

Migración del Camarón de río del Norte

Hernan Padilla



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). Estos ambientes por su alta productividad planctónica, proporcionan los recursos necesarios a la larva para su sobrevivencia y desarrollo, hasta su metamorfosis (Hartmann, 1958; Bahamonde y Vila, 1971; Norambuena, 1977). Luego, postlarvas y juveniles se asientan en el fondo y buscan la desembocadura de un arroyo o río de agua dulce, para comenzar a migrar río arriba (Rivera y Meruane, 1987). En estos casos, el flujo unidireccional

del agua río abajo, parece ser la señal que estimula la migración de los juveniles río arriba (Bauer 2011a).

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).

Debido a 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 isótopos estables (C, N y S), 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. Selección de Librerías

```
library(nicheROVER)
library(vegan)
```

```
Loading required package: permute
```

```
Loading required package: lattice
```

```
This is vegan 2.6-4
```

```
library(ggplot2)
library(gridExtra)
library(ggplot2)
library(dplyr)
```

```
Attaching package: 'dplyr'
```

```
The following object is masked from 'package:gridExtra':
```

```
combine
```

The following objects are masked from 'package:stats':

```
filter, lag
```

The following objects are masked from 'package:base':

```
intersect, setdiff, setequal, union
```

```
library(effectsize)
library(maptools)
```

Loading required package: sp

The legacy packages maptools, rgdal, and rgeos, underpinning the sp package, which was just loaded, will retire in October 2023.

Please refer to R-spatial evolution reports for details, especially <https://r-spatial.org/r/2023/05/15/evolution4.html>.

It may be desirable to make the sf package available; package maintainers should consider adding sf to Suggests:.

The sp package is now running under evolution status 2
(status 2 uses the sf package in place of rgdal)

Please note that 'maptools' will be retired during October 2023, plan transition at your earliest convenience (see <https://r-spatial.org/r/2023/05/15/evolution4.html> and earlier blogs for guidance); some functionality will be moved to 'sp'.

Checking rgeos availability: FALSE

Sección 3. Análisis base de datos

###1. Cargar base de datos

```
BD_iso<-read.csv("BD_Isotopos_huella.csv",header = TRUE, dec=".",sep = ";")
BD_iso_BASE<-read.csv("BD_Isotopos_huella.csv",header = TRUE, dec=".",sep = ";")
BD_iso_BASE<-BD_iso_BASE[-c(52),]
```

###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)
```

ID	ID_Sample	Muestra	Estacion
Length:81	Length:81	Length:81	Length:81
Class :character	Class :character	Class :character	Class :character
Mode :character	Mode :character	Mode :character	Mode :character

Fecha	SEXO	E..Reprod.	Peso_grs
Length:81	Min. :1.000	Length:81	Min. : 0.52
Class :character	1st Qu.:1.000	Class :character	1st Qu.: 7.58
Mode :character	Median :2.000	Mode :character	Median : 13.95
	Mean :1.765		Mean : 30.34
	3rd Qu.:2.000		3rd Qu.: 29.61
	Max. :3.000		Max. :155.45

Long_Cefal_mm	Long_Total	Mass_mg	X15N
Min. : 8.53	Min. : 31.19	Min. :2.000	Min. : 3.599
1st Qu.:25.65	1st Qu.: 66.48	1st Qu.:2.030	1st Qu.: 4.668
Median :30.35	Median : 78.85	Median :2.070	Median : 5.360
Mean :33.38	Mean : 84.03	Mean :2.074	Mean : 6.385
3rd Qu.:39.79	3rd Qu.: 97.76	3rd Qu.:2.100	3rd Qu.: 8.958
Max. :68.97	Max. :154.36	Max. :2.200	Max. :11.167
			NA's :1

X13C	X34S	X.N	X.C
Min. : -29.88	Min. : 2.105	Min. :10.36	Min. : 31.12
1st Qu.: -28.07	1st Qu.: 4.681	1st Qu.:12.76	1st Qu.: 38.73
Median : -26.93	Median : 6.021	Median :15.03	Median : 47.09
Mean : -25.94	Mean : 6.457	Mean :19.49	Mean : 60.86
3rd Qu.: -22.74	3rd Qu.: 8.389	3rd Qu.:20.15	3rd Qu.: 62.04
Max. : -20.49	Max. :10.434	Max. :69.89	Max. :217.34

X.S	C.N
Min. :0.683	Min. :2.962
1st Qu.:0.875	1st Qu.:3.068
Median :1.048	Median :3.097
Mean :1.383	Mean :3.108
3rd Qu.:1.596	3rd Qu.:3.140
Max. :5.639	Max. :3.322

```
str(BD_iso)
```

```
'data.frame': 81 obs. of 18 variables:
 $ ID      : chr  "CO_1" "CO_2" "CO_3" "CO_4" ...
 $ ID_Sample : chr  "CHIEM-C48" "CHIEM-C49" "CHIEM-C50" "CHIEM-C51" ...
 $ Muestra  : chr  "Musculo" "Musculo" "Musculo" "Musculo" ...
 $ Estacion : chr  "Conanoxa" "Conanoxa" "Conanoxa" "Conanoxa" ...
 $ Fecha    : chr  "07-01-2023" "07-01-2023" "07-01-2023" "07-01-2023" ...
 $ SEXO     : int   3 3 3 3 3 3 2 2 1 2 ...
 $ E..Reprod. : chr  "" "" "" "" ...
 $ Peso_grs : num   1.3 1.39 1.87 2.53 2.34 ...
 $ Long_Cefal_mm: num   12.7 12.8 11.9 16.6 16.4 ...
 $ Long_Total  : num   36.2 38.3 38.8 46.3 45.8 ...
 $ Mass_mg     : num    2.03 2.1 2.2 2.01 2.05 2.09 2.07 2.09 2.05 2.08 ...
 $ X15N        : num    6.06 5.84 5.96 5.68 4.66 ...
 $ X13C        : num   -26.9 -26.4 -26.1 -26.2 -25.7 ...
 $ X34S        : num    5.94 6.04 6.07 5.99 7.16 ...
 $ X.N         : num   12.8 13.3 13.2 11.9 12.4 ...
 $ X.C         : num    40 41 40.8 36.3 38.6 ...
 $ X.S         : num    1.157 0.926 1.043 0.874 0.889 ...
 $ C.N        : num    3.11 3.09 3.09 3.06 3.12 ...
```

