

# Estado del Camarón de río en cuencas de Arica y Parinacota

Hernán Padilla Esparza

2023-09-01



## Sección 1. Introducción

*Cryphiops caementarius* (Molina, 1972), comúnmente conocido en Chile como Camarón de río del norte, ha sido ampliamente descrito en la literatura como una especie anfídroma, ya que los camarones adultos se aparean en ríos y arroyos de agua dulce, pero sus larvas se desarrollan en ambientes estuarinos salobres o en aguas marinas (Hartmann, 1958; Viacava *et al.*, 1978; Dennenmoser *et al.*, 2010).

La anfidromía de los camarones es ecológicamente importante, ya que, durante estos movimientos geoespaciales pasan a formar parte de diferentes ecosistemas (fluvial, estuarino y costero) en diferentes periodos del año, afectando el hábitat, la productividad y las relaciones tróficas (Benstead, 2000; Bauer, 2013). Si bien estos movimientos fuera del rango de origen contribuyen en el potencial de dispersión de la especie y al intercambio genético entre diferentes unidades poblacionales (Dennenmoser *et al.*, 2010), también pueden representar un riesgo para los camarones que migran (Benstead *et al.*, 2000). Las actuales condiciones de estrés hídrico y

fragmentación que afectan a las cuencas de la región de Arica y Parinacota, surge la necesidad de identificar los patrones de migración de *C. caementarius* a través de isotopos estables (C, N y S) contenidos en su tejido muscular, considerando que este proceso podría jugar un papel crítico en la persistencia de sus poblaciones en la zona y en el manejo de la especie.

## Sección 2. Análisis base de datos

### 1. Base de datos

```
BD_iso<-read.csv("BD_Isotopos_huella.csv",header = TRUE, dec=".",sep = ";")
```

### 2. Eliminamos las filas por muestreos en fecha diferente 03-11-2022

```
BD_iso<-BD_iso[-c(74:82),]
```

### 3. Resumen y estructura de datos

```
summary(BD_iso)
str(BD_iso)
names(BD_iso)
class(BD_iso$fecha)
```

### 4. Dividimos la variable Long.\_Cefalotorax en una nueva variable grupo con juvenil y adulto

se realiza esta segregación por el efecto diferenciado que puede tener la acumulación de los isotopos en individuos adultos y juveniles

```
BD_iso <- BD_iso %>%
  mutate(grupo = ifelse(Long_Cefal_mm <= 30.00, "Juvenil", "Adulto"))
```

## 5. Dividimos la variable fecha en 2 periodos

```
BD_iso<- BD_iso %>%
  mutate(periodo = case_when(
    Fecha == "2022-11-03" ~ "Periodo 1",
    Fecha == "2023-01-07" ~ "Periodo 2",
    TRUE ~ ""))
```

## 6. Asignamos la clase a cada una de las variables

```
BD_iso$ID_Sample<-as.factor(BD_iso$ID_Sample)
BD_iso$Muestra<-as.factor(BD_iso$Muestra)
BD_iso$Estacion<-as.factor(BD_iso$Estacion)
BD_iso$E..Reprod.<-as.factor(BD_iso$E..Reprod.)
BD_iso$SEX0<-as.factor(BD_iso$SEX0)
BD_iso$X.S<-as.numeric(BD_iso$X.S)
BD_iso$Peso_grs<-as.numeric(BD_iso$Peso_grs)
BD_iso$Mass_mg<-as.numeric(BD_iso$Mass_mg)
BD_iso$periodo<-as.factor(BD_iso$periodo)
BD_iso$grupo<-as.factor(BD_iso$grupo)
```

## 7. Calcular condición corporal de los ejemplares a través del índice de masa escalado (SMI)

```
# datos de longitud corporal
longitud <- na.omit(BD_iso$Long_Cefal_mm)
# y masa corporal
masa <- BD_iso$Peso_grs
# Calcular el SMA
SMA <- (longitud - mean(longitud)) / sd(longitud)
bSMA <- as.numeric(exp(SMA)) #Calcular bSMA
# Agregar la columna SMII a BD_iso
BD_iso$SMII <- masa/bSMA
```

## 8. Localidades de estudio y su orden para graficarlas

```
# Definir el orden deseado de las localidades
orden_localidades <- c("Cuya", "Conanoxa", "Huancarane")
# Convertir la variable localidad a factor con el orden deseado
BD_iso$Estacion <- factor(BD_iso$Estacion, levels = orden_localidades)
```

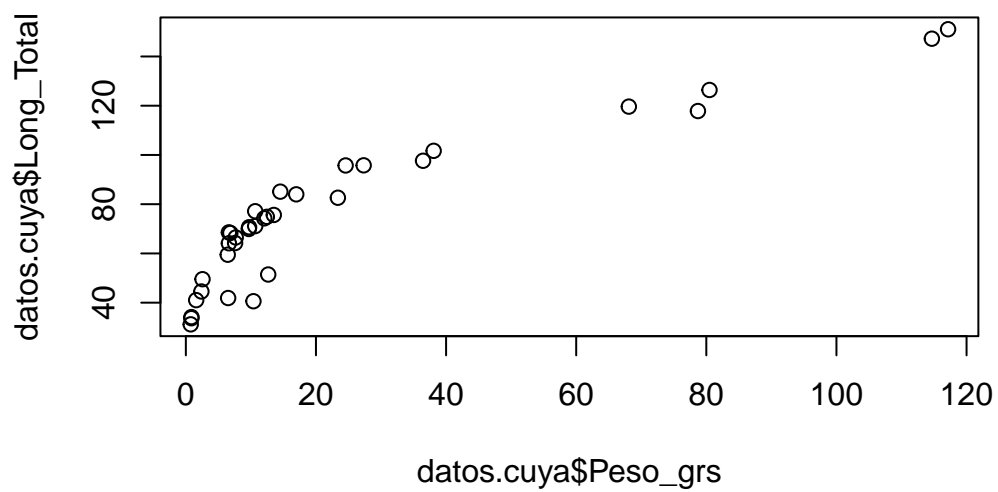
## 9. Cambio variable SEXO de numérica a texto

```
BD_iso$SEXO <- factor(BD_iso$SEXO, levels = c(1, 2, 3),
labels = c("Macho", "Hembra", "Indeter"))
levels(BD_iso$SEXO)
class(BD_iso$Estacion)
levels(BD_iso$Estacion)
class(BD_iso$SEXO)
levels(BD_iso$SEXO)
names(BD_iso)
str(BD_iso)
summary(BD_iso)
# Filtramos solo las variables numéricas
var_num<-BD_iso[c(8:19)]
# par(mar = c(5, 4, 4, 2) + 0.1)Ajusta márgenes del gráfico
str(var_num)
```

