tail(df1)
```

```
##           Orden      Familia  Fecha1 Fecha2 Sitio Abundancia
## 129 Plecoptera      Perlidae 6/15/2017 15-Jun P2            3
## 130 Plecoptera      Perlidae 7/15/2017 15-Jul P2            2
## 131 Plecoptera      Perlidae 8/16/2017 16-Ago P2            4
## 132 Trichoptera  Hydropsychidae 6/15/2017 15-Jun P2            1
## 133 Trichoptera Calamoceratidae 7/15/2017 15-Jul P2            1
## 134 Ephemeroptera Euthyplociidae 8/16/2017 16-Ago P1            1
```

Se ven los datos completos en `df1` y `df2` con:

```
View(df1)
```

```
View(df2)
```

La función `str` es útil para conocer la estructura de la base de datos.

```
str(df1)
```

```
## 'data.frame': 134 obs. of 6 variables:
## $ Orden : Factor w/ 12 levels "Cladocera","Coleoptera",...: 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 ...
## $ Familia : Factor w/ 46 levels "Ancyliidae","Athericidae",...: 17 6 26 4 27 6 26 4 27 26 ...
## $ Fecha1 : Factor w/ 3 levels "6/15/2017","7/15/2017",...: 3 3 3 3 3 1 1 1 1 2 ...
## $ Fecha2 : Factor w/ 3 levels "15-Jun","15-Jul",...: 3 3 3 3 1 1 1 1 1 2 ...
## $ Sitio : Factor w/ 2 levels "P1","P2": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
## $ Abundancia: num 1 6 38 16 23 14 53 49 39 9 ...
```

La salida muestra que tipo de objeto es `df1` con su dimensión (número de observaciones y variables). Los nombres de las variables están precedidas por el símbolo de dólar \$, se muestra de que tipo son y los primeros valores.

A continuación, se presenta la base de datos que tiene la forma de datos tabulados con los nombres de las variables encabezando las columnas. Cada fila representa una observación.

Para conocer la dimensión de los juegos de datos usamos la función `dim`.

```
dim(df1)
```

```
## [1] 134 6
```

```
dim(df2)
```

```
## [1] 2388 5
```

```
library(knitr)
```

```
kable(df1, caption = "Base de datos de la comunidad de macroinvertebrados")
```

Tabla 1. Base de datos de la comunidad de macroinvertebrados

Orden	Familia	Fecha1	Fecha2	Sitio	Abundancia
Ephemeroptera	Euthyplociidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Ephemeroptera	Caenidae	8/16/2017	16-Ago	P1	6
Ephemeroptera	Leptohyphidae	8/16/2017	16-Ago	P1	38
Ephemeroptera	Baetidae	8/16/2017	16-Ago	P1	16
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	8/16/2017	16-Ago	P1	23
Ephemeroptera	Caenidae	6/15/2017	15-Jun	P1	14
Ephemeroptera	Leptohyphidae	6/15/2017	15-Jun	P1	53
Ephemeroptera	Baetidae	6/15/2017	15-Jun	P1	49
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	6/15/2017	15-Jun	P1	39
Ephemeroptera	Leptohyphidae	7/15/2017	15-Jul	P1	9
Ephemeroptera	Baetidae	7/15/2017	15-Jul	P1	10
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	7/15/2017	15-Jul	P1	19
Cladocera	Daphniidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Trichoptera	Hydropsychidae	8/16/2017	16-Ago	P1	18
Trichoptera	Philopotamidae	8/16/2017	16-Ago	P1	4
Trichoptera	Leptoceridae	8/16/2017	16-Ago	P1	2
Trichoptera	Glossosomatidae	8/16/2017	16-Ago	P1	8
Trichoptera	Leptoceridae	8/16/2017	16-Ago	P1	4
Trichoptera	Hydropsychidae	6/15/2017	15-Jun	P1	88

Orden	Familia	Fecha1	Fecha2	Sitio	Abundancia
Trichoptera	Philopotamidae	6/15/2017	15-Jun	P1	9
Trichoptera	Xiphocentronidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Trichoptera	Leptoceridae	6/15/2017	15-Jun	P1	7
Trichoptera	Hydropsychidae	7/15/2017	15-Jul	P1	4
Trichoptera	Philopotamidae	7/15/2017	15-Jul	P1	2
Trichoptera	Leptoceridae	7/15/2017	15-Jul	P1	2
Trichoptera	Glossosomatidae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Odonata	Calopterygidae	8/16/2017	16-Ago	P1	6
Odonata	Coenagrionidae	8/16/2017	16-Ago	P1	11
Odonata	Gomphidae	8/16/2017	16-Ago	P1	4
Odonata	Calopterygidae	6/15/2017	15-Jun	P1	3
Odonata	Platystictidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Odonata	Coenagrionidae	6/15/2017	15-Jun	P1	2
Odonata	Libellulidae	6/15/2017	15-Jun	P1	20
Odonata	Calopterygidae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Odonata	Gomphidae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Odonata	Libellulidae	7/15/2017	15-Jul	P1	2
Hemiptera	Naucoridae	8/16/2017	16-Ago	P1	13
Hemiptera	Veliidae	8/16/2017	16-Ago	P1	3
Hemiptera	Naucoridae	6/15/2017	15-Jun	P1	14
Hemiptera	Belostomatidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Hemiptera	Veliidae	6/15/2017	15-Jun	P1	7
Hemiptera	Hebridae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Hemiptera	Mesoveliidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Hemiptera	Naucoridae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Coleoptera	Psephenidae	8/16/2017	16-Ago	P1	12
Coleoptera	Elmidae	8/16/2017	16-Ago	P1	21
Coleoptera	Ptilodactylidae	8/16/2017	16-Ago	P1	8
Coleoptera	Hydroscaphidae	8/16/2017	16-Ago	P1	2
Coleoptera	Psephenidae	6/15/2017	15-Jun	P1	18
Coleoptera	Elmidae	6/15/2017	15-Jun	P1	319
Coleoptera	Ptilodactylidae	6/15/2017	15-Jun	P1	9
Coleoptera	Hydroscaphidae	6/15/2017	15-Jun	P1	6
Coleoptera	Psephenidae	7/15/2017	15-Jul	P1	3
Coleoptera	Elmidae	7/15/2017	15-Jul	P1	18
Coleoptera	Staphylinidae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Diptera	Athericidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Diptera	Tipulidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Diptera	Stratiomyidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Diptera	Tabanidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Diptera	Ceratopogonidae	8/16/2017	16-Ago	P1	2
Diptera	Chironomidae	8/16/2017	16-Ago	P1	57
Diptera	Tipulidae	6/15/2017	15-Jun	P1	3
Diptera	Tabanidae	6/15/2017	15-Jun	P1	3
Diptera	Simuliidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Diptera	Ceratopogonidae	6/15/2017	15-Jun	P1	10
Diptera	Chironomidae	6/15/2017	15-Jun	P1	58
Diptera	Ceratopogonidae	7/15/2017	15-Jul	P1	1
Diptera	Chironomidae	7/15/2017	15-Jul	P1	4
Megaloptera	Corydalidae	8/16/2017	16-Ago	P1	3
Megaloptera	Corydalidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Megaloptera	Sialidae	6/15/2017	15-Jun	P1	2

Orden	Familia	Fecha1	Fecha2	Sitio	Abundancia
Megaloptera	Corydalidae	7/15/2017	15-Jul	P1	10
Plecoptera	Perlidae	6/15/2017	15-Jun	P1	3
Plecoptera	Perlidae	7/15/2017	15-Jul	P1	2
Lepidoptera	Crambidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1
Lepidoptera	Crambidae	6/15/2017	15-Jun	P1	10
Lepidoptera	Crambidae	7/15/2017	15-Jul	P1	4
Gasteropoda	Thiaridae	8/16/2017	16-Ago	P1	8
Gasteropoda	Thiaridae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Gasteropoda	Lymnaeidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Gasteropoda	Thiaridae	7/15/2017	15-Jul	P1	12
Gasteropoda	Ancylidae	7/15/2017	15-Jul	P1	7
Decapoda	Atyidae	8/16/2017	16-Ago	P1	3
Decapoda	Atyidae	6/15/2017	15-Jun	P1	1
Decapoda	Atyidae	7/15/2017	15-Jul	P1	2
Coleoptera	Elmidae	6/15/2017	15-Jun	P2	25
Coleoptera	Psephenidae	6/15/2017	15-Jun	P2	31
Coleoptera	Elmidae	7/15/2017	15-Jul	P2	7
Coleoptera	Psephenidae	7/15/2017	15-Jul	P2	1
Coleoptera	Elmidae	8/16/2017	16-Ago	P2	24
Coleoptera	Psephenidae	8/16/2017	16-Ago	P2	2
Coleoptera	Ptilodactylidae	8/16/2017	16-Ago	P2	2
Diptera	Chironomidae	6/15/2017	15-Jun	P2	15
Diptera	Simuliidae	6/15/2017	15-Jun	P2	4
Diptera	Chironomidae	7/15/2017	15-Jul	P2	11
Diptera	Culicidae	7/15/2017	15-Jul	P2	2
Diptera	Simuliidae	7/15/2017	15-Jul	P2	1
Diptera	Chironomidae	8/16/2017	16-Ago	P2	26
Diptera	Tipulidae	8/16/2017	16-Ago	P2	1
Ephemeroptera	Baetidae	6/15/2017	15-Jun	P2	7
Ephemeroptera	Leptohyphidae	6/15/2017	15-Jun	P2	239
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	6/15/2017	15-Jun	P2	269
Ephemeroptera	Baetidae	7/15/2017	15-Jul	P2	13
Ephemeroptera	Leptohyphidae	7/15/2017	15-Jul	P2	99
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	7/15/2017	15-Jul	P2	110
Ephemeroptera	Baetidae	8/16/2017	16-Ago	P2	6
Ephemeroptera	Leptohyphidae	8/16/2017	16-Ago	P2	122
Ephemeroptera	Leptophlebiidae	8/16/2017	16-Ago	P2	73
Hemiptera	Gerridae	6/15/2017	15-Jun	P2	8
Hemiptera	Naucoridae	6/15/2017	15-Jun	P2	4
Hemiptera	Gelastocoridae	7/15/2017	15-Jul	P2	1
Hemiptera	Gerridae	7/15/2017	15-Jul	P2	35
Hemiptera	Naucoridae	7/15/2017	15-Jul	P2	5
Hemiptera	Belostomatidae	8/16/2017	16-Ago	P2	1
Hemiptera	Gerridae	8/16/2017	16-Ago	P2	35
Hemiptera	Mesoveliidae	8/16/2017	16-Ago	P2	2
Hemiptera	Naucoridae	8/16/2017	16-Ago	P2	5
Hemiptera	Veliidae	8/16/2017	16-Ago	P2	10
Megaloptera	Corydalidae	6/15/2017	15-Jun	P2	5
Megaloptera	Corydalidae	8/16/2017	16-Ago	P2	1
Odonata	Gomphidae	6/15/2017	15-Jun	P2	1
Odonata	Calopterygidae	7/15/2017	15-Jul	P2	2
Odonata	Gomphidae	7/15/2017	15-Jul	P2	2

Orden	Familia	Fecha1	Fecha2	Sitio	Abundancia
Odonata	Protoneuridae	7/15/2017	15-Jul	P2	6
Odonata	Calopterygidae	8/16/2017	16-Ago	P2	8
Odonata	Coenagrionidae	8/16/2017	16-Ago	P2	1
Odonata	Coenagrionidae	8/16/2017	16-Ago	P2	2
Odonata	Libellulidae	8/16/2017	16-Ago	P2	1
Plecoptera	Perlidae	6/15/2017	15-Jun	P2	3
Plecoptera	Perlidae	7/15/2017	15-Jul	P2	2
Plecoptera	Perlidae	8/16/2017	16-Ago	P2	4
Trichoptera	Hydropsychidae	6/15/2017	15-Jun	P2	1
Trichoptera	Calamoceratidae	7/15/2017	15-Jul	P2	1
Ephemeroptera	Euthyplociidae	8/16/2017	16-Ago	P1	1

Con la función `names` podemos obtener los nombres de las variables, que para `df2` son:

```
names(df2)
```

```
## [1] "Orden" "Familia" "Fecha1" "Fecha2" "Sitio"
```

Para obtener los nombres de los órdenes y las familias como una cadena de caracteres usamos la función `word`.