```
names(BD_iso)
```

```
[1] "ID"           "ID_Sample"    "Muestra"      "Estacion"
[5] "Fecha"        "SEXO"         "E..Reprod."   "Peso_grs"
[9] "Long_Cefal_mm" "Long_Total"   "Mass_mg"      "X15N"
[13] "X13C"         "X34S"         "X.N"          "X.C"
[17] "X.S"          "C.N"
```

```
class(BD_iso$fecha)
```

```
[1] "NULL"
```

###4. Dividimos la variable Long__Cefalotorax__mm en una nueva variable grupo con juvenil y adulto, usando dplyr

```
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. Aqui le damos la clase correspondiente a 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 condicion corporal de los ejemplares SMII

```
longitud <- na.omit(BD_iso$Long_Cefal_mm) # datos de longitud corporal
masa <- BD_iso$Peso_grs # y masa corporal

SMA <- (longitud - mean(longitud)) / sd(longitud) # Calcular el SMA
bSMA <- as.numeric(exp(SMA)) #Calcular bSMA
BD_iso$SMII <- masa/bSMA # Agregar la columna SMII a BD_iso
```

###8. Definir localidades y su orden

```
# 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. Cambiamos la variable SEXO n merica a texto

```
BD_iso$SEXO <- factor(BD_iso$SEXO, levels = c(1, 2,3), labels = c("Macho", "Hembra", "Indeter"))
## BD_iso_BASE$SEXO <- factor(BD_iso_BASE$SEXO, levels = c(1, 2,3), labels = c("Macho", "Hembra", "Indeter"))
levels(BD_iso$SEXO)
```

```
[1] "Macho" "Hembra" "Indeter"
```

```
class(BD_iso$Estacion) # Vemos la clase de Estación
```

```
[1] "factor"
```

```
levels(BD_iso$Estacion) # Vemos sus niveles
```

```
[1] "Cuya" "Conanoxa" "Huancarane"
```

```
class(BD_iso$SEXO) # Vemos la clase de Estación
```

```
[1] "factor"
```

```
levels(BD_iso$SEXO)
```

```
[1] "Macho" "Hembra" "Indeter"
```

```
names(BD_iso)
```

```
[1] "ID" "ID_Sample" "Muestra" "Estacion"
[5] "Fecha" "SEXO" "E..Reprod." "Peso_grs"
[9] "Long_Cefal_mm" "Long_Total" "Mass_mg" "X15N"
[13] "X13C" "X34S" "X.N" "X.C"
[17] "X.S" "C.N" "grupo" "periodo"
[21] "SMII"
```

```
str(BD_iso) # Volvemos a revisar su estructura
```

```
'data.frame': 81 obs. of 21 variables:
 $ ID      : chr  "CO_1" "CO_2" "CO_3" "CO_4" ...
 $ ID_Sample : Factor w/ 81 levels "CHIC-C1","CHIC-C10",...: 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42
 $ Muestra  : Factor w/ 1 level "Musculo": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ Estacion : Factor w/ 3 levels "Cuya","Conanoxa",...: 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ Fecha    : chr  "07-01-2023" "07-01-2023" "07-01-2023" "07-01-2023" ...
 $ SEXO     : Factor w/ 3 levels "Macho","Hembra",...: 3 3 3 3 3 3 2 2 1 2 ...
 $ E..Reprod. : Factor w/ 3 levels "", "C/H", "S/H": 1 1 1 1 1 1 3 3 1 3 ...
 $ Peso_grs : num  1.3 1.39 1.87 2.53 2.34 ...
 $ Long_Cefal_mm: num  12.7 12.8 11.9 16.6 16.4 ...
 $ Long_Total : num  36.2 38.3 38.8 46.3 45.8 ...
 $ Mass_mg    : num  2.03 2.1 2.2 2.01 2.05 2.09 2.07 2.09 2.05 2.08 ...
 $ X15N       : num  6.06 5.84 5.96 5.68 4.66 ...
 $ X13C       : num  -26.9 -26.4 -26.1 -26.2 -25.7 ...
 $ X34S       : num  5.94 6.04 6.07 5.99 7.16 ...
 $ X.N        : num  12.8 13.3 13.2 11.9 12.4 ...
 $ X.C        : num  40 41 40.8 36.3 38.6 ...
 $ X.S        : num  1.157 0.926 1.043 0.874 0.889 ...
 $ C.N        : num  3.11 3.09 3.09 3.06 3.12 ...
 $ grupo      : Factor w/ 2 levels "Adulto","Juvenil": 2 2 2 2 2 2 1 2 1 2 ...
 $ periodo    : Factor w/ 1 level "": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ SMII       : num  5.71 6.09 8.75 8.43 7.9 ...
```