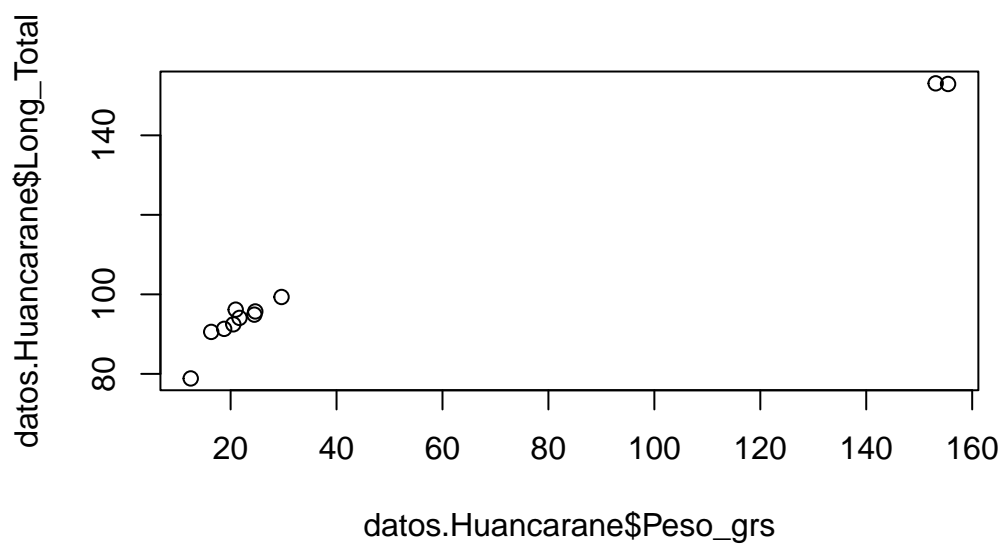
## Sección 3. Resultados

### 1. Gráficos exploratorios

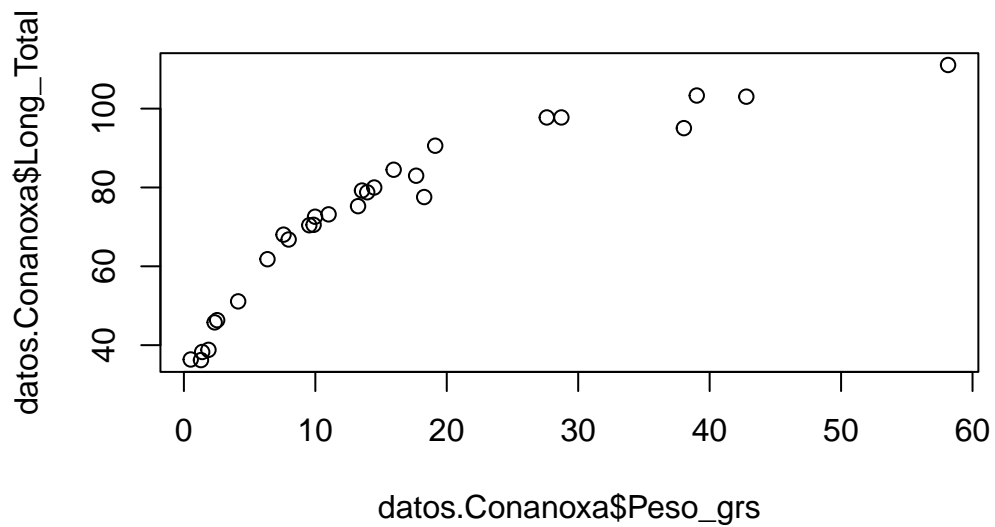
```
datos.cuya=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Cuya",]
datos.Huancarane=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Huancarane",]
datos.Conanoxa=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Conanoxa",]
datos.Conanoxa=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Conanoxa", (8:18)]
plot(datos.cuya$Peso_grs,datos.cuya$Long_Total)
```



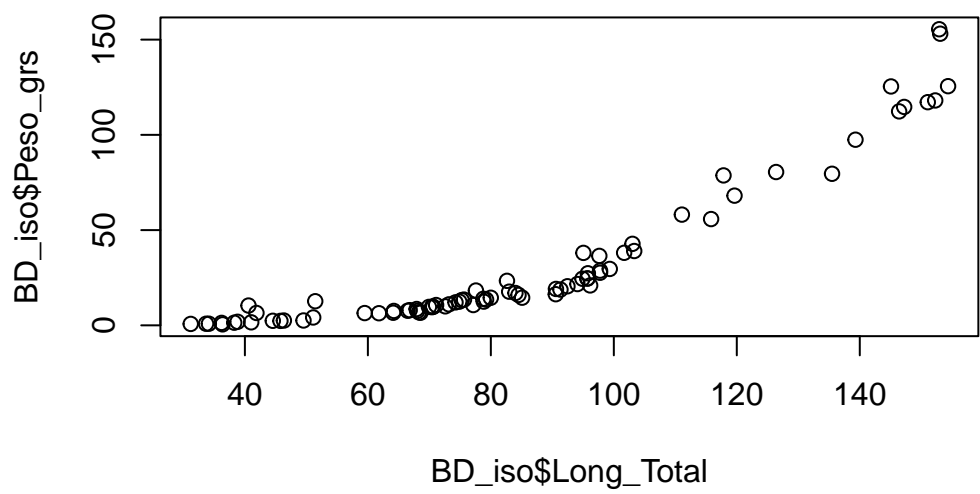
```
plot(datos.Huancarane$Peso_grs,datos.Huancarane$Long_Total)
```



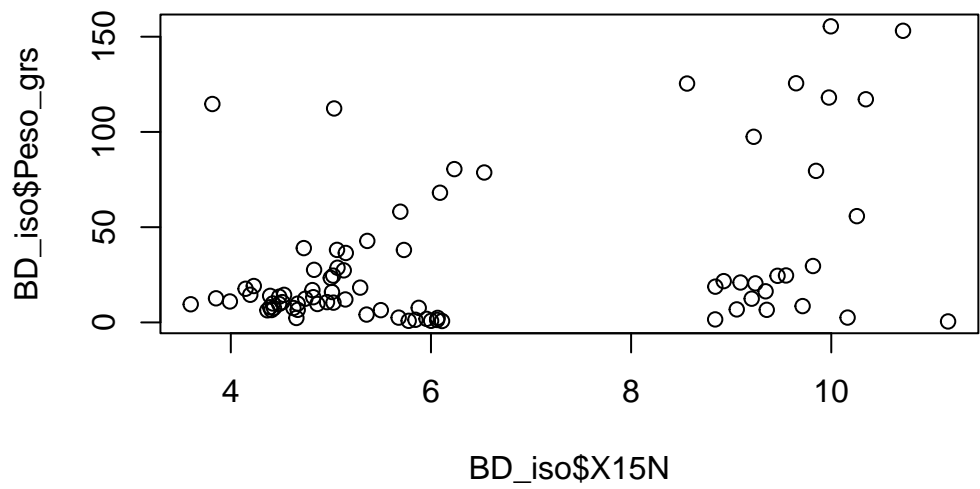
```
plot(datos.Conanoxa$Peso_grs,datos.Conanoxa$Long_Total)
```



