

# Estudio de la biodiversidad de Myrtaceae en la Isla de Barrio Colorado, Panamá: Desde la Ecología Numérica. *Biodiversity study of Myrtaceae on the Island of Barrio Colorado, Panama. From Numerical Ecology.*

**Darihana Linares Laureano** Estudiante de Licenciatura en Geografía mención recursos naturales y ecoturismo, Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD)

La ecología numérica resulta sumamente importante en el estudio de la biodiversidad de las plantas, ya que se pueden emplear herramientas diversas para los estudios multivariacos. El estudio de los conjunto de datos ecológicos usando algoritmos, permite un aprovechamiento más detallado y específico de la familia arbórea, sobre su distribución, el comportamiento con respecto a variables ambientales, la diversidad de especies en sitios específicos o su autocorrelación espacial. El estudio de la biodiversidad de las *Myrtaceae* en las parcelas de medición permanente en BCI, indican que las especies especies más raras como *Chamguava schippi* tienden a ser indicadoras de sitios (14 y 19), influenciadas por variables de suelos como Aluminio Y pH ácido. Se distinguen patrones de dispersión para variables ambientales como heterogeneidad ambiental, pico, interfluvio, hombrera, entre otros.

**Keywords:** RStudio, Diversidad, Ecología numérica, BCI, Myrtaceae, coeficientes de asociación, cluster análisis, ordenamiento, autocorrelación.

## 1 Introducción

Desde mediados del siglo XVII es posible visualizar el interés del hombre a estudiar la flora, la fauna y el medio en el que están en conjunto con las interacciones que se producen entre ellos, pero no es hasta mediados del siglo XIX cuando se introduce el término Ecología y su definición, que se empieza a englobar en este tipo de estudios en una categoría (De la Llata Loyola, 2003). A partir de este punto se reconocieron distintos campos de estudios y se implementaron nuevos métodos de análisis, entre los cuales destacan la ecología numérica y métodos como el análisis multivariático. Según P. Legendre & Legendre (2012), la ecología numérica no es más que una de las disciplinas de la ecología cuantitativa, la cual a la vez es una de las divisiones de la ecología matemática.

La ecología numérica se concentra en el estudio y análisis de conjuntos de datos ecológicos, a fin de poder detallar y comprender la configuración de los conjuntos de datos, combinando diversas perspectivas numéricas y disciplinas, procedentes de la Geografía, las matemáticas físicas, taxonomía numérica, parámetros estadísticos y otros más (P. Legendre & Legendre, 2012). El análisis de conjuntos de datos ecológicos, especialmente de la flora, resulta importante tanto para la ciencia, como para la economía o el sector de salud, por eso se han establecido distintas parcelas permanentes de medición y monitoreo forestal donde se colectan datos sobre la diversidad forestal, su estructura, el crecimiento y su productividad (Pineda, 2014). En el estudio de las plantas a través de la Ecología Numérica se usan diversas técnicas que permiten obtener información sobre el rango de asociación, agrupamiento, ordenamiento, diversidad, autocorrelación, etcétera.

La medición de la asociación es un coeficiente que sirve para medir y asociar los datos de vari-

ables cualitativos y cuantitativos. La medición de estas variables se puede hacer por dos modos el *Q* y el *R*, el primero consiste en hacer una comparación de un dúo de objetos y el segundo consiste en realizar una descripción de un par de objetos y luego compararlos. Para el modo *Q* se miden la asociación según la similitud o disimilitud de un par de objetos. Mientras que para el modo *R* se mide el grado de dependencia existente entre las variables, entre los cuales se puede mencionar la covarianza o el coeficiente de correlación (Borcard, Gillet, Legendre, & others, 2011).

En cambio, el análisis de agrupamiento o clúster análisis es una técnica que consiste en separar un conjunto de datos y luego estructurarlos, sin dejar uno fuera de lugar, como subconjuntos con distintas categorías o jerarquías de acuerdo a sus características. La finalidad de hacer un agrupamiento es identificar los pequeños grupos dispersos en un espacio discreto pero constante, este agrupamiento divide un conjunto de objetos a estudiar, por lo que es necesario e importante que cada objeto agrupado en otros subgrupos no se encuentre en otros (Borcard et al., 2011).

En el caso del análisis de ordenamiento, son técnicas que consisten en simplificar la magnitud de los datos. Todas estas técnicas muestran las predisposiciones esenciales de variabilidad de cada dato que se encuentran en un campo de dimensiones simplificadas, organizando los ejes con rangos decreciente de varianza explicada en cada uno de los ejes sucesivo, de forma convencional. Estos tipos de análisis pueden ser tanto no restringido o simple, como restringido o canónico. En donde para el primero, las tendencias o predisposiciones del grupo que interesa no está restringida por otro grupo. Entre sus técnicas principales de análisis están los de componentes principales (*PCA*) basado en un vector propio y se utiliza en datos cuantitativos sin tratamiento preservando la distancia euclídea, los de correspondencia (*CA*) que se usa en datos frecuentes con dimensiones uniformes y positivos, y los de coordenadas principales (*PCoA*) que se concentra en organizar las matrices de disimilaridad, usualmente, con el modo *Q* en vez de tablas de sitio por variables (Borcard et al., 2011).

Mientras que, para el segundo análisis de ordenamiento, restringido o canónico, a diferencia de la simple, es una técnica que relaciona dos o más conjunto de datos en el proceso de organización u ordenación. Algunas de sus técnicas principales son análisis de redundancia (*RDA*) que consiste en la combinación de la regresión y *PCA* que funciona como una extensión de diversos análisis que muestran la respuesta multivariante de datos, y el análisis de correspondencia canónica (*CCA*) que funciona como un aproximado de una regresión Gaussiana multivariante, además, este se caracteriza por organizar las especies en todos los ejes canónicos acorde a su configuración ecológica óptima (Borcard et al., 2011).

En cuanto a la diversidad, según Borcard et al. (2011) y Magurran (1988), esto alude a la variedad y cantidad de especies en un espacio determinado, esta variedad también se produce a nivel de comunidad. La diversidad va desde la diversidad local, hasta heterogeneidad espacial de la misma. La diversidad de especies es considerada como un número único puede ser medido por la riqueza o la rarificación de especies usando la notación *q* o por la presencia o ausencia de los datos de esta. Según Whittaker (1972), el entendimiento de la diversidad y los cambios que conllevan, asociados a la configuración del relieve los componentes *alpha*, *beta* y *gamma* serían de mucha utilidad. Donde la primera se refiere a la riqueza de las especies existentes en una comunidad determinada, considerada homogénea. La segunda, se trata del rango de cambios que se producen en la estructura de especies que están en diferentes comunidades en un espacio. Y la última, se refiere a la riqueza de especies de forma conjuntiva que hay en una comunidad y que integra un espacio determinado.

La autocorrelación, según Borcard et al. (2011), forma parte de los análisis espaciales aplicados a datos ecológicos, que se produce por distintos procesos y que mide puntos cercanos para afirmar si estos poseen valores similares o distintos, por lo que la correlación puede ser tanto positiva como negativa.

La Myrtaceae son una familia de plantas de árboles y arbustos bastante numerosas, caracterizadas por ser leñosas. Esta familia de plantas pertenece al orden de los Myrales, teniendo a nivel mundial 129 géneros y aproximadamente 5330 especies; en Panamá 17 géneros y 72 especies; y en Barro Colorado 6 géneros y 15 especies, de las cuales hay 4 géneros y 7 especies (ver tabla 3) en la parcela de medición permanente (Perez & R, s.f.; Smithsonian Tropical Research, 2021). De sus características físicas se destacan sus hojas simples y opuestas, tienden a ser perennes por lo que resulta poco común ver individuos caducífolios, sus flores son hermafroditas y comúnmente son de color blanco con simetría radial, según la especie de esta familia los frutos tienen forma de bayas o cápsulas secas. De esta familia el género más conocido es el *Eucalypto Eucalyptus* por sus propiedades medicinales y su madera dura. Esta familia está distribuida en todos los continentes, pero predominan en América, África y Oceanía, en climas templados, tropicales y subtropicales. Muchos consideran que la importancia de esta familia está en lo económico, como la producción de frutas para venta de zumos y mermeladas, producción de madera, producción de papel, de carbón, además de ser usadas en la industria farmacéutica, se usa en la cosmetología y en la producción de especias (Almeida, 2019; Britannica, 2016; Lorenzo-Cáceres, s.f.).

El estudio de la biodiversidad de la flora en especial de una especie vegetal es importante, debido a que permite conocer sus características propias, ecosistémicas, su distribución, su capacidad productiva, su potencial de uso y aportes a los humanos como a su ecosistema. Por todo lo anterior, es importante saber: si los grupos de mi familia, Myrtaceae, se organizan de forma discontinua y acorde a la composición de las especies; también, si existe algún tipo de patrón que sea o no sea consistente con alguna variable ambiental o atributo; del mismo modo, cuántas especies indicadoras hay o si hay alguna con preferencia por ciertas condiciones ambientales o atributos; de igual manera y en un espacio bidimensional, si hay una tendencia de ordenación visible de las especies de Myrtaceae; luego, determinar si las tendencias de ordenación se asocian con las variables ambientales o atributos; determinar, de acuerdo a la estimación de riqueza, si mi familia está bien representada, tomando como buena representación un 85%; así mismo, si existe una alguna asociación entre la diversidad Alpha y las variables ambientales o atributos y cuales son estas; también, ver si hay algún tipo de contribución local o de alguna especie a la diversidad Beta; así también, saber si hay alguna especie que presente algún patrón aglomerado, cuál es y si presenta alguna asociación con las variables ambientales; y determinar si los modelos de distribución de especies (SDM) predicen adecuadamente las ocurrencias de las especies.

## 2 Área de estudio

El área usada para este estudio se encuentra en BCI (Isla de Barro Colorado), que es una isla perteneciente a Panamá, la cual se formó cuando las aguas del río Chagres fueron represadas para construir el Canal de Panamá. Es considerada como una colina con una superficie de 1,500 hectáreas sobresaliente a 137 m en el lago Gatún, y que está localizada entre los 9° 09' N y 79° 51' W. Esta isla se caracteriza por sus suelos arcillosos con profundidades entre los 50 cm y 1 m, y su clima es común de las tierras bajas tropicales con temperatura promedio anual de 27° C, y variación diurna de 9° C. También tiene unas precipitaciones anuales de 2,600 mm, con su estación lluviosa (mayo a diciembre), y su estación seca para el resto de los meses (Pérez et al., 2005; Sugasti, Eng, & Pinzón, 2018). Según la clasificación de zonas de vida de Holdridge, BCI se encuentra ubicada en la zona de vida de bosque húmedo tropical; Claver Farías & others (1984), dice que conforme a la clasificación de climática de Köppen esta tiene un clima tropical húmedo con precipitaciones abundantes; y de acuerdo con el mapa de la ANAM (2000) su vegetación se caracteriza por tener bosques semicaducífolios tropicales de tierras bajas (Rodríguez-Castro & Flores,

2021).

El área de estudio, específicamente, es una parcela permanente forestal para su medición y monitoreo de 50 hectáreas, establecida en 1980 por Stephen Hubbell y Robin Foster, en el bosque húmedo tropical de BCI. Esta parcela se caracteriza por su forma rectangular con 1000 m de largo y 400 m de ancho, además, esta se ubica en la parte central de una meseta en la isla (Hubbell, Foster, & Condit, 2005; Pérez et al., 2005). Los datos extraídos de las especies forestales de la parcela se obtuvieron a través de múltiples censos desde 1982 hasta 2015 (un total de 8 censos), en los cuales se hicieron identificación, marcado y monitoreo de los tallos leñosos individuales de más de 10 mm de diámetro a altura del pecho. Durante los 35 años se censaron más de 350,000 árboles individuales (Hubbell et al., 2005). Ver figura 1.

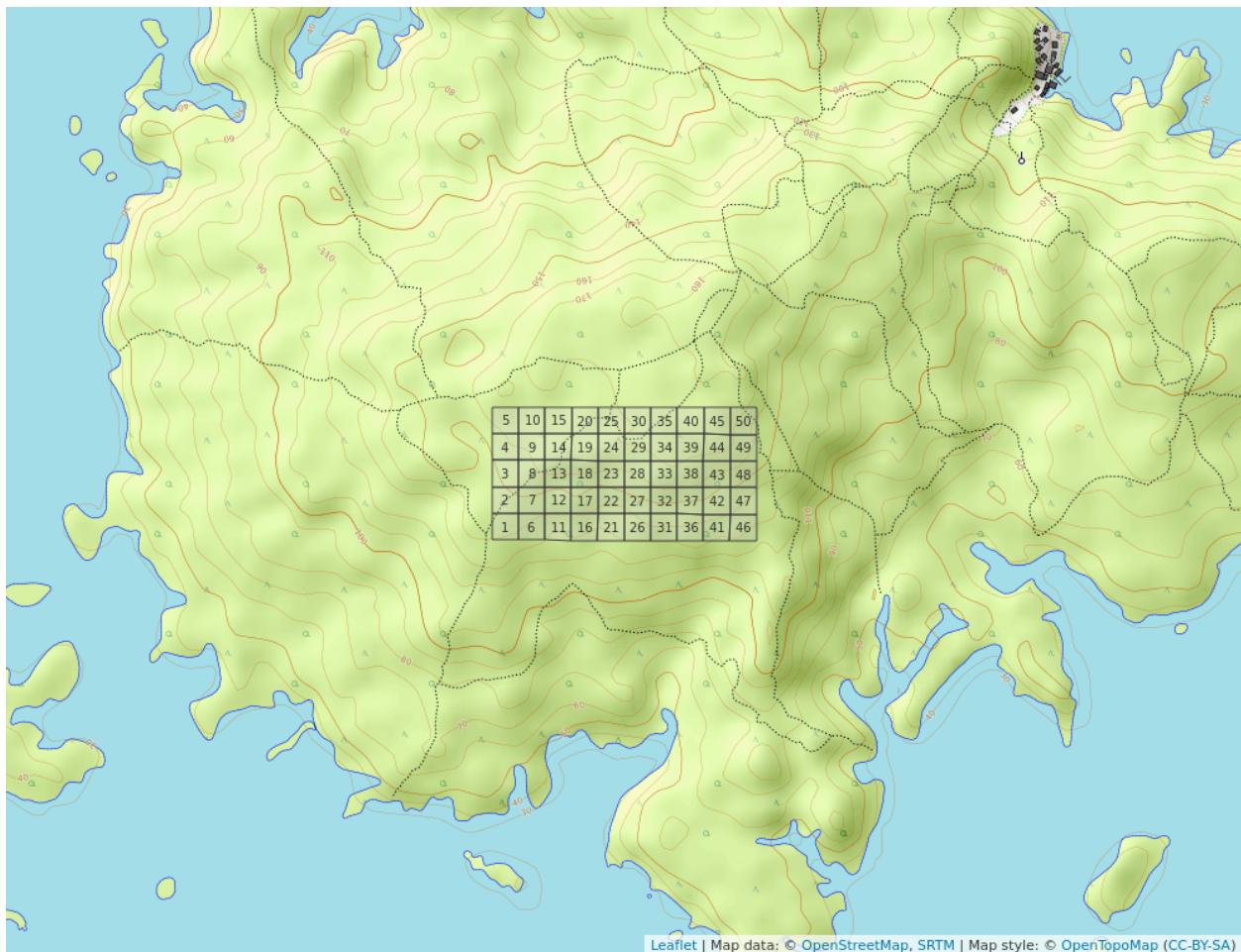


Figure 1: Mapa de la Isla Barro Colorado y la parcela permanente.

### 3 Metodología y materiales

Para el estudio de la biodiversidad de la familia *Myrtaceae* se usaron los datos censales de las 50 parcelas forestales de BCI que están presentes en el repositorio scripts-de-analisis-BCI (Batlle, 2020), de los cuales fueron tratados y procesados con distintos algoritmos y técnicas de medición,

cálculo, análisis e interpretación por medio del entorno de desarrollo integrado y libre, *RStudio* (R Core Team, 2020). En cuanto a los gráficos presentes se obtuvieron por medio *R*, usando paquetes y funciones (ver tabla 2).

Para iniciar los análisis estadísticos de datos con dimensiones diversas, Buzai & Baxendale (2009) y Borcard et al. (2011), recomiendan realizar un análisis exploratorio de datos (EDA), debido a que es una herramienta imprescindible para conseguir una primera inmediación, información genérica de los datos, realizar transformaciones a variables de ser necesarias, y poder conducir más análisis. Se usaron los paquetes *vegan*, *tidyverse*, *sf*, *mapview* y *RColorBrewer* para cargar los datos censales, de matriz de comunidad y de matriz ambiental, y así poder extraer los datos de la familia *Myrtaceae* y de las variables ambientales para transformarlos en tablas, matrices, e incluso generar gráficos de mapas. También, se usaron las librerías *psych* y *ez*, en conjunto con las anteriores para ver correlaciones de la *Myrtaceae* con distintas variables ambientales con la función *cor*, y generar mapas de variables ambientales por cada cuadro con *ggplot2*.

La medida de los coeficientes de asociación de la familia *Myrtaceae* con los modos *Q* y *R* (Borcard et al., 2011; Salazar, 2000) se realizó mediante funciones pertenecientes a las librerías *vegan*, *adespatial*, *broom*, *tidyverse*, *sf*, *cluster* y *gclus*. En el modo *Q* se mide la abundancia de las especies de *Myrtaceae* con la función *dist.ldc* que calcula la distancia euclídea entre dos sitios y se usa también el método de transformación Hellinger y así obtener el grado de disimilitud entre sitios. También, se calculó la distancia de *Jaccard Dj* (Jaccard, 1908; Salazar, 2000) utilizando la función *vegdist* que convierte la matriz de comunidad en una de presencia/ausencia para calcular la matriz de distancia. En cuanto a la asociación de las variables ambientales, se hizo un nuevo ambiente con la función *env* para las variables transformadas con la función *scale*. De igual manera, se usó la función *env\_mix* para asociar las variables ambientales heterogeneidad ambiental, hábitat y quebrada, generando una matriz de disimilitud.

Con el modo *R* de medición de asociación, se mensuró el grado de asociación entre especies haciendo una transformación de la matriz de comunidad usando la estandarización *Chi* con la función *decostand*, luego se calcula la distancia con la función *dist* y se representa la matriz en un mapa de calor con la función *coldiss*. Se calculó la distancia de *Jaccard* (Jaccard, 1908; Salazar, 2000) entre especies usando la matriz de comunidad transpuesta convertida a una de presencia/ausencia con la función *vegdist*. En cuanto a la asociación de variables ambientales numéricas, se calculó usando el índice de *rho* de Spearman con los verbos *select*, *mutate* y *matches* de la herramienta *dplyr* y también la función *cor* para correlación.

Los análisis de agrupamiento o clúster análisis aplicados a la familia *Myrtaceae* fueron realizados usando las librerías *magrittr*, *broom*, *tidyverse*, *mapview* y *indicspecies*. Para el estudio se usó el agrupamiento jerárquico (*AJ*) con un enfoque aglomerativo por enlace simple, completo, promedio y el método de *Ward* de varianza mínima (Borcard et al., 2011). Se agruparon pares de objetos según la mayor similaridad (vecino más próximo o mínima distancia), partiendo del agrupamiento por enlace simple, utilizando la matriz de comunidad transformada por medio del método de normalización con la función *decostand* y la distancia euclídea con la función *vegdist*. El agrupamiento jerárquico se hizo con la función *hclust* para método simple y se generó un dendrograma (gráfico) con la función *plot* del resultado de este *AJ*. Para el agrupamiento completo usando la menor similaridad (máxima distancia o vecino más lejano) se empleó la función *hclust* y la matriz de distancia de cuerdas o *chord* (Borcard et al., 2011), con tal de generar un dendrograma con la función *plot*. En cuanto al agrupamiento por enlace promedio (UPGMA, WPGMA, UPGMC, WPGMC), se usó el UPGMA (Romesburg, 2004) para maximizar la correlación entre las distancias cofenética (coeficiente de correlación de Pearson), para esto se usó la función *hclust* y para obtener el gráfico la función *plot*. Finalmente, el agrupamiento por *Ward* (Romero Domínguez, 2021), que define los grupos de una forma donde la suma de cuadrados se minimice

en cada uno de ellos usando las funciones `hclust` y `plot`.

De todos los métodos anteriores de agrupamiento, se han seleccionado los métodos ideales para la familia *Myrtaceae* usando la función `map` y así se pudo comparar sus valores. Además, para la elección del número de clústeres se usó la función `calcular_anchuras_siluetas` en base a la matriz de comunidad original, la matriz de distancias y objeto de clúster usando UPGMA y Ward, luego, se hizo un nuevo dendrograma con la función `reorder.hclust` y un mapa de calor con la función `heatmap`. Finalmente, se hizo una evaluación para ver si el número de clústeres obtenidos por los métodos anteriores son los ideales usando el método `bootstrap` (Efron, 1992; Tibshirani & Efron, 1993), usando el paquete `pvclust` para generar dendogramas con trazos en rectángulos y líneas que dividen el gráfico acorde al número de grupos.

En cuanto al agrupamiento de variables se usaron los grupos obtenidos por UPGMA para evaluar la homogeneidad por medio de pruebas *t*, basadas en la distribución *t* de Student (Hurtado & Silvente, 2012) y la suma de rangos de Wilcoxon (Wilcoxon & Wilcox, 1964), a partir de esto se generaron gráficos de caja y mapas presentando la ubicación por cuadrado de cada grupo en la parcela permanente. Y para la homogeneidad de los grupos Ward se usó el método ANOVA o análisis de varianza (Hurtado & Silvente, 2012) y Kruskal/Wallis (Kruskal & Wallis, 1952).