```
summary(BD_iso) # Realizamos un resumen de todas las variables
```

ID	ID_Sample	Muestra	Estacion	
Length:81	CHIC-C1 : 1	Musculo:81	Cuya :34	
Class :character	CHIC-C10: 1		Conanoxa :28	
Mode :character	CHIC-C11: 1		Huancarane:11	
	CHIC-C12: 1		NA's : 8	
	CHIC-C13: 1			
	CHIC-C14: 1			
	(Other) :75			
Fecha	SEXO	E..Reprod.	Peso_grs	Long_Cefal_mm
Length:81	Macho :32	:45	Min. : 0.52	Min. : 8.53
Class :character	Hembra :36	C/H:13	1st Qu.: 7.58	1st Qu.:25.65
Mode :character	Indeter:13	S/H:23	Median : 13.95	Median :30.35
			Mean : 30.34	Mean :33.38
			3rd Qu.: 29.61	3rd Qu.:39.79
			Max. :155.45	Max. :68.97

Long_Total	Mass_mg	X15N	X13C
Min. : 31.19	Min. :2.000	Min. : 3.599	Min. : -29.88
1st Qu.: 66.48	1st Qu.:2.030	1st Qu.: 4.668	1st Qu.: -28.07
Median : 78.85	Median :2.070	Median : 5.360	Median : -26.93
Mean : 84.03	Mean :2.074	Mean : 6.385	Mean : -25.94
3rd Qu.: 97.76	3rd Qu.:2.100	3rd Qu.: 8.958	3rd Qu.: -22.74
Max. :154.36	Max. :2.200	Max. :11.167	Max. : -20.49

NA's :1

X34S	X.N	X.C	X.S
Min. : 2.105	Min. :10.36	Min. : 31.12	Min. :0.683
1st Qu.: 4.681	1st Qu.:12.76	1st Qu.: 38.73	1st Qu.:0.875
Median : 6.021	Median :15.03	Median : 47.09	Median :1.048
Mean : 6.457	Mean :19.49	Mean : 60.86	Mean :1.383
3rd Qu.: 8.389	3rd Qu.:20.15	3rd Qu.: 62.04	3rd Qu.:1.596
Max. :10.434	Max. :69.89	Max. :217.34	Max. :5.639

C.N	grupo	periodo	SMII
Min. :2.962	Adulto :42	:81	Min. : 3.09
1st Qu.:3.068	Juvenil:39		1st Qu.:12.83
Median :3.097			Median :16.59
Mean :3.108			Mean :15.77
3rd Qu.:3.140			3rd Qu.:19.44
Max. :3.322			Max. :28.10

```
var_num<-BD_iso[c(8:19)] # Filtramos solo las variables numericas
str(var_num)
```

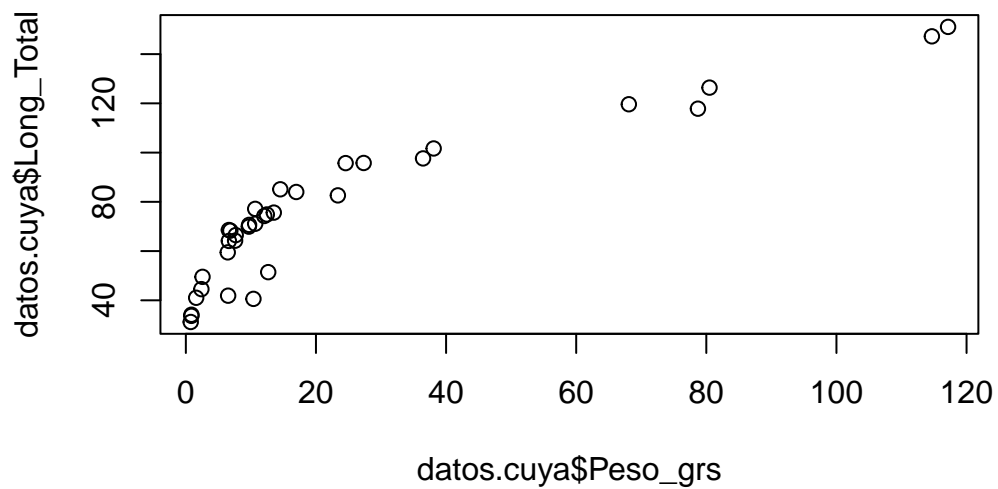
```
'data.frame': 81 obs. of 12 variables:
 $ Peso_grs      : num  1.3 1.39 1.87 2.53 2.34 ...
 $ Long_Cefal_mm: num  12.7 12.8 11.9 16.6 16.4 ...
 $ Long_Total    : num  36.2 38.3 38.8 46.3 45.8 ...
 $ Mass_mg       : num  2.03 2.1 2.2 2.01 2.05 2.09 2.07 2.09 2.05 2.08 ...
 $ X15N          : num  6.06 5.84 5.96 5.68 4.66 ...
 $ X13C          : num  -26.9 -26.4 -26.1 -26.2 -25.7 ...
 $ X34S          : num  5.94 6.04 6.07 5.99 7.16 ...
 $ X.N           : num  12.8 13.3 13.2 11.9 12.4 ...
 $ X.C           : num  40 41 40.8 36.3 38.6 ...
 $ X.S           : num  1.157 0.926 1.043 0.874 0.889 ...
 $ C.N           : num  3.11 3.09 3.09 3.06 3.12 ...
 $ grupo         : Factor w/ 2 levels "Adulto","Juvenil": 2 2 2 2 2 2 1 2 1 2 ...
```