```
library(stringr)
```

```
word(unique(df1$Orden))
```

```
## [1] "Ephemeroptera" "Cladocera" "Trichoptera" "Odonata"
## [5] "Hemiptera" "Coleoptera" "Diptera" "Megaloptera"
## [9] "Plecoptera" "Lepidoptera" "Gasteropoda" "Decapoda"
```

```
word(unique(df1$Familia))
```

```
## [1] "Euthyplociidae" "Caenidae" "Leptohephyphidae" "Baetidae"
## [5] "Leptophlebiidae" "Daphniidae" "Hydropsychidae" "Philopotamidae"
## [9] "Leptoceridae" "Glossosomatidae" "Xiphocentronidae" "Calopterygidae"
## [13] "Coenagrionidae" "Gomphidae" "Platystictidae" "Libellulidae"
## [17] "Naucoridae" "Veliidae" "Belostomatidae" "Hebridae"
## [21] "Mesoveliidae" "Psephenidae" "Elmidae" "Ptilodactylidae"
## [25] "Hydroscaphidae" "Staphylinidae" "Athericidae" "Tipulidae"
## [29] "Stratiomyidae" "Tabanidae" "Ceratopogonidae" "Chironomidae"
## [33] "Simuliidae" "Corydalidae" "Sialidae" "Perlidae"
## [37] "Crambidae" "Thiaridae" "Lymnaeidae" "Ancylidae"
## [41] "Atyidae" "Culicidae" "Gerridae" "Gelastocoridae"
## [45] "Protoneuridae" "Calamoceratidae"
```

5. Distribución de las abundancias por *taxa*

Con la función `unique` obtenemos los nombres únicos para orden y familia en `df2`:

```
unique(df2$Orden)
```

```
## [1] Ephemeroptera Cladocera Trichoptera Odonata Hemiptera
## [6] Coleoptera Diptera Megaloptera Plecoptera Lepidoptera
## [11] Gasteropoda Decapoda
## 12 Levels: Cladocera Coleoptera Decapoda Diptera Ephemeroptera ... Trichoptera
```

Encontramos 12 respuestas en la variable Orden.

```
unique(df2$Familia)
```

```
## [1] Euthyplociidae Caenidae Leptohyphidae Baetidae
## [5] Leptophlebiidae Daphniidae Hydropsychidae Philopotamidae
## [9] Leptoceridae Glossosomatidae Xiphocentronidae Calopterygidae
## [13] Coenagrionidae Gomphidae Platystictidae Libellulidae
## [17] Naucoridae Veliidae Belostomatidae Hebridae
## [21] Mesoveliidae Psephenidae Elmidae Ptilodactylidae
## [25] Hydrosaphidae Staphylinidae Athericidae Tipulidae
## [29] Stratiomyidae Tabanidae Ceratopogonidae Chironomidae
## [33] Simuliidae Corydalidae Sialidae Perlidae
## [37] Crambidae Thiaridae Lymnaeidae Ancylidae
## [41] Atyidae Culicidae Gerridae Gelastocoridae
## [45] Protoneuridae Calamoceratidae
## 46 Levels: Ancylidae Athericidae Atyidae Baetidae Belostomatidae ... Xiphocentronidae
```

Encontramos 46 respuestas en la variable Familia.

Con la función `summary` podemos conocer las respuestas por variables y su cantidad para `df2`:

```
summary(df2, maxsum=12)
```

##	Orden	Familia	Fecha1	Fecha2	Sitio
##	Cladocera : 1	Leptohyphidae :560	6/15/2017:1368	15-Jul: 414	P1:1152
##	Coleoptera : 509	Leptophlebiidae:533	7/15/2017: 414	15-Jun:1368	P2:1236
##	Decapoda : 6	Elmidae :414	8/16/2017: 606	16-Ago: 606	
##	Diptera : 203	Chironomidae :171			
##	Ephemeroptera:1216	Hydropsychidae :111			
##	Gasteropoda : 29	Baetidae :101			
##	Hemiptera : 147	Gerridae : 78			
##	Lepidoptera : 15	Psephenidae : 67			
##	Megaloptera : 22	Naucoridae : 42			
##	Odonata : 74	Libellulidae : 23			
##	Plecoptera : 14	Thiaridae : 21			
##	Trichoptera : 152	(Other) :267			

También, podemos usar la función `table` para hacer tablas de contingencia (se emplean para registrar y analizar la asociación entre dos o más variables, habitualmente de naturaleza cualitativa). Por ejemplo con dos variables: familia contra sitio.

```
table(df2$Familia,df2$Sitio)
```

```
##
##          P1  P2
##  Ancyliidae    7  0
##  Athericidae    1  0
##  Atyidae       6  0
##  Baetidae     75 26
##  Belostomatidae  1  1
##  Caenidae     20  0
##  Calamoceratidae  0  1
##  Calopterygidae 10 10
##  Ceratopogonidae 13  0
##  Chironomidae  119 52
##  Coenagrionidae  13  3
##  Corydalidae   14  6
##  Crambidae     15  0
##  Culicidae     0  2
##  Daphniidae    1  0
##  Elmidae      358 56
##  Euthyplociidae  2  0
##  Gelastocoridae  0  1
##  Gerridae      0 78
##  Glossosomatidae  9  0
##  Gomphidae     5  3
##  Hebridae      1  0
##  Hydropsychidae 110  1
##  Hydroscaphidae  8  0
##  Leptoceridae  15  0
##  Leptohiphidae 100 460
##  Leptophlebiidae 81 452
##  Libellulidae  22  1
##  Lymnaeidae    1  0
##  Mesoveliidae  1  2
##  Naucoridae   28 14
##  Perlidae      5  9
##  Philopotamidae 15  0
##  Platystictidae  1  0
##  Protoneuridae  0  6
##  Psephenidae   33 34
##  Ptilodactylidae 17  2
##  Sialidae      2  0
##  Simuliidae    1  5
##  Staphylinidae  1  0
##  Stratiomyidae  1  0
##  Tabanidae     4  0
##  Thiaridae     21  0
##  Tipulidae     4  1
##  Veliidae     10 10
##  Xiphocentronidae 1  0
```

Con tres variables: familia contra sitio y fecha.

fable(df2\$Familia, df2\$Sitio, df2\$Fecha1)

##		6/15/2017	7/15/2017	8/16/2017	
##					
##	Ancylidae	P1	0	7	0
##		P2	0	0	0
##	Athericidae	P1	0	0	1
##		P2	0	0	0
##	Atyidae	P1	1	2	3
##		P2	0	0	0
##	Baetidae	P1	49	10	16
##		P2	7	13	6
##	Belostomatidae	P1	1	0	0
##		P2	0	0	1
##	Caenidae	P1	14	0	6
##		P2	0	0	0
##	Calamoceratidae	P1	0	0	0
##		P2	0	1	0
##	Calopterygidae	P1	3	1	6
##		P2	0	2	8
##	Ceratopogonidae	P1	10	1	2
##		P2	0	0	0
##	Chironomidae	P1	58	4	57
##		P2	15	11	26
##	Coenagrionidae	P1	2	0	11
##		P2	0	0	3
##	Corydalidae	P1	1	10	3
##		P2	5	0	1
##	Crambidae	P1	10	4	1
##		P2	0	0	0
##	Culicidae	P1	0	0	0
##		P2	0	2	0
##	Daphniidae	P1	0	0	1
##		P2	0	0	0
##	Elmidae	P1	319	18	21
##		P2	25	7	24
##	Euthyplociidae	P1	0	0	2
##		P2	0	0	0
##	Gelastocoridae	P1	0	0	0
##		P2	0	1	0
##	Gerridae	P1	0	0	0
##		P2	8	35	35
##	Glossosomatidae	P1	0	1	8
##		P2	0	0	0
##	Gomphidae	P1	0	1	4
##		P2	1	2	0
##	Hebridae	P1	1	0	0
##		P2	0	0	0
##	Hydropsychidae	P1	88	4	18
##		P2	1	0	0
##	Hydroscaphidae	P1	6	0	2
##		P2	0	0	0
##	Leptoceridae	P1	7	2	6

##	P2	0	0	0
## Leptohyphidae	P1	53	9	38
##	P2	239	99	122
## Leptophlebiidae	P1	39	19	23
##	P2	269	110	73
## Libellulidae	P1	20	2	0
##	P2	0	0	1
## Lymnaeidae	P1	1	0	0
##	P2	0	0	0
## Mesoveliidae	P1	1	0	0
##	P2	0	0	2
## Naucoridae	P1	14	1	13
##	P2	4	5	5
## Perlidae	P1	3	2	0
##	P2	3	2	4
## Philopotamidae	P1	9	2	4
##	P2	0	0	0
## Platystictidae	P1	1	0	0
##	P2	0	0	0
## Protoneuridae	P1	0	0	0
##	P2	0	6	0
## Psephenidae	P1	18	3	12
##	P2	31	1	2
## Ptilodactylidae	P1	9	0	8
##	P2	0	0	2
## Sialidae	P1	2	0	0
##	P2	0	0	0
## Simuliidae	P1	1	0	0
##	P2	4	1	0
## Staphylinidae	P1	0	1	0
##	P2	0	0	0
## Stratiomyidae	P1	0	0	1
##	P2	0	0	0
## Tabanidae	P1	3	0	1
##	P2	0	0	0
## Thiaridae	P1	1	12	8
##	P2	0	0	0
## Tipulidae	P1	3	0	1
##	P2	0	0	1
## Veliidae	P1	7	0	3
##	P2	0	0	10
## Xiphocentronidae	P1	1	0	0
##	P2	0	0	0

5.1. Órdenes más representativos

```

resum2 <- as.data.frame(sort(summary(df2$Orden,maxsum=12),
  decreasing = TRUE))
colnames(resum2) <- "Abundancia por orden"
kable(resum2, caption="Número de individuos por orden taxonómico")

```

Tabla 2. Número de individuos por orden taxonómico

Abundancia por orden	
Ephemeroptera	1216
Coleoptera	509
Diptera	203
Trichoptera	152
Hemiptera	147
Odonata	74
Gasteropoda	29
Megaloptera	22
Lepidoptera	15
Plecoptera	14
Decapoda	6
Cladocera	1

5.2. Familias más representativas

```
sort(summary(df2$Familia,maxsum=50),decreasing = TRUE)
```

```
##      Leptohiphidae  Leptophlebiidae      Elmidae      Chironomidae
##              560              533              414              171
##      Hydropsychidae      Baetidae      Gerridae      Psephenidae
##              111              101              78              67
##      Naucoridae      Libellulidae      Thiaridae      Caenidae
##              42              23              21              20
##      Calopterygidae      Corydalidae      Veliidae      Ptilodactylidae
##              20              20              20              19
##      Coenagrionidae      Crambidae      Leptoceridae      Philopotamidae
##              16              15              15              15
##      Perlidae      Ceratopogonidae      Glossosomatidae      Gomphidae
##              14              13              9              8
##      Hydroscaphidae      Ancylidae      Atyidae      Protoneuridae
##              8              7              6              6
##      Simuliidae      Tipulidae      Tabanidae      Mesoveliidae
##              6              5              4              3
##      Belostomatidae      Culicidae      Euthyplociidae      Sialidae
##              2              2              2              2
##      Athericidae      Calamoceratidae      Daphniidae      Gelastocoridae
##              1              1              1              1
##      Hebridae      Lymnaeidae      Platystictidae      Staphylinidae
##              1              1              1              1
##      Stratiomyidae      Xiphocentronidae
##              1              1
```

5.3. Distribución de la abundancia por familias de macroinvertebrados

Para hacer un análisis de *ranking* de las 10 familias con más abundancia usamos el siguiente código:

```
sort(summary(df2$Familia,maxsum=11),decreasing = TRUE)
```

```
## Leptoxyphidae Leptophlebiidae Elmidae (Other) Chironomidae
##          560          533          414          288          171
## Hydropsychidae Baetidae Gerridae Psephenidae Naucoridae
##          111          101          78          67          42
## Libellulidae
##          23
```

Ahora, creamos un objeto tipo `data.frame` con las 10 primeras filas de la tabla resumen del conteo de las respuestas en la variable familia ordenada de mayor a menor. A este objeto lo llamamos `FAMabun`. Luego, renombramos las columnas. Seguido, creamos otro objeto tipo `data.frame` de una línea con el valor de la suma de la abundancia de las 36 familias restantes, en este caso 288. Por último se combinan los objetos `FAMabun` y `others` en un objeto llamado `topFAM`.

```
FAMabun <- data.frame(sort(table(df2$Familia), decreasing = T))[1:10, ]
colnames(FAMabun) <- c("Familia", "Abundancia")
others <- data.frame(Familia="Otros", Abundancia=288)
topFAM <- rbind(FAMabun, others)
```

```
kable(topFAM, caption="_Ranking_ 10 de las familias más abundantes")
```

Tabla 3. *Ranking* 10 de las familias más abundantes

Familia	Abundancia
Leptoxyphidae	560
Leptophlebiidae	533
Elmidae	414
Chironomidae	171
Hydropsychidae	111
Baetidae	101
Gerridae	78
Psephenidae	67
Naucoridae	42
Libellulidae	23
Otros	288

Para ver esto en forma gráfica tenemos la siguiente secuencia de códigos R.