Cerrando con el clúster análisis, se obtuvieron las especies indicadoras y las especies con preferencias por hábitats; la primera mediante `IndVal` con las funciones `multipatt` y `strassoc` y su significancia o valor *p* con la función `p.adjust`; las especies con preferencias por hábitats se obtuvieron mediante el coeficiente de correlación biserial puntual (Palmer, Jiménez, & Montaño, 2000) con las funciones `multipatt` y `strassoc`.

Las técnicas de ordenación aplicas a las *Myrtaceae* usaron las librerías `vegan`, `tidyverse`, `sf` y `mapview`. Para la ordenación simple o no restringida se usaron las técnicas PCA, CA y PCoA. Con la función `rda` para escalar las variables, calcular la matriz de correlación y obtener vectores para PCA con datos ambientales, la función `screeplot` para graficar lo anterior y `cleanplot.pca` para el escalamiento; también, se hizo un mapa con puntuaciones de los sitios para tomarlas como coordenadas con las funciones `scores` y `plot`; para datos de comunidad transformada con `hellinger` se usaron las funciones `decostand`, `rda`, `screeplot` y `scores`, también, se evaluaron los datos de comunidad a datos ambientales con la función `envfit`. Para el análisis CA se usó las funciones `cca`, `screeplot` y `par`. Y para el análisis PCoA se usaron la función `cmdscale` y una matriz de distancias, también la función `ordiplot`.

En la ordenación canónica o restringida se usaron las técnicas RDA y CCA para presentar las relaciones entre los objetos (entre dos matrices) sin restricción. En la primera técnica, usando la matriz ambiental, se utilizaron la función `decostand`, `rda` para ajustar las variables de respuesta por regresión, haciendo prueba estadística para ver la relación de las variables de la matriz ambiental según el valor de *p*, también se calculó *R<sup>2</sup>* insesgado con la función `RsquareAdj`, además de explorar la multicolinealidad entre variables. En cuanto a CCA, se usaron las mismas funciones, se excluyeron especies con abundancias mínimas al 100 por individuo.

En cuanto a la diversidad de la *Myrtaceae*, alpha y beta, para su cálculo se usaron las librerías `vegan`, `adespatial`, `plyr`, `RColorBrewer`, `tidyverse`, `sf`, `SpadeR`, `iNEXT`, `vegetarian` y `mapview`. Para calcular la diversidad especies, alpha, como un número único, se usó la función `alpha_div` y así obtener los índices alpha; tambien se usó la función `pairs` para hacer una matriz de correlación de Pearson con todos los índices, luego con la función `bind_cols` se unen en una matriz estos índices con variables ambientales. Para calcular el rango de abundancia de especies se usó la función `radfit`. Para la rarefacción por sitios se usó la función `specnumber`. Para el cálculo de abundancia por sitio se usó `rowSums`; se generó con una curva de rarefacción con los datos obtenidos anteriormente. De la misma manera, se calculó la riqueza de especies mediante estimaciones y comparaciones, para poder evaluar la completitud de muestra; para esto se usaron los en-

foques asintóticos y no asintóticos (el primero para estimar riquezas de especies y el segundo para rarefacción y extrapolación), se calculó y se extrapoló la riqueza de especies con la función `specpool`; con la función `colSums` se hizo una matriz de comunidad combinando, con medias numéricas, todos los sitios en uno, para estimar, con esta matriz, la riqueza con el índice *chao* (Chao & Chiu, 2016), la rarefacción y extrapolación de especies.

También se aplicaron los enfoques asintóticos y no asintóticos para generar una matriz de comunidad agrupada según Ward usando los verbos `mutate` y `select` de `dplyr`; se estimó la riqueza y los porcentajes bajos y altos con la función `estimación_riqueza_chao`, también se obtuvieron los porcentajes de rarefacción y se extrapoló. Y para calcular la diversidad beta con único número se usó la función `calcular_beta_multiplicativa`; también se determinó la contribución de especies y la contribución local a la diversidad beta con la función `determinar_contrib_local_y_especie`, con el método `hellinger` y un indicador alpha de 0.05.

Finalmente, se realizó la autocorrelación o análisis espacial ecológico usando las herramientas de las librerías `ape`, `spdep`, `ade4`, `adegraphics`, `adespatial`, `vegan`, `tidyverse`, `sf`, `gridEstra`, `grid`, y `gtable`. Se generó una matriz Hellinger con la función `decostand` y se transformó la matriz ambiental con el objeto `sp` para generar vecindad, del mismo modo se usó la función `nb2listw` para crear una lista de vecinos con pesos espaciales. También, se hizo una autocorrelación espacial por medio de correlograma de una sola variable ambiental con la función `sp.correlogram`; del mismo modo, se hizo una con múltiples variables con la matriz de Hellinger para conocer la abundancia de especies con la función `calcular_autocorrelacion` con el método de Moran's I.

Además, se hizo una versión reversa de la matriz Hellinger con `rev` y luego se generaron gráficos con la función `par`. De igual manera, se hizo la autocorrelación para las variables ambientales con la función `calcular_autocorrelacion` y el método de Moran's I. Se hizo, también, una autocorrelación espacial por medio de la prueba de Mantel (Borcard & Legendre, 2012) o matrices de distancias a datos de comunidad con las funciones `resid`, `dist` y `mantel.correlog`. Se realizó una autocorrelación espacial mediante pruebas de permutación para el I de Moran, aplicado a abundancia de especies transformadas sin tendencia con `sapply` usando la función `mi_fam_sin_tendencia`; y aplicado a variables ambientales, se usó `sapply` con las funciones `var`, `gtable_filter` y `grid.arrange` para filtrar celdas por nombre de las variables ambientales; finalmente, se usó el mismo procedimiento aplicado a abundancias de especies transformadas y aplicado a abundancias de especies transformadas sin tendencias.

## 4 Resultados

### 4.1 Análisis Exploratorio de Datos (EDA)

La aplicación de los EDA en el estudio produjo informaciones generales sobre la familia *Myrtaceae*, sus especies, su abundancia, las variables ambientales, y datos generales de correlación con las variables ambientales. La parcela de muestreo permanente (de ahora en adelante *pmp*) de 50 hectáreas en BCI tiene 5579 individuos (abundancia) pertenecientes a la familia *Myrtaceae* y una riqueza de 7 especies. Las especies que más destacan por su abundancia son las *Eugenia galalonensis* (1975 individuos) y *Eugenia oerstediana* (1838 individuos), en cambio, las especies con menor número de individuos en la parcela son *Myrcia gatunensis* (56 individuos) y *Psidium friedrichsthalianum* (50 individuos), ver tabla 1 y figuras 2 y 3.

Table 1: Abundancia por especies de la familia *Myrtaceae*

Especies	Número
<i>Eugenia galalonensis</i>	1975
<i>Eugenia oerstediana</i>	1838
<i>Eugenia coloradoensis</i>	609
<i>Chamguava schippii</i>	541
<i>Eugenia nesiotica</i>	502
<i>Psidium friedrichsthalianum</i>	58
<i>Myrcia gatunensis</i>	56

De acuerdo con los resúmenes estadístico el 50% de la abundancia de especies, según la mediana, es mayor de 541 individuos (*Chamguava schippii*) y la abundancia de especie promedio en *pmp* es de 797 individuos. En cuanto a la riqueza de la familia *Myrtaceae*, indica que el 50% de la riqueza, según la mediana, es de 6 especies y una riqueza promedio de 5.5, también hay que agregar que la riqueza mínima es de 4 especies en *pmp*. De igual manera, hay que mencionar que la riqueza y la abundancia varía por cuadro de 1h en *pmp*, arroja que los sitios con mayor riqueza son los cuadros 13, 14, 17, 22 y 40 (7), en cambio los de menor riqueza son los cuadros 2, 5, 11, 36, 46 y 47 (4); y los sitios con mayor abundancia fueron los cuadros 19, 20, 15, 40 y 38, y los de menor abundancia fueron los cuadros 1, 36, 30, 2 y 9; donde coinciden el sitio 40 con mayor riqueza y abundancia por cuadro, y los sitios 2 y 36 con menor riqueza y abundancia, lo que indica que existe una distribución aleatoria y desigual de las riquezas y abundancias en los sitios de *pmp* (ver figura 4). De las especies de *Myrtaceae* que presentan una correlación simple (de Pearson) positiva significativa, en comparación a las demás, están *Chamguava schippii* y *Eugenia galalonensis* con un índice de correlación de 0.30, también *Chamguava schippii* con *Eugenia nesiotica* con un índice de correlación de 0.29, por lo que estas especies tiene una relación con la otra (ver figura 5).

En cuanto a las variables ambientales que se destacan en *pmp* están: la geológica, que de acuerdo con el Mapa geológico del canal de Panamá y sus alrededores (R. Stewart, Stewart, & Woodring, 1980) y los resultados de EDA la *pmp* se caracteriza, por sus rocas basalto, tipo intrusiva y extrusiva, del Mioceno medio y superior (Tb). También se caracteriza por tener hábitats de bosque viejo en relieve bajo en su mayoría al oeste de la parcela, en algunas partes del centro y al este de *pmp*; por sus hábitat de bosque viejo en relieve alto al centro y este de *pmp*; se agregan los bosques jóvenes de los sitios 30 y 35; y los bosques de pendiente baja concentradas al este y con algunos sitios aleatorios en *pmp*; al final, está el bosque de pantano en el centro de *pmp* (ver figura 6).

Por último, se destacan las variables de terreno como elevación media que predomina la mitad hacia el norte de la parcela en un 50% en adelante. También se destaca la forma vertiente del terreno donde en una escala de 0 a 1, esta predomina en casi toda la parcela sobre el 50%. En cuanto a minerales, el aluminio se manifiesta al oeste de las parcelas, superior al 50% y en uno que otro lugar entre la parte este de la parcela. El hierro se manifiesta en un porcentaje superior al 75% al este de la parcela. Finalmente, el pH se manifiesta desde la mitad de los sitios de la parcela hacia el este como menos ácidos y el resto como ácido (ver figura 7).

#### 4.2 Asociación de especies y variables ambientales

La asociación presente entre sitios de la parcela, obtenida al calcular la distancia euclídea usando la matriz de comunidad transformada con el método de *Hellinger*, señala varios grupos de sitios extremadamente semejantes, según la matriz de disimilitud ordenada hay un grupo limitado por los cuadros 20-25; un segundo grupo, entre los cuadros 12-32; un tercer grupo, entre los cuadros 32-42; un cuarto grupo, entre los cuadros 34-46; un quinto grupo, entre los cuadros 43-49; y un último grupo, el sexto, limitado por los cuadros 16-29; estos lugares comparte una similitud superior de 70% (ver figura 8).

La distancia de *Jaccard* y la distancia de *Bray-Curtis* presentan un comportamiento distinto en cuanto a los grupos que se forman por la similaridad, al de distancia euclídea con el método *Hellinger*. Con el método de *Jaccard* se produjeron 7 grupos que comparten similitudes mayores al 70%: el primero limitado por los cuadros 47-46, el segundo por los cuadros 43-39, el tercero por los cuadros 24-30, el cuarto grupo por los cuadros 32-22, el quinto por los cuadros 22-26, el sexto por 48-49, el séptimo y último, entre los cuadros 45-50. También, la distancia de *Jaccard* señala la existencia de sitios con exclusividad considerable, como los sitios 1 y 2 con una exclusividad de especies del 20% por lo que tienen similaridad visible de especies del 80% (ver figura 9). Según la fórmula de similaridad de *Jaccard* ambos sitios comparten 4 especies, pero el sitio 2 no tiene especies exclusivas, en cambio, el sitio 1 tiene una especie exclusiva; según el porcentaje de especies compartida o similaridad, se confirma que comparten el 80% de sus especies (ver figura 3).

En cuanto a las variables ambientales, los resultados del análisis de correlación para las variables de suelo o edáficas indican que hay similaridades importantes para los sitios limitados por los cuadros 12-16 de la matriz de disimilaridad ordenada (ver figura 10), creando lo que es un gran cluster de variables edáficas muy similares. Mientras que, las variables mixtas (heterogeneidad ambiental, habitat y quebrada) se aprecia en la matriz de disimilaridad ordenada (ver figura 11) un gigantesco grupo de sitios que comparten similitudes, estos sitios están limitados por los cuadros 25-27; en este conjunto se puede apreciar la similitud, en específico, de el cuadro 2 y el 7 con un hábitat de bosque viejo y relieve bajo, en ambos cuadros hay quebrada y además, poseen unos valores moderados de heterogeneidad ambiental; si se observan los mapas de riqueza y abundancia de la familia *Myrtaceae* (ver figuras 3 y 4), el sitio 2 presenta la riqueza más baja y una abundancia baja a diferencia del sitio 7 que tiene una riqueza alta y una abundancia media, por lo que no se considera que tengan relación con la riqueza y la abundancia de la especie, pero si tienen una similaridad.

En el caso de los grados de asociación entre las especies, en función de abundancia, según señala el mapa de calor ordenado (ver figura 12) obtenido con el método de transfromación *Chi*, existe un patrón de dependencia alto entre las especies que se relacionan en la diagonal desde *Eugenia oerstediana* hasta *Eugenia coloradoensis* (cuadros de color rosa intenso centrales), y una dependencia moderada entre la especie *Psidium friedrichsthalianum* y el resto, a excepción de las especies *Myrcia gatunensis* y *Chamguava schippii* que no presentan ningún patrón de dependencia con ninguna de las especies de la familia *Myrtaceae* presente en la parcela de BCI (cuadros de color azul). Conforme al mapa de calor obtenido por la distancia de *Jaccard*, se confirma la existencia del patrón de dependencia alto entre las especies relacionadas en la diagonal desde *Eugenia oerstediana* hasta *Eugenia neosiotica*, dejando a las especies *Psidium friedrichsthalianum*, *Myrcia gatunensis* y *Chamguava schippii* como especies sin dependencia alguna según su abundancia (ver figura 13).

Para las variables edáficas, los índices de correlación obtenidos por el método Pearson, indican que existe una relación significativa positiva de 0.32 entre la abundancia de *Myrtaceae* y el aluminio; del mismo modo, señala que existen relaciones dependientes positiva entre la riqueza de *Myrtaceae* y el fósforo (0.36), y el aluminio (0.36), por lo que el resto de variables edáficas no tienen una asociación significativa positiva con la distribución de las especies y su abundancia (ver figura

14). Lo mismo sucede, al usar el método de *Spearman*, confirmando que existe una relación positiva significativa entre aluminio y la abundancia de *Myrtaceae*, también, que existe una relación positiva entre la riqueza de *Myrtaceae* con el aluminio y con el fósforo; hay que destacar que se obtuvo un índice de correlación negativo significativo entre la riqueza de la familia y el calcio, por lo que esta variable edáfica y la riqueza de la familia no tienen ninguna asociación (ver figura 15).

La correlación de *Pearson* presenta 6 asociaciones significativas entre las variables geomorfológicas y la abundancia de la familia, una relación positiva con la geomorfología de llanura (0.51) y con elevación media (0.29), indicando que tienen una dependencia significativa. También se obtuvieron asociaciones negativas significativas entre la abundancia de la familia y las variables pendiente media, vaguada, vertiente y heterogeneidad ambiental (ver figura 16). En cambio, la correlación de *Spearman* señala 3 asociaciones significativas con la abundancia de *Myrtaceae*, de las cuales coinciden las negativas con las variables de vaguada y heterogeneidad ambiental y una positiva con elevación media (ver figura 17). En el caso de la riqueza, no existe ninguna correlación significativa con las variables geomorfológicas en ambos métodos usados, por lo que la riqueza de la familia no tiene una dependencia considerable con la geomorfología.

#### 4.3 Cluster análisis (Agrupamiento)

El agrupamiento jerárquico de los 50 sitios o cuadros de 1 Ha en BCI, usando criterios de enlaces aglomerativos simple, completo y por promedio (UPGMA) y calculados a partir de matriz de distancia de cuerdas, presentan las mismas tendencias aglomerativas que indican la existencia de dos grupos de sitios, uno compuesto por dos sitios que se distinguen del resto (14 y 19) como únicos y uno más grande; en cuanto al método por Ward, existen dos grupos con más sitios a diferencia del resto de métodos, aunque los sitios 14 y 19 siguen apareciendo como grupos únicos, pero están dentro de otro grupo más grande. El enlace completo presenta, exceptuando el grupo de los sitios 14 y 19, dos grupos definidos entre los sitios 8-20 y 41-44; con el enlace UPGMA se aprecia que el sitio 50 es único, lo cual se cumple en los otros enlaces aglomerativos (ver figura 18).

En cuanto al número óptimo o idóneo de grupos, calculado con el ancho de silueta, para el método UPGMA es 2 (22); uno pequeño representado por 19 y 14, y uno grande con el resto, pero al observarse se puede ver que este se divide en dos grupos, entre los sitios 1 y 20 y el otro entre 15 y 49, además se identifica, como se mencionó anteriormente, la existencia de un lugar único, el sitio 50 (ver figura 19), por lo que el primer grupo tiene 48 sitios y el segundo solo 2. Y según el criterio de Ward, el número óptimo de grupos es de 3 (24), dos grupos grandes y uno pequeño; el primer grupo está entre los sitios 20 y 50, el segundo entre 1 y 18, y el tercer grupo conformado por los sitios 14 y 19 (como en UPGMA), por lo que el primer grupo tiene 20 sitios, el segundo tiene 28 y el tercer grupo solo 2 sitios (ver figura 20).

Al evaluar la homogeneidad de promedios de las variables para los grupos de UPGMA, con la prueba *t* de *Student* (medias), se indica que la media de las variables geomorfológicas espolón/gajo, vaguada, valle, interfluvio, orientación media y elevación media, y las de suelo zinc, boro, nitrógeno y calcio, de ambos grupos presentan un valor *p* significativamente diferentes. En el caso de la suma de rangos de *Wilcoxon* (medianas), no existe ningún valor *p* significativo para las variables ambientales (ver figura 21). Tomando de ejemplo la variable Zinc podemos observar como sus valores son muy bajos para el grupo dos de UPGMA y para los sitios del grupo uno se observa que al este del centro los valores de zinc aumentan de manera significativa, muy distinto a los sitios del oeste de la parcela (ver figuras 22 y 23).

Acorde a la evaluación de homogeneidad de variables para los 3 grupos de Ward, usando la

prueba ANOVA (medias), la media de las variables ambientales (pH, zinc, boro, nitrógeno, pendiente media, espolón/gajo, elevación media, calcio, orientación media) de los tres grupos es significativa por lo que son muy diferentes. Mientras que, para la prueba de Kruskal-Wallis (medianas), solo hay una variable ambiental con *valor p* significativo y que vuelve a los tres grupos distintos, la variable pH (ver figura 26). Al observar los mapas de pH (con valor p significativo) se puede identificar que para los sitios del grupo uno son altos, para los sitios del grupo dos los valores de pH son de bajos a moderados y para los sitios del grupo 3 son altos (ver figuras 24 y 25).

En cuanto a las especies indicadoras de cada grupo de los métodos UPGMA y Ward se calcularon con el índice IndVal. Para los grupos de UPGMA denota, acorde a su valor de significancia, que solo el grupo dos tiene una especie indicadora, *Chamguava schippii*, la cual representa a este grupo al 97.2%; y se puede confirmar al observar el mapa de abundancia por especies por cuadros 4, mostrando que efectivamente la abundancia de esta especie en los sitios del grupo 2 supera por muchísimo a la de otras especies; hay que agregar que este grupo presenta asociaciones con algunas variables ambientales que corresponden con su característica única. Al observar los intervalos de confianza de todas las especies por grupos, se denota que para el grupo uno no se obtuvieron especies indicadoras con IndVal, indicando que las especies presentes en este sitio no tienen una preferencia por el grupo, pero con los intervalos de confianza, obtenidos con strassoc, se puede concluir que la especie indicadora para este grupo pueden ser *Eugenia galalonensis* y *Eugenia oesterdiana* con un valor de confianza de 64% y 71%, respectivamente.

Así mismo, el índice IndVal muestra para los grupos de Ward, que solo el grupo tres tiene una especie indicadora, siendo la misma del grupo dos de UPGMA, *Chamguava schippii* con un valor de confianza del 97.2%. Pero, de acuerdo con los intervalos de confianza, obtenidos con strassoc, podemos concluir que para el grupo uno las especies indicadoras serían *Eugenia galalonensis* y *Eugenia coloradoensis*, con valores de confianza de 59% y 58%, respectivamente.

De las especies con preferencias por hábitat, calculado mediante el coeficiente de correlación biserial puntual para los grupos de UPGMA, se denota que para el grupo 2, es la especie *Chamguava schippii* con valor p de 0.001 y una confianza de 74%; esta especie prefiere, acorde a las matrices de variables ambientales, un hábitat donde el pH del suelo es ácido, donde abunda el aluminio, con elevaciones medias, en relieve llanos, y concentraciones de nitrógeno, hierro, zinc y boro bajas; al observar los valores de los intervalos de confianza para el grupo 2, se confirma lo mencionado anteriormente; en el caso del grupo uno, se puede concluir, a pesar de que no hubo una especie obtenida por multipatt, que la especie *Eugenia coloradoensis* es una especie con preferencia moderada por el hábitat de este grupo. En el caso de los grupos del método Ward solo hay una especie entre todos los grupos y es la *Chamguava schippii* con preferencia al grupo tres en un 78%. Hay que destacar que esta especie presenta valores negativos en los otros grupos, indicando que no tienen preferencia por los hábitats de esos grupos.

La familia Myrtaceae se organiza de forma continua y acorde a la composición de las especies, se distinguen dos grupos con el método UPGMA muy distintos entre sí, uno grande y con más grupos dentro y otro más pequeño y disperso del grupo más grande. Aunque con el método Ward se distinguen tres grupos, de los cuales uno coincide con el de UPGMA (el más pequeño), lo que lo ratifica la peculiaridad de este grupo (sitios 14 y 19).