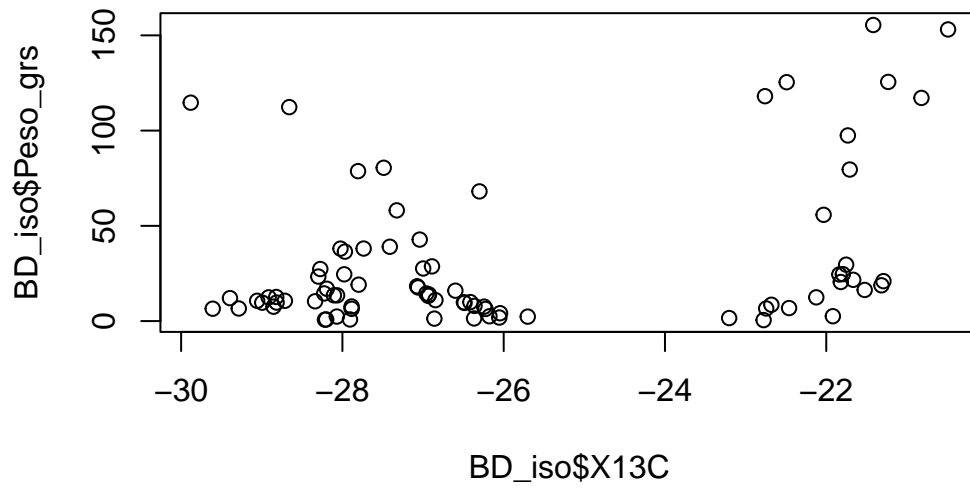
```
names(datos.cuya)
mean(datos.cuya$Peso_grs)
mean(datos.Huancarane$Peso_gr)
mean(datos.Conanoxa$Peso_gr)
## Filtramos por grupo
datos.juvenil=BD_iso[BD_iso$grupo=="Juvenil",]
datos.adulto=BD_iso[BD_iso$grupo=="Adulto",]
### REVISAR GRAFICOS
plot(BD_iso$Long_Total,BD_iso$Peso_grs)
```



```
plot(BD_iso$X15N,BD_iso$Peso_grs)
```

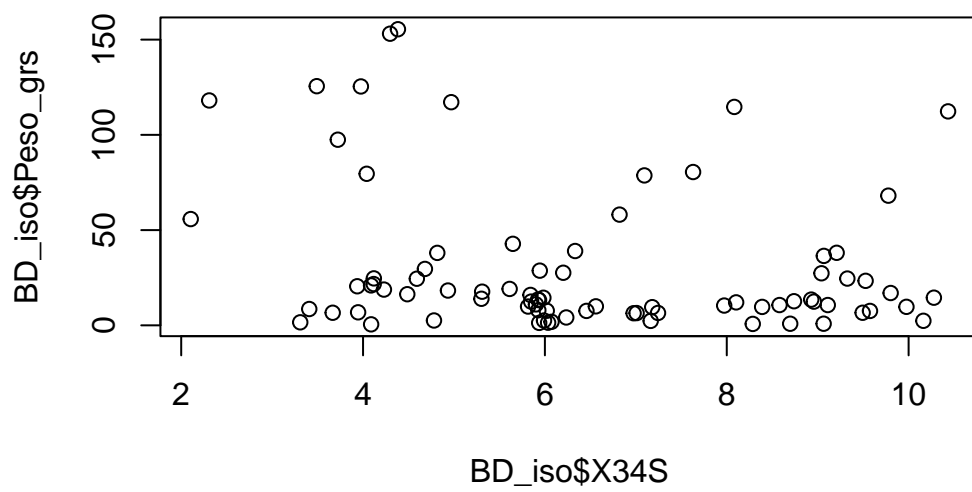


```
plot(BD_iso$X13C,BD_iso$Peso_grs)
```

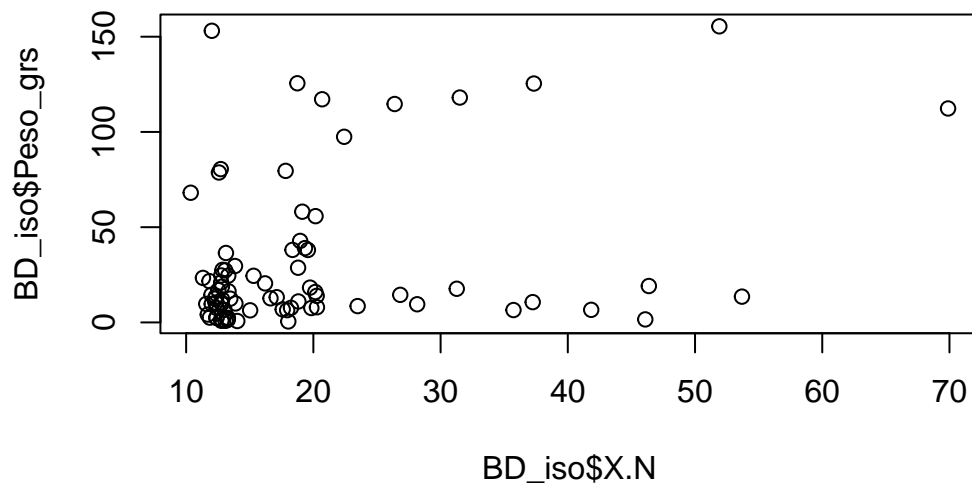


```
plot(BD_iso$X34S,BD_iso$Peso_grs)
```

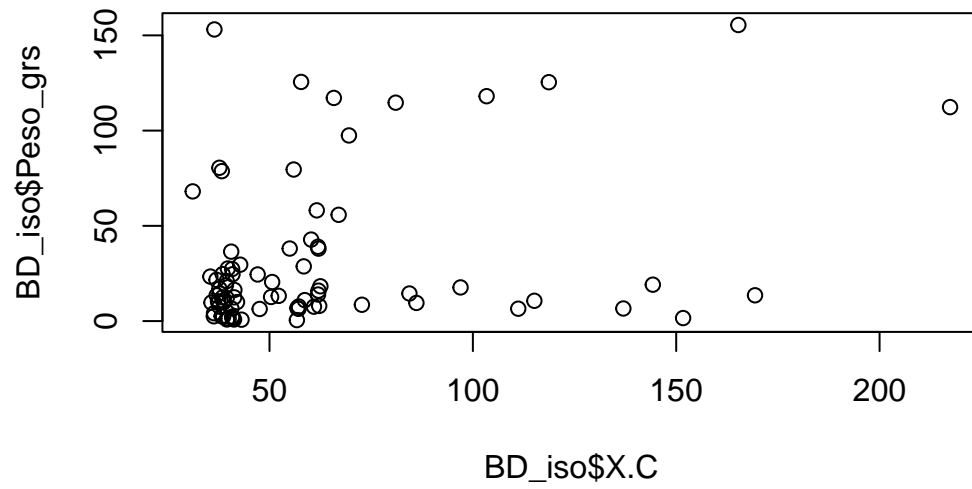




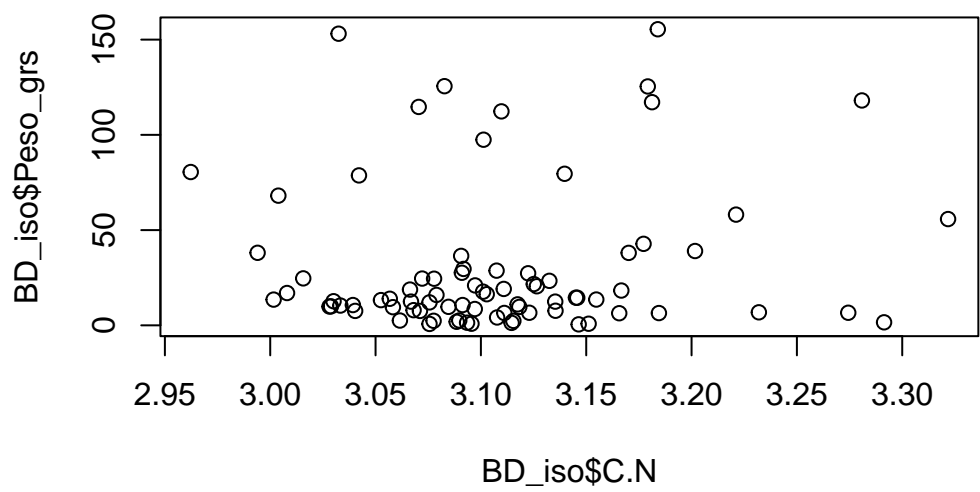
```
plot(BD_iso$X.N,BD_iso$Peso_grs)
```