```
par(oma=c(3,1,1,1))
library(ggplot2)
q <- ggplot(topFAM) +
  aes(x = Familia, fill = Familia, colour = Familia, weight = Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "RdBu") +
  scale_color_brewer(palette = "RdBu") +
  labs(x = "Familias de macroinvertebrados acuáticos",
  y = "Abundancia",
  ylab = "Abundancia absoluta") +
  theme_classic() + theme(legend.position='none') +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 30, hjust = 1))
```

q

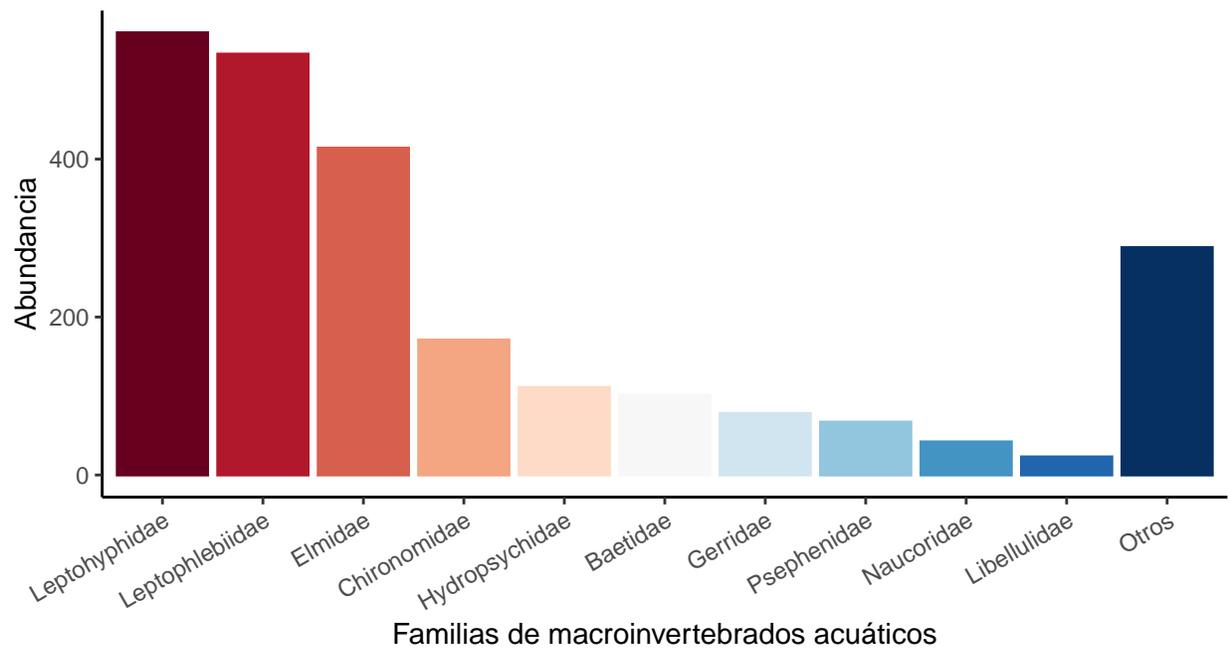


Figura 13. Distribución de las abundancias por familia de macroinvertebrados acuáticos

5.4. Análisis Gráfico de abundancia por *taxa*

El análisis de Pareto puede usarse para conocer como se acumulan las abundancias por *taxa*. La función `pareto.chart` del paquete `qcc` utiliza un objeto tipo `table`. Llamamos al paquete, creamos la tabla, ajustamos opciones gráficas generales y corremos la función. La salida muestra los valores de frecuencia, frecuencia acumulada, porcentaje y porcentaje acumulado por *taxa* y la gráfica de Pareto.

5.4.1. Análisis de Pareto para los órdenes

```
library(qcc)

## Package 'qcc' version 2.7
## Type 'citation("qcc")' for citing this R package in publications.
ORDtable <- sort(table(df2$Orden), decreasing = T)
par(oma=c(0.5,1,1,1), pty = "s")
qcc.options(bg.margin="white")
pareto.chart(ORDtable, cumperc = seq(0, 100, by = 20),
  ylab = "Abundancia",ylab2="Porcentaje acumulado",
  main = " ", ylim = c(0,2500), font.axis=3)

##
## Pareto chart analysis for ORDtable
##           Frequency    Cum.Freq.  Percentage Cum.Percent.
## Ephemeroptera 1.216000e+03 1.216000e+03 5.092127e+01 5.092127e+01
## Coleoptera    5.090000e+02 1.725000e+03 2.131491e+01 7.223618e+01
## Diptera       2.030000e+02 1.928000e+03 8.500838e+00 8.073702e+01
## Trichoptera   1.520000e+02 2.080000e+03 6.365159e+00 8.710218e+01
## Hemiptera     1.470000e+02 2.227000e+03 6.155779e+00 9.325796e+01
## Odonata       7.400000e+01 2.301000e+03 3.098827e+00 9.635678e+01
## Gasteropoda   2.900000e+01 2.330000e+03 1.214405e+00 9.757119e+01
## Megaloptera   2.200000e+01 2.352000e+03 9.212730e-01 9.849246e+01
## Lepidoptera   1.500000e+01 2.367000e+03 6.281407e-01 9.912060e+01
## Plecoptera    1.400000e+01 2.381000e+03 5.862647e-01 9.970687e+01
## Decapoda      6.000000e+00 2.387000e+03 2.512563e-01 9.995812e+01
## Cladocera     1.000000e+00 2.388000e+03 4.187605e-02 1.000000e+02
```

5.4.2. Análisis de Pareto para las familias

```
FAMtable <- sort(table(df2$Familia), decreasing = T)
par(oma=c(0.5,1,1,1))
qcc.options(bg.margin="white", cex=0.8)
pareto.chart(FAMtable, cumperc = seq(0, 100, by = 20),
  ylab = "Abundancia",ylab2="Porcentaje acumulado",
  main = " ", ylim = c(0,2500), font.axis=3)

##
## Pareto chart analysis for FAMtable
##           Frequency    Cum.Freq.  Percentage Cum.Percent.
## Leptohiphidae 5.600000e+02 5.600000e+02 2.345059e+01 2.345059e+01
## Leptophlebiidae 5.330000e+02 1.093000e+03 2.231993e+01 4.577052e+01
## Elmidae       4.140000e+02 1.507000e+03 1.733668e+01 6.310720e+01
## Chironomidae  1.710000e+02 1.678000e+03 7.160804e+00 7.026801e+01
## Hydropsychidae 1.110000e+02 1.789000e+03 4.648241e+00 7.491625e+01
## Baetidae      1.010000e+02 1.890000e+03 4.229481e+00 7.914573e+01
```

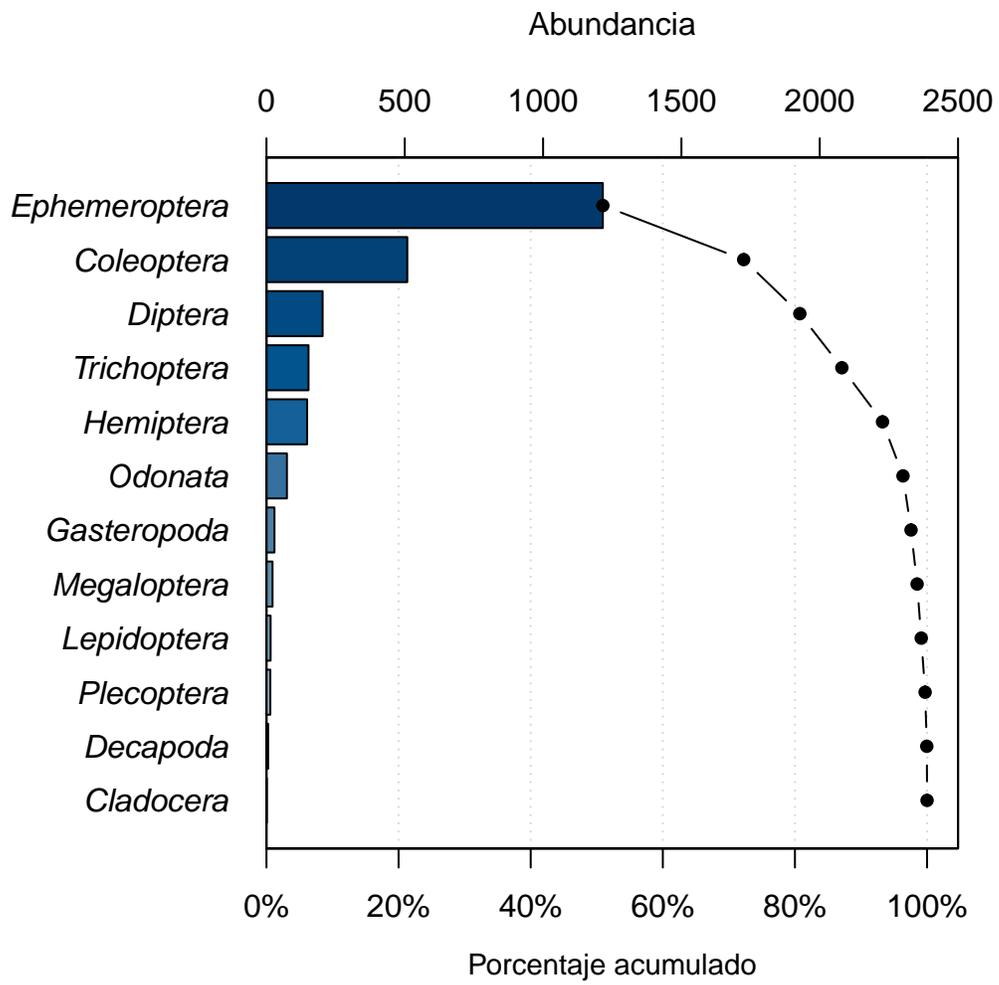


Figura 14. Acumulación de las abundancias por orden de macroinvertebrados acuáticos

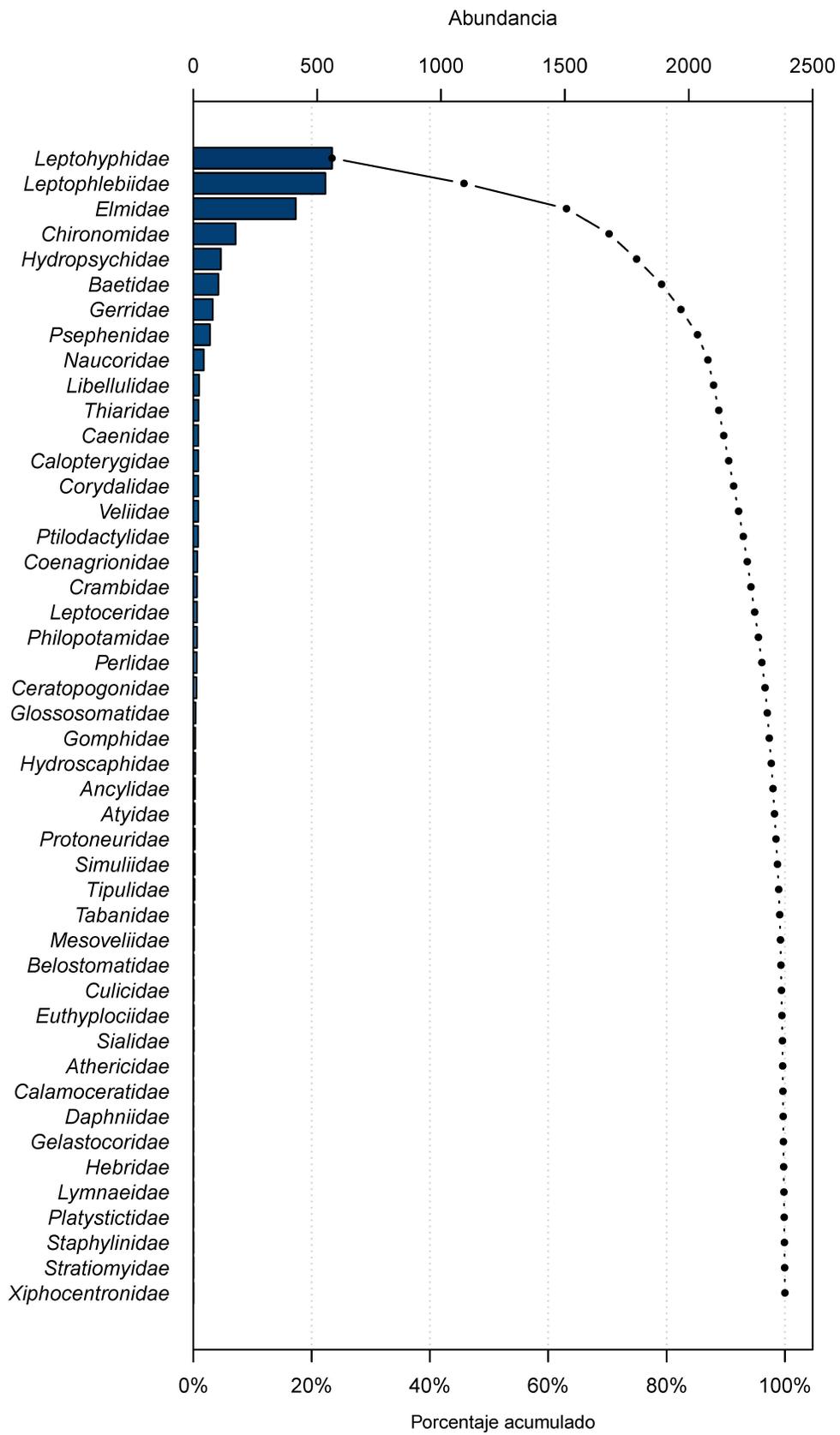


Figura 15. Acumulación de las abundancias por familia de macroinvertebrados acuáticos

##	Gerridae	7.800000e+01	1.968000e+03	3.266332e+00	8.241206e+01
##	Psephenidae	6.700000e+01	2.035000e+03	2.805695e+00	8.521776e+01
##	Naucoridae	4.200000e+01	2.077000e+03	1.758794e+00	8.697655e+01
##	Libellulidae	2.300000e+01	2.100000e+03	9.631491e-01	8.793970e+01
##	Thiaridae	2.100000e+01	2.121000e+03	8.793970e-01	8.881910e+01
##	Caenidae	2.000000e+01	2.141000e+03	8.375209e-01	8.965662e+01
##	Calopterygidae	2.000000e+01	2.161000e+03	8.375209e-01	9.049414e+01
##	Corydalidae	2.000000e+01	2.181000e+03	8.375209e-01	9.133166e+01
##	Veliidae	2.000000e+01	2.201000e+03	8.375209e-01	9.216918e+01
##	Ptilodactylidae	1.900000e+01	2.220000e+03	7.956449e-01	9.296482e+01
##	Coenagrionidae	1.600000e+01	2.236000e+03	6.700168e-01	9.363484e+01
##	Crambidae	1.500000e+01	2.251000e+03	6.281407e-01	9.426298e+01
##	Leptoceridae	1.500000e+01	2.266000e+03	6.281407e-01	9.489112e+01
##	Philopotamidae	1.500000e+01	2.281000e+03	6.281407e-01	9.551926e+01
##	Perlidae	1.400000e+01	2.295000e+03	5.862647e-01	9.610553e+01
##	Ceratopogonidae	1.300000e+01	2.308000e+03	5.443886e-01	9.664992e+01
##	Glossosomatidae	9.000000e+00	2.317000e+03	3.768844e-01	9.702680e+01
##	Gomphidae	8.000000e+00	2.325000e+03	3.350084e-01	9.736181e+01
##	Hydroscaphidae	8.000000e+00	2.333000e+03	3.350084e-01	9.769682e+01
##	Ancylidae	7.000000e+00	2.340000e+03	2.931323e-01	9.798995e+01
##	Atyidae	6.000000e+00	2.346000e+03	2.512563e-01	9.824121e+01
##	Protoneuridae	6.000000e+00	2.352000e+03	2.512563e-01	9.849246e+01
##	Simuliidae	6.000000e+00	2.358000e+03	2.512563e-01	9.874372e+01
##	Tipulidae	5.000000e+00	2.363000e+03	2.093802e-01	9.895310e+01
##	Tabanidae	4.000000e+00	2.367000e+03	1.675042e-01	9.912060e+01
##	Mesoveliidae	3.000000e+00	2.370000e+03	1.256281e-01	9.924623e+01
##	Belostomatidae	2.000000e+00	2.372000e+03	8.375209e-02	9.932998e+01
##	Culicidae	2.000000e+00	2.374000e+03	8.375209e-02	9.941374e+01
##	Euthyplociidae	2.000000e+00	2.376000e+03	8.375209e-02	9.949749e+01
##	Sialidae	2.000000e+00	2.378000e+03	8.375209e-02	9.958124e+01
##	Athericidae	1.000000e+00	2.379000e+03	4.187605e-02	9.962312e+01
##	Calamoceratidae	1.000000e+00	2.380000e+03	4.187605e-02	9.966499e+01
##	Daphniidae	1.000000e+00	2.381000e+03	4.187605e-02	9.970687e+01
##	Gelastocoridae	1.000000e+00	2.382000e+03	4.187605e-02	9.974874e+01
##	Hebridae	1.000000e+00	2.383000e+03	4.187605e-02	9.979062e+01
##	Lymnaeidae	1.000000e+00	2.384000e+03	4.187605e-02	9.983250e+01
##	Platystictidae	1.000000e+00	2.385000e+03	4.187605e-02	9.987437e+01
##	Staphylinidae	1.000000e+00	2.386000e+03	4.187605e-02	9.991625e+01
##	Stratiomyidae	1.000000e+00	2.387000e+03	4.187605e-02	9.995812e+01
##	Xiphocentronidae	1.000000e+00	2.388000e+03	4.187605e-02	1.000000e+02

5.5. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por muestreo

Secuencias de código R para elaborar gráficas de la distribución de abundancias por *taxa*. Las gráficas de barras apiladas se elaboraron usando el paquete `ggplot2` y la función `ggplot`. A continuación, se elaboran varias gráficas para analizar como se distribuyen la abundancia por *taxa* respecto a los muestreos agrupados por fecha, sitio o ambos.

5.5.1. Por fecha de muestreo