No existe un patrón consistente entre los grupos de UPGMA con respecto a las variables ambientales geomorfológicas, exceptuando a la curvatura de perfil media, donde presentan patrones de relación entre ambos grupos. Y los grupos Ward no presentan asociaciones consistentes entre si según las variables ambientales, al menos no con el grupo tres, los otros dos grupos parecen compartir similitudes acordes a variables ambientales como heterogeneidad ambiental o aluminio.

De acuerdo con los grupos formados el grupo dos de UPGMA y el tres de Ward (sitios 14 y

19), según IndVal, tienen como especie indicadora a *Chamguava Schippii* que lo representa al 97%. También, se identificó para el grupo 2 UPGMA (sitios 14 y 19), que la especie *Chamguava schippi* tiene una preferencia por los suelos con pH ácido, donde abunda el aluminio, con elevaciones medias, en relieve llanos, y concentraciones de nitrógeno, hierro, zinc y boro bajas. El resto de grupos UPGMA y Ward no presentan especies con preferencia de hábitat, de acuerdo al coeficiente de correlación biserial puntual.

#### 4.4 Ordenación simple (no restringida) o canónica (restringida)

La ordenación simple por escalamiento muestra una distribución de sitios, del grupo Ward, por asociamiento entre sitios (escalamiento 2) y entre los sitios con las variables ambientales (escalamiento 1); en el escalamiento uno se observan la relación positiva entre los sitios 15, 20, 18 y otros más, con el aluminio, y una relación negativa con el pH, boro e incluso zinc (ver figuras 27 y 29). Comparando estos datos de variables de suelos con los resultados obtenidos del agrupamiento por UPGMA, nos muestra la distribución de los tres grupos de sitios según las puntuaciones (ver figura 28) que muestran un consistencia con la distribución por cuadro de los grupos UPGMA.

Al aplicar PCA (análisis del componente principal) a los datos de mi comunidad transformado por *Hellinger*, interesantes productos de como se distribuyen las especies (los nombres de las especies han sido acortados, ver equivalencias en tabla 4), de *Myrtaceae* por los sitios, se observa en el escalamiento (30) como la especie *Eugenia oerstediana* (*Eugeoers*) contribuye a sitios como el 29, 28, 40 y otros más; en el caso de *Chamguava schippi* (*Chamschi*) contribuye bastante a sitios como el 19, 14, 20 y 15; y para *Eugenia galalonensis* (*Eugegala*) que contribuye a los sitios 6, 17, 26 y 4 (ver figura 30). Al hacer un escalamiento ajustado a variables ambientales con las especies, se puede apreciar la asociación de *Chamschi* con el aluminio, la llanura, elevación media y coordenadas UTM.NS (ver figura 31), que se corrobora con la matriz de variables ambientales 7.

Por otra parte, los productos generados por al aplicar CA (análisis de correspondencia), al hacer el escalamiento sobre las especies de *Myrtacea* fue posible denotar los patrones de asociación entre sitios (escalamiento 1) y las especies (escalamiento) en los ejes del CA, la distribución de sitios se ve afectada por dos especies (*Chamschi* y *Myrcgatu*, especialmente la última) que, aparentemente (ver figura 32), la mayoría de los sitios presentan una distribución continua, quedando disperso del resto, al menos 6 sitio; pero para el escalamiento 2, sobre la asociación de especies, se observan patrones de distribución continua para las especies *Eugegala*, *Eugecolo* y *Eugenesi*, y entre las especies *Psidfrie* y *Eugeoers*, las cuales tienen una distancia corta, al contrario de *Chamschi* que se encuentra dispersa del resto.

Mientras que, la aplicación de PCoA (análisis de coordenadas principales) usando promedios ponderados de especies, señala en el diagrama de ordenación, de acuerdo a la posición de las especies, que *Eugenesi* y *Eugecolo* contribuyen a todos los sitios (están en el centro); mientras que, las especies *Chamschi* y *Myrcgatu* contribuyen a sitios más específicos, por eso se alejan del centro del eje; y las otras especies (*Eugeoers*, *Psidfrie* y *Eugegala*), contribuyen a la riqueza de los sitios moderadamente, y en gran medida a los cercanos a ellas como 32 y 24 (ver figura 33). Y, para las variables ambientales, pendiente media y vaguada se puede apreciar que solo están asociadas a ellas las especies que están mas al centro, de manera moderada (ver figura 34).

La técnica de ordenamiento restringida o canónica permitió detectar tendencias en conjunto de datos que se asocian a otro conjunto, usando RDA (análisis de redundancia) y CCA (análisis de correspondencia canónica). Tras aplicar RDA a la matriz de comunidad de *Myrtaceae* y a la matriz ambiental de variables de suelo, fue posible determinar con RsquareAdj, con un valor R2

insesgado, que el suelo explica la composición de las especies en la *pmp* en un 27.8%, implicando que su relación es baja.

Tras hacer varios escalamientos y extracción de variables que provocaban la multicolinealidad, se confirma que la composición de *Chamschi* es influenciada por el Aluminio, y en pequeña proporción por el fósforo; *Myrcgatu* y *Eugegala* se ven influenciada en pequeña proporción por hierro y heterogeneidad ambiental; el hierro y la heterogeneidad ambiental poseen una asociación con las especies *Eugecolo* y *Eugenesi* y contribuyen mucho a su composición en los sitios 48 en insluco 43; el nitrógeno tiene una alta contribución en la composición de las especies *Psidfrie* y *Eugeoers* en sitios como el 26, 37, 41 y 21, en tanto el pH y el nitrógeno mineralizado contribuyen a su composición de manera moderada (ver figura 35).

Al aplicar CCA, se explica el comportamiento de las variables ambientales sobre las especies, en un 54% de forma canónica, en la matriz ambiental, de acuerdo con el índice R ajustado las variables de suelo explican la composición de las especies en los sitios con datos insesgados en un 41%. En el escalamiento uno se apiñan las especies en el centro, debido a la presencia de especies raras como *Myrcgatu* y *Psidfrie*, que al ser tan raras se alejan por mucho del resto (ver figura 36).

#### 4.5 Diversidad de Myrtaceae

De acuerdo con la matriz de correlación entre índices de diversidad y algunas variables ambientales, se puede deducir que las variables aluminio, calcio, hierro, fósforo y llanura, pueden ayudar a explicar la diversidad, debido a que reaccionan de forma significativa y positiva a algunos índices (ver figura 37).

La rarefacción de los sitios con menor riqueza de especies son 2, 5, 11, 36, 46, 47 (riq 4) con una abundancia de individuos de 56, 75, 111, 49, 119, respectivamente, lo cual se puede considerar como abundancias medianas; mientras que, los sitios con mayor riqueza de especies son 13, 14, 17, 22 y 40, con una riqueza de 7 y abundancias considerables como medianas (no tan altas o bajas); el rango de riqueza de *Myrtaceae* está entre 4 y 7 especies.

Según la curva de rareza de especies de *Myrtaceae* comparada con la abundancia por sitio de *pmp* en BCI demuestra que las especies más raras (7) tienden a tener números de abundancias reducidos en algunos sitios como 13 y 17, y abundancias moderadas como los sitios 22 y 40; las especies con una riqueza moderada (6) suelen tener más individuos por sitios, a diferencia del sitio 19 que tiene una abundancia de especies muy grande y una riqueza moderada (6); mientras que los sitios de menor riqueza se pueden apreciar bajos valores de abundancia, sitios 36, 2 y 5 (ver figura 38).

La riqueza de especie estimada (ver estimadores en tabla 5) se corresponde con la real, indicando que la muestra poseída representa completamente la riqueza. Todos los modelos estimadores de riqueza concluyen que el número de especies de *Myrtaceae* es 7. Al usar el estimador de *chao* sobre la matriz de comunidad de la familia *Myrtaceae* transformada y combinando todos los sitios en uno, indica que hay muy baja probabilidad de encontrar especies nuevas. Al aplicar los estimadores sobre una matriz de comunidad agrupada según el método de Ward, se concluye que la riqueza de especie para los sitios de los tres grupos está bien representada, no se espera un crecimiento en la riqueza de las especies pero si su abundancia para los grupos 1 y 2, en cambio, en el grupo 3 se espera que aumente (ver figura 39).

Por otra parte, según la diversidad beta multiplicativa se le da importancia a la abundancia, y no a la riqueza de la familia *Myrtaceae* por lo que su dominancia va en aumento, haciendo que esta sea más importante para marcar la diversidad beta y no la riqueza; entonces se puede afirmar que a mayor abundancia, más diverso es en términos de diversidad beta por lo que hay una mayor

cantidad de reemplazos, logrando que una especie empiece a dominar en algunos sitios más que en otros (ver figura 40).

Finalmente, la contribución local y la contribución de especies a la diversidad beta calculada con la función `determinar_contrib_local_y_especie`, transformando la matriz de comunidad por el método de *Hellinger*, indica que las especies *Chamguava schippii* y *Eugenia oersteniada* contribuyen a la diversidad beta, más que las otras especies; y que los sitios que contribuyen, más que otros sitios, a esta diversidad son el 14 y 19; hay que destacar, también, que después de hacer un ajuste a los valores de sitios y especies contribuyentes el resultado es cero, pero las especies y lugares mencionados anteriormente contribuyen más, aunque no de forma muy significativa, a la diversidad beta que el resto.

#### 4.6 Correlación espacial

La autocorrelación espacial, mediante correlograma del I de Moran aplicado a la matriz de comunidad transformada por *Hellinger*, denota que algunas de las especies de la familia *Myrtaceae* presente en la *pmp* de BCI, grados de autocorrelación espacial significativos para algunos sitios: en los órdenes 1 y 2, *Chamguava schippii* está autocorrelacionada espacialmente de forma positiva con respecto a la abundancia de esta; esto implica que la abundancia de *Chamschi* en el sitio uno esta autocorrelacionada con otros sitios de valores similares (en este caso 0); para los órdenes 4, 5 y 6 se observan valores de autocorrelación espacial negativos significativos, indicando que en estos sitios la abundancia de la especie son diferentes, pero que están cerca.

En ese mismo orden, se presentan valores significativos de autocorrelación espacial para las especies *Eugenia coloradoensis*, *Psidium friedrichsthalianum* y *Eugenia galalonensis*, indicando que existe una autocorrelación significativa (alta para la primera especie, mediana para la segunda y baja para la tercera) positiva en los sitios de orden 1 para cada una, por lo que la abundancia presente en esos sitios es similar en otros sitios de *pmp*.

En el caso de las especies *Eugenia nesiotaica* y *Eugenia oerstediana*, presentan índices de autocorrelación espacial significativa positiva para sus sitios de orden 1, por lo que existe un patrón de agrupamiento en cuanto a la abundancia (similar) con otros sitios; y presentaron valores de autocorrelación significativos negativos en los sitios de orden 4, indicando que su abundancia con respecto a los demás sitios es diferente. Para la primera especie hay valores negativos significativos de autocorrelación en el sitio 3 y para la segunda especie en el sitio 5, por lo que la abundancia de estos lugares es distinta al resto. Por el contrario, en la especie *Myrcia gatunensis* no existe un patrón de autocorrelación espacial negativo o positiva lo que indica que esta especie tiene una distribución espacial aleatoria (ver figura 41).

En el caso de las variables ambientales, en algunas (heterogeneidad ambiental, pico, interfluvio, hembrera, pie de monte, valle, sima, curvatura tangencial media, y abundancia global), no se produjo ninguna autocorrelación ambiental significativa en los sitios, indicando que presentan un patrón de distribución disperso. Contrario a esto, en las variables llanura, espolón/gajo, vertiente, vaguada, pendiente media y orientación media, si se presentan patrones de correlación espacial en los sitios de orden 1, presentan valores significativos por lo que son muy similares a otros sitios. El aluminio que presenta autocorrelación positiva en el sitio uno, siendo similar en otros sitios, excepto el sitio 7, con un valor significativo negativo contrario al 1. Finalmente, variables como calcio, boro, cobre, hierro, potasio, magnesio, fósforo, zinc, nitrógeno, nitrógeno mineralizado, pH y elevación media presentan autocorrelaciones muy significativas positivas (sitios 1 y 2), por lo que están distribuidos de manera similar en otros sitios, excepto los que presentaron los valores negativos que se diferencian del resto (sitios 5, 6 y 7). Ver figura

42.

La autocorrelación espacial de Mantel (matrices de distancia sin tendencias espaciales), de dos matrices (transformada con Hellinger y de posiciones XY), indica que existen autocorrelaciones muy significativas en la primera distancia, baja en la tercera y moderada en las distancias calculadas, por lo que probablemente sea por variables ambientales, la cual explique la estructura espacial de las especies, como aluminio o pH (ver figura 43).

Finalmente, los modelos de lisamaps generados al aplicar la autocorrelación espacial por medio de pruebas de permutación para el I de Moran, muestran la existencia de estructuras espaciales que podrían explicar la dependencia espacial inducida por algunas variables ambientales. Las variables geomorfológicas, presentan patrones de autocorrelación espacial, en los cluster LISA, con valores pequeños (azul) y altos (rojo); se observan variables con autocorrelación que no presentaban valores significativos anteriormente como heterogeneidad ambiental, pero con valores bajos. En cuanto a las variables de suelo, los clusters LISA se corresponden con los valores de autocorrelación espacial obtenidas con el método de correlograma. Y para las especies se cumple también en todos los casos la autocorelación, excepto *Myrcia gatunensis* que no presentaba patrón de autocorrelación por correlograma, pero en el cluster LISA se aprecia un pequeño agrupamiento con valores pequeños, que se siguen presentando aun en clusters LISA con valores sin tendencias (ver figuras 44 , 45, 46, 47, 48).

## 5 Discusión

Con los hallazgos obtenidos sobre la familia arbórea *Myrtaceae*, es posible responder las preguntas planteadas sobre la organización de los grupos de la familia *Myrtacea*, los patrones consistentes con variables ambientales, las especies indicadoras y sus preferencias de hábitats, las tendencias de ordenación de las especies, las tendencias de ordenación asociadas a variables ambientales, la representatividad (85%) de la familia según la riqueza estimada, la asociación de entre diversidad Alpha y variables ambientales, la contribución local o de alguna especie a la diversidad beta, los patrones de las especies y su asociación con variables ambientales, y la correcta predicción de ocurrencias de las especies con los modelos SDM. Se corresponden y complementan con informaciones disponibles de la familia *Myrtaceae*.

La familia *Myrtaceae* presenta patrones de asociación de más de 70% entre las especies *Chamguava schippii*, *Eugenia galalonensis* y *Eugenia nesiatica*. De estas especies solo *Eugenia galalonensis* es muy abundante y se encuentra ampliamente distribuida en la pmp y las otras dos se encuentran por debajo de la media (797) por lo que se consideran raras, la primera tiene una distribución reducida y la tercera se distribuye en proporciones minoritarias por toda la parcela.

Según la disimilaridad de Hellinger , los sitios de la pmp se aglomeran en seis grupos distintivos entre sí, los cuales comparten similitudes superiores al 70%. Sin embargo, la distancia de Jaccard y Bray-Curtis, habla de la existencia de 7 grupos de sitios que comparten similaridad superior al 75%, estos grupos no son muy distintos a los obtenidos por el método de Hellinger, pero si son más semejantes entre sí.

En cuanto a la asociación con las variables de suelos y mixtas se aprecian patrones de aglomeramiento que conforman hasta 5 grupos, de los cuales cuatro son pequeños y uno es gigantesco. En el caso de la especie se genera un grupo gigante muy similar con 5 de las 7 especies presentes, las otras dos son extremadamente raras y no presentan asociación. Las variables del suelo, según Pearson y Spearman, se asocian en gran medida sobre la distribución de la riqueza y no tanto sobre la abundancia de esta. Este no es el caso para las variables geomorfológicas, que señala una distribución de abundancias de hasta un 50% en las llanuras, pero no abundan en zonas de

pendientes.

La familia *Myrtaceae* se organiza de forma continua y acorde a la composición de las especies, se distinguen dos grupos con el método UPGMA muy distintos entre sí, uno grande y con más grupos dentro y otro más pequeño y disperso del grupo más grande. Aunque con el método Ward se distinguen tres grupos, de los cuales uno coincide con el de UPGMA (el más pequeño), lo que lo ratifica la peculiaridad de este grupo (sitios 14 y 19).

No existe un patrón consistente entre los grupos de UPGMA con respecto a las variables ambientales geomorfológicas, exceptuando a la curvatura de perfil media, donde presentan patrones de relación entre ambos grupos. Y los grupos Ward no presentan asociaciones consistentes entre si según las variables ambientales, al menos no con el grupo tres, los otros dos grupos parecen compartir similitudes acordes a variables ambientales como heterogeneidad ambiental o aluminio.

De acuerdo con los grupos formados, el grupo dos de UPGMA y el tres de Ward (sitios 14 y 19), según IndVal, tienen como especie indicadora a *Chamguava Schippii* que lo representa al 97%. También, se identificó para el grupo 2 UPGMA (sitios 14 y 19), que la especie *Chamguava schippi* tiene una preferencia por los suelos con pH ácido, donde abunda el aluminio, con elevaciones medias, en relieve llanos, y concentraciones de nitrógeno, hierro, zinc y boro bajas. El resto de los grupos UPGMA y Ward no presentan especies con preferencia de hábitat, de acuerdo con el coeficiente de correlación biserial puntual.

Según el escalamiento, las especies *Eugecolo*, *Myrcgatu* y *Eugenesi* tienden a agruparse, las especies *Eugegala*, *Chamschi* y *Eugeoers* tienden a dispersarse del resto, de acuerdo a su contribución a los sitios. También, se identificaron varias tendencias de especies que se distribuyen según variables ambientales, como *Chamschi* que aumenta según la concentración de aluminio o el relieve de llanura; también *Psidfrie* que tiende a agruparse hacia el Este y el Oeste con predominancia de nitrógeno.

En tanto, la representación de la riqueza de la familia *Myrtaceae*, se encuentra bien representada, de acuerdo con los estimadores de riqueza su representación es del 100%, correspondiéndose con la riqueza real, según el estimador chao no se espera ningún aumento en la riqueza de las especies de los sitios, pero si aun aumento en la abundancia.

También fue posible identificar la asociación entre la diversidad Alpha y las variables ambientales aluminio, calcio, hierro, fósforo y llanura, que, de acuerdo a los índices de diversidad, estas variables explican la composición de la riqueza en los sitios. En ese mismo contexto, se identificaron a las especies *Chamguava schippii* y *Eugenia oersteniana* como las mayores contribuyentes a la diversidad beta, y que los sitios 14 y 19 son los mayores contribuyentes a la misma.

La especie *Chamguava schippii* presenta patrones aglomerativos según la abundancia en los sitios 14 y 19, dejando al resto de sitios con bajos valores de abundancia, pero no de riqueza. Pero las especies *Eugenia coloradoensis*, *Psidium friedrichsthalianum* y *Eugenia galalonensis* suelen distribuirse, cada una, de forma similar en los sitios de orden 1, por lo que la abundancia de cada especie en el orden uno es muy similar.

Finalmente, las variables ambientales presentaron patrones aglomerativos, a excepción de heterogeneidad ambiental, pico, interfluvio, hembrera, pie de monte, valle, sima, curvatura tangencial media, y abundancia global que se dispersan. En cuanto a los modelos de distribución de especies SDM se corresponde con los correlogramas, siendo sus predicciones muy certeras.

Debo destacar, que todo la información que se generó de la familia Myrtaceae en la pmp de BCI, puese ser usada para hacer investigaciones más profundas de la misma y que los límites de este estudio pueden ser tachados como inexistente, debido a que son datos obtenidos de varios censos y que se siguen midiendo actualmente. Los estudios de esta índole son importantes para conocer el comportamiento de las especies en un espacio determinado y único ambientalmente.

## 6 Agradecimientos

A **Dios**, por no dejarme caer en los días difíciles y darmme salud y fuerza.

A mi maestro, **Jose Martínez Batlle**, por su entusiasmo, dedicación y disponibilidad para enseñar y asesorar durante todo el trayecto.

A mi madre **Denny Laureano**, mis hermanos **Darleny Linares, Diana Carolina Linares y Jose Daniel Linares**, por apoyarme emocional y moralmente.

A mi compañero de carrera y amigo **Welifer Lebron** por su asesoramiento y apoyo.

A mi mascota, **Snow**, que me acompañó como un fiel compañero y sirvió de apoyo emocional durante mis días y noches de trabajo.

Último, pero no menos importante, a mí misma, por tener el valor y la fuerza de voluntad para embarcarme en este proyecto que supuso un gran reto, por no rendirme y llegar hasta el final.

## 7 Información de soporte

Table 2: Materiales usados en el estudio

Materiales	Uso
RStudio	Redacción del manuscrito, procesamientos de datos censales de la familia <i>Myrtaceae</i> por medio de Scripts.
library vegan	Conjunto de herramientas para hacer análisis de diversidad, ordenación de comunidad y análisis de disimilitud.
library tidyverse	Colección de paquetes que permiten transformar, importar, visualizar, modelar y presentar distintos datos.
library sf	Creación de simple features, ampliando objetos tipo data.frame con una columna de lista de características simples.
library mapview	Para ver objetos espaciales de forma interactiva sobre un mapa base.
library RColorBrewer	Para crear paletas de colores para mapas temáticos.
library ez	Permiten una visualización y análisis de datos simples y con especificaciones consistentes.
library psych	Conjunto de herramientas para hacer análisis de datos multivariados.
library tmap	Para visualizar, con mapas temáticos, la distribución de datos espaciales.
library adespatial	Herramienta para hacer análisis espaciales, a distintas escalas, de datos multivariados.
library broom	Para resumir información de objetos estadísticos en tablas.
library cluster	Para el clúster análisis o de agrupamiento, que permiten encontrar grupos de datos.
library gclus	Ordena en matrices de diagramas, dispersión y coordenadas paralelas con un índice, los paneles.
library magrittr	Paquete que permite, mediante mecanismos, cadenas de comandos con el operador pipa.
library pvclust	Paquete que permite implementar un remuestreo multiescala para evaluar inconsistencia en análisis de agrupamiento jerárquico.