```
# par(mar = c(5, 4, 4, 2) + 0.1)    Ajusta los margenes del grafico
```

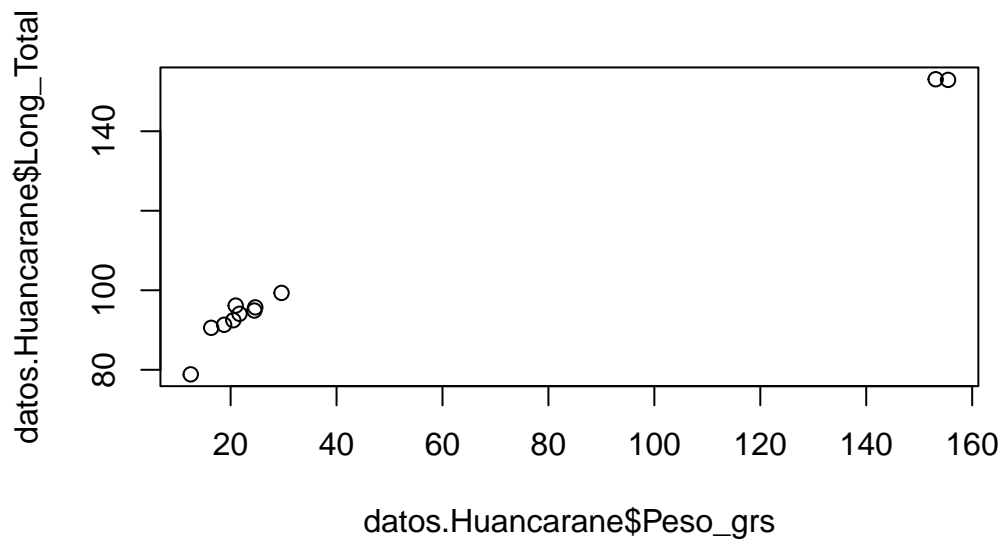
Sección 4. Resultados

1. Gráficos exploratorios, datos filtrados por tipo de isotopo y Estación

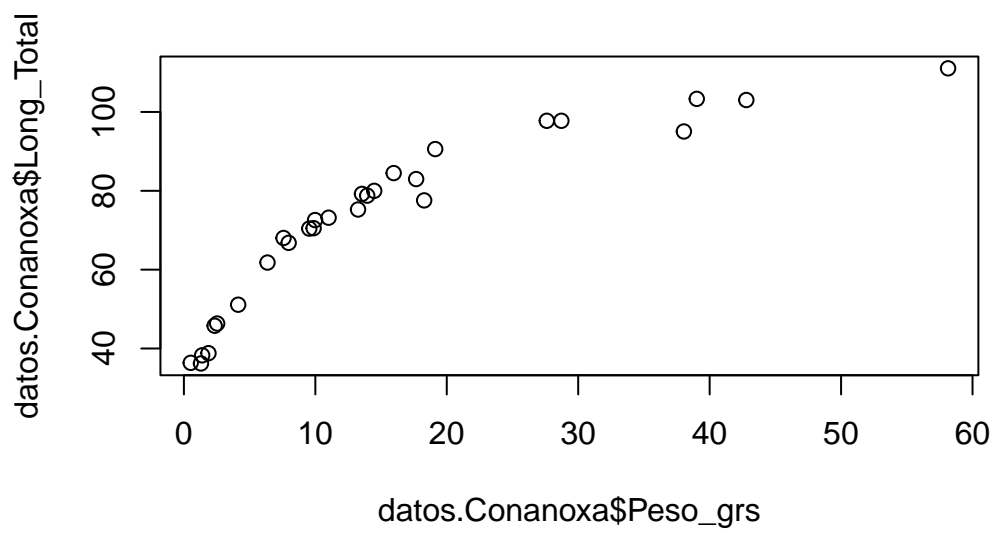
```
datos.cuya=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Cuya",]  
datos.Huancarane=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Huancarane",]  
datos.Conanoxa=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Conanoxa",]  
datos.Conanoxa=BD_iso[BD_iso$Estacion=="Conanoxa",(8:18)]  
plot(datos.cuya$Peso_grs,datos.cuya$Long_Total)
```



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



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



```
names(datos.cuya)
```

```
[1] "ID"           "ID_Sample"    "Muestra"      "Estacion"
[5] "Fecha"        "SEX0"         "E..Reprod."   "Peso_grs"
[9] "Long_Cefal_mm" "Long_Total"   "Mass_mg"      "X15N"
[13] "X13C"         "X34S"         "X.N"          "X.C"
[17] "X.S"          "C.N"          "grupo"        "periodo"
[21] "SMII"
```

```
mean(datos.cuya$Peso_grs)
```

```
[1] NA
```

```
mean(datos.Huancarane$Peso_gr)
```

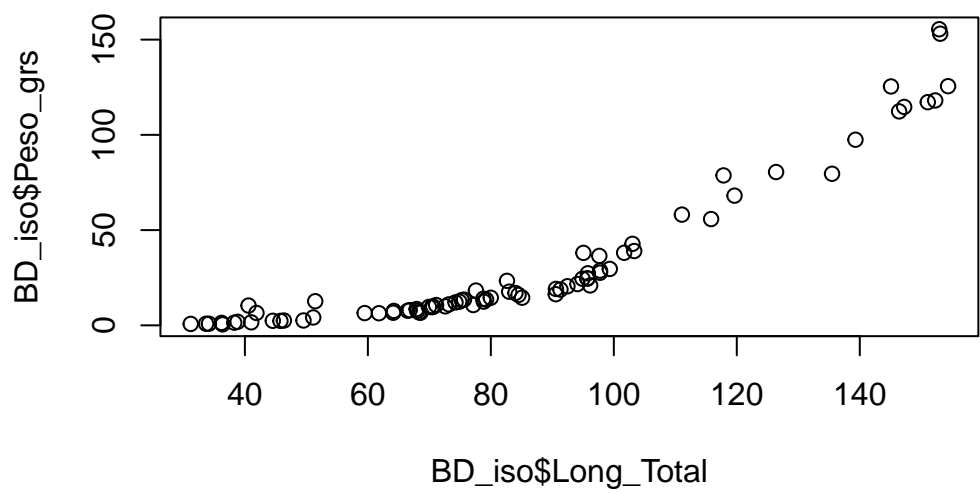
```
[1] NA
```