```
ggplot(data = df1) +  
  aes(x = Fecha2, fill = Orden, color = Orden, weight = Abundancia) +  
  geom_bar() +  
  scale_fill_brewer(palette = "Paired") +  
  scale_color_brewer(palette = "Paired") +  
  labs(title = "Distribución de las abundancias por orden taxonómico",  
       x = "Fechas",  
       y = "Frecuencia Absoluta",  
       subtitle = "") +  
  theme_linedraw() + theme(legend.text = element_text(face = "italic")) +  
  theme(legend.position = "right")
```

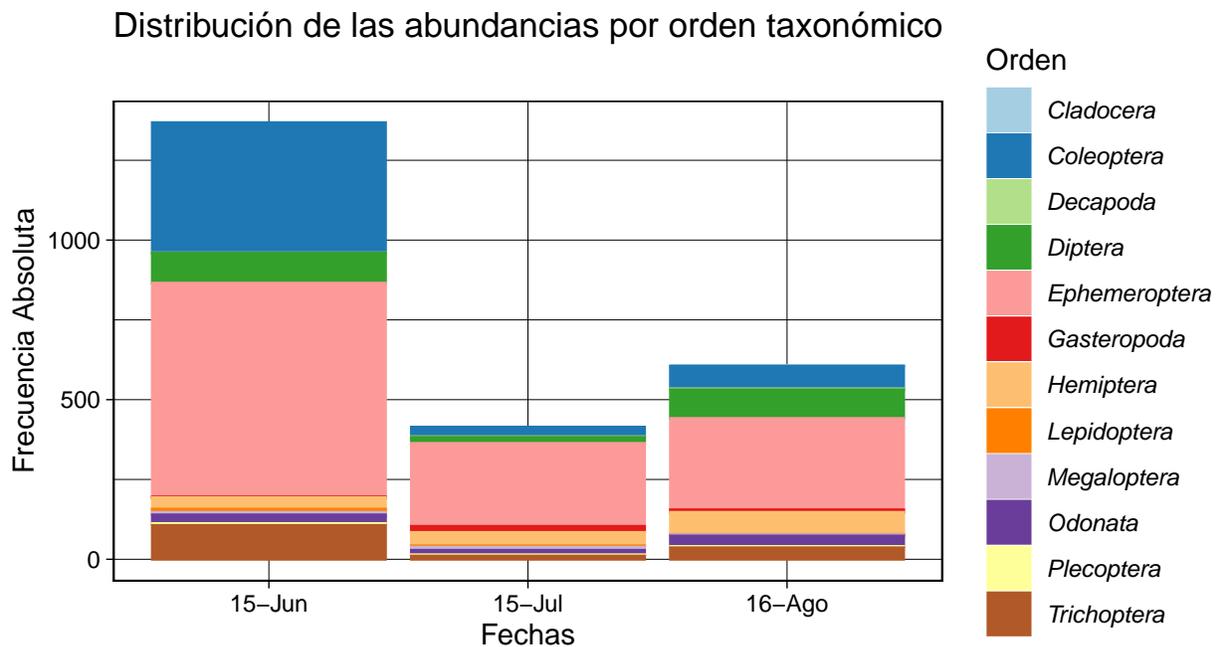


Figura 16. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden y fecha de muestreo

5.5.2. Por sitio de muestreo

```
ggplot(data = df1) +  
  aes(x = Sitio, fill = Orden, color = Orden, weight = Abundancia) +  
  geom_bar() +  
  scale_fill_brewer(palette = "Paired") +  
  scale_color_brewer(palette = "Paired") +  
  labs(title = "Distribución de las abundancias por orden taxonómico",  
       x = "Sitio",  
       y = "Frecuencia Absoluta",  
       subtitle = "") +  
  theme_linedraw() + theme(legend.text = element_text(face = "italic")) +  
  theme(legend.position = "right")
```

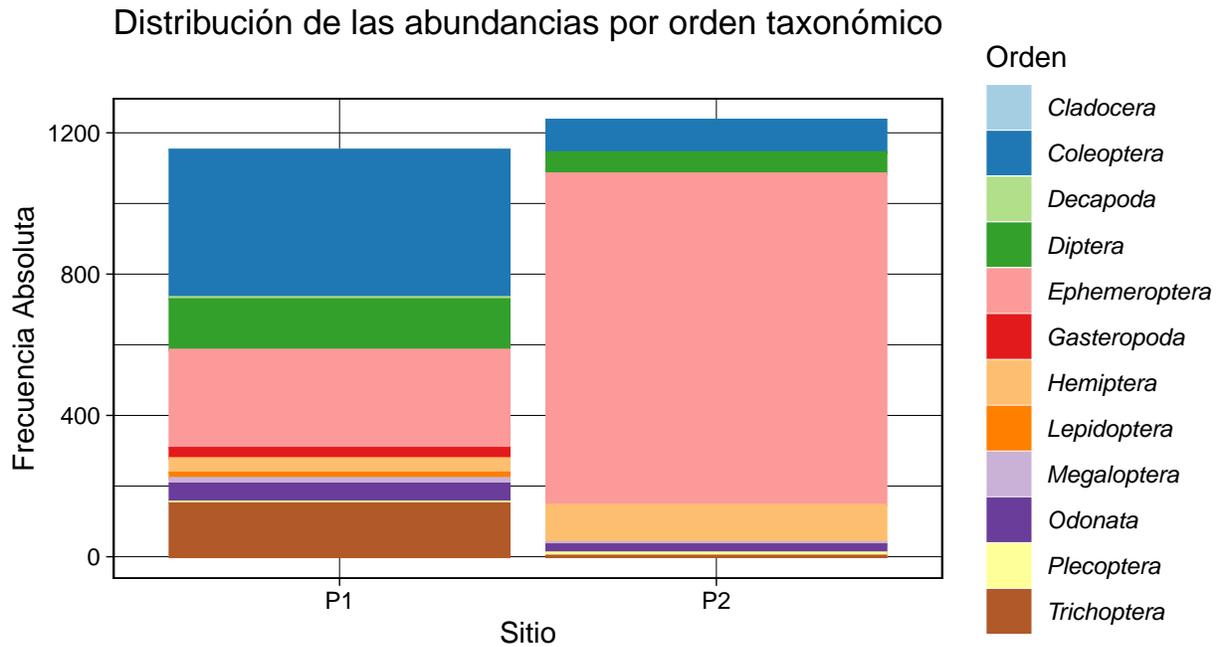


Figura 17. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden y sitio de muestreo

5.5.3. Por fecha y sitio de muestreo