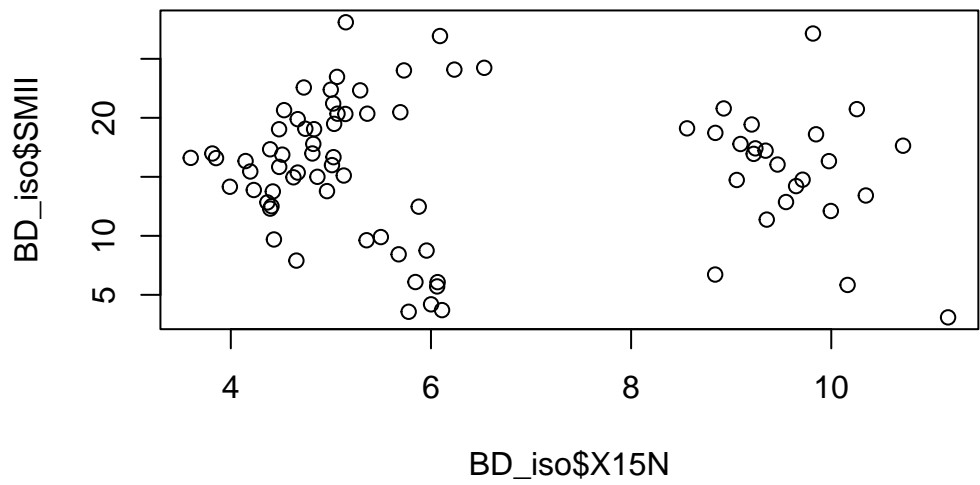
```
plot(BD_iso$X.C,BD_iso$Peso_grs)
```



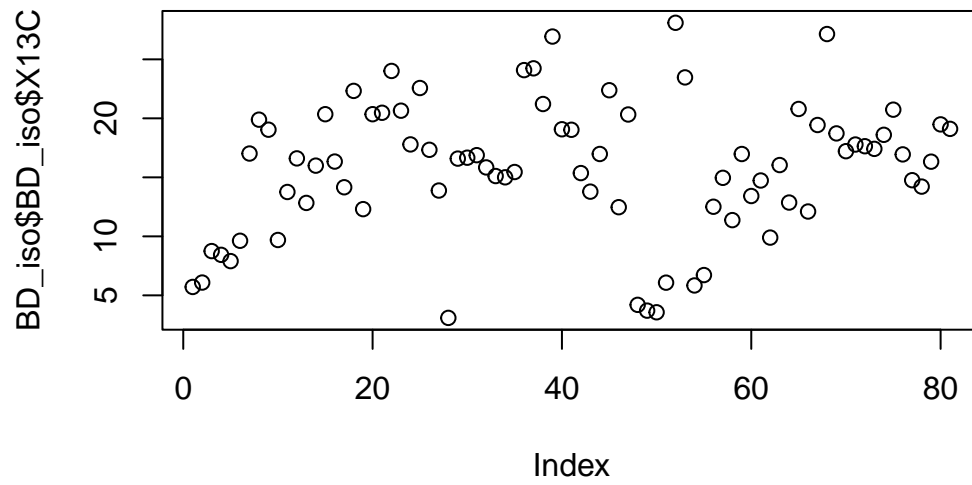
```
plot(BD_iso$C.N,BD_iso$Peso_grs)
```



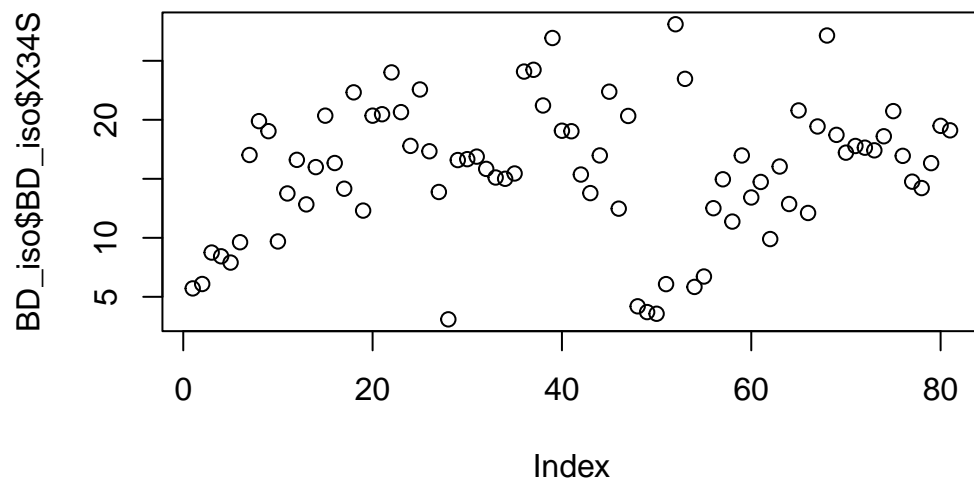
```
plot(BD_iso$X15N,BD_iso$SMII)
```



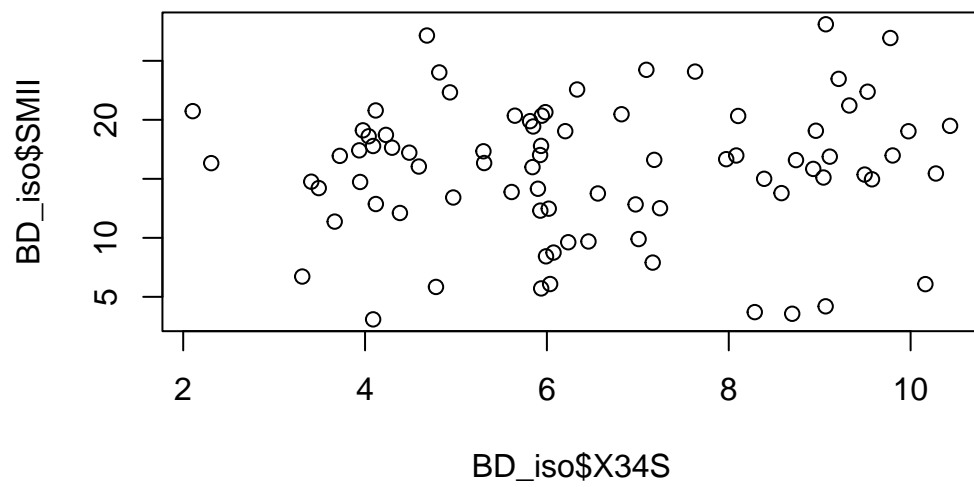
```
plot(BD_iso$SMII,BD_iso$BD_iso$X13C)
```