```
mean(datos.Conanoxa$Peso_gr)
```

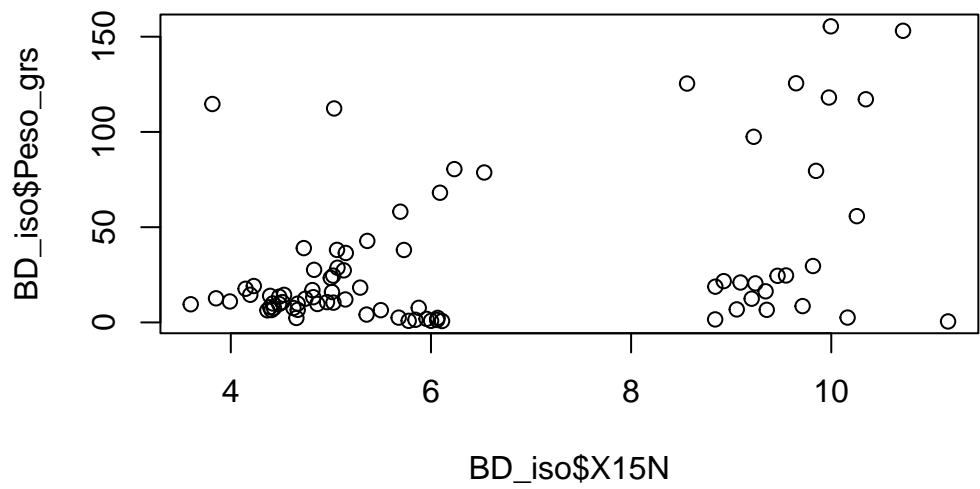
```
[1] NA
```

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

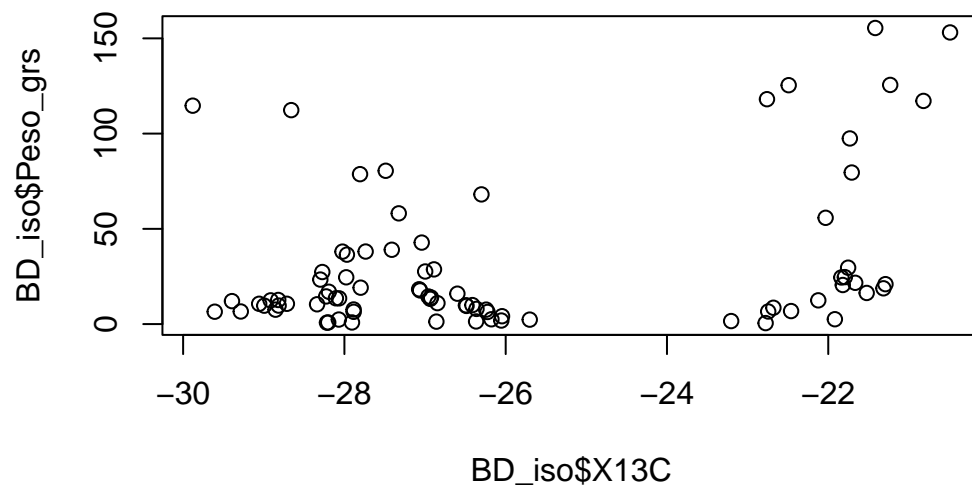
```
plot(BD_iso$Long_Total,BD_iso$Peso_grs)  ### REVISAR GRAFICOS  #####
```



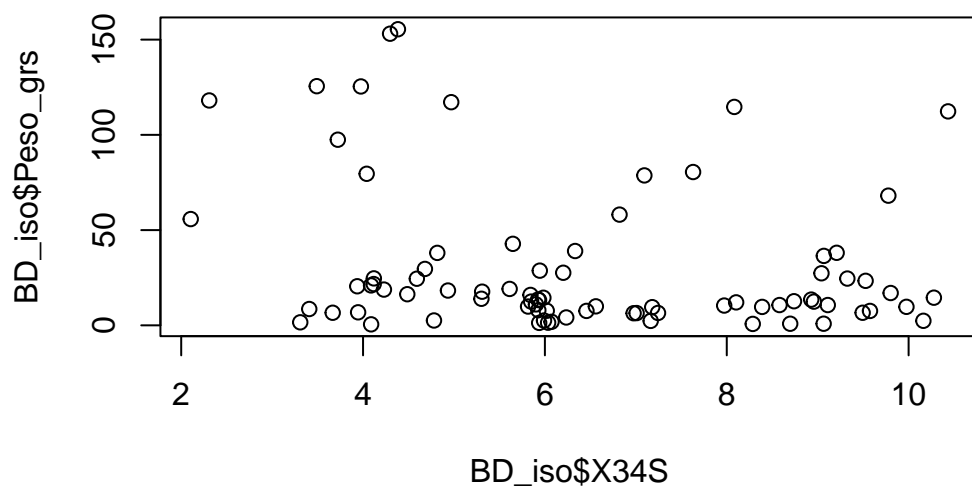
```
plot(BD_iso$X15N,BD_iso$Peso_grs)
```



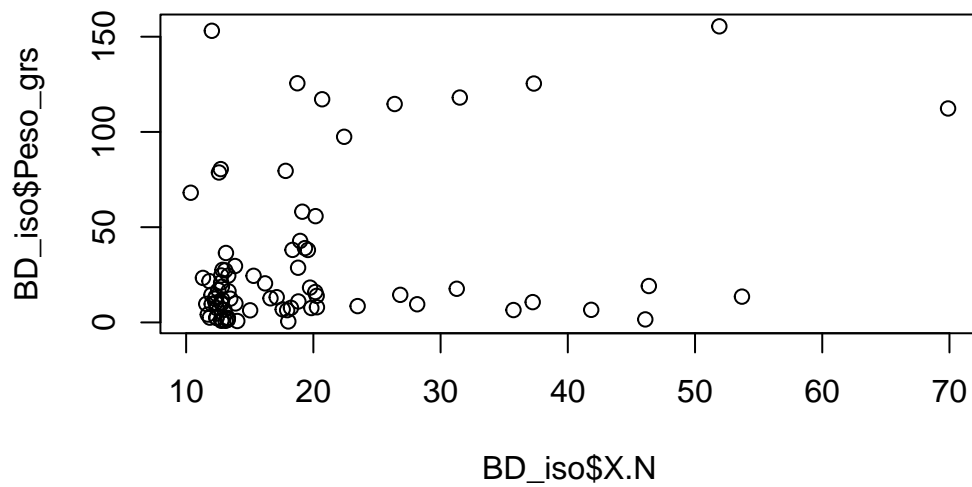