```
ggplot(data = df1) +
  aes(x = Sitio, fill = Orden, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Paired") +
  labs(title = "Distribución de las abundancias por orden taxonómico",
       x = "Sitio de los muestreos por fecha",
       y = "Abundancia absoluta",
       subtitle = "Comunidad de macroinvertebrados") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic")) +
  facet_wrap(vars(Fecha2))
```

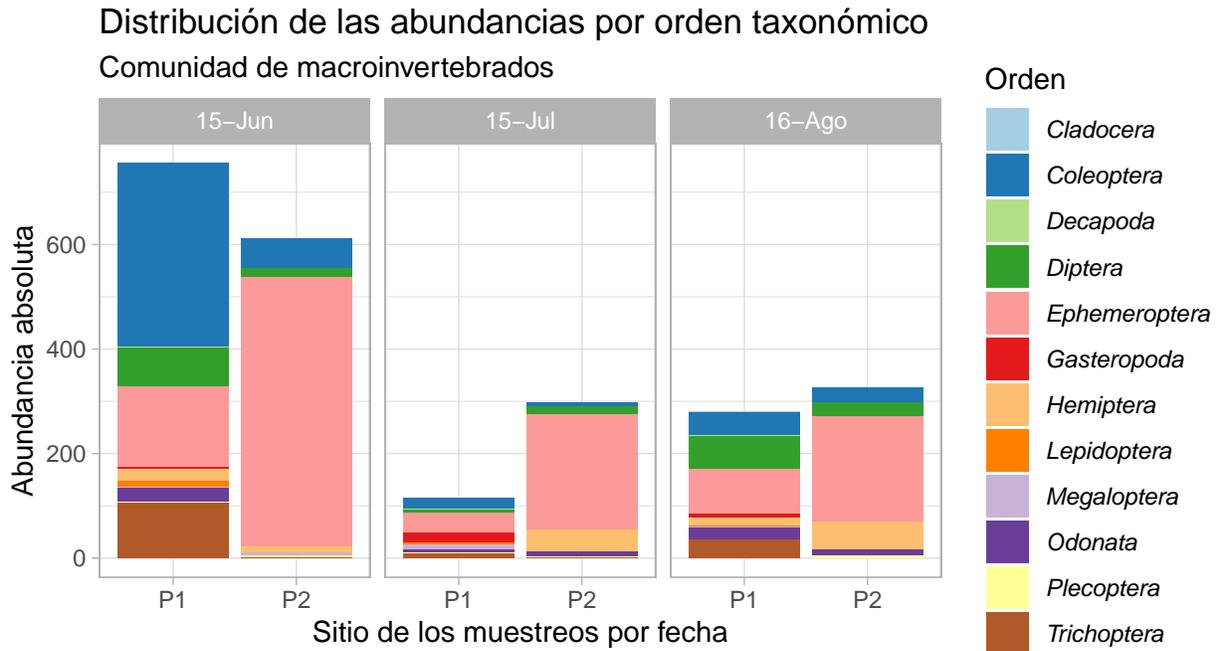


Figura 18. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden, fecha y sitio de muestreo

5.5.4. Por sitio y fecha de muestreo

```
ggplot(data = df1) +
  aes(x = Fecha2, fill = Orden, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Paired") +
  labs(title = "Distribución de las abundancias por orden taxonómico",
       x = "Fecha de los muestreos por sitio",
       y = "Abundancia absoluta",
       subtitle = "Comunidad de macroinvertebrados") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic")) +
  facet_wrap(vars(Sitio))
```

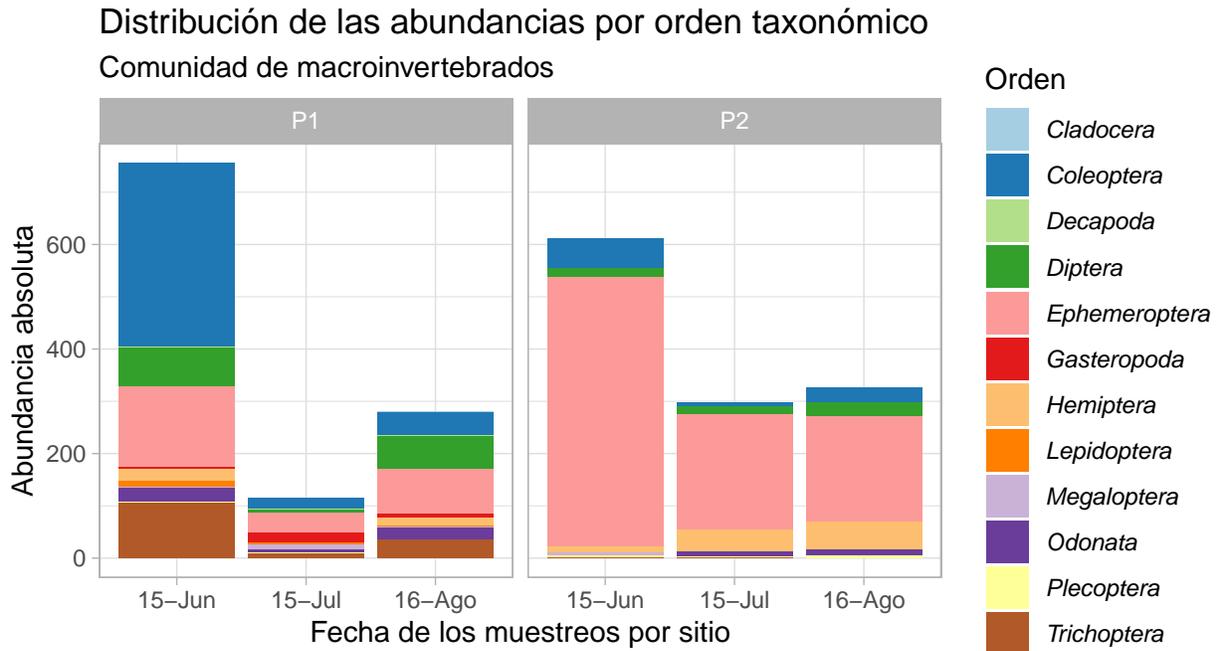


Figura 19. Distribución de las abundancias de macroinvertebrados por orden, sitio y fecha de muestreo

5.6. Distribución de las abundancias en *Trichoptera*

```
dfTRI <- subset(df1, df1$Orden=="Trichoptera")
ggplot(data = dfTRI) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight = Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Trichoptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio))+ scale_y_continuous(limit = c(0,120))
```

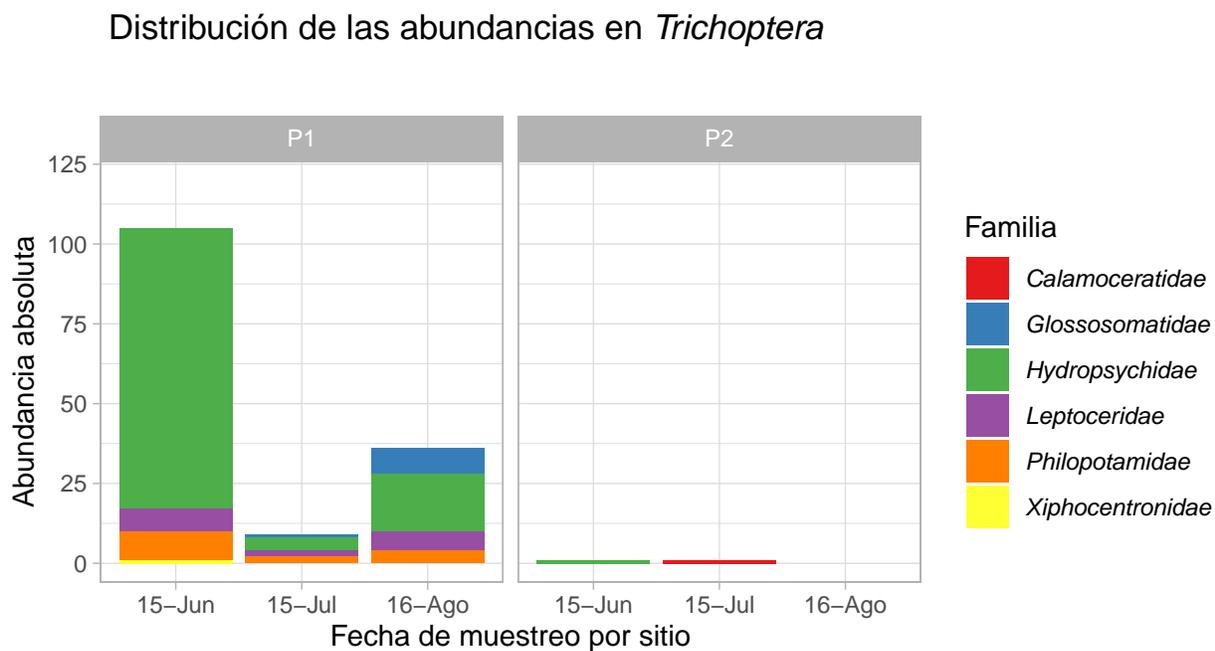


Figura 20. Distribución de las abundancias en *Trichoptera*

5.7. Distribución de las abundancias en *Coleoptera*

```
dfCOL <- subset(df1, df1$Orden=="Coleoptera")
ggplot(data = dfCOL) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Coleoptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,360))
```

Distribución de las abundancias en *Coleoptera*

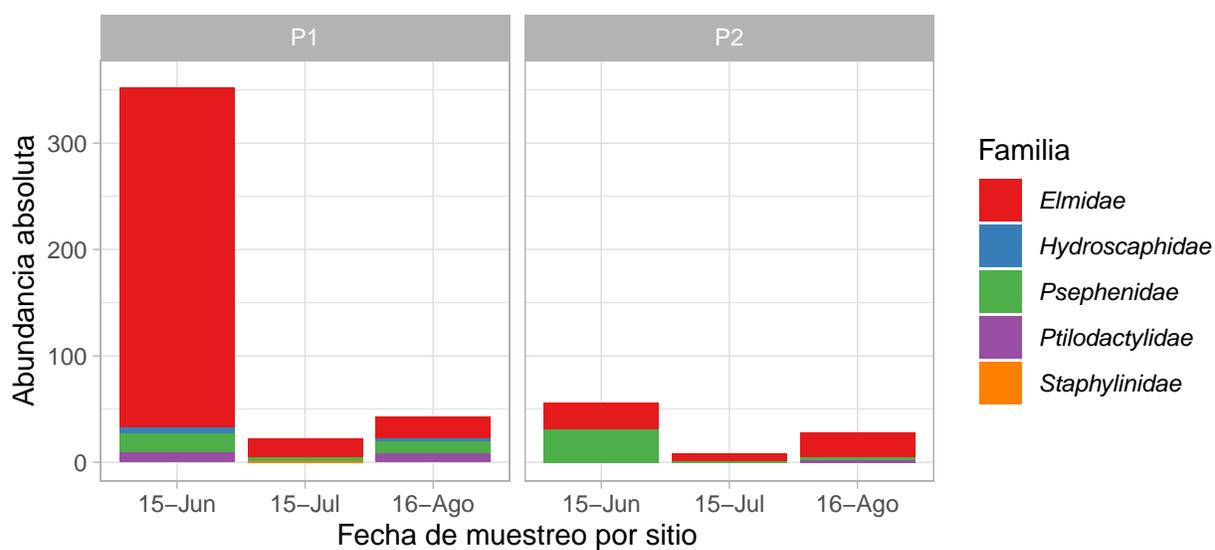


Figura 21. Distribución de las abundancias en *Coleoptera*

5.8. Distribución de las abundancias en *Diptera*

```
dfDIP <- subset(df1, df1$Orden=="Diptera")
ggplot(data = dfDIP) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Diptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,80))
```

Distribución de las abundancias en *Diptera*

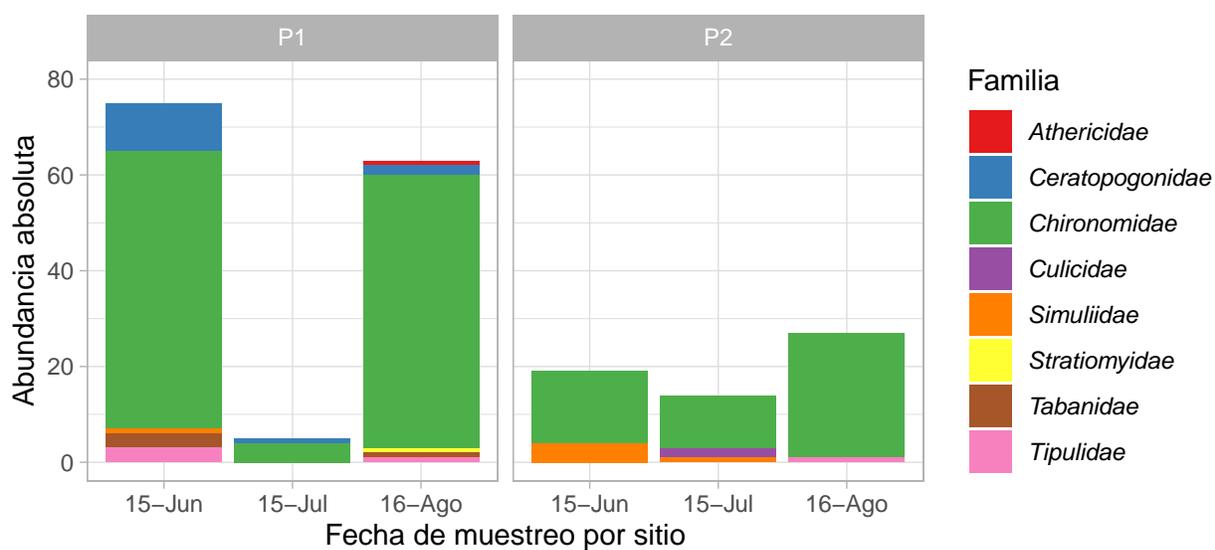


Figura 22. Distribución de las abundancias en *Diptera*

5.9. Distribución de las abundancias en *Ephemeroptera*