Materiales	Uso
library indicspecies	Estima el valor estadístico de la relación presencia-abundancia de especies y sus sitios.
library plyr	Conjunto de herramientas que permiten separar, aplicar y combinar datos para generar resúmenes estadísticos de ellos.
library SpadeR	Estima diversos índices de biodiversidad y medidas de similitud de datos individuales tomados de diversas comunidades.
library iNEXT	Paquete que permite calcular y trazar la rarefacción y extrapolación de diversidad de especies.
library vegetarian	Para calcular la diversidad por comunidad en un conjunto de datos.
library ape	Paquete que permite hacer análisis filogenéticos y evolutivos de árboles.
library spdep	Conjunto de funciones para crear matrices de ponderaciones espaciales de puntos de patrones polígonos, entre otros.
library ade4	Herramientas para análisis de datos multivariados.
library adegraphics	Sirve para hacer representaciones gráficas de datos multivariados.
library gridExtra	Ofrece funciones para poder trabajar con gráficos en <i>grid</i> y crear diversos trazados en una página y dibujar tablas.
library grid	Reescribe los gráficos, sus capacidades y da soporte a la interacción.
library gtable	Herramientas que permiten trabajar más fácil con tablas.

Table 3: Géneros y especies presentes en la parcela de medición permanente en BCI.

Género	Especies
Eugenia	galalonensis
Eugenia	oerstediana
Eugenia	coloradoensis
Chamguava	schippii
Eugenia	nesiotica
Psidium	friedrichsthalianum
Myrcia	gatunensis

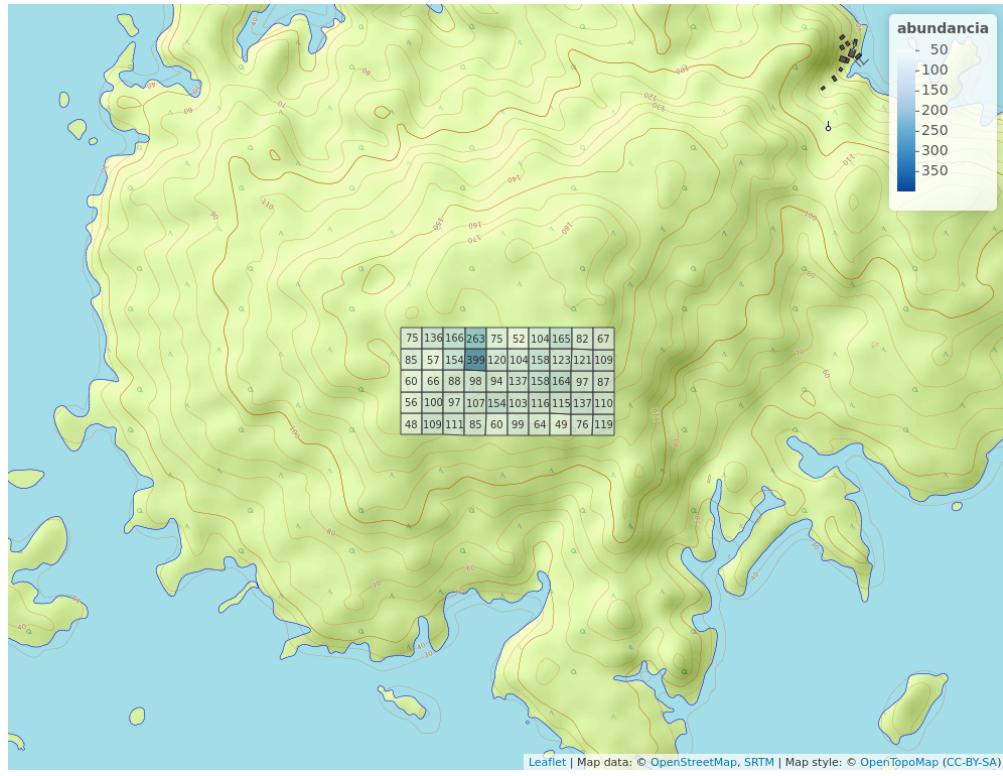


Figure 2: Abundancia por cuadros de *Myrtaceae*.

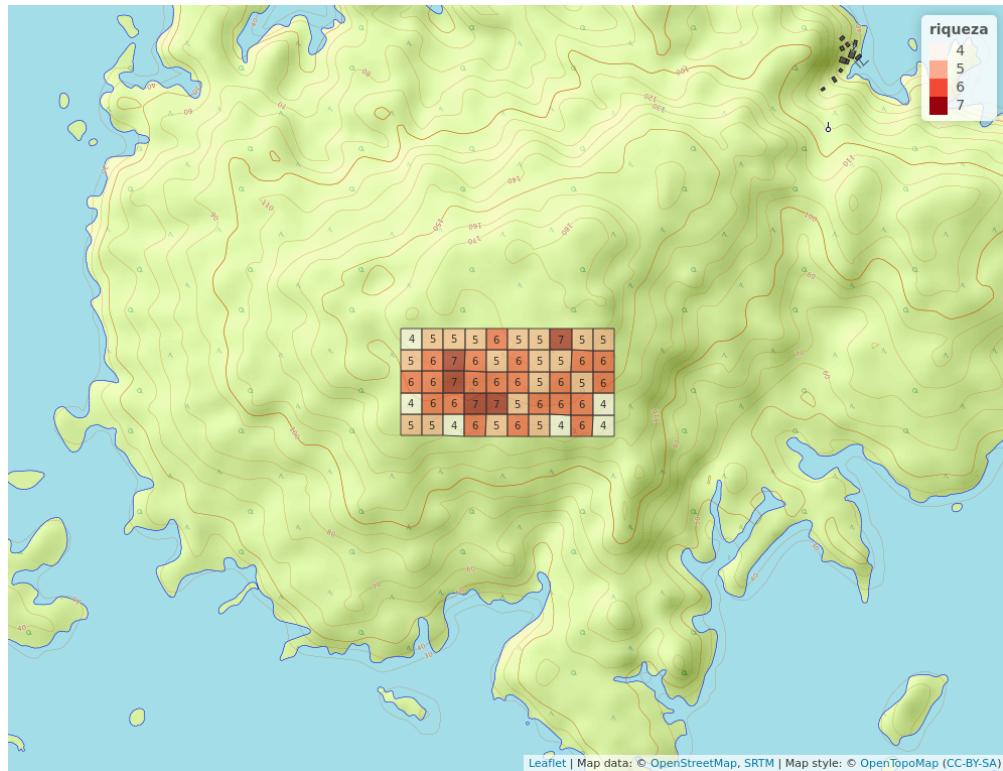


Figure 3: Riqueza por cuadros de *Myrtaceae*.

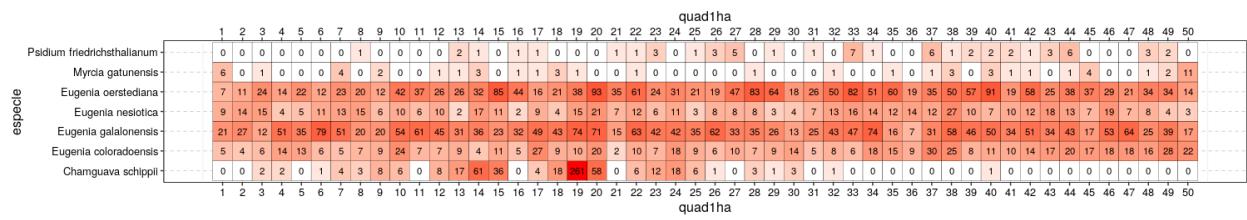


Figure 4: Abundancia por especies por cuadros.



Figure 5: Matriz de correlación simple (Pearson) entre las especies de *Myrtaceae*.

Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales nominales

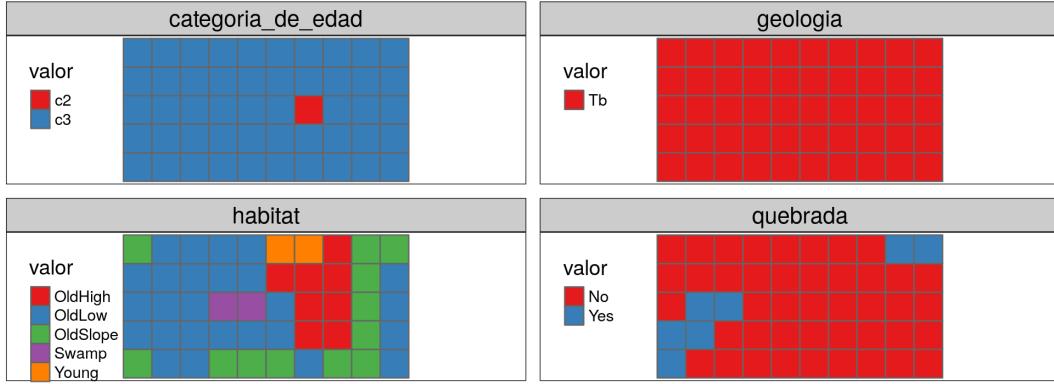


Figure 6: Variables ambientales nominales.

Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a 1

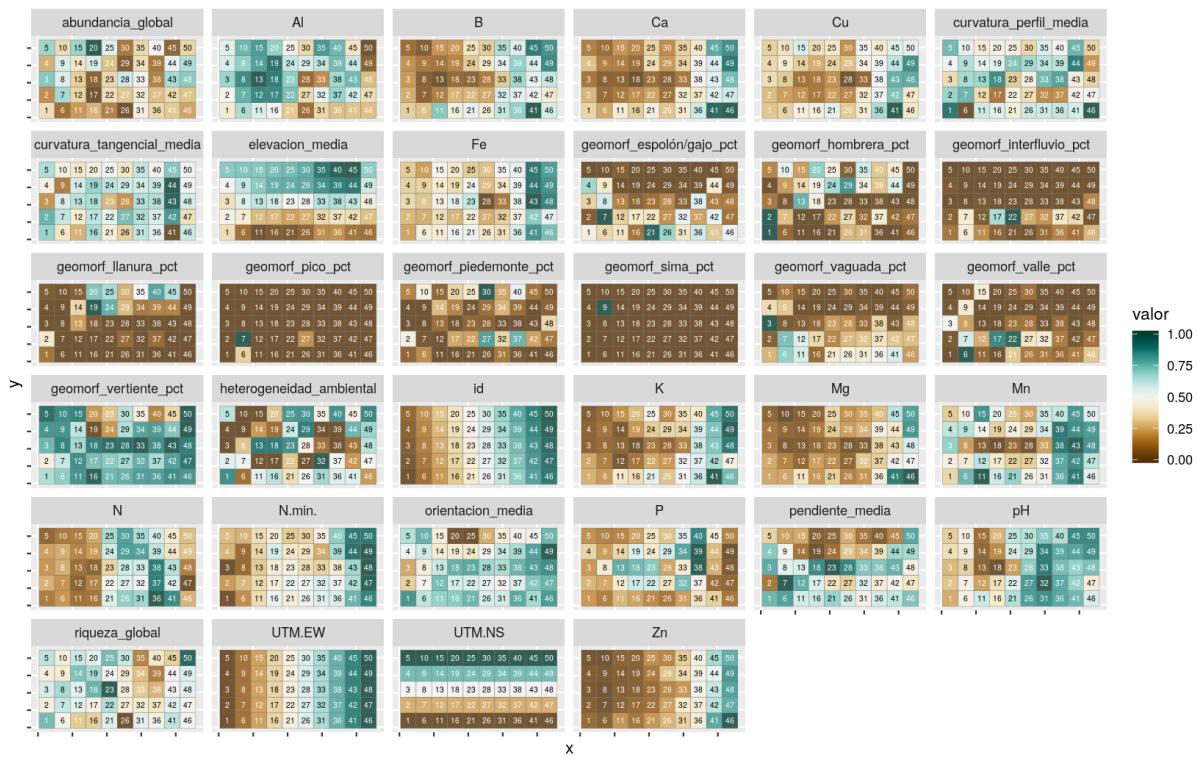


Figure 7: Variables ambientales numéricas.

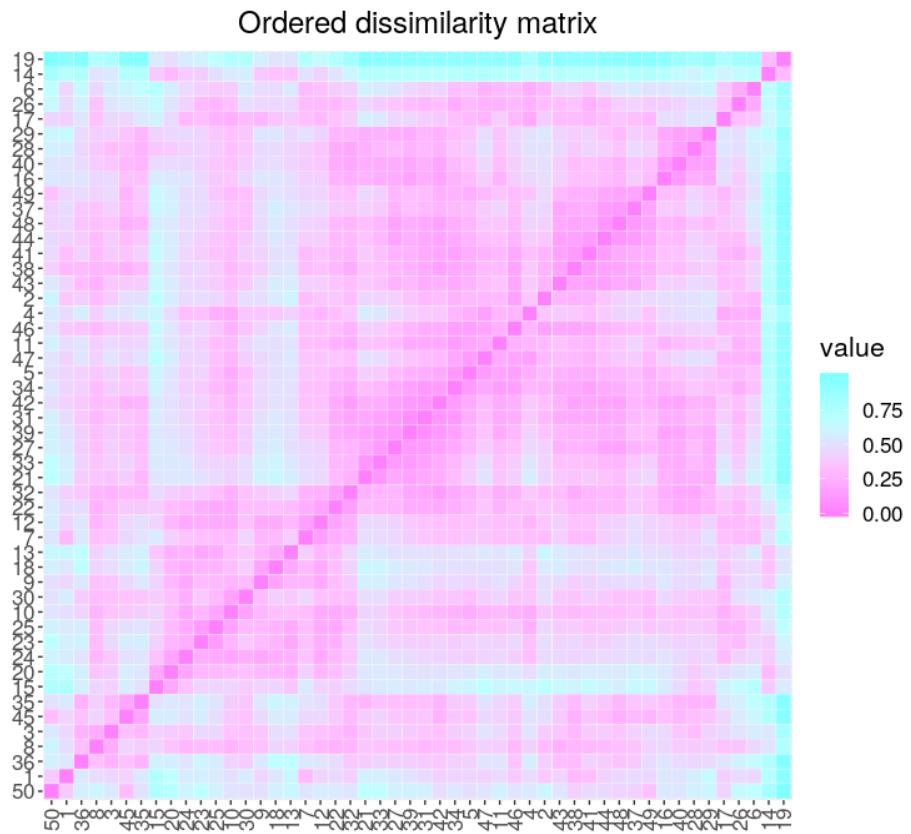
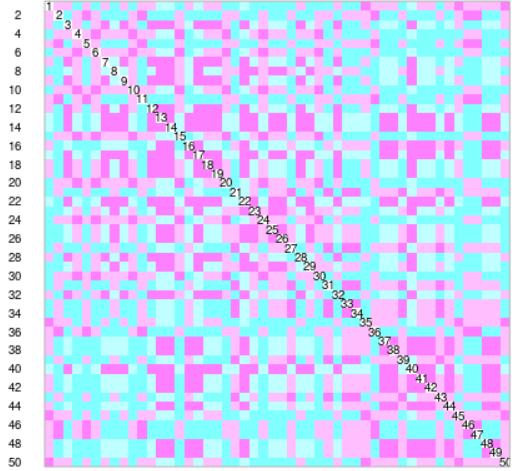


Figure 8: Matriz de asociación de sitios en la parcela de BCI. El color fucsia o rosa indica una corta distancia o que son muy similares los sitios, y el celeste indica una gran distancia o que los sitios son poco similares.

**Dissimilarity Matrix**



**Ordered Dissimilarity Matrix**

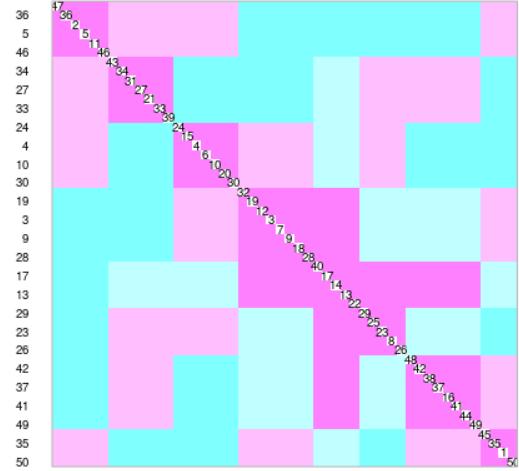


Figure 9: Matriz de disimilaridad de Jaccard. El color fucsia o rosa indica una corta distancia o que son muy similares los sitios, y el celeste indica una gran distancia o que los sitios son poco similares.



Figure 10: Matriz de disimilaridad de las variables edáficas en la parcela de BCI. El color fucsia o rosa indica una corta distancia o que son muy similares los sitios, y el celeste indica una gran distancia o que los sitios son poco similares.

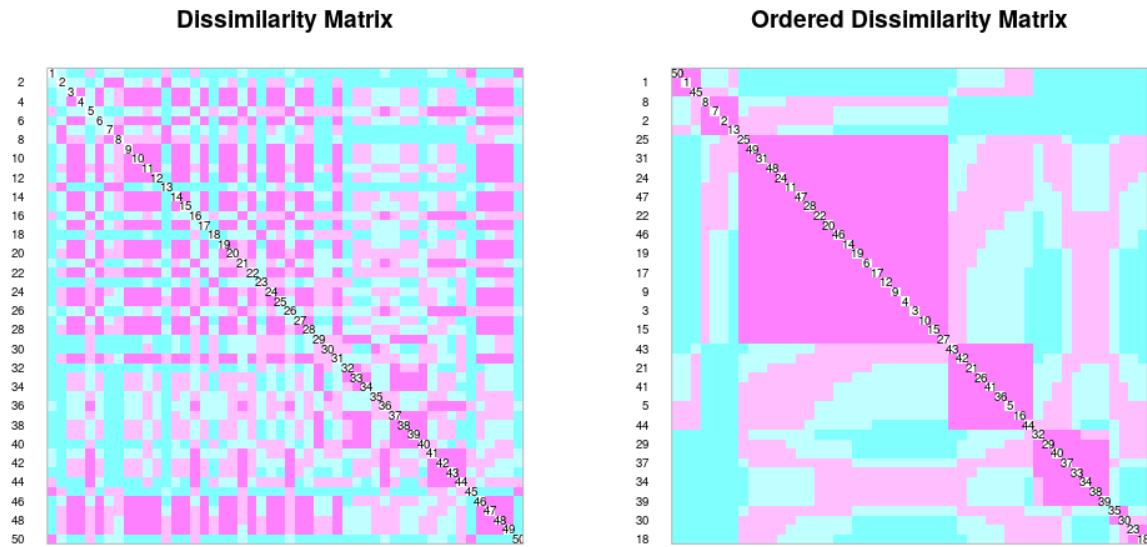


Figure 11: Matriz de disimilaridad de variables mixtas (heterogeneidad ambiental, hábitat y quebrada). El color fucsia o rosa indica una corta distancia o que son muy similares los sitios, y el celeste indica una gran distancia o que los sitios son poco similares.

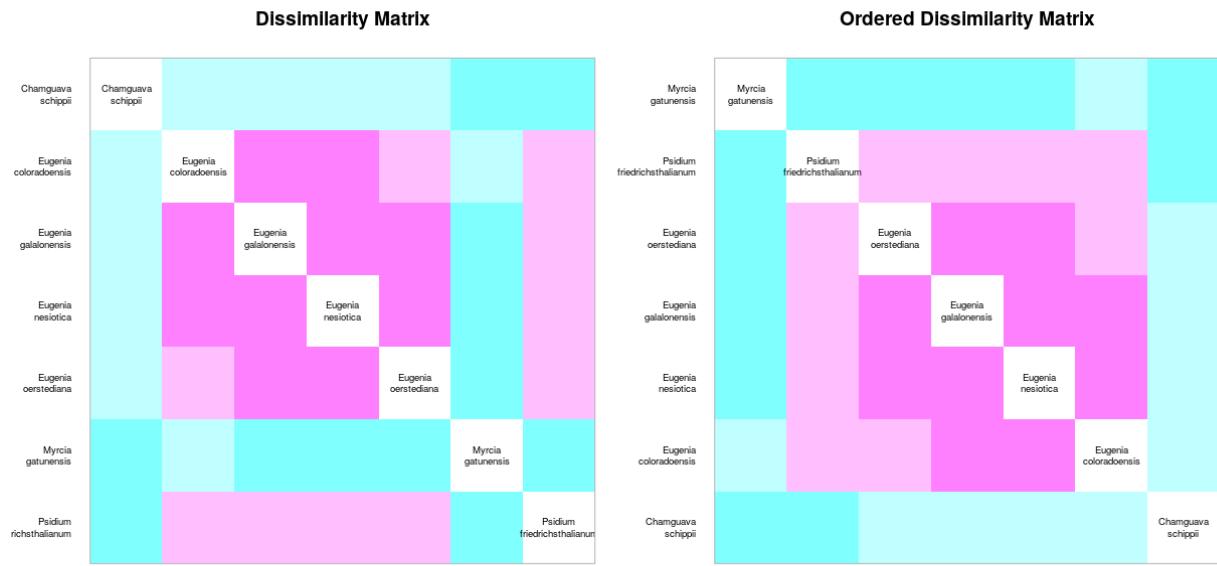
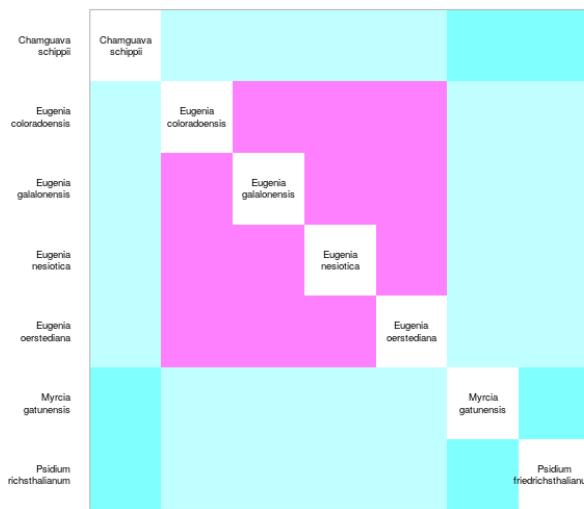


Figure 12: Mapa de asociación entre especies según la abundancia. El color rosa indica que existe dependencia y el azul que no existe de dependencia.