```
plot(BD_iso$X13C,BD_iso$Peso_grs)
```



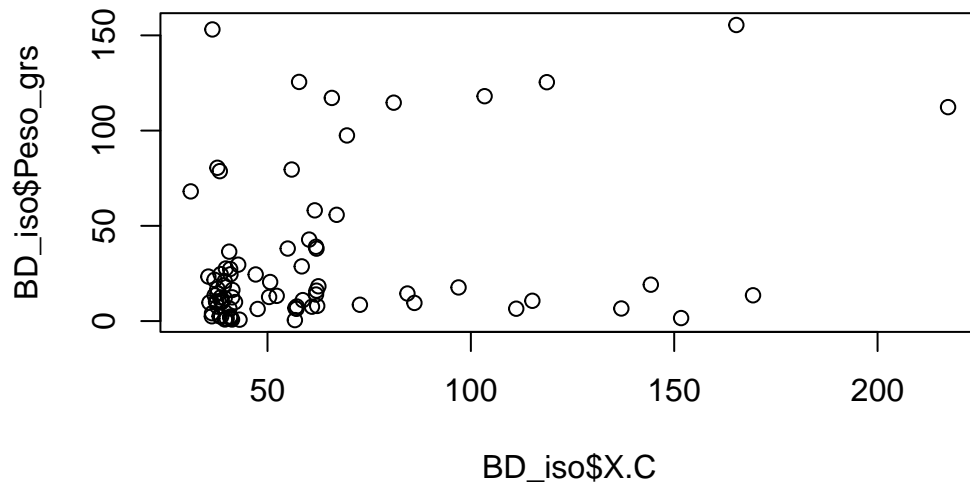
```
plot(BD_iso$X34S,BD_iso$Peso_grs)
```



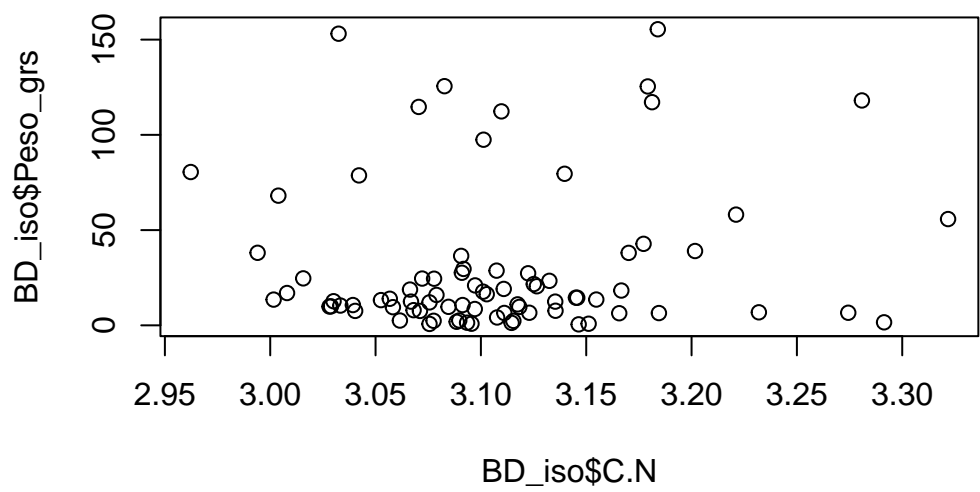
```
plot(BD_iso$X.N,BD_iso$Peso_grs)
```



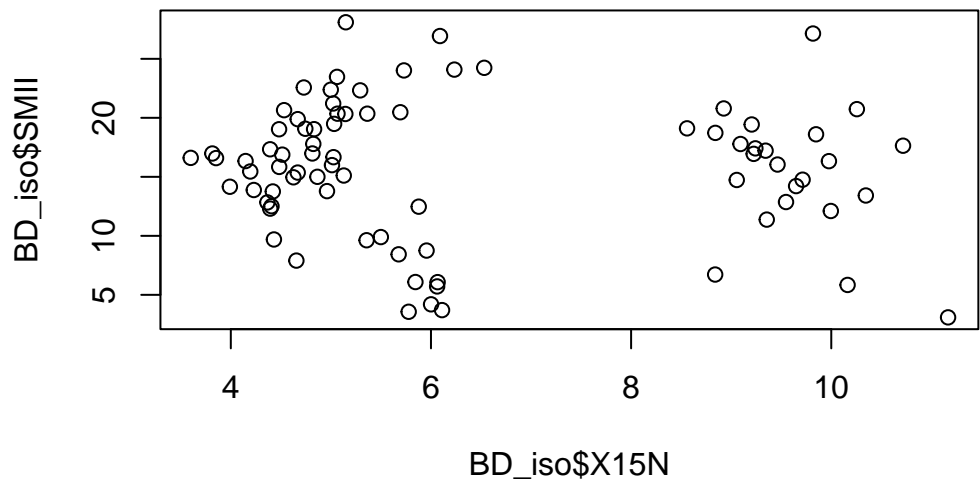
```
plot(BD_iso$X.C,BD_iso$Peso_grs)
```



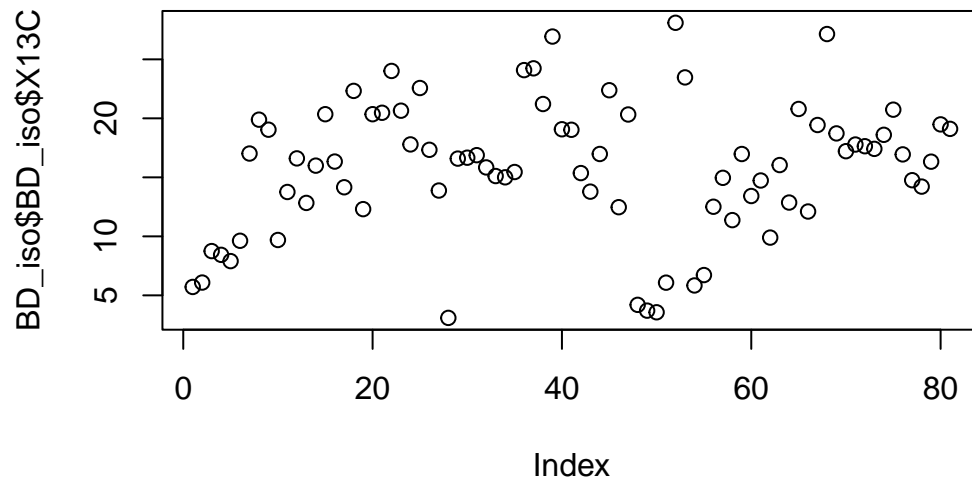
```
plot(BD_iso$C.N,BD_iso$Peso_grs)
```