```
dfEPH <- subset(df1, df1$Orden=="Ephemeroptera")
ggplot(data = dfEPH) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Ephemeroptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,520))
```

Distribución de las abundancias en *Ephemeroptera*

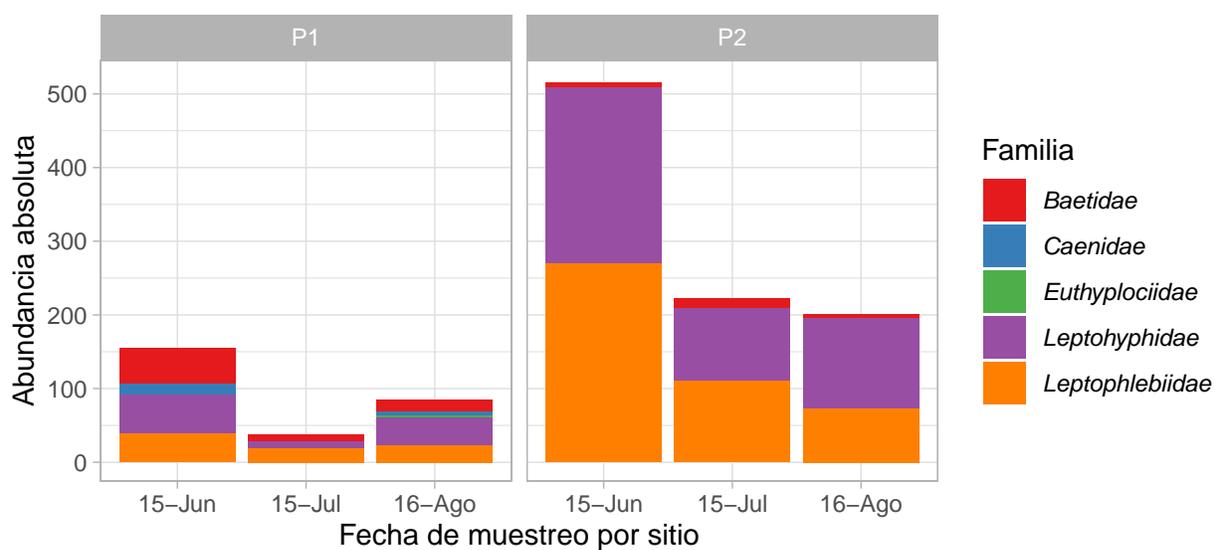


Figura 23. Distribución de las abundancias en *Ephemeroptera*

5.10. Distribución de las abundancias en *Megaloptera*

```
dfMEG <- subset(df1, df1$Orden=="Megaloptera")
ggplot(data = dfMEG) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
  italic("Megaloptera"))),
  x = "Fecha de muestreo por sitio",
  y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,13))
```

Distribución de las abundancias en *Megaloptera*

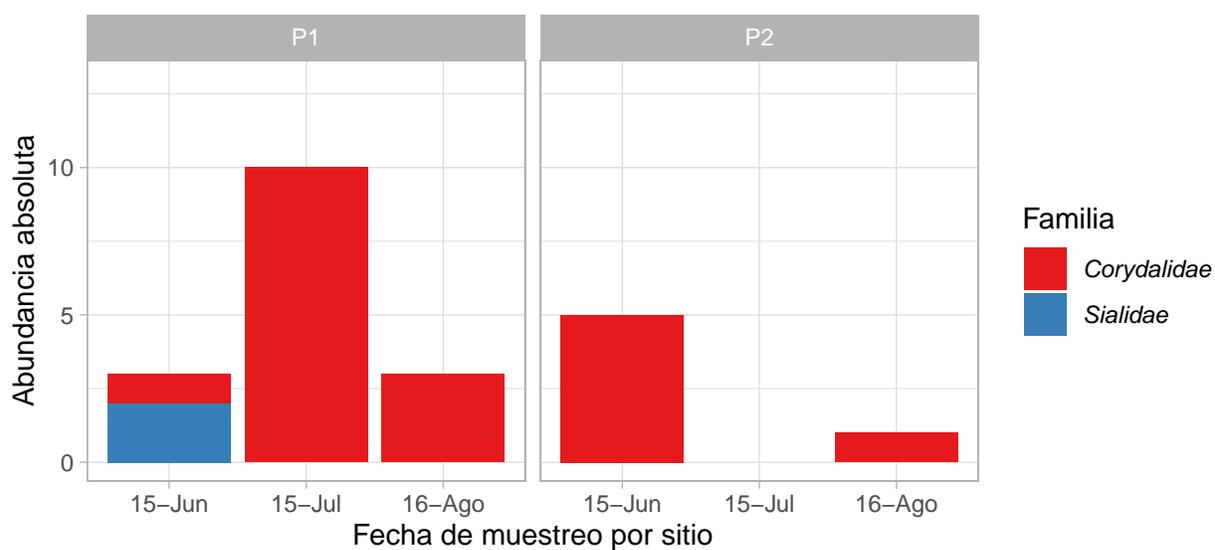


Figura 24. Distribución de las abundancias en *Megaloptera*

5.11. Distribución de las abundancias en *Hemiptera*

```
dfHEM <- subset(df1, df1$Orden=="Hemiptera")
ggplot(data = dfHEM) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Hemiptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,55))
```

Distribución de las abundancias en *Hemiptera*

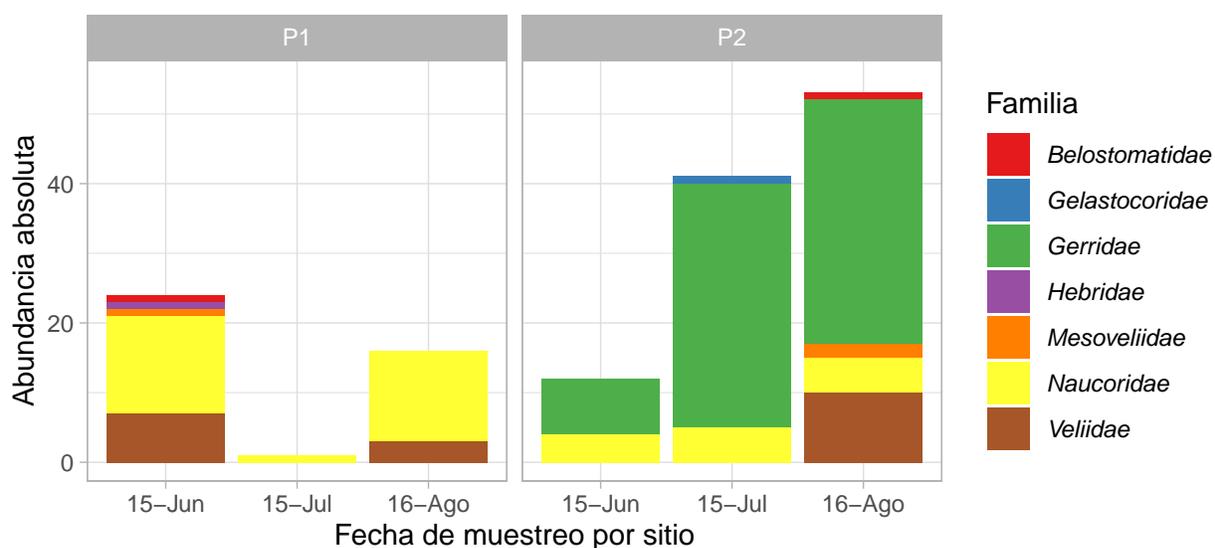


Figura 25. Distribución de las abundancias en *Hemiptera*

5.12. Distribución de las abundancias en *Plecoptera*

```
dfPLE <- subset(df1, df1$Orden=="Plecoptera")
ggplot(data = dfPLE) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Plecoptera"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,13))
```

Distribución de las abundancias en *Plecoptera*

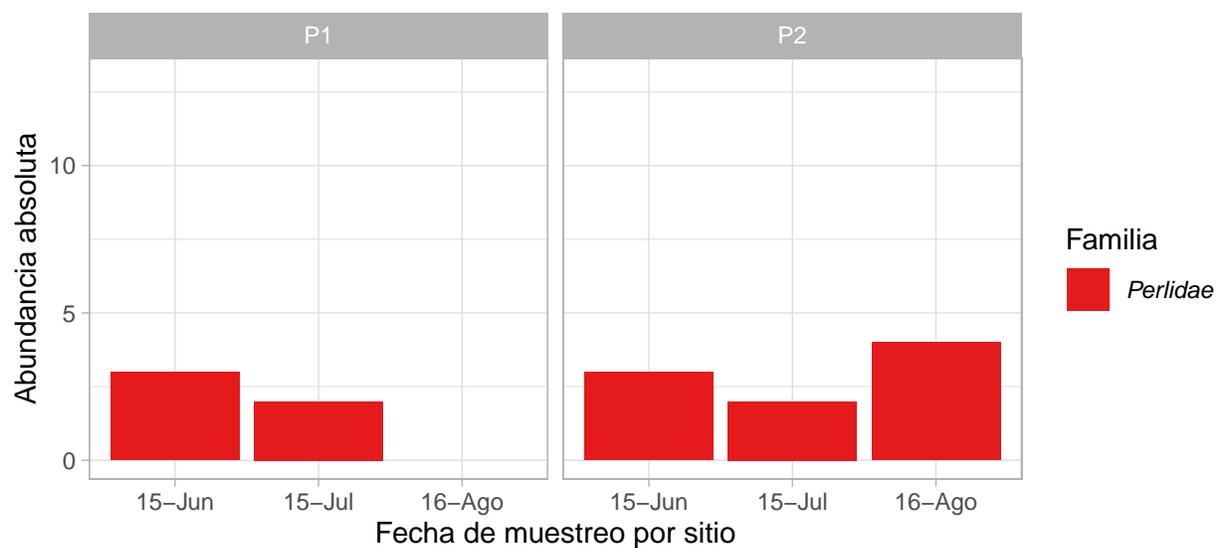


Figura 26. Distribución de las abundancias en *Plecoptera*

5.13. Distribución de las abundancias en *Odonata*

```
dfODO <- subset(df1, df1$Orden=="Odonata")
ggplot(data = dfODO) +
  aes(x = Fecha2, fill = Familia, weight= Abundancia) +
  geom_bar() +
  scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
  labs(title = ~ atop(paste("Distribución de las abundancias en ",
    italic("Odonata"))),
    x = "Fecha de muestreo por sitio",
    y = "Abundancia absoluta") +
  theme_light() + theme(legend.text = element_text(face = "italic"))+
  facet_wrap(vars(Sitio)) + scale_y_continuous(limit = c(0,30))
```

Distribución de las abundancias en *Odonata*

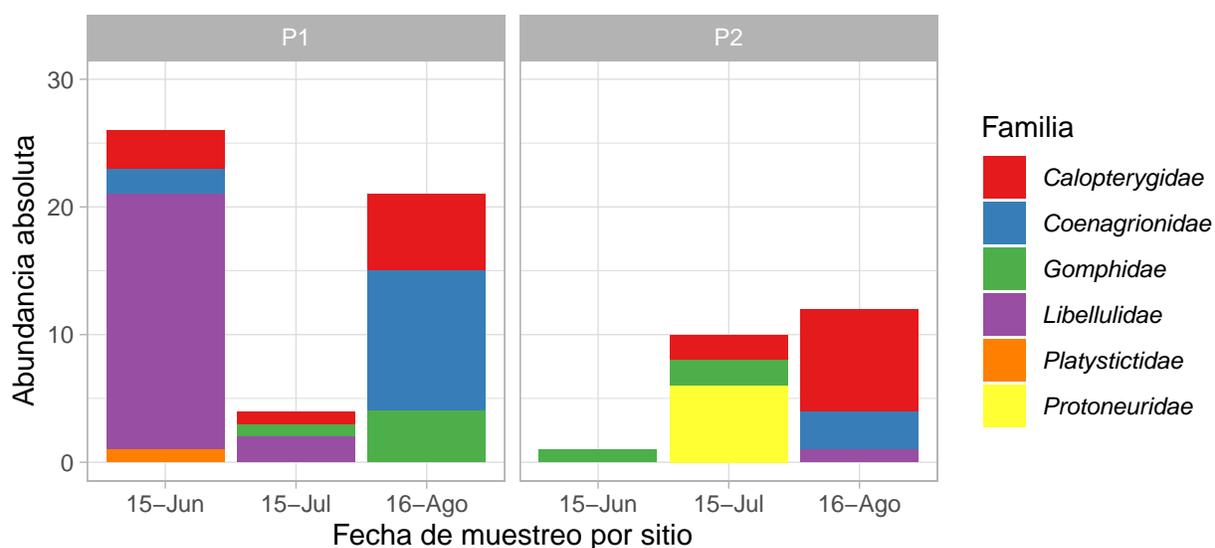


Figura 27. Distribución de las abundancias en *Odonata*

6. BMWP para Panamá

El índice BMWP se fundamenta en la presencia de familias sensibles o tolerantes a la contaminación del agua; para calcularlo se suman los puntos asignados a cada familia según su tolerancia; las puntuaciones altas significan alta sensibilidad a perturbaciones en la calidad del agua, y bajas, lo contrario. El índice de ASPT (puntuación promedio por *taxa*) es un índice valioso para la evaluación de la calidad del agua, especialmente cuando hay alta diversidad. Se calcula dividiendo la puntuación total BMWP por el número de los taxones calificados en la muestra, lo cual expresa el promedio de indicación de calidad del agua que tienen las familias de macroinvertebrados encontradas en un sitio determinado. Un valor bajo de ASPT asociado a una puntuación baja de BMWP indicará condiciones graves de contaminación. Para Panamá no se han establecido los límites del valor ASPT para las diferentes calidades del agua.

6.1. Funciones para calcular el BMWP Panamá

Las funciones que utilizamos para el cálculo del índice BMWP se extrajeron del paquete `biotic` (Cálculo de índices bióticos de agua dulce) de Briens (2016). Con estas funciones podemos calcular el índice biótico de macroinvertebrados de agua dulce BMWP, el número de *taxa* y el índice ASPT, para Panamá. Solo tenemos que contar con datos de abundancia de la comunidad de macroinvertebrados acuáticos basada en la identificación a nivel familiar.