**Dissimilarity Matrix**



**Ordered Dissimilarity Matrix**

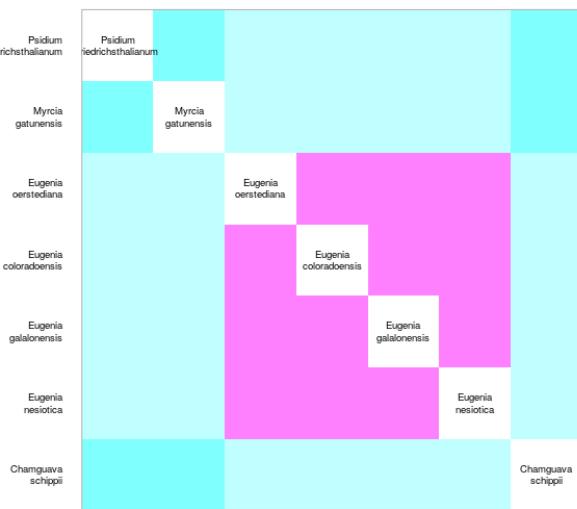


Figure 13: Mapa de dependencia entre especies según datos de presencia/ausencia. El color rosa indica que existe dependencia y el azul que no existe de dependencia.

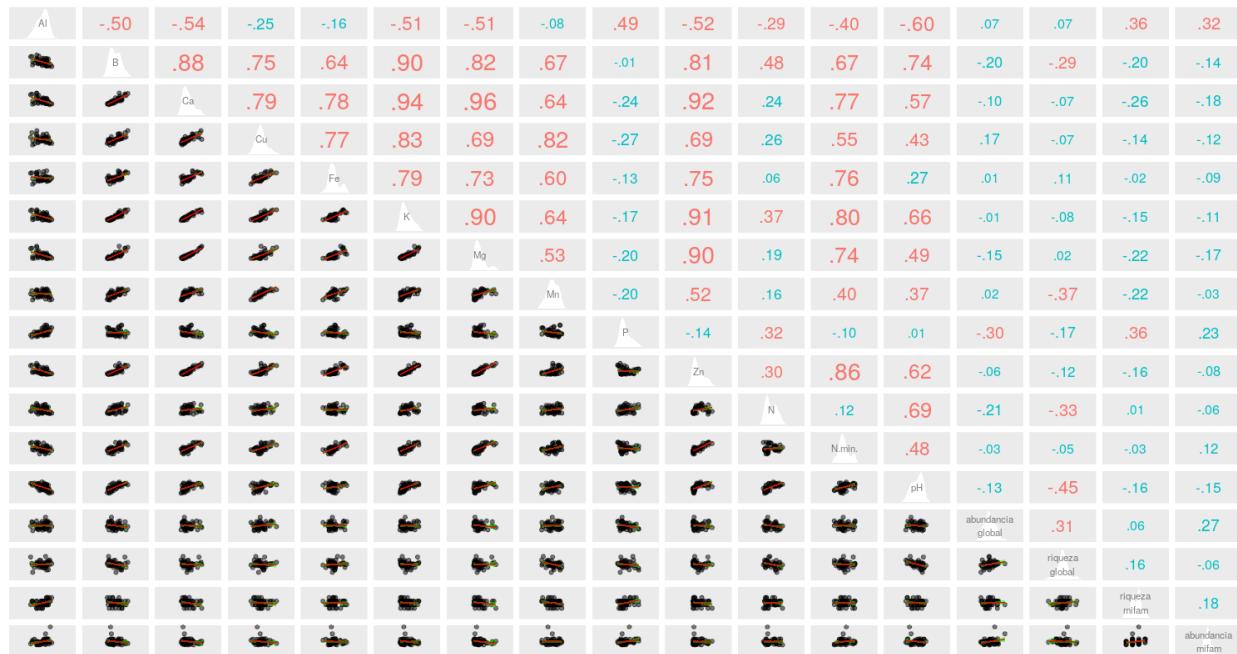


Figure 14: Matriz de correlación de Pearson, asociación entre riqueza y abundancia de *Myrtaceae* y las variables edáficas.

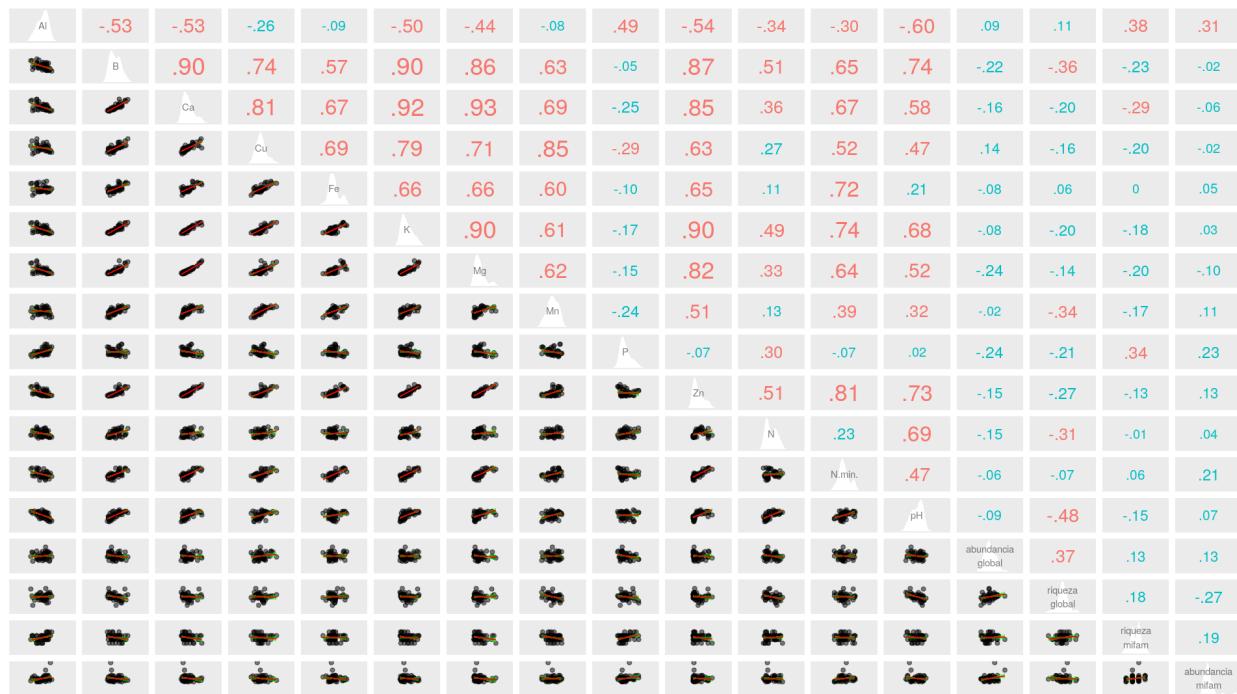


Figure 15: Matriz de Spearman, asociación entre riqueza y abundancia de *Myrtaceae* con las variables edáficas.

heterogeneidad ambiental	.15	-.04	-.14	.24	-.12	-.11	-.22	.09	-.33	-.19	.06	.04	.03	.10	.06	-.06	.32	.09	-.31
geomorf llanura		-.11	-.26	.56	-.48	-.94	-.49	.27	-.33	-.08	.58	-.74	-.61	.14	.19	.12	-.01	.07	.51
geomorf pico			.31	-.01	.40	-.08	.40	-.01	.40	-.03	-.14	.29	-.07	.02	.05	.12	.06	.04	-.03
geomorf interfluvio				-.15	.35	.02	.33	.17	.75	-.07	-.47	.13	.06	-.30	.09	-.16	.04	.25	.02
geomorf hondonera					-.33	-.59	-.38	.22	-.28	-.02	.41	-.49	-.36	.40	.34	-.04	-.04	-.02	.14
geomorf espaldar-gallo						-.24	.64	-.33	.42	.08	.61	.55	.21	.08	-.07	-.12	-.08	.05	-.26
geomorf vertiente							.25	-.35	.09	.07	-.39	.68	.67	-.08	-.17	-.06	.03	-.12	-.45
geomorf vaguada								-.20	.52	.05	-.70	.54	.11	-.26	-.46	-.07	-.05	-.02	-.29
geomorf piedemonte									.02	-.11	.18	-.52	-.40	-.39	.10	-.05	-.02	.03	.06
geomorf valle										.14	-.46	.25	-.08	-.43	-.22	-.08	.06	.22	-.06
geomorf sima											.05	-.01	0	.08	-.30	.13	-.08	.09	-.14
orientacion media												-.49	-.30	.22	.28	.24	.02	.10	.29
pendiente media												.59	-.02	-.15	-.07	.19	.07	-.37	
curvatura perfil media													.10	.10	-.19	-.01	-.08	-.20	
curvatura tangencial media														.29	-.06	-.12	-.24		-.02
abundancia global															.03	-.07	-.04	.13	
riqueza global																.31	.06	.27	
riqueza plantas																	.16	-.08	
abundancia mifam																		.18	
abundancia mifam																			

Figure 16: Matriz de Pearson, asociación entre riqueza y abundancia de *Myrtaceae* y las variables geomorfológicas.

heterogeneidad ambiental	.20	-.16	.02	.15	-.12	-.06	-.21	.10	-.35	-.19	.04	.05	.10	.10	.12	-.04	.29	.12	-.32
geomorf llanura		-.11	-.34	.83	-.68	-.69	-.71	.52	-.51	-.13	.66	-.76	-.53	.26	.26	-.05	-.05	-.06	.19
geomorf pico			.38	.06	.21	-.21	.31	.14	.37	-.04	-.23	.21	-.10	-.10	.08	-.04	.01	-.06	.01
geomorf interfluvio				-.17	.57	-.15	.60	.19	.54	-.14	-.73	.16	.09	-.23	.05	-.21	-.04	.06	-.09
geomorf hondonera					-.42	-.68	-.50	.44	-.31	.02	.49	-.57	-.43	.40	.34	.02	-.04	.01	.16
geomorf espaldar-gallo						.18	.75	-.42	.60	.12	-.71	.61	.31	0	-.10	-.09	-.02	.12	-.23
geomorf vertiente							.26	-.49	.03	.06	-.27	.56	.67	-.10	-.19	.13	.06	-.13	-.08
geomorf vaguada								-.28	.71	.10	-.81	.60	.27	-.25	-.38	-.17	-.06	-.05	-.30
geomorf piedemonte									.02	-.18	.24	-.66	-.38	-.37	.12	.03	-.03	.01	.19
geomorf valle										.18	-.60	.25	-.11	-.39	-.46	-.03	.05	.09	-.10
geomorf sima											.03	-.02	-.01	.10	-.23	.14	-.12	.10	-.20
elevacion media												-.51	-.32	.23	.20	.22	-.04	.04	.29
pendiente media												.60	-.02	-.12	-.07	.16	.07	-.25	
orientacion media													.08	.06	-.07	.02	-.13	-.06	
curvatura perfil media														.40	-.11	-.16	-.21	-.03	
curvatura tangencial media															-.04	-.09	-.03	.08	
abundancia global																.37	.13	.13	
riqueza global																	.18	-.27	
riqueza plantas																		.19	
abundancia mifam																			

Figure 17: Matriz de Spearman, asociación entre riqueza y abundancia de *Myrtaceae* y las variables geomorfológicas.

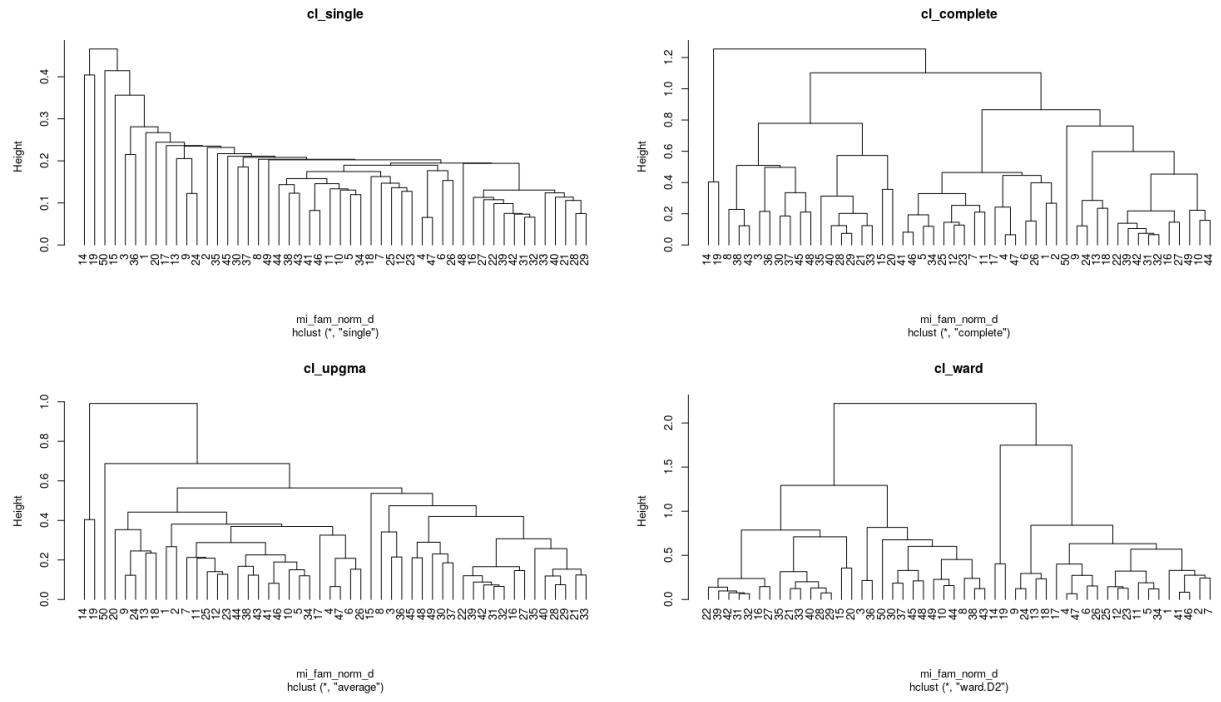


Figure 18: Dendrogramas a partir criterios de enlaces simple, completo y por promedio (UPGMA) y Ward o varianza mínima,

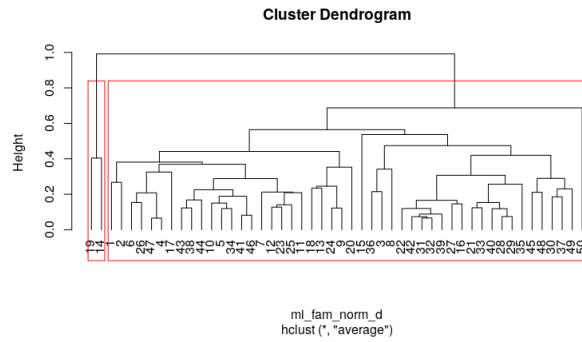


Figure 19: Dendrograma de grupo optimo seg\xf3n el criterio de enlace UPGMA.

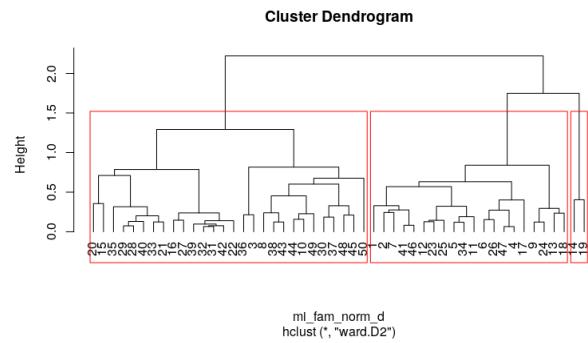


Figure 20: Dendrorama según criterio de enlace Ward.

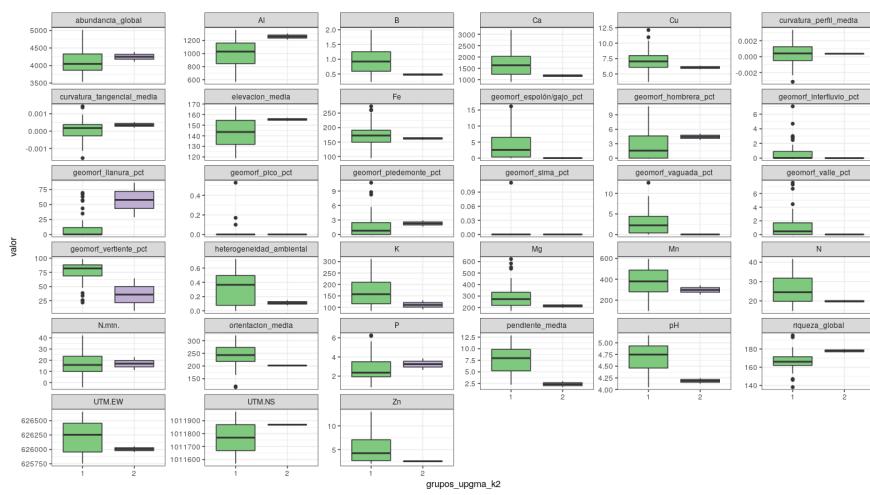


Figure 21: Diagramas de caja de las variables ambientales en los grupos de UPGMA.



Figure 22: Mapa de los grupos formados por el criterio de enlace UPGMA.

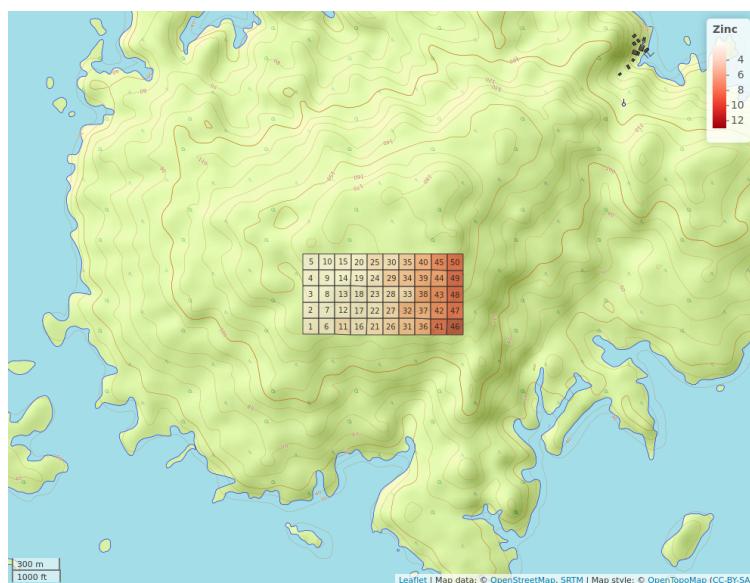


Figure 23: Mapa de concentración de zinc en los sitios de la parcela de BCI.

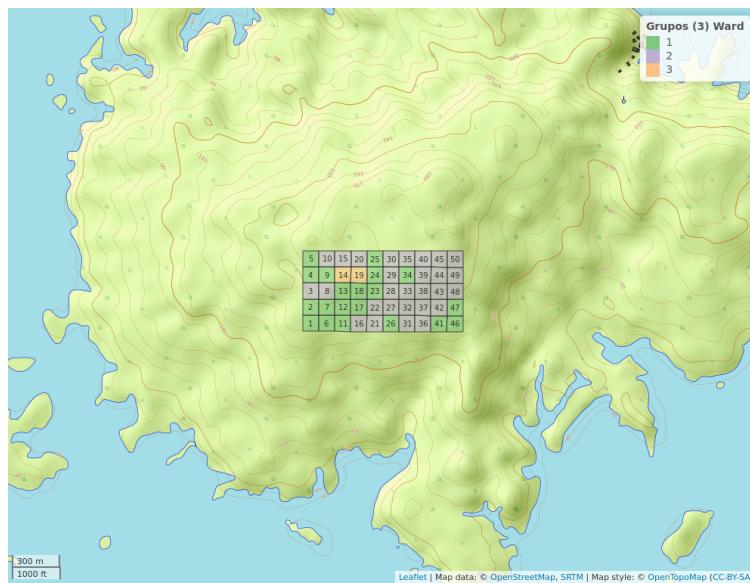


Figure 24: Mapa de los grupos formados por el criterio de enlace Ward.

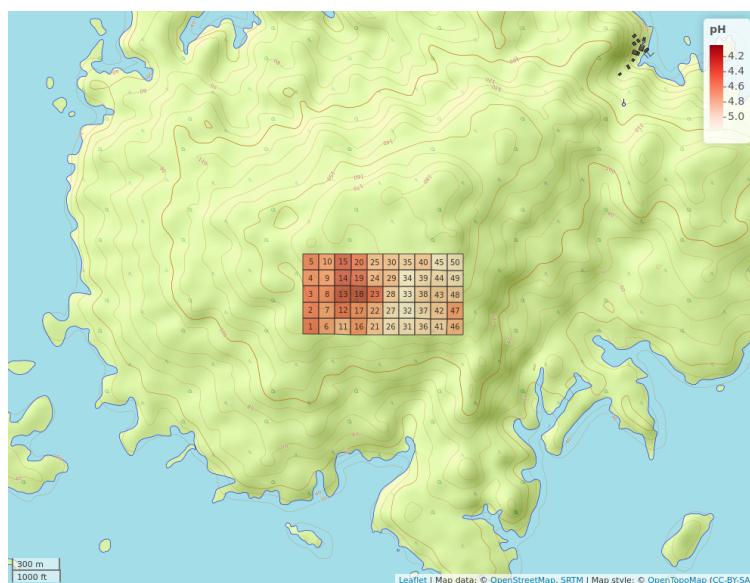


Figure 25: Mapa de concentración de pH en los sitios de la parcela de BCI.



Figure 26: Diagramas de caja de las variables ambientales en los grupos de Ward.

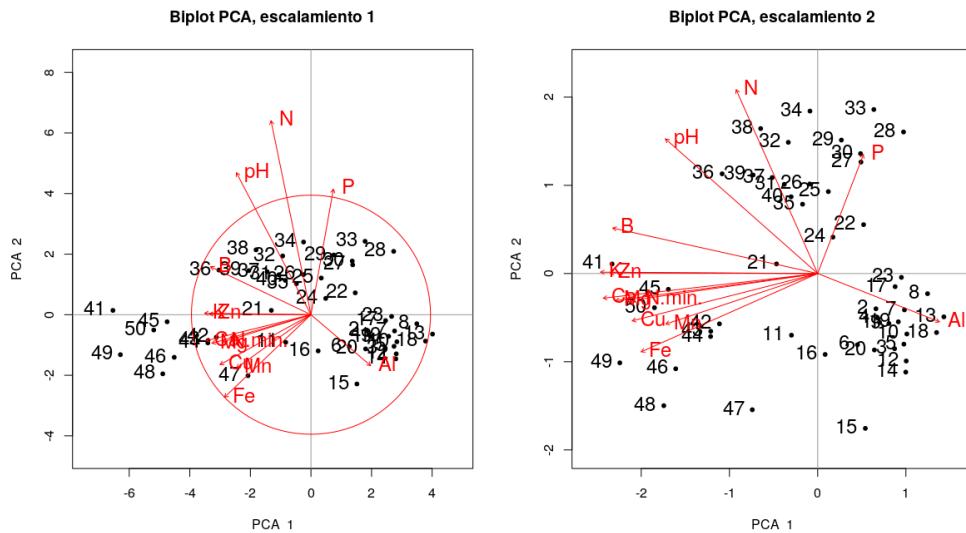


Figure 27: Distribución de sitios y variables de suelo en Biplot.

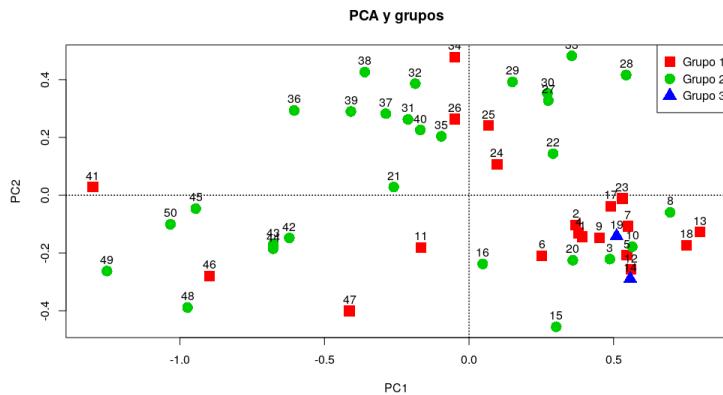


Figure 28: Distribución de sitios por grupos de puntuaciones.

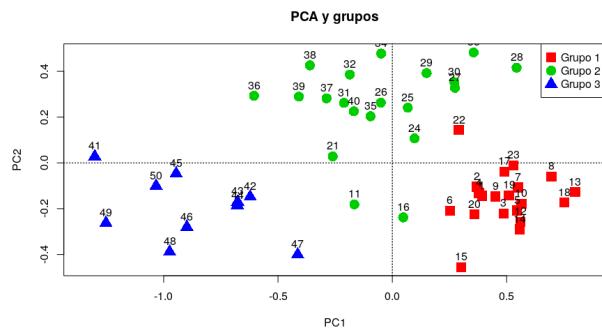


Figure 29: Distribución de sitios de los grupos UPGMA según puntuaciones (PCA).

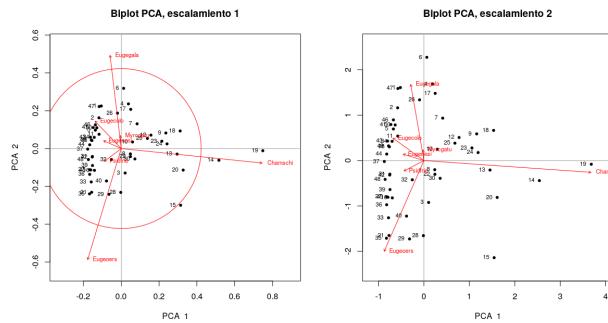


Figure 30: Distribución de especies según su contribución a los sitio (PCA).

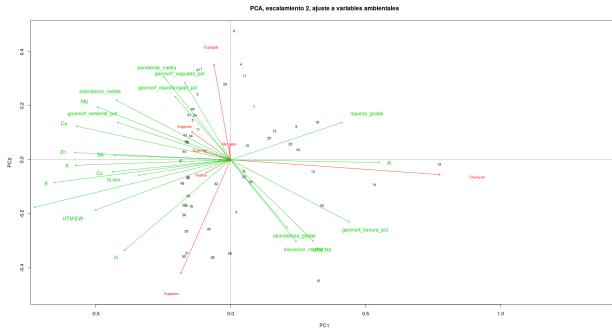


Figure 31: Distribución de especies asociadas a los sitios y a variables ambientales (PCA).

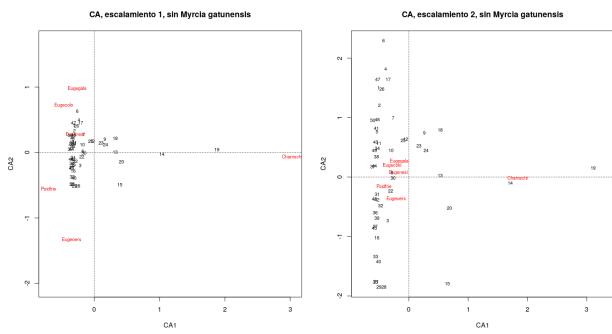


Figure 32: Distribución de las especies, excepto *Myrcia gatunensis*, y de los sitios (CA).

Table 4: Equivalencias de los nombres de especies de *Myrtaceae*

Nombre original	Equivalencias
<i>Eugenia galalonensis</i>	Eugegala
<i>Eugenia oerstediana</i>	Eugeoers
<i>Eugenia coloradoensis</i>	Eugecolo
<i>Chamguava schippii</i>	Chamschi
<i>Eugenia nesiotica</i>	Eugenesi
<i>Psidium friedrichsthalianum</i>	Psidfrie
<i>Myrcia gatunensis</i>	Myrcgatu

### PCoA con promedios ponderados de especies

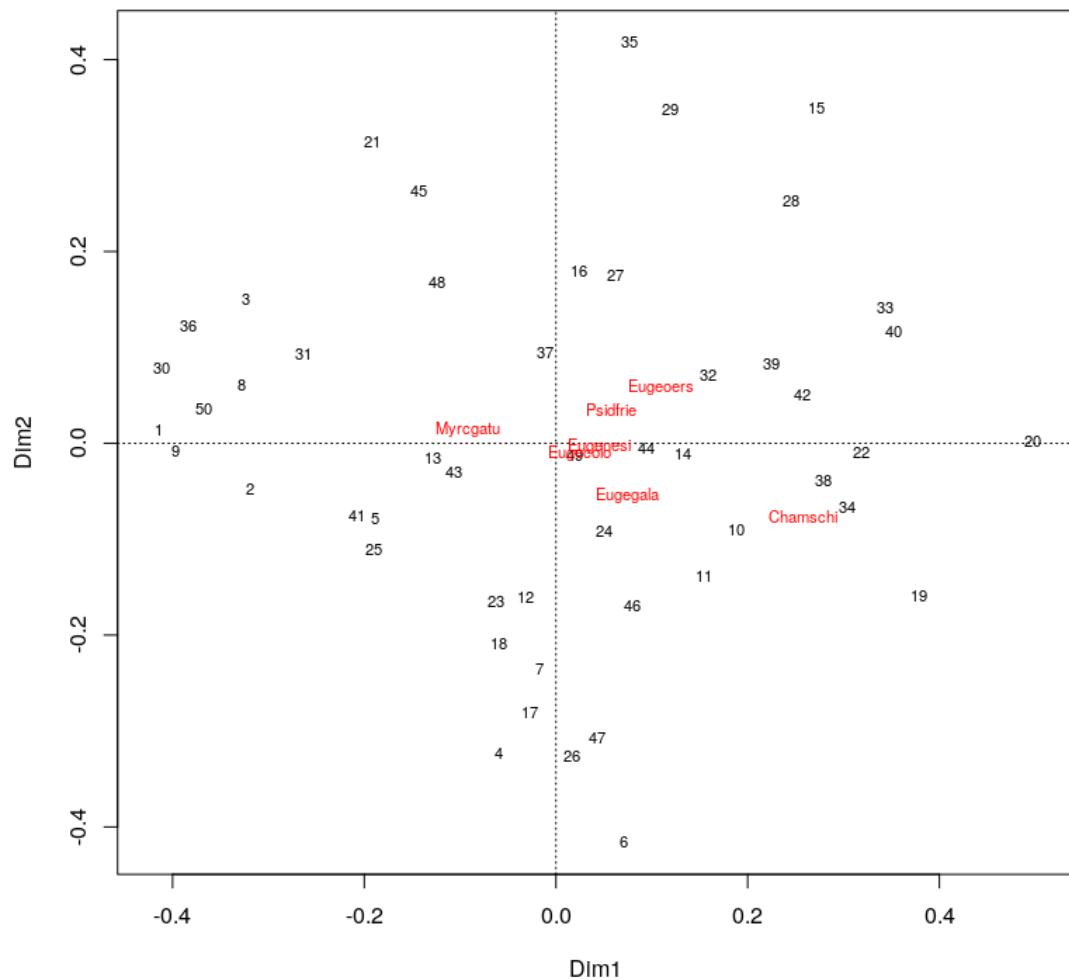


Figure 33: Promedios ponderados de especies PCoA

## PCoA con promedios ponderados de especies

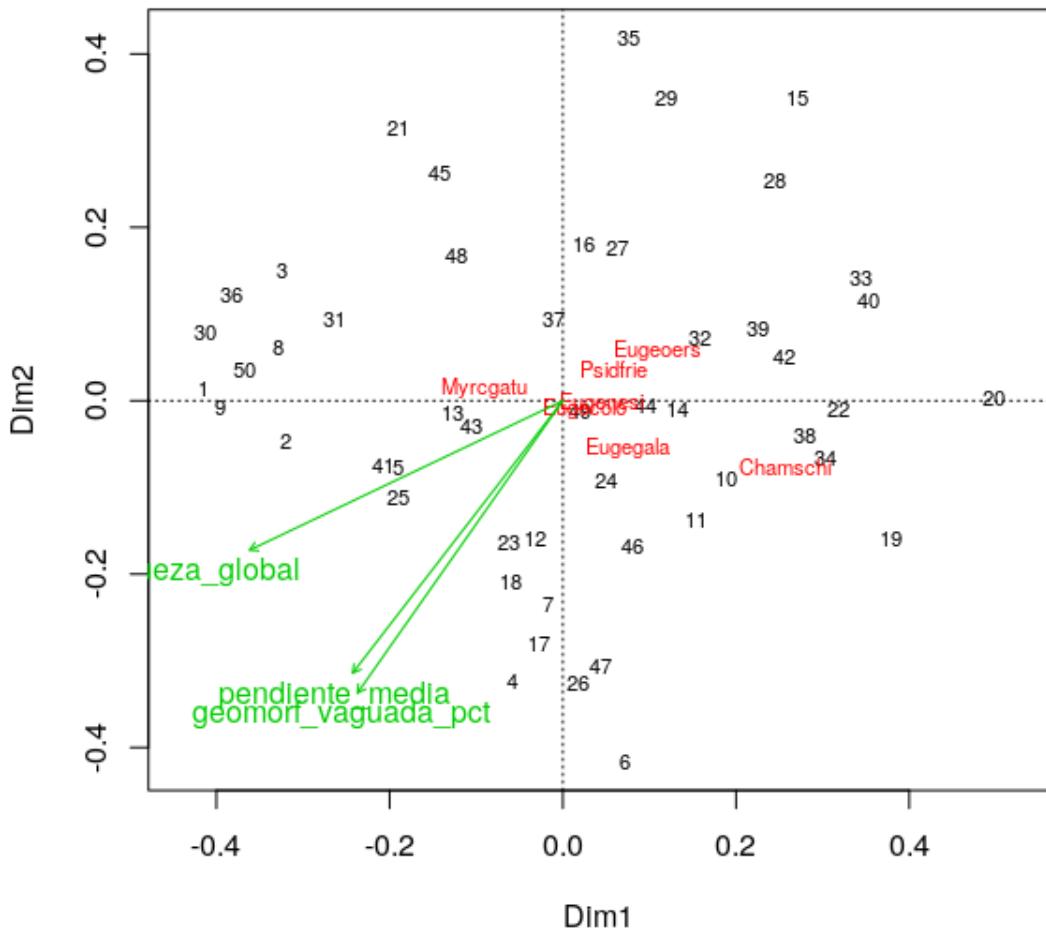


Figure 34: Promedios ponderados de especies y variables ambientales PCoA

Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 2

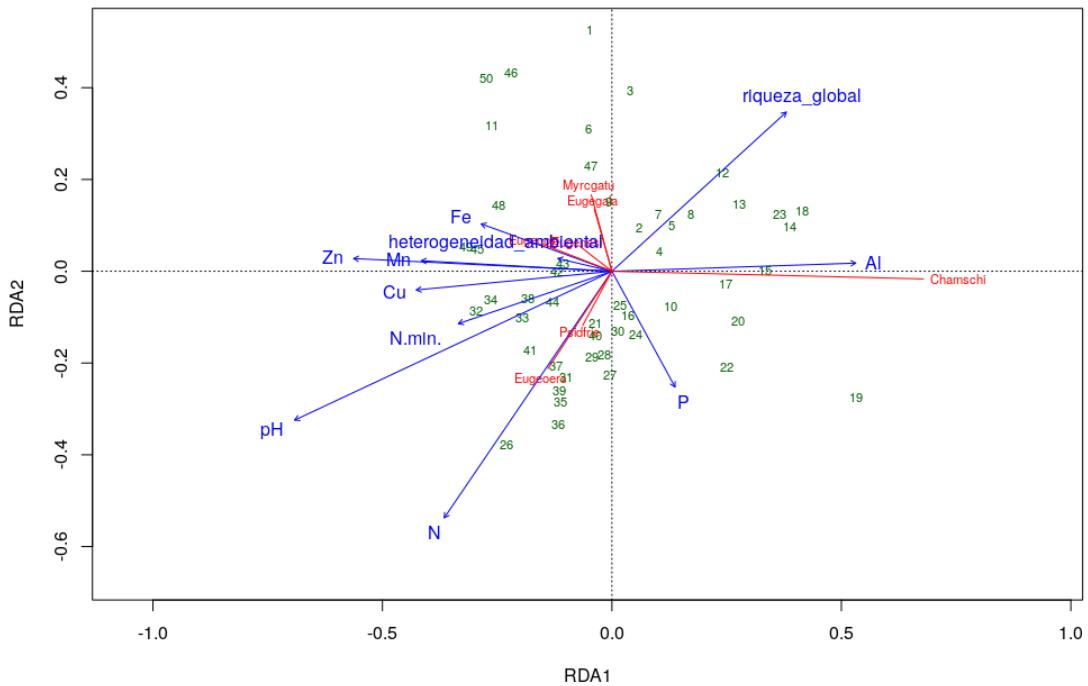


Figure 35: Diagrama de especies, sitios y variables ambientales sin colinealidad RDA.

Triplot de CCA especies ~ var. selec4, escalamiento 1

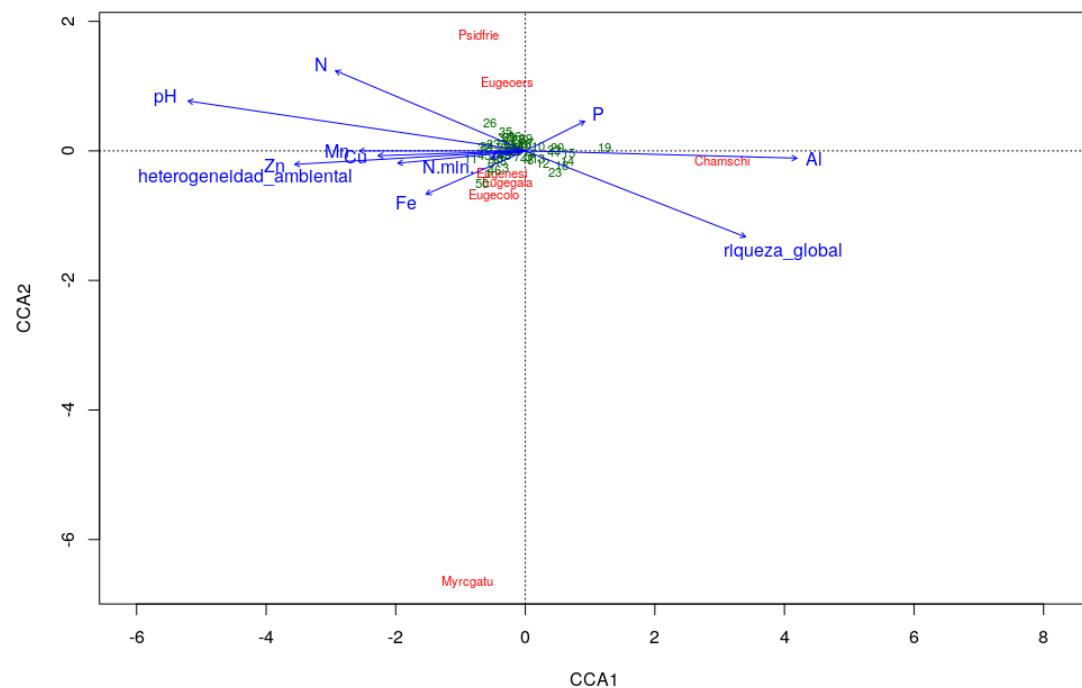


Figure 36: Diagrama de especies, sitios y variables seleccionadas CCA.

N0	.30	.30	.30	.30	.14	-.45	-.60	-.56	.09	-.04	.07	.36	-.20	-.26	-.14	-.02	-.22	.36	-.16	.01	-.03	-.16	10	.07	-.09	-.24	-.04	.06	.16		
H	1	1	1	1	.97	.71	.58	.59	.07	.01	.24	20	-.13	.02	-.10	.23	.04	.02	-.08	.04	.01	-.05	-.05	-.17	.27	.07	-.05	10	.06	.26	.42
Ht2	1	1	.97	.71	.58	.59	.07	.01	.24	20	-.13	.02	-.10	.23	.04	.02	-.08	.04	.01	-.05	-.05	-.17	.27	.07	-.05	10	.06	.26	.42		
N1	1	.97	.70	.57	.59	.07	-.02	.24	22	-.15	0	.06	.22	.02	0	-.08	.04	-.01	-.07	-.07	-.20	.26	.08	-.05	.09	.03	.26	.42			
N1b2	.97	.70	.57	.59	.07	-.02	.24	22	-.15	0	.06	.22	.02	0	-.08	.04	-.01	-.07	-.07	-.20	.26	.08	-.05	.09	.03	.26	.42				
N2	.80	.69	.73	.07	.86	.23	.13	-.03	.11	.18	.28	.13	.10	.01	-.01	.09	-.01	-.01	-.10	.26	.04	-.01	.12	.10	.26	.37					
J	.98	.97	.03	.05	.17	.07	-.03	.22	.18	.23	.14	.20	.06	-.21	.15	-.06	0	-.07	.16	-.01	.02	.29	.10	.20	.29						
E10	.99	.01	.04	.14	-.14	.05	.24	.18	.21	.15	.22	.19	-.27	.15	-.06	0	-.04	.13	-.03	.03	-.30	.09	.16	.23							
E20	.03	.09	.14	.15	.11	.28	.23	.25	.21	.26	.13	-.24	.20	0	.04	.02	.14	-.04	.05	.28	.13	.17	.22								
medied_g	.19	.01	-.27	.19	.17	.02	.16	.23	.20	-.31	.04	.17	.08	.24	.10	.06	.04	.03	.10	.06	-.06	.32									
UTM.EW	0	.47	.76	.76	.55	.66	.82	.72	.38	.06	.91	.50	.87	.72	.09	0	.37	-.06	.19	-.08	-.17										
UTM.NS	.22	-.12	-.14	-.01	.03	-.09	-.15	-.10	.18	-.08	-.03	.01	-.07	.92	-.51	-.38	.03	.07	.33	.11											
Al	-.50	-.54	-.25	-.16	-.51	-.51	-.08	.49	-.52	-.29	-.40	-.60	.28	-.20	-.26	.02	.18	.07	.07												
B	.88	.75	.64	.90	.82	.67	-.01	.81	.48	.67	.74	-.06	-.01	.30	-.02	.06	-.20	-.29													
Ca	.79	.78	.94	.96	.64	-.24	.92	.24	.77	.57	-.12	.07	.42	.05	.08	-.10	-.07														
Cu	.77	.83	.69	.82	-.27	.69	.26	.55	.43	-.02	-.04	.31	-.08	.04	.17	-.07															
Fe	.79	.73	.60	-.19	.75	.56	.76	.27	.06	.12	.43	.02	.22	.01	.11																
K	.90	.64	-.17	.91	.37	.80	.66	-.04	.04	.37	-.02	.17	-.01	-.08																	
Mg	.53	-.20	.90	.19	.74	-.49	-.14	.11	.38	.03	.01	-.15	.02																		
Mn	.29	.52	.16	.40	.37	-.10	-.01	.25	-.13	.02	.02	-.37																			
P	-.14	.32	-.10	.01	.37	-.13	-.11	.11	.16	-.30	-.17																				
Zn	.30	.86	.62	.02	.08	.45	.01	.13	-.06	-.12																					
N	.12	.69	.09	-.14	-.10	0	.03	-.21	-.33																						
Ni:min.	.48	.03	-.03	.41	-.07	.22	-.03																								
pH	.01	.01	-.20	-.10	.13	-.13	-.45																								
acion_m	-.49	-.30	.22	.28	.24	.02																									
diente_m	.59	-.02	-.15	-.07	.19																										
tacion_n	.10	.10	-.19	-.01																											
ira_perfil	.29	-.06	-.12																												
tangenc	-.03	-.07																													
dancia_s	.31																														
jeza_glo																															

Figure 37: Matriz de correlación entre índices de riqueza y algunas variables ambientales

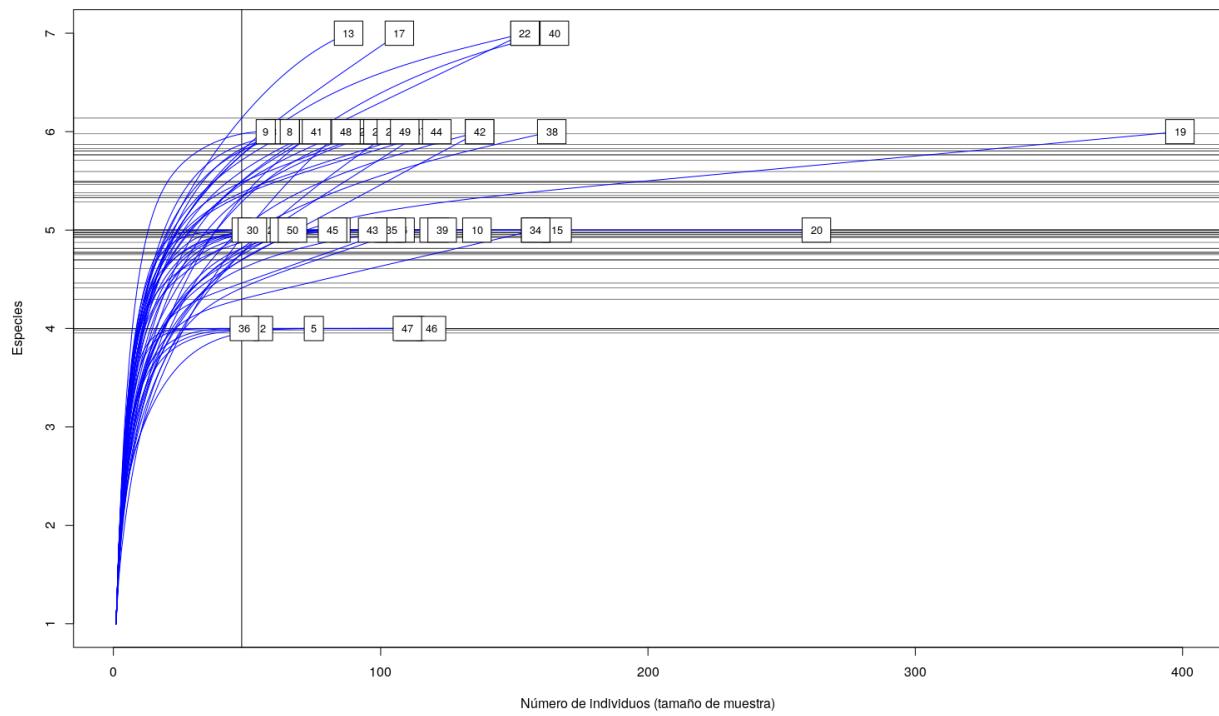


Figure 38: Curva de rareza de especies según sitios por abundancia

Table 5: Estimadores de riqueza de especies

Estimadores de riqueza	Equivalencias
Total de especies	7
chao	7
chao.se	0
jack1	7
jack1.se	0
jack2	7
boot	7
boot.se	5.161914e-08
n	50

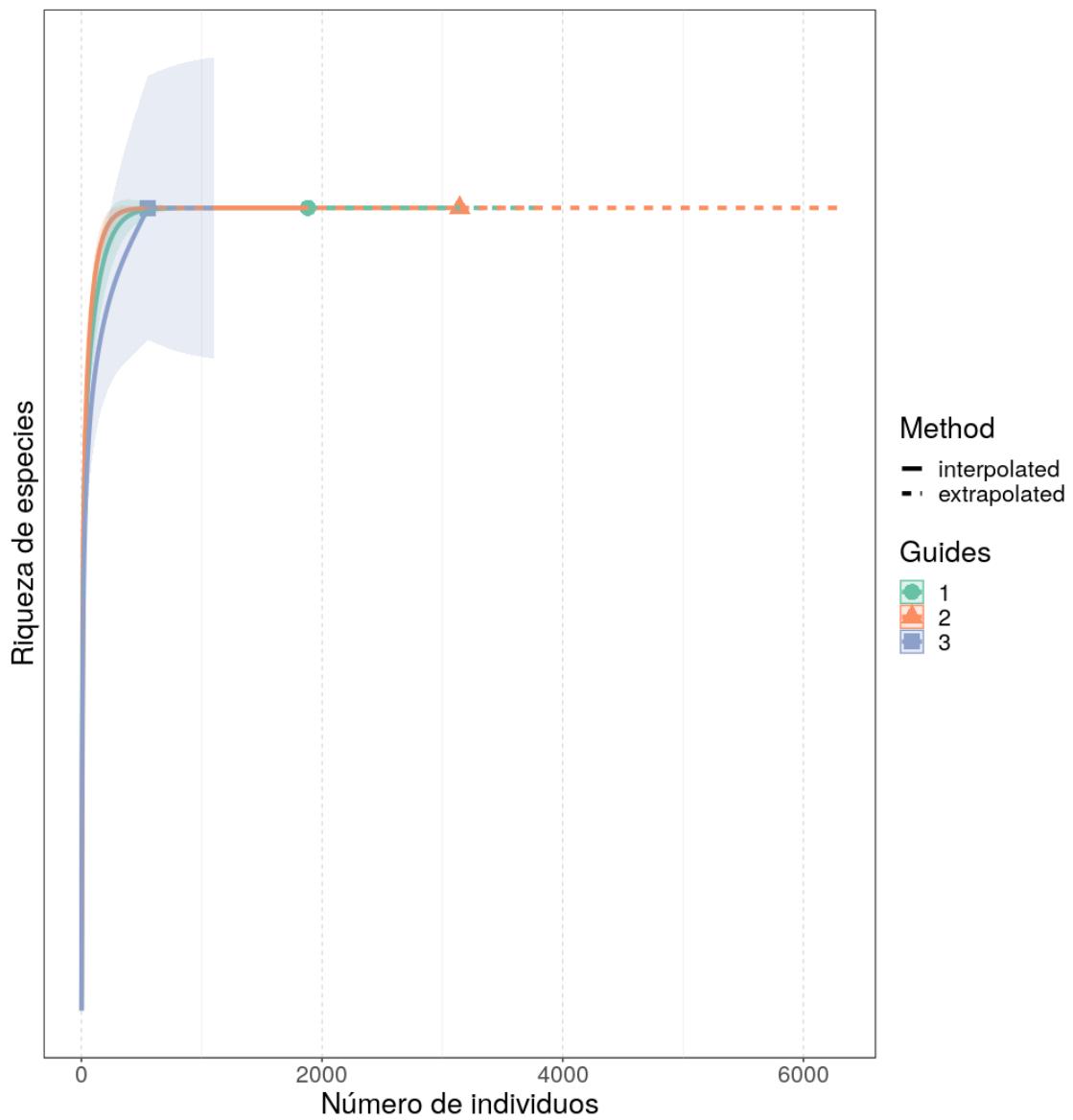


Figure 39: Riqueza de especie estimada para los grupos obtenidos por el método Ward

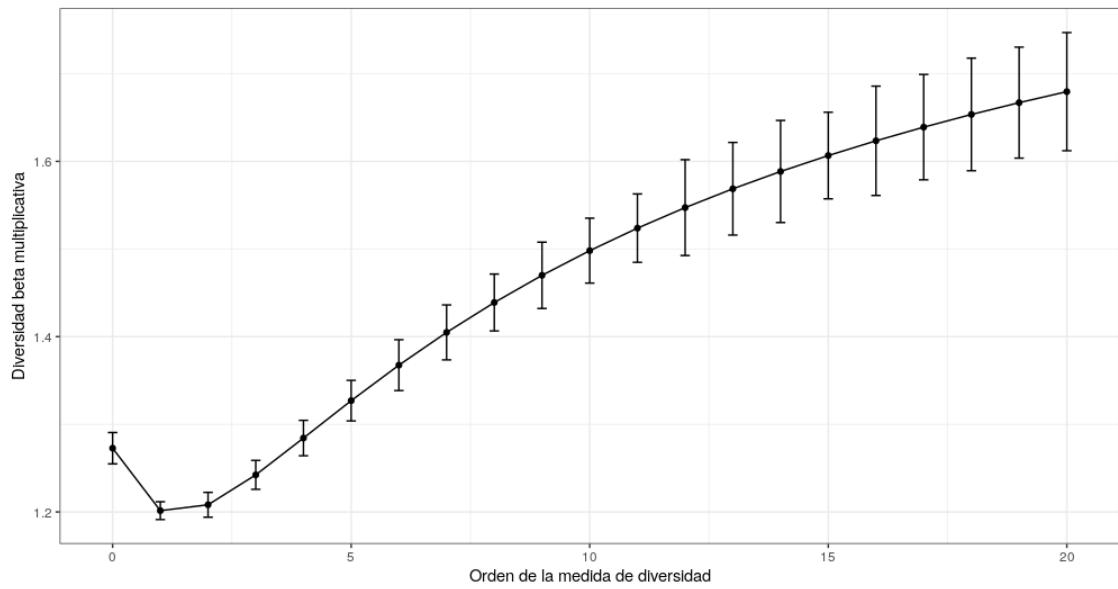


Figure 40: Diversidad beta multiplicativa de la familia *Myrtaceae*

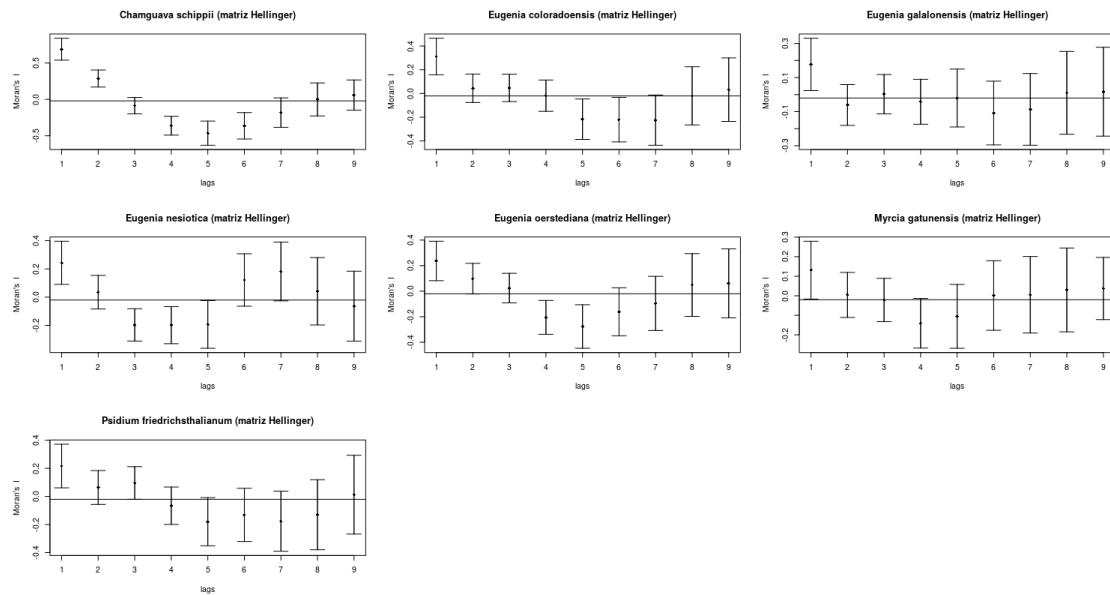


Figure 41: Correlograma de abundancia de especies por sitios autocorrelacionados

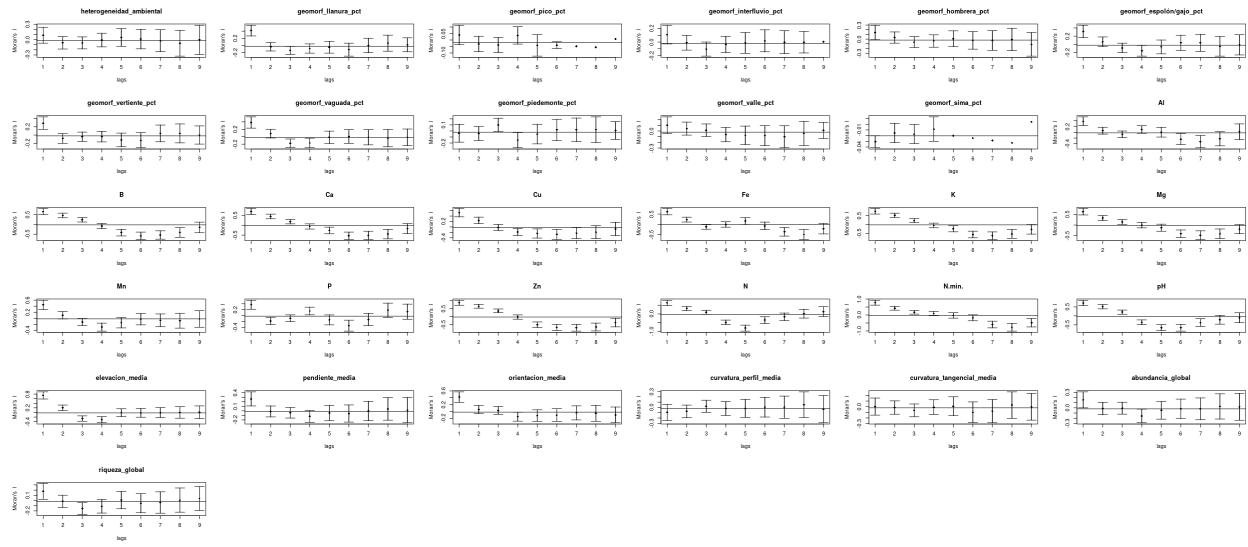


Figure 42: Correlograma de variables ambientales autocorrelacionadas por sitios

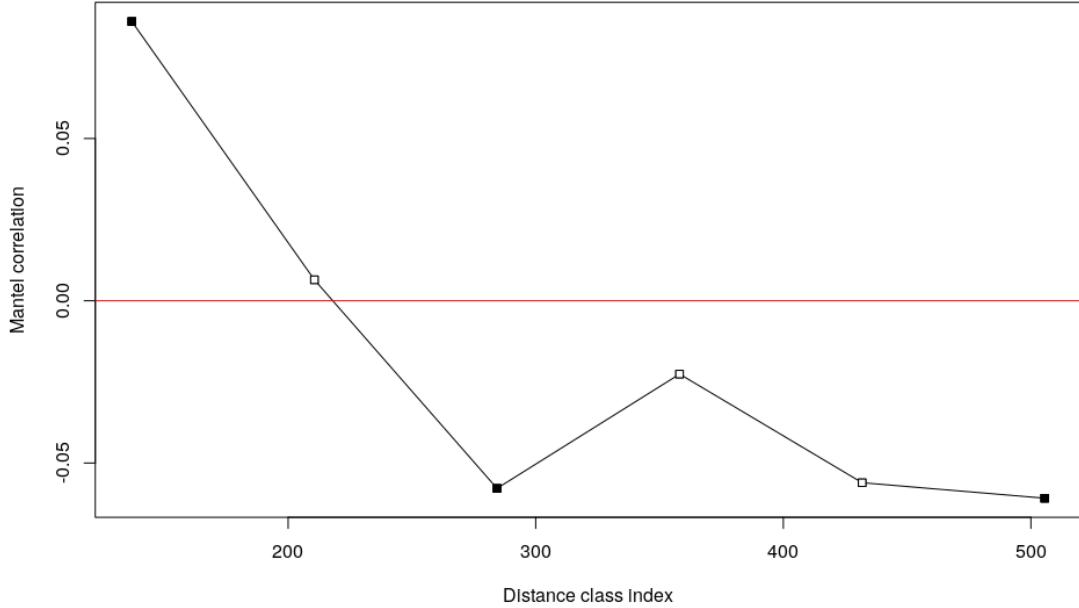


Figure 43: Correlograma de dos matrices de comunidad autocorrelacionadas usando matriz de distancia

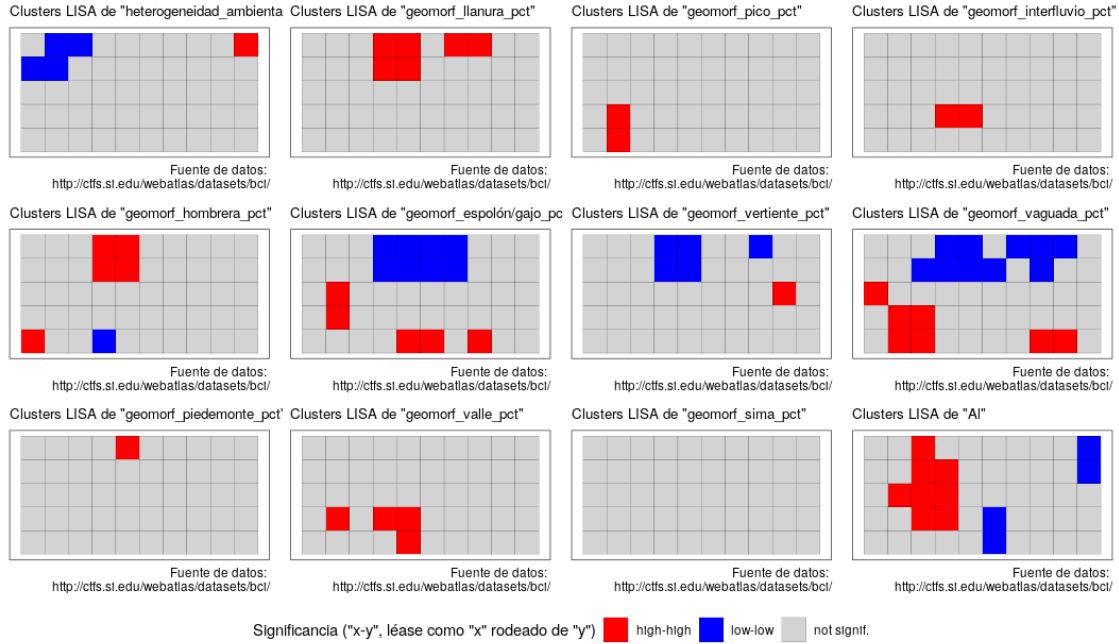


Figure 44: Modelos LISA Cluster de autocorrelación espacial de variables ambientales, según las pruebas de permutación

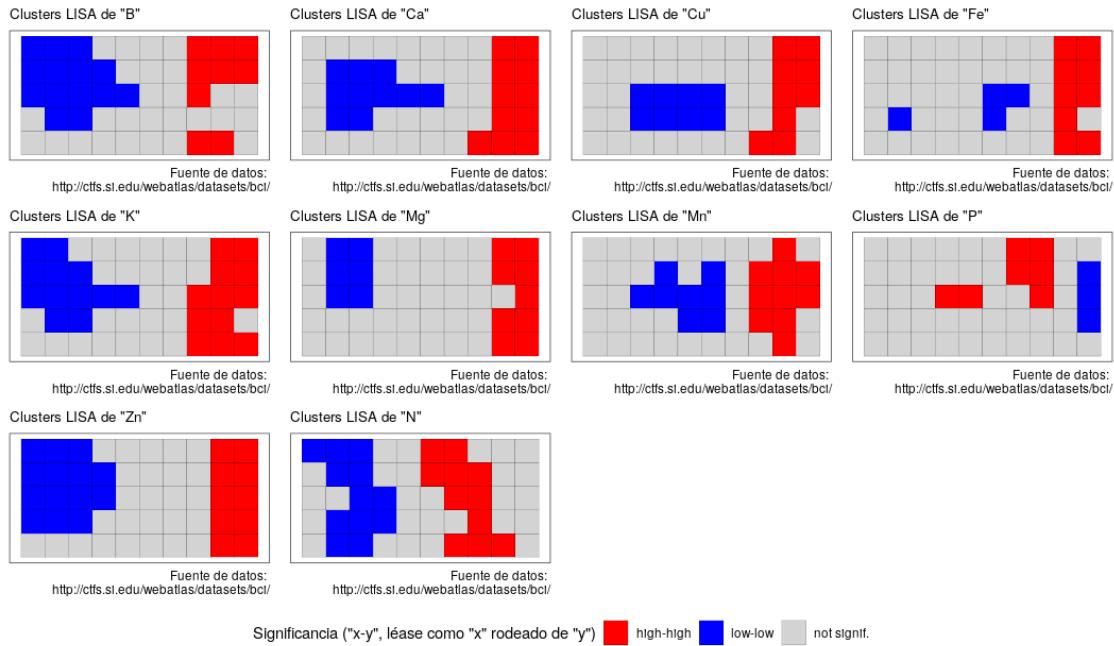


Figure 45: Modelos LISA Cluster de autocorrelación espacial de variables de suelo, según las pruebas de permutación