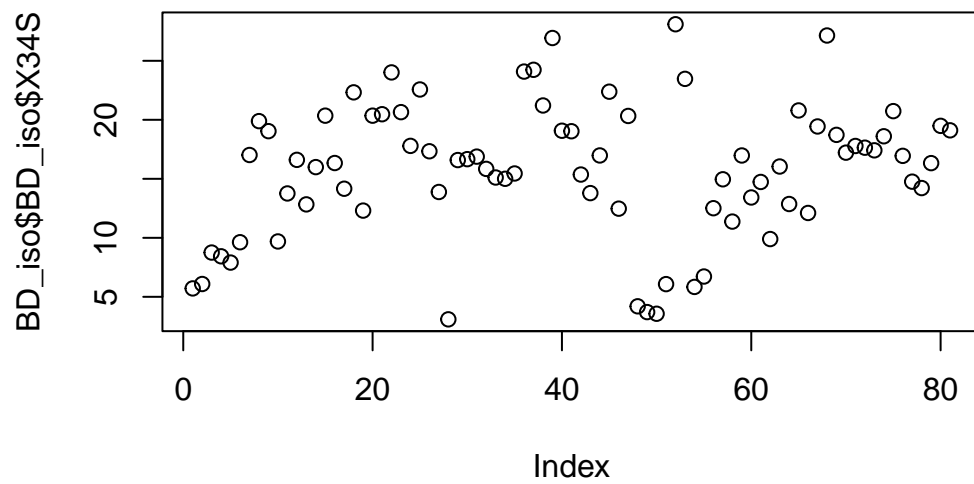
```
plot(BD_iso$X15N,BD_iso$SMII)
```



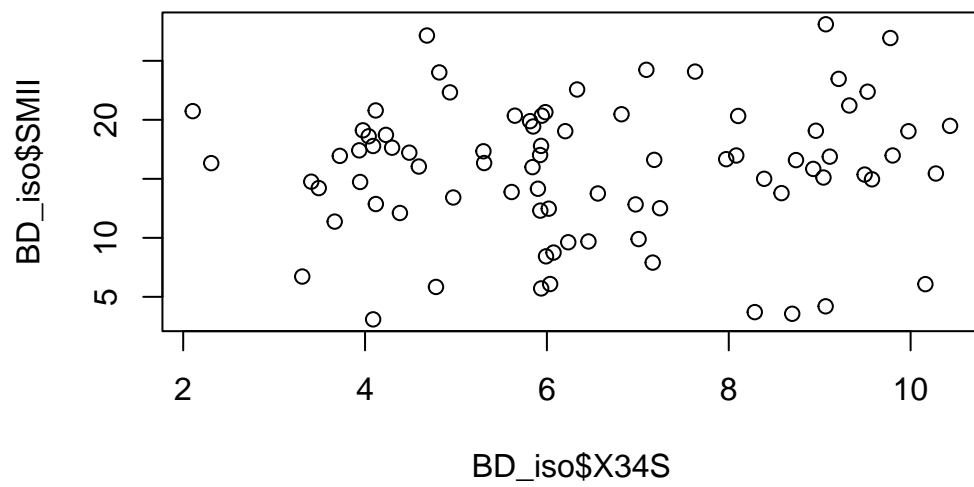
```
plot(BD_iso$SMII,BD_iso$BD_iso$X13C)
```



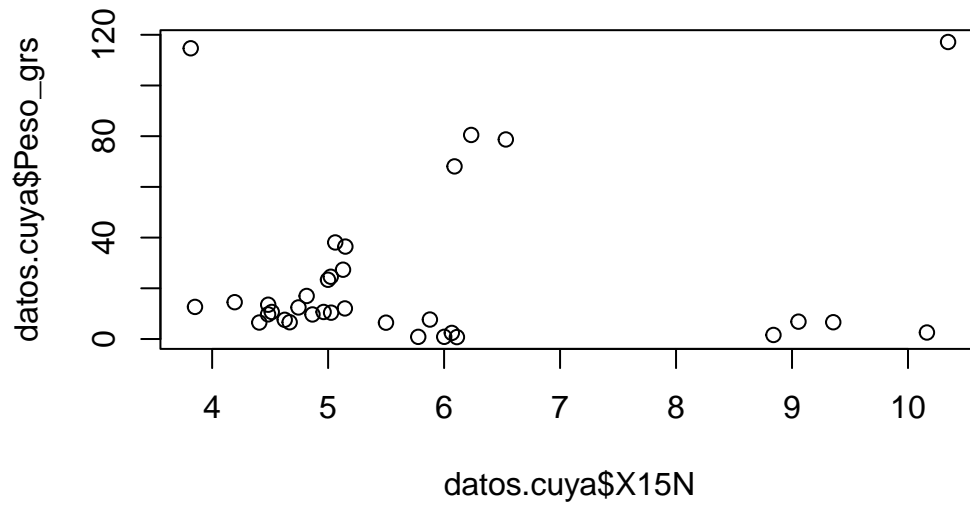
```
plot(BD_iso$SMII,BD_iso$BD_iso$X34S)
```



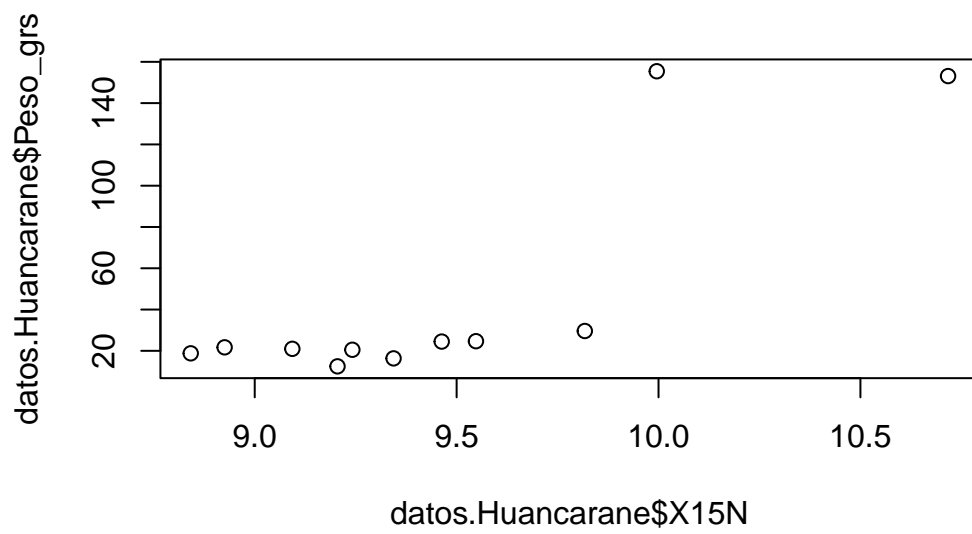
```
plot(BD_iso$X34S,BD_iso$SMII)
```



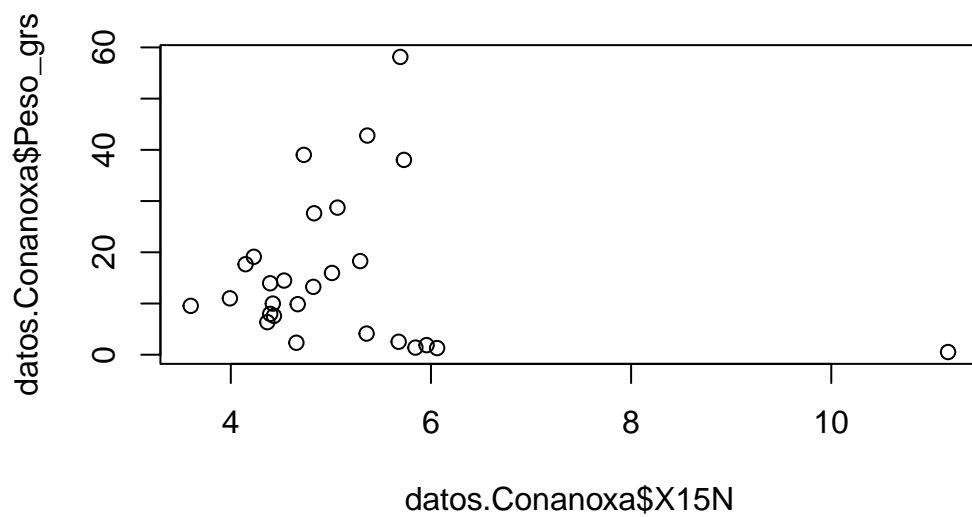
```
plot(datos.cuya$X15N,datos.cuya$Peso_grs)
```



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



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



Los isotopos estables en el musculo del camarón presentaron gradientes longitudinales. Los camrones ´más costeros presentaron isotopos de carbono más enriquecidos que los que se localizaron hacia el sector precordillerano, etc etc.