```
BMWP_panama <- attach("C:/Rfolder/macroinvertebrado/BMWP_PAN.RDATA")
ls(BMWP_panama)

## [1] "calcBMWP"      "calcindex"     "calcscore"    "checktaxa"
## [5] "checktaxavalue" "extractrows"
```

6.2. Formato para el análisis del BMWP

```
library(reshape2)

df.fam <- dcast(df2, Familia~Sitio*Fecha1,
               fun.aggregate=length, value.var = "Familia")

head(df.fam)

##          Familia P1_6/15/2017 P1_7/15/2017 P1_8/16/2017 P2_6/15/2017
## 1      Ancyliidae             0             7             0             0
## 2    Athericidae             0             0             1             0
## 3      Atyidae              1             2             3             0
## 4      Baetidae            49            10            16             7
## 5 Belostomatidae           1             0             0             0
## 6      Caenidae            14             0             6             0
##  P2_7/15/2017 P2_8/16/2017
## 1             0             0
## 2             0             0
## 3             0             0
## 4            13             6
## 5             0             1
## 6             0             0

names(df.fam) <- c("Taxon", "P1.jun", "P1.jul", "P1.ago",
                  "P2.jun", "P2.jul", "P2.ago")
```

Este es un ejemplo del diseño predeterminado de los datos para ser analizado usando las funciones del paquete `biotic`.

kable(df.fam, caption = "Formato para el análisis del BMWP")

Tabla 4. Formato para el análisis del BMWP

Taxon	P1.jun	P1.jul	P1.ago	P2.jun	P2.jul	P2.ago
Ancylidae	0	7	0	0	0	0
Athericidae	0	0	1	0	0	0
Atyidae	1	2	3	0	0	0
Baetidae	49	10	16	7	13	6
Belostomatidae	1	0	0	0	0	1
Caenidae	14	0	6	0	0	0
Calamoceratidae	0	0	0	0	1	0
Calopterygidae	3	1	6	0	2	8
Ceratopogonidae	10	1	2	0	0	0
Chironomidae	58	4	57	15	11	26
Coenagrionidae	2	0	11	0	0	3
Corydalidae	1	10	3	5	0	1
Crambidae	10	4	1	0	0	0
Culicidae	0	0	0	0	2	0
Daphniidae	0	0	1	0	0	0
Elmidae	319	18	21	25	7	24
Euthyplociidae	0	0	2	0	0	0
Gelastocoridae	0	0	0	0	1	0
Gerridae	0	0	0	8	35	35
Glossosomatidae	0	1	8	0	0	0
Gomphidae	0	1	4	1	2	0
Hebridae	1	0	0	0	0	0
Hydropsychidae	88	4	18	1	0	0
Hydroscaphidae	6	0	2	0	0	0
Leptoceridae	7	2	6	0	0	0
Leptohephidae	53	9	38	239	99	122
Leptophlebiidae	39	19	23	269	110	73
Libellulidae	20	2	0	0	0	1
Lymnaeidae	1	0	0	0	0	0
Mesoveliidae	1	0	0	0	0	2
Naucoridae	14	1	13	4	5	5
Perlidae	3	2	0	3	2	4
Philopotamidae	9	2	4	0	0	0
Platystictidae	1	0	0	0	0	0
Protoneuridae	0	0	0	0	6	0
Psephenidae	18	3	12	31	1	2
Ptilodactylidae	9	0	8	0	0	2
Sialidae	2	0	0	0	0	0
Simuliidae	1	0	0	4	1	0
Staphylinidae	0	1	0	0	0	0
Stratiomyidae	0	0	1	0	0	0
Tabanidae	3	0	1	0	0	0
Thiaridae	1	12	8	0	0	0
Tipulidae	3	0	1	0	0	1
Veliidae	7	0	3	0	0	10
Xiphocentronidae	1	0	0	0	0	0

6.3. Tabla con los valores BMWP para Panamá

Se necesita tener creado un archivo `indextable` que contenga dos columnas llamadas `Taxon` y `BMWP`. Aquí, se introducen los valores de tolerancia/intolerancia BMWP de las familias indicadoras para Panamá, los cuales se obtuvieron de Cornejo et al. (2017). Ellos presentaron modificaciones al BMWP existente para Panamá en cuanto a la inclusión y exclusión de familias, cambios en el puntaje BMWP para algunas familias y cambios en la escala del puntaje.

Cargamos la base de datos `indextable` y aparece como un objeto en el *Global Environment*.

```
load("C:/Rfolder/macroinvertebrado/indextable.RData")
```

Visualizamos el objeto `indextable`.

```
indextable
```

Tabla de las familias indicadoras con puntaje BMWP para Panamá .

Tabla 5. Valores de indicación de calidad biológica para el BMWP Panamá

Taxon	BMWP	Taxon	BMWP	Taxon	BMWP
Ampullariidae	8	Heptageniidae	6	Philopotamidae	6
Ancylidae	4	Heteragrionidae	7	Physidae	3
Atyidae	3	Hyallelidae	7	Planariidae	5
Baetidae	3	Hydrachnidia	4	Planorbiidae	3
Belostomatidae	3	Hydrobiidae	5	Platystictidae	6
Blephariceridae	8	Hydrobiosidae	7	Polycentropodidae	7
Caendae	4	Hydrophilidae	3	Polychaeta	3
Calamoceratidae	9	Hydropsychidae	2	Polythoridae	9
Calopterygidae	7	Hydroptilidae	2	Psephenidae	4
Ceratopogonidae	1	Hydroscaphidae	7	Pseudothelphusidae	4
Chironomidae	2	Isopoda	3	Psychodidae	3
Coenagrionidae	3	Lepidostomatidae	6	Ptilodactylidae	7
Collembola	6	Leptoceridae	5	Scirtidae	5
Corbiculidae	7	Leptohiphidae	3	Simuliidae	6
Corydalidae	6	Leptophlebiidae	3	Sisyridae	7
Cosmopterygidae	8	Libellulidae	2	Sphaeriidae	7
Crambidae	3	Limnychidae	5	Staphylinidae	8
Culicidae	1	Lymnaeidae	5	Stratiomyidae	5
Dytiscidae	3	Mesoveliidae	7	Syrphidae	1
Ecnomidae	8	Muscidae	1	Tabanidae	7
Elmidae	3	Naucoridae	3	Thiaridae	5
Empididae	6	Neritidae	3	Tipulidae	2
Glossosomatidae	6	Ochteridae	9	Tubificidae	1
Gomphidae	5	Odontoceridae	4	Veliidae	4
Hebridae	6	Palaemonidae	4	Xiphocentronidae	7
Helicopsychidae	4	Perlidae	6		

6.4. Cálculo del índice BMWP y ASPT para Panamá

El cálculo del índice BMWP se realiza sumando las puntuaciones ecológicas de las familias según su grado de tolerancia a la contaminación. El ASPT se calcula dividiendo el BMWP por el número de familias en la muestra. Los valores ASPT para Panamá se encuentran en un rango entre 0 y 9, y expresan el promedio de indicación de calidad del agua que tienen las familias de macroinvertebrados encontradas. Los valores del BMWP están correlacionados con seis grados o escalas de contaminación.

La función `calcBMWP` calcula el índice BMWP para cada muestra. Los argumentos son el nombre del `dataframe`

que es una tabla de datos que contiene la lista de *taxa* en la primera columna, seguido de columnas de abundancia con los nombres de las muestras en la fila del encabezado. El valor predeterminado de “num” utiliza los valores numéricos de abundancia en la tabla. `calcBMWP` devuelve una tabla de datos que consta de columnas de valores de índice con las muestras identificadas en las filas.

```
bmwp_x <- calcBMWP(df.fam)
```

Los resultados se muestran en la siguiente tabla.

```
kable(bmwp_x, caption = "Valores del BMWP")
```

Tabla 6. Valores del BMWP

Sample	BMWP	Ntaxa	ASPT
P1.jun	141	32	4.41
P1.jul	90	22	4.09
P1.ago	109	26	4.19
P2.jun	46	12	3.83
P2.jul	55	13	4.23
P2.ago	68	17	4.00

Familias en la muestra que no tienen puntaje en la tabla índice BMWP para Panamá.

```
checktaxa(df.fam)
```

```
##          Taxon
## 2    Athericidae
## 15   Daphniidae
## 17 Euthyplociidae
## 18 Gelastocoridae
## 19      Gerridae
## 35 Protoneuridae
## 38      Sialidae
```

De la muestra total, se reportan siete familias sin puntaje de BMWP-PAN.

Familias en la muestra total que si tienen puntaje en la tabla índice BMWP para Panamá.

```
checktaxavalue(df.fam)
```

```
##          Taxon  BMWP
## 1    Ancyliidae    4
## 2     Atyidae     3
## 3     Baetidae    3
## 4  Belostomatidae  3
## 5     Caenidae    4
## 6 Calamoceratidae  9
## 7  Calopterygidae  7
## 8  Ceratopogonidae  1
## 9     Chironomidae  2
## 10  Coenagrionidae  3
## 11   Corydalidae   6
## 12     Crambidae   3
## 13     Culicidae   1
## 14     Elmidae    3
## 15  Glossosomatidae  6
## 16     Gomphidae   5
```

```

## 17      Hebridae      6
## 18  Hydropsychidae    2
## 19  Hydroscaphidae    7
## 20    Leptoceridae    5
## 21  Leptohiphidae    3
## 22  Leptophlebiidae  3
## 23    Libellulidae    2
## 24    Lymnaeidae     5
## 25    Mesoveliidae    7
## 26    Naucoridae     3
## 27      Perlidae     6
## 28  Philopotamidae   6
## 29  Platystictidae   6
## 30    Psephenidae     4
## 31  Ptilodactylidae  7
## 32    Simuliidae     6
## 33  Staphylinidae     8
## 34  Stratiomyidae     5
## 35    Tabanidae      7
## 36    Thiaridae      5
## 37    Tipulidae      2
## 38    Veliidae       4
## 39 Xiphocentronidae  7

```

6.5. Mostrando la suma del puntaje de BMWP

Solo para mostrar la suma de los puntajes de BMWP-PAN de manera individual para algunos muestreos. Creamos un objeto con las columnas 1 y 2 de del objeto `df.fam` y luego, me quedo con las líneas que no son igual a cero en el objeto `P1.jun`.

```

P1.jun <- df.fam[ ,c(1,2)]
P1.jun <- P1.jun[P1.jun$P1.jun !=0, ]
dim(P1.jun)

```

```
## [1] 33 2
```

Calculamos el `BMWP_PAN` para esa sola muestra.

```
calcBMWP(P1.jun)
```

```
##   Sample BMWP Ntaxa ASPT
## 1 P1.jun  141    32 4.41

```

Revisamos que familias tienen puntaje o no. De 33 familias en la muestra, 32 llevan puntaje y solo una no tiene.

Familia sin puntaje.

```
checktaxa(P1.jun)
```

```
##      Taxon
## 38 Sialidae

```

Familias con puntaje.