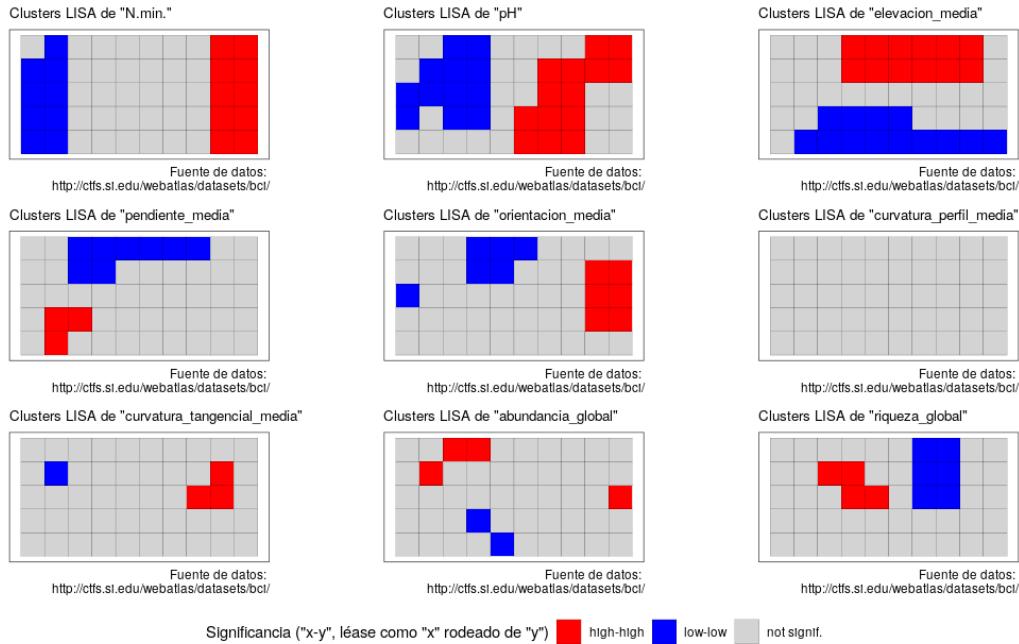


Figure 46: Modelos LISA Cluster de autocorrelación espacial de variables ambientales, según las pruebas de permutación

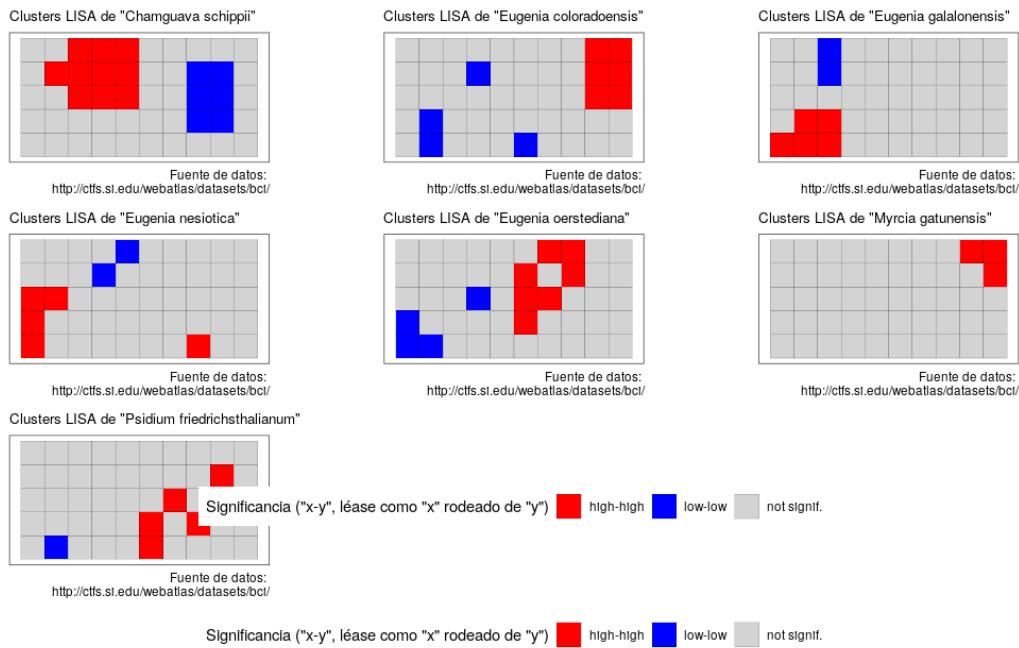


Figure 47: Modelos LISA Cluster de autocorrelación espacial de las especies transformadas, según las pruebas de permutación

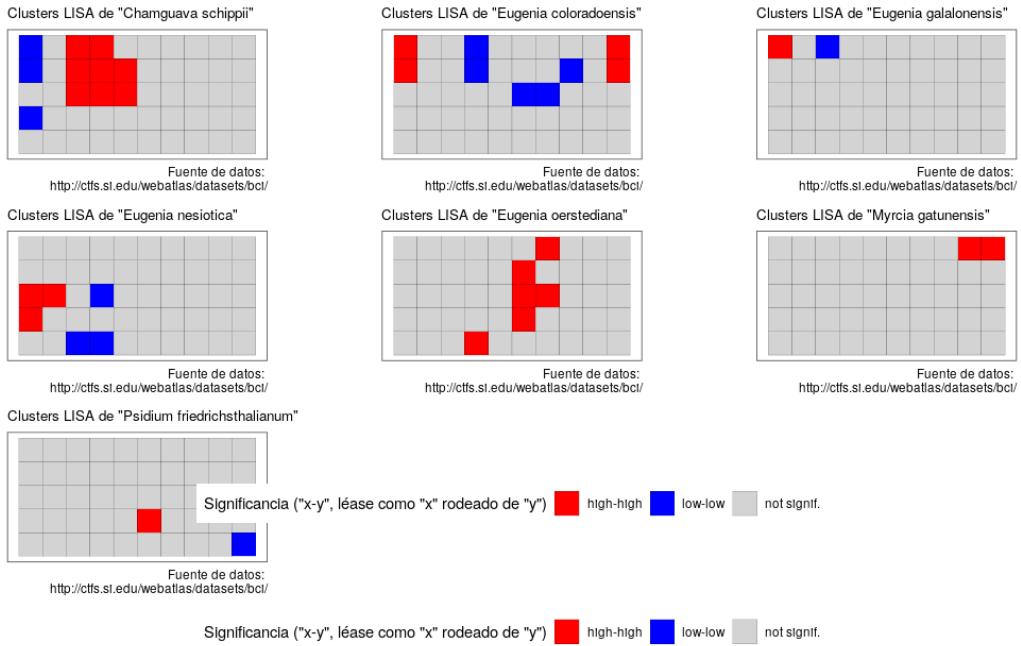


Figure 48: Modelos LISA Cluster de autocorrelación espacial de especies transformadas sin tendencias, según las pruebas de permutación

## 8 Script reproducible

### 8.1 Análisis exploratorio de datos.

```
#' ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Riqueza y abundancia"
#' author: "JR"
#' date: "13 de octubre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

#' ### Área de cargar paquetes
library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
source('biodata/funciones.R')

#' ### Área de cargar datos
#' Censo (el objeto se carga con prefijo "censo") y matriz de comunidad (prefijo "mc")
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata') #Matriz ambiental, se carga como "bci_env_grid"

#' ### Imprimir datos en pantalla (impresiones parciales con head)
head(censo_myrtc)
head(mc_myrtc)
bci_env_grid # No necesita imprimirse parcialmente
```

```

#' ### También podemos usar
#' Requiere que se haya cargado ya la colección tidyverse
censo_myrtc %>% tibble
mc_myrtc %>% tibble

#' ### Lista de especies
sort(colnames(mc_myrtc))

#' ### Número de sitios, tanto en matriz de comunidad como en ambiental
#' Verifica que coinciden
nrow(mc_myrtc) #En la matriz de comunidad
nrow(bci_env_grid) #En la matriz ambiental

#' ### Riqueza numérica de especies (usando matriz de comunidad) por quadrat
#' Nota: cargar paquete vegan arriba, en el área de paquetes
specnumber(mc_myrtc)
sort(specnumber(mc_myrtc)) # Ordenados ascendenteamente
summary(specnumber(mc_myrtc)) # Resumen estadístico

#' ### Abundancia de especies por quadrat
sort(rowSums(mc_myrtc))
summary(rowSums(mc_myrtc)) # Resumen estadístico

#' ### Abundancia por especie
sort(colSums(mc_myrtc))
summary(colSums(mc_myrtc)) # Resumen estadístico

#' ### Riqueza numérica de toda la "comunidad"
specnumber(colSums(mc_myrtc))

#' ### Abundancia de toda la comunidad
sum(colSums(mc_myrtc))

#' ### Una tabla para el manuscrito, es necesario asignarle nombre
#' Para esto, usará la colección "tidyverse"
abun_sp <- censo_myrtc %>%
  group_by(Latin) %>%
  count() %>%
  arrange(desc(n))
abun_sp

#' ### Un gráfico para el manuscrito
#' Gráfico de mosaicos de la abundancia por especie por cuadros
abun_sp_q <- crear_grafico_mosaico_de_mc(mc_myrtc, tam_rotulo = 12)
abun_sp_q

#' ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Colección tidyverse"

```

```

#' author: "JR"
#' date: "18 de octubre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

#' # ¿Qué es tidyverse?
#'
#' Es una colección de paquetes con los que podrás importar, transformar, visualizar, modelar y
#'
#' Todos estos paquetes comparten estructuras comunes. Una de las herramientas que incorpora la
#'
#' 'objeto1 %>% funcion1()' es equivalente a 'funcion1(argumento1 = objeto1)'
#'
#' > La idea del *pipe* pertenece a la tradición de sistemas tipo Unix y, en origen, su función
#'
#' Su ventaja radica en que, si necesitaras continuar procesando los datos, no tendrás que anida
#'
#' 'resultado <- objeto1 %>% funcion1() %>% funcion2() %>% funcion3()'
#'
#' Puedes leer lo anterior como *"objeto1 pasa como primer argumento de funcion1, **luego** el r
#'
#' Para replicar esta operación sin la pipa, podrías realizarlo de, por ejemplo, dos maneras dis
#'
#' * Opción 1, anidar:
#'
#' 'resultado <- funcion3(funcion2(funcion1(objeto1)))'
#'
#' Opción 2, crear objetos intermedios:
#'
#' 'tmp1 <- funcion1(objeto1)'
#' 'tmp2 <- funcion2(tmp1)'
#' 'resultado <- funcion3(tmp2)'
#'
#' Notarás que, comparada con estas dos últimas opciones, la tubería es más limpia que estas dos
#'
#' ¡Comencemos!
#'
#' ## Paquetes
#'
library(tidyverse)
library(sf)
#'
#' > 'sf' te ayudará a leer el objeto 'bci_env_grid' como un *simple feature*, el cual se encuen
#'
#' ## Cargar datos
#'
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')

```

```

#
#' ## Paquete 'dplyr'
#
#' Te servirá para manipular datos mediante verbos. Los verbos de 'dplyr' que conocerás son (hay
#
#' #### Verbo 'select'
#
#' Comúnmente, necesitas seleccionar una o varias columnas de una tabla. Para esto existe el verbo
bci_env_grid %>%
  select(id, pH)
#> Importante: el objeto 'bci_env_grid' permanece intacto, a menos que se use dicho nombre para
#> Fíjate en la clase del objeto 'bci_env_grid'. Para ello usaré la función de R 'class'. No sólo
bci_env_grid %>%
  class
#> El objeto 'bci_env_grid' es a la vez de clase 'sf' (*simple feature*) y 'data.frame', es decir
bci_env_grid %>%
  select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry
#> Fíjate ahora en la clase de 'bci_env_grid %>% select(id, pH) %>% st_drop_geometry', que en es
bci_env_grid %>%
  select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  class
#> Al introducir un '<enter>' después de la pipa, el código puede continuar en la línea siguiente
#
#> Seleccionaré, y a la vez renombraré, dos columnas con 'select' (recuerda: no estoy modificando
bci_env_grid %>%
  select(id_de_quadrat = id, pH_del_suelo = pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  head
#
#> Otra funcionalidad de 'select' es poder seleccionar columnas según patrones. Por ejemplo, si
#
bci_env_grid %>%
  select(contains('geomorf')) %>%
  st_drop_geometry
#> ...y también usando expresiones regulares con 'matches', usando por ejemplo dos cadenas de caracteres
bci_env_grid %>%
  select(matches('geomorf|habit', ignore.case = F)) %>%
  st_drop_geometry
#> ...o pidiendo todas las columnas que comienzan por mayúsculas, excepto las que comienzan por
bci_env_grid %>%
  select(matches('^[A-T,Z]', ignore.case = F)) %>%
  st_drop_geometry
#> #### Verbo 'filter'
#
#> Ahora mostraré sólo los elementos con 'pH' mayor que 5, usando el verbo 'filter'
bci_env_grid %>%

```

```

select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  filter(pH>5)
#' O filtro por aquellos con 'id' 31 y 50:
bci_env_grid %>%
  select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  filter(id == c(31, 50))
#
#' #### Verbo 'arrange'
#
#' Pruebo también con la matriz de comunidad. Por ejemplo, introduzco en la tubería la función 'mc_myrtc' %>%
  colSums
#' Y también obtengo la abundancia por quadrat.
mc_myrtc %>%
  rowSums
#' Uso a continuación el verbo 'arrange' para mostrar los registros de la matriz ambiental ordenados bci_env_grid %>%
  select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  arrange(pH)
#' Ahora usaré 'arrange' para mostrar los registros de la matriz ambiental ordenados DESCendentes
bci_env_grid %>%
  select(id, pH) %>%
  st_drop_geometry %>%
  arrange(desc(pH))
#
#' #### Verbo 'mutate'
#
#' Usaré el verbo 'mutate' para crear una nueva columna. Por ejemplo, creo una columna que contiene bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  select(habitat, quebrada) %>%
  mutate(habitat_quebrada = paste(habitat, quebrada, sep = ', '))
#' Ahora 'mutate', pero con números: creo una columna de área de cada cuadro (necesitas también bci_env_grid %>%
  mutate(area = st_area(geometry)) %>%
  select(id, area) %>%
  st_drop_geometry %>%
  head
#' ...y ahora más complejo: obtengo la densidad de individuos por metro cuadrado, ordenados desc
bci_env_grid %>%
  mutate(area = st_area(geometry), densidad_indiv = abundancia_global/area) %>%
  select(id, densidad_indiv) %>%
  st_drop_geometry %>%
  arrange(desc(densidad_indiv)) %>%
  head

```

```

#
#' #### Verbos 'group_by' y 'summarise'
#
#' Los verbos 'group_by' y 'summarise' son útiles para producir resúmenes por grupos.
#
#' Agruparé la matriz ambiental por la columna 'habitat', dejando sólo las variables numéricas q
agrupado_por_habitat <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  group_by(habitat) %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)
agrupado_por_habitat
#' Observa el encabezado: el objeto es 'A tibble: 50 x 32' y hay 5 grupos ('Groups: habitat [5]
agrupado_por_habitat %>% summarise(n = n())
#' ...y también algunos estadísticos de las columnas 'pH', 'abundancia_global' y 'riqueza_global'
agrupado_por_habitat %>%
  summarise(
    n = n(),
    media_pH = mean(pH),
    media_abundancia = mean(abundancia_global),
    media_riqueza = mean(riqueza_global)
  )
#' ...o la media de todas las variables numéricas
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(mean)
#' ...no caben, mejor por partes
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(mean) %>%
  select(1:6) %>%
  print(width=300)
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(mean) %>%
  select(1,7:12) %>%
  print(width=300)
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(mean) %>%
  select(1, 13:25) %>%
  print(width=300)
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(mean) %>%
  select(1, 26:32) %>%
  print(width=300)
#' ...y no sólo un estadístico, sino varios:
agrupado_por_habitat %>%
  summarise_all(
    list(
      media = mean,
      mediana = median,

```

```

        varianza = var,
        minimo = min,
        maximo = max
    )
)
# Ejecuto también un ANOVA de una vía, de la 'riqueza_global' respecto de 'habitat' de tipo 'Old'
agrupado_por_habitat %>%
  filter(str_detect(habitat, 'Old*')) %>%
  oneway.test(formula = riqueza_global ~ habitat)
#' El resultado sugiere que "existen 'diferencias significativas' de 'riqueza_global' entre 'habitat'".
#'
#' Finalmente, te muestro 'join'. Más que una función, 'join' es una función genérica con varios argumentos.
#'
#' Obtendré una tabla con dos columnas: código identificador de quadrat de 1 ha (le llamaré 'id')
id_abundancia_fam <- mc_myrtc %>%
  mutate(abundancia_mi_familia = rowSums(.)) %>%
  rownames_to_column(var = 'id') %>%
  mutate(id = as.numeric(id)) %>% #Numérico, garantiza compatibilidad con id de bci_env_grid
  select(id, abundancia_mi_familia)
id_abundancia_fam %>% tibble
#' Dado que 'id_abundancia_fam' y 'bci_env_grid' comparten el campo 'id', a través de éste se pueden unir las tablas.
bci_env_grid %>%
  inner_join(y = id_abundancia_fam, by = 'id')
#' El resultado muestra la 'bci_env_grid', ahora con los datos de mi familia como parte de la misma.
#'
#' ## 'tidyR'
#'
#' Te ayudará a reordenar datos, mediante transformación de su estructura, para organizarlos de forma más eficiente.
#'
#' ### Verbo 'pivot_longer'
#'
#' Cuando necesitas reunir varias columnas, o lo que es lo mismo, hacerlas que pivoten a lo largo de una columna.
#'
#' 
#' *Tomado de: UC Business Analytics R Programming Guide. Reshaping Your Data with tidyR. https://uc-r.github.io/
#'
#' Es común realizar "reunión" columnas cuando nos interesa aplicar análisis masivos a múltiples variables.
#'
#' Pongo un ejemplo. Por tipo de hábitat, ¿cuánto es el promedio de los porcentajes de cada uno?
pivotpaso1 <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  select(matches('geomorf|habitat'))
pivotpaso1 %>% tibble
#' ...luego reunir todas las columnas de geomorfología pivotando en torno a la columna 'habitat'.
pivotpaso2 <- pivotpaso1 %>%
  pivot_longer(
    cols = contains('geomorf'),
    names_to = 'variable',

```

```

    values_to = 'valor')
pivotpaso2 %>% tibble
#' ...y finalmente obtener las medias de porcentajes de geomorfología por cada grupo de habitat,
pivotpaso3 <- pivotpaso2 %>%
  group_by(habitat, variable) %>%
  summarise(media = mean(valor))
pivotpaso3 %>% arrange(habitat, desc(media)) %>% print(n=Inf)
#' 'pivot_longer' también es útil para realizar paneles de gráficos de muchas variables, como ve
#'
#' La operación contraria a 'pivot_longer' se realiza con 'pivot_wider'. Supongamos que ahora ne
#'
pivotpaso3 %>%
  ungroup() %>%
  pivot_wider(
    id_cols = habitat,
    names_from = variable,
    values_from = media)
#'
#` ## 'ggplot2'
#'
#' Te ayudará en la visualización de tus datos, utilizando gramática de gráficos.
#'
#' Un gráfico 'ggplot' utiliza capas para mostrar la información. Los objetos fuente son 'data.f
#'
#' Explicaré su uso con ejemplos, descomponiendo las partes de una sentencia 'ggplot' para fines
#'
#' Primero incluiré la función 'ggplot', para crear un espacio de coordenadas según los datos di
p0 <- ggplot(bci_env_grid)
p0
#' A continuación, definiré las variables estéticas sobre las que construiré la simbología, añad
p1 <- p0 + aes(x = abundancia_global, y = riqueza_global)
p1
#' El espacio de coordenadas ya está creado, y 'ggplot2' está preparado para aceptar geometrías.
p2 <- p1 + geom_point()
p2
#' Dado que en 'p1' defini las coordenadas de mapeo 'aes(x = abundancia_global, y = riqueza_glob
p3 <- p2 + geom_smooth(formula = y ~ x, method = 'lm')
p3
#' En 'p3', tanto 'geom_point' como 'geom_smooth' aprovechan las coordenadas del mapeo definido
#'
#' Una forma alterna permite definir la capa estética dentro de la geometría con resultado idént
p4 <- p0 +
  geom_point(mapping = aes(x = abundancia_global, y = riqueza_global))
p4
#' Esta forma tiene la ventaja de ser más corta, pero tiene la desventaja de que impide reutilizar
#'
#' También definiré propiedades globales del gráfico mediante temas.
p5 <- p3 + theme_bw()

```

```

p5
p6 <- p3 + theme_classic()
p6
p7 <- p3 + theme_minimal()
p7
#' Con una variable categórica, se pueden estilizar los elementos del gráfico. Por ejemplo, haré
p8 <- p0 +
  geom_point(
    mapping = aes(
      x = abundancia_global,
      y = riqueza_global,
      color = habitat))
p8
#'
#' Ahora mostraré cómo construir el último gráfico con una sentencia de conjunto, sin reaprovech
p9 <- ggplot(bci_env_grid) +
  geom_point(
    mapping = aes(
      x = abundancia_global,
      y = riqueza_global,
      color = habitat))
p9
#' Las posibilidades de personalización de gráficos de 'ggplot2' son enormes y superan el cometido
p10 <- p0 +
  geom_boxplot(mapping = aes(x = habitat, y = abundancia_global))
p10
#' Y ejemplifíco también 'riqueza_global':
p11 <- p0 +
  geom_boxplot(mapping = aes(x = habitat, y = riqueza_global))
p11
#' ...la cual muestra efectos más marcados que 'abundancia_global'.
#'
#' Los dos gráficos anteriores son muy informativos, pero tienen la desventaja de que para poder
#'
#' Necesitamos tres columnas, una con los nombres de los hábitats, otra con los nombres de las variables
habitat_riqueza_