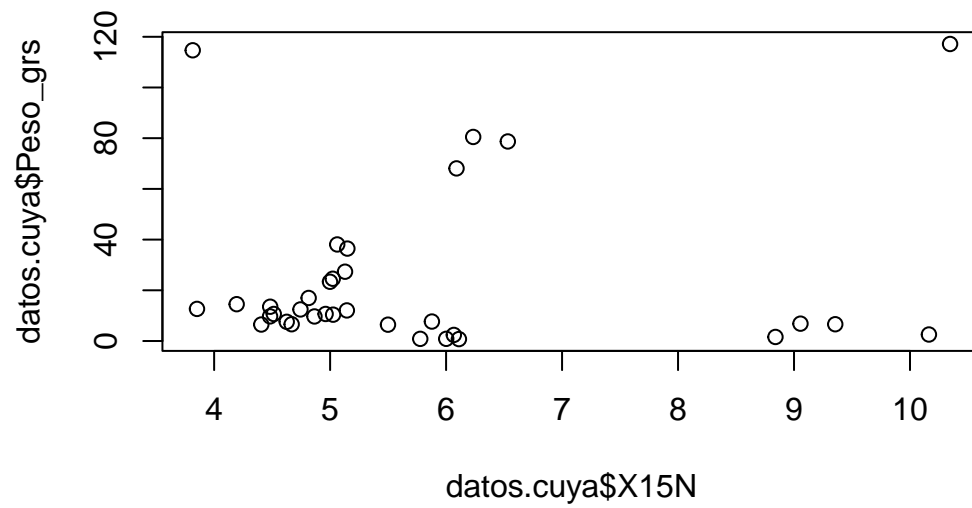
```
plot(BD_iso$SMII,BD_iso$BD_iso$X34S)
```



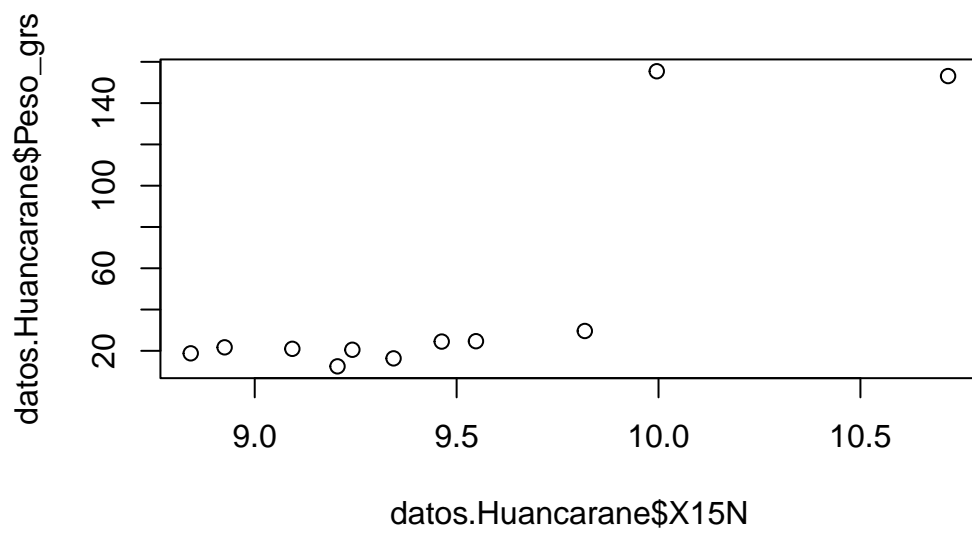
```
plot(BD_iso$X34S,BD_iso$SMII)
```



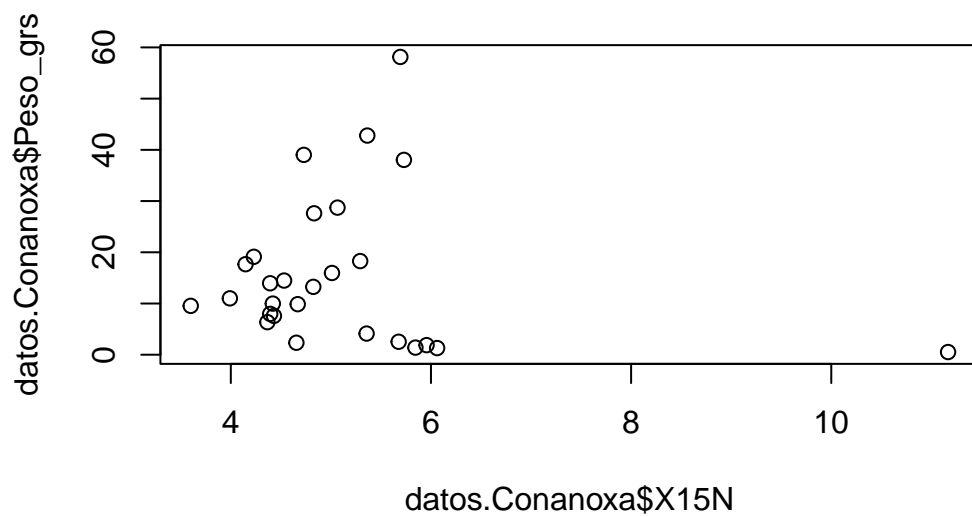
```
plot(datos.cuya$X15N,datos.cuya$Peso_grs)
```



```
plot(datos.Huancarane$X15N,datos.Huancarane$Peso_grs)
```



```
plot(datos.Conanoxa$X15N,datos.Conanoxa$Peso_grs)
```

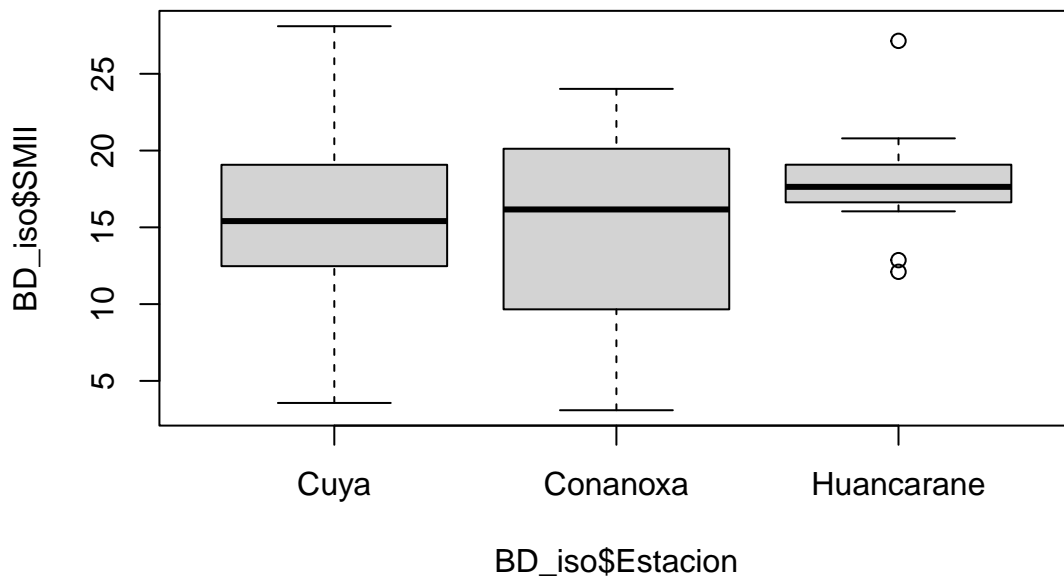


La variable peso presento gradientes a lo largo de la cuenca. Los camarones localizados en estaciones más costeras presentaron magnitudes menores en peso que los que se localizaron hacia el sector precordillerano, etc etc.

```
## Filtramos por grupo
datos.juvenil=BD_iso[BD_iso$grupo=="Juvenil",]
datos.adulto=BD_iso[BD_iso$grupo=="Adulto",]
```

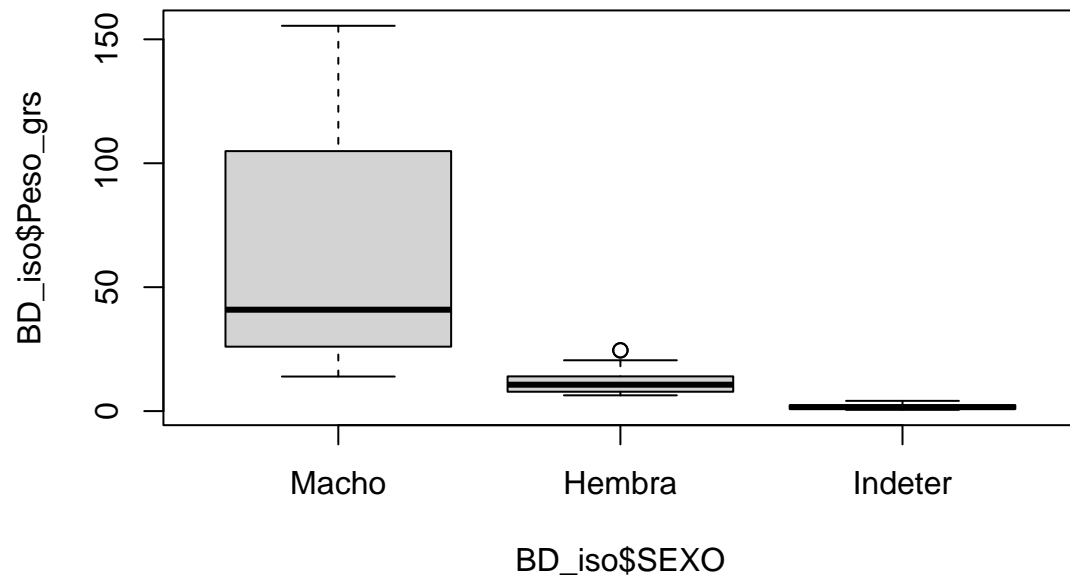
## 2. Boxplot y anovas

```
boxplot(BD_iso$SMII ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso) # SMII por estacion
```



```
boxplot(BD_iso$Peso_grs ~ BD_iso$SEX0, data = BD_iso) # Hacemos un boxplot por sexo
```





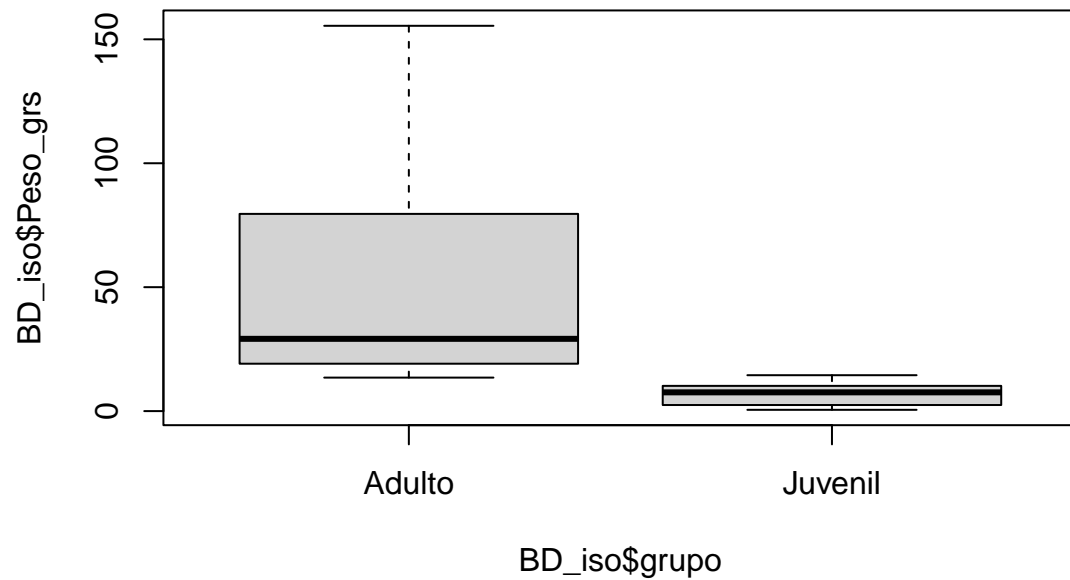
```
anova_sexo<-aov(BD_iso$Peso_grs~BD_iso$SEX0,data=BD_iso) # Realizamos un ANOVA
summary(anova_sexo)
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
BD_iso$SEX0  2  56173    28087   35.66 1e-11 ***
Residuals  78  61430      788
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
boxplot(BD_iso$Peso_grs ~ BD_iso$grupo, data = BD_iso) # Hacemos un boxplot
```



```
# "Peso_grs" numerica con los niveles de la variable categorica "grupo"
anova_grupo<-aov(BD_iso$Peso_grs~BD_iso$grupo,data=BD_iso) # Comparamos sus medias

# H0: Las medias son iguales entre juveniles y adultos
# H1: Las media son distintas distinta
summary(anova_grupo)
```

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
BD_iso$grupo  1  41169    41169   42.55  6e-09 ***
Residuals    79  76434      968
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Como el p-valor es < 0.05 rechazamos la
# hipotesis nula Ho y aceptamos la alternativa H1, o sea, las medias de juveniles
# y adultos son diferentes.
```

Al comparar la variable numerica Peso con la variable categorica grupo, la ANOVA indica que el p-valor es menos a 0.05 se rechaza hipotesis nula H0 y se acepta la alternativa H1, Lo que implica que hay diferencias significativas en la medias de los ejemplares por sexo.

```
##### Test de tukey
resultado_tukey <- TukeyHSD(anova_grupo)
summary(resultado_tukey)
```

```

                Length Class  Mode
BD_iso$grupo 4      -none- numeric
```

```
##### Test de Bonferroni
resultado_bonferroni <- pairwise.t.test(BD_iso$Peso_grs,
BD_iso$grupo, p.adjust.method = "bonferroni")
print(resultado_bonferroni)
```

Pairwise comparisons using t tests with pooled SD

data: BD\_iso\$Peso\_grs and BD\_iso\$grupo

```

      Adulto
Juvenil 6e-09
```

P value adjustment method: bonferroni

```
##### Test de comparaciones múltiples de Tukey-Kramer
resultado_tukey_kramer <- TukeyHSD(anova_grupo, alpha = 0.05)
print(resultado_tukey_kramer)
```

Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level

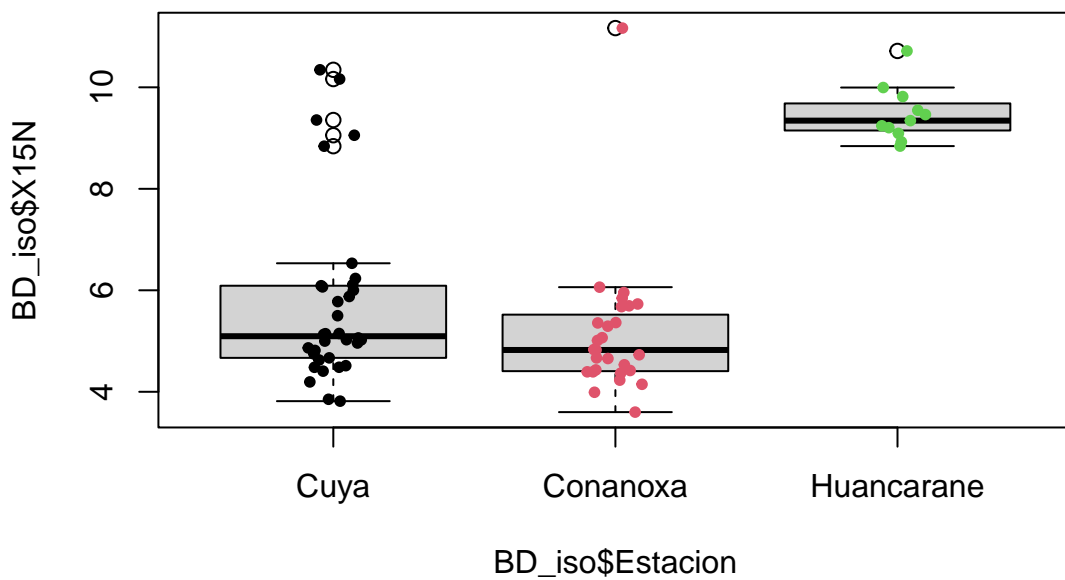
Fit: aov(formula = BD\_iso\$Peso\_grs ~ BD\_iso\$grupo, data = BD\_iso)

```
$`BD_iso$grupo`
              diff          lwr          upr p adj
Juvenil-Adulto -45.12044 -58.88828 -31.3526      0
```

### 3. Análisis Isotópico (N, C, S) en el músculo del camarón

```
## X15N
boxplot(BD_iso$X15N ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)

stripchart(BD_iso$X15N ~ BD_iso$Estacion, vertical = TRUE, method = "jitter",
  pch = 20, add = TRUE, col = 1:length(levels(BD_iso$Estacion)))
```



```
anova_X15N_estación<-aov(BD_iso$X15N~BD_iso$Estacion,data=BD_iso)
summary(anova_X15N_estación)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
BD_iso\$Estacion	2	154.5	77.25	34.97	3.25e-11 ***
Residuals	69	152.4	2.21		

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

9 observations deleted due to missingness

```
##### Test de comparaciones múltiples de Tukey-Kramer
resultado_tukey_kramer <- TukeyHSD(anova_X15N_estación, alpha = 0.05)
print(resultado_tukey_kramer)
```

Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level

```
Fit: aov(formula = BD_iso$X15N ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
```

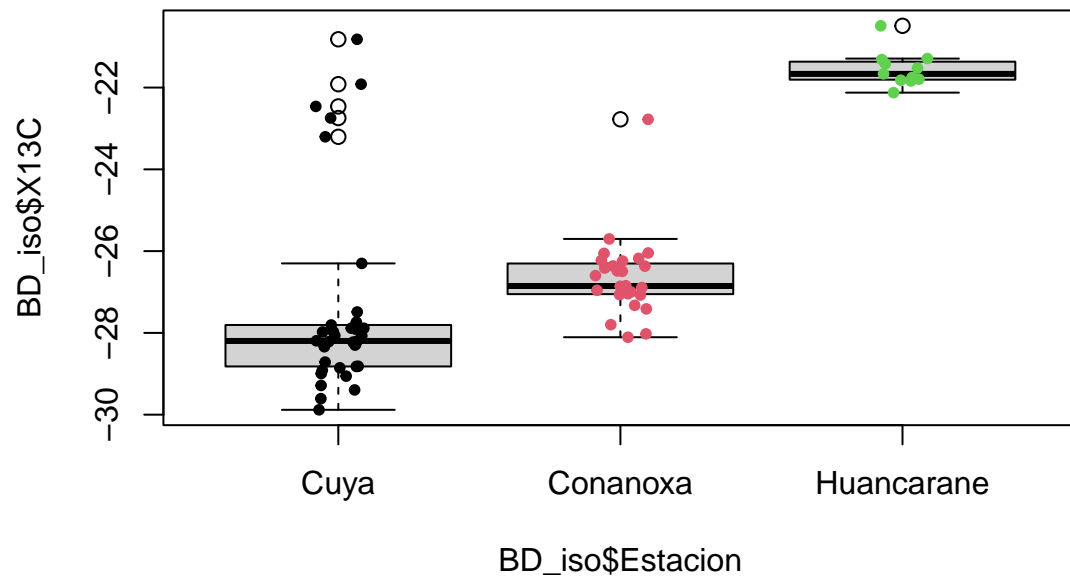
```
$`BD_iso$Estacion`
```

	diff	lwr	upr	p adj
Conanoxa-Cuya	-0.6348684	-1.552582	0.282845	0.2291021
Huancarane-Cuya	3.7100186	2.475112	4.944925	0.0000000
Huancarane-Conanoxa	4.3448870	3.071451	5.618323	0.0000000

```
summary(BD_iso$X15N)
```

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.	NA's
3.599	4.668	5.360	6.385	8.958	11.167	1

```
# X13C
boxplot(BD_iso$X13C ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
stripchart(BD_iso$X13C ~ BD_iso$Estacion,
vertical = TRUE, method = "jitter", pch = 20, add = TRUE, col = 1:length(levels(BD_iso$Estacion)))
```



```
anova_X13C_estación<-aov(BD_iso$X13C~BD_iso$Estacion,data=BD_iso)
summary(anova_X13C_estación)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
BD_iso\$Estacion	2	299.1	149.54	50.72	2.42e-14 ***
Residuals	70	206.4	2.95		

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

8 observations deleted due to missingness

```
resultado_tukey_kramer <- TukeyHSD(anova_X13C_estación, alpha = 0.05)
print(resultado_tukey_kramer)
```

Tukey multiple comparisons of means  
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = BD\_iso\$X13C ~ BD\_iso\$Estacion, data = BD\_iso)

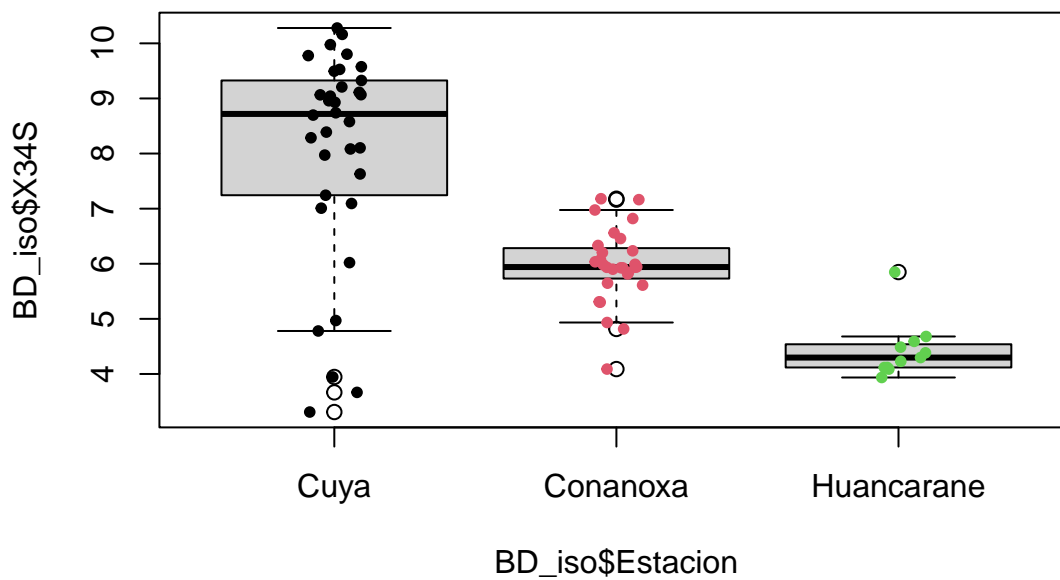
```
BD_iso$Estacion`
```

	diff	lwr	upr	p adj
Conanoxa-Cuya	0.8301341	-0.2191064	1.879375	0.1478278
Huancarane-Cuya	5.9318515	4.5056919	7.358011	0.0000000
Huancarane-Conanoxa	5.1017174	3.6386827	6.564752	0.0000000

```
# X34S
```

```
boxplot(BD_iso$X34S ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
```

```
stripchart(BD_iso$X34S ~ BD_iso$Estacion, vertical = TRUE,  
method = "jitter", pch = 20, add = TRUE, col = 1:length(levels(BD_iso$Estacion)))
```



```
anova_X34S_estación<-aov(BD_iso$X34S~BD_iso$Estacion,data=BD_iso)  
summary(anova_X34S_estación)
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
BD_iso\$Estacion	2	134.0	66.99	34.27	4.21e-11 ***

```
Residuals      70  136.9    1.96
```

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
8 observations deleted due to missingness
```

```
resultado_tukey_kramer <- TukeyHSD(anova_X34S_estación, alpha = 0.05)
print(resultado_tukey_kramer)
```

```
Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = BD_iso$X34S ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
```

```
$`BD_iso$Estacion`
```

	diff	lwr	upr	p adj
Conanoxa-Cuya	-2.091173	-2.945629	-1.2367173	0.0000004
Huancarane-Cuya	-3.619142	-4.780545	-2.4577402	0.0000000
Huancarane-Conanoxa	-1.527969	-2.719401	-0.3365377	0.0084328

```
summary(BD_iso$X34S)
```

Min.	1st Qu.	Median	Mean	3rd Qu.	Max.
2.105	4.681	6.021	6.457	8.389	10.434

```
length(BD_iso$X34S)
```

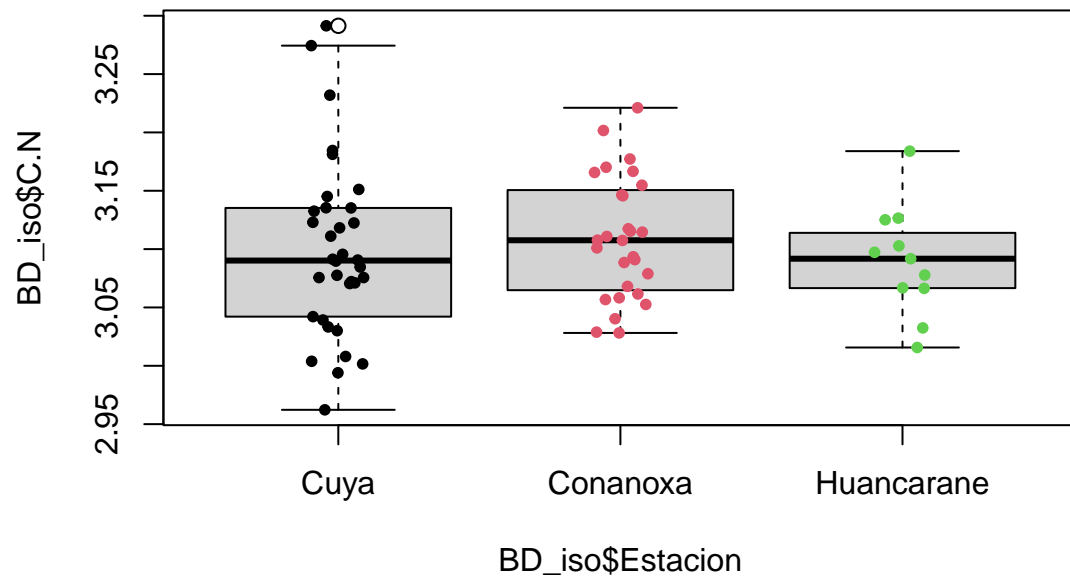
```
[1] 81
```

```
# C.N
```

```
boxplot(BD_iso$C.N ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
```

```
stripchart(BD_iso$C.N ~ BD_iso$Estacion, vertical = TRUE, method = "jitter", pch = 20, add = TRUE,
            col = 1:length(levels(BD_iso$Estacion)))
```





```
anova_C.N_estación<-aov(BD_iso$C.N~BD_iso$Estacion,data=BD_iso)
summary(anova_C.N_estación)
```

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
BD_iso$Estacion  2  0.00372  0.001859   0.463  0.632
Residuals       70  0.28130  0.004019
8 observations deleted due to missingness
```

```
resultado_tukey_kramer <- TukeyHSD(anova_C.N_estación, alpha = 0.05)
print(resultado_tukey_kramer)
```

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level
```

```
Fit: aov(formula = BD_iso$C.N ~ BD_iso$Estacion, data = BD_iso)
```

```
$`BD_iso$Estacion`
```

	diff	lwr	upr	p adj
Conanoxa-Cuya	0.011224422	-0.02751372	0.04996257	0.7678704
Huancarane-Cuya	-0.008744978	-0.06139904	0.04390909	0.9166205
Huancarane-Conanoxa	-0.019969400	-0.07398490	0.03404610	0.6513451

Al comparar por grupo las proporción isotópica de  $^{15}\text{N}$  no se registran diferencias significativas entre los camarones que habitan en las 2 estaciones costeras de Cuya y Conanoxa. de igual forma no se reistran diferencias para el mismo isotopo en las estaciones de Taltape bajo y Huancarane. Al comparar las diferencias entre los isotopos  $^{15}\text{N}$  entre estaciones de la parte alta de la cuenca con los de la zona baja de la cuenca se registra diferencias significativas, con tejidos ms enriquecidos en los camarones que habitan en la parte alta de la cuenca en comparación a los que habitan en la parte baja de la cuenca.