```
BMWP_P1.jun <- checktaxavalue(P1.jun)
BMWP_P1.jun

```

```
##      Taxon BMWP

```

```

## 1      Atyidae      3
## 2      Baetidae    3
## 3      Belostomatidae 3
## 4      Caenidae    4
## 5      Calopterygidae 7
## 6      Ceratopogonidae 1
## 7      Chironomidae 2
## 8      Coenagrionidae 3
## 9      Corydalidae 6
## 10     Crambidae   3
## 11     Elmidae     3
## 12     Hebridae    6
## 13     Hydropsychidae 2
## 14     Hydroscaphidae 7
## 15     Leptoceridae 5
## 16     Leptohiphidae 3
## 17     Leptophlebiidae 3
## 18     Libellulidae 2
## 19     Lymnaeidae  5
## 20     Mesoveliidae 7
## 21     Naucoridae  3
## 22     Perlidae    6
## 23     Philopotamidae 6
## 24     Platystictidae 6
## 25     Psephenidae 4
## 26     Ptilodactylidae 7
## 27     Simuliidae  6
## 28     Tabanidae   7
## 29     Thiaridae   5
## 30     Tipulidae   2
## 31     Veliidae    4
## 32     Xiphocentronidae 7

```

Sumamos la columna dos para conocer el valor de índice BMWP_PAN.

```
sum(BMWP_P1.jun$BMWP)
```

```
## [1] 141
```

Repetimos el ejemplo anterior para otra muestra.

```
P2.ago <- df.fam[ ,c(1,7)]
```

```
P2.ago <- P2.ago[P2.ago$P2.ago !=0, ]
```

```
dim(P2.ago)
```

```
## [1] 18  2
```

```
calcBMWP(P2.ago)
```

```
##   Sample BMWP Ntaxa ASPT
```

```
## 1 P2.ago   68   17   4
```

```
checktaxa(P2.ago)
```

```
##      Taxon
```

```
## 19 Gerridae
```

```
BMWP_P2.ago <- checktaxavalue(P2.ago)
BMWP_P2.ago
```

```
##           Taxon BMWP
## 1      Baetidae   3
## 2  Belostomatidae 3
## 3  Calopterygidae 7
## 4    Chironomidae 2
## 5  Coenagrionidae 3
## 6    Corydalidae 6
## 7      Elmidae   3
## 8  Leptohiphidae 3
## 9  Leptophlebiidae 3
## 10 Libellulidae  2
## 11  Mesoveliidae  7
## 12   Naucoridae  3
## 13     Perlidae  6
## 14   Psephenidae  4
## 15 Ptilodactylidae 7
## 16     Tipulidae  2
## 17     Veliidae  4
```

```
sum(BMWP_P2.ago$BMWP)
```

```
## [1] 68
```

6.6. Gráfica de valores de BMWP con fondo de la clasificación

Creamos unos vectores con los resultados del BMWP y las fechas de muestreo.

```
Fecha <- c("6/15/2017", "7/15/2017", "8/16/2017")
Fecha <- as.Date(Fecha,"%m/%d/%y")
P1 <- c(141, 90, 109)
P2 <- c(46, 55, 68)
```

Esta es una secuencia de código R para graficar los resultados del BMWP.

```
par(oma=c(1,1,1,1))
plot(P1~Fecha , type="n", bty="l", xlab="Fecha de muestreo",
     ylab="Índice BMWP-PAN", xaxt="n", ylim=c(0,200))
axis(1, at = Fecha, labels = format(Fecha, "%m/%y"))
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(0,19,19,0),
        col = "#FF0000")
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(19,38,38,19),
        col = "#FFA500")
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(38,58,58,38),
        col = "#EEEE00")
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(58,77,77,58),
        col = "#008B45")
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(77,149,149,77),
        col = "#7E00EE")
polygon(x = c(18420,18420,19000,19000), y = c(149,225,225,149),
        col = "#27408B")
lines(P1 ~ Fecha, col="black" , lwd=2, lty=2, pch=16, type="b" )
lines(P2 ~ Fecha, col="grey20", lwd=1 , lty=3, pch=17 , type="b" )
legend("topright", legend = c("P1", "P2"), col = c("black", "grey20"),
```

```

pch = c(16,17), lty= c(2,3), bty = "n", pt.cex = 1.5, cex = 1,
text.col = "black", horiz = F , inset = c(0, 0.25))
text(18430,8,labels="Aguas extremadamente contaminadas",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)
text(18430,27,labels="Aguas muy contaminadas",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)
text(18430,46,labels="Aguas contaminadas",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)
text(18430,67,labels="Aguas de calidad regular",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)
text(18430,95,labels="Aguas de calidad buena",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)
text(18430,175,labels="Aguas de calidad excelente",
pos=4,cex=0.8, srt= 0)

```

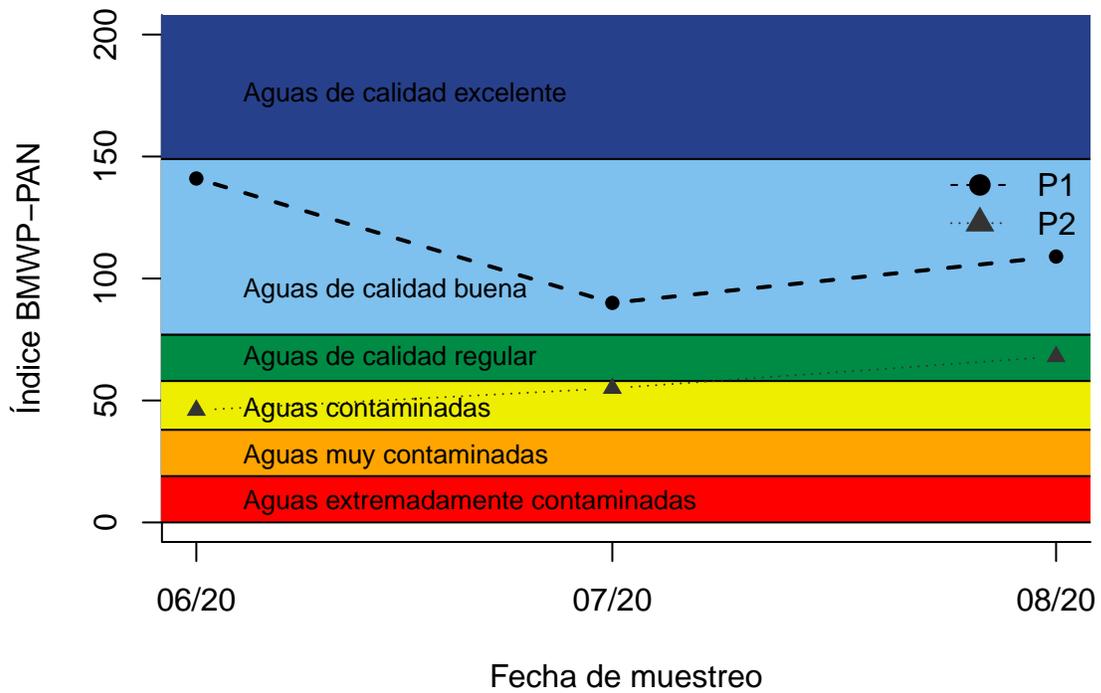


Figura 28. BMWP-PAN para dos sitios de muestreo

7. Acerca de los autores

José Ulises Jiménez S.

<https://orcid.org/0000-0003-1302-5269>

Biólogo con especialidad en Botánica, graduado de la Universidad de Panamá; cuenta además, con una Maestría Científica en Manejo y Conservación de Bosques Tropicales y Biodiversidad del Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) de Costa Rica. Labora como investigador en el Centro de Investigaciones Hidráulicas e Hidrotécnicas y un apasionado usuario de R y \LaTeX ; tiene una vasta experiencia en caracterización de la línea base de los factores biológicos, principalmente en inventarios forestales y le gusta compartir su conocimiento con otras personas interesadas en el tema de los bosques y el análisis de datos de inventarios biológicos. Como docente tiempo parcial de la Universidad Tecnológica de Panamá ha dictado cursos de Ecología General, Introducción a la Evaluación de Impacto Ambiental y Práctica de Campo.



Kleveer Abilio Espino Cedeño

<https://orcid.org/0000-0002-0253-356X>

Egresado de la Universidad de Panamá donde obtuvo la licenciatura en Biología. También, cuenta con una Licenciatura en Saneamiento y Ambiente de la Universidad Tecnológica de Panamá. Cuenta con una Maestría en Gestión Ambiental de la Universidad Latinoamericana de Ciencias y Tecnología, Diplomados en el tratamiento de aguas de la Universidad Politécnica de Cataluña, España; y en aguas residuales, de la Organización de Estados Americanos. Además, ha participado en diferentes talleres de carácter nacional e internacional, es consultor de Estudios de Impacto Ambiental y docente tiempo parcial en la Facultad de Ingeniería Civil de la Universidad Tecnológica de Panamá.



8. Referencias

- Briers, R. (2016) biotic: Calculation of Freshwater Biotic Indices. R package version 0.1.2. URL <https://github.com/robbriers/biotic>.
- Cornejo, A., López-López, E., Ruiz-Picos, R.A., Sedeño-Díaz, J.E., Armitage, B., Arefina, T., Nieto, C., Tuñón, A., Molinar, M., Ábrego, T., Pérez, E., Tuñón, A.R., Magué, J., Rodríguez, A., Pineda, J., Cubilla, J., Ávila Quintero, I.M. (2017). Diagnóstico de la condición ambiental de los afluentes superficiales de Panamá. Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud y Ministerio de Ambiente, Panamá. 326 p.
- Domínguez, E., y Fernández, H. R. (2001). Guía para la determinación de los artrópodos bentónicos sudamericanos. Universidad Nacional de Tucumán. Facultad de Ciencias Naturales. Instituto M. Lillo. Tucumán, Argentina, 282. DOI: 10.2307/2F1467987.
- Pacheco-Chaves, B. (2010). Guía ilustrada para el estudio ecológico y taxonómico de los insectos acuáticos del Orden Hemiptera en El Salvador. En: Springer, M. y J.M. Sermeño Chicas (eds.). Formulación de una guía metodológica estandarizada para determinar la calidad ambiental de las aguas de los ríos de El Salvador, utilizando insectos acuáticos. Proyecto Universidad de El Salvador (UES)-Organización de los Estados Americanos (OEA). Editorial Universitaria UES, San Salvador, El Salvador. 49. Recuperado de <http://ri.ues.edu.sv/id/eprint/9093/>.
- R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Roldán-Pérez, G. (1988). Guía para el estudio de los macroinvertebrados acuáticos del Departamento de Antioquia. Fondo para la Protección del Medio Ambiente “José Celestino Mutis”. Bogotá, Universidad de Antioquia.
- Scrucca, L. (2004). qcc: an R package for quality control charting and statistical process control. R News 4/1, 11-17.
- Sermeño-Chicas, J. M., Pérez, D., Gutiérrez-Fonseca, P., Springer, M., y Hernández Martínez, M. ángel. (2010). Guía ilustrada para el estudio ecológico y taxonómico de los insectos acuáticos inmaduros del Orden Odonata en El Salvador. En: Springer, M. (ed.). Formulación de una guía metodológica estandarizada para determinar la calidad ambiental de las aguas de los ríos de El Salvador, utilizando insectos acuáticos. Proyecto Universidad de El Salvador (UES)-Organización de los Estados Americanos (OEA). Editorial Universitaria UES, San Salvador, El Salvador. 38. Recuperado de <http://ri.ues.edu.sv/id/eprint/9096/>.
- Springer, M. (2006). Clave taxonómica para larvas de las familias del orden Trichoptera (Insecta) de Costa Rica. Revista de Biología Tropical, 54(1), 273-286. DOI: 10.15517/RBT.V54I1.26851.
- Wickham, H. y Henry, L. (2020). tidyr: Tidy Messy Data. R package version 1.1.1. URL <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>.
- Wickham, H. (2019). stringr: Simple, Consistent Wrappers for Common String Operations. R package version 1.4.0. URL <https://CRAN.R-project.org/package=stringr>.
- Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag New York.
- Wickham, H. (2007). Reshaping Data with the reshape Package. Journal of Statistical Software, 21(12), 1-20. URL <http://www.jstatsoft.org/v21/i12/>.
- Xie, Y. (2020). knitr: A General-Purpose Package for Dynamic Report Generation in R. R package version 1.29.
- Xie, Y. (2015) Dynamic Documents with R and knitr. 2nd edition. Chapman and Hall/CRC. ISBN 978-1498716963.

Xie, Y. (2014). knitr: A Comprehensive Tool for Reproducible Research in R. In Victoria Stodden, Friedrich Leisch and Roger D. Peng, editors, *Implementing Reproducible Computational Research*. Chapman and Hall/CRC. ISBN 978-1466561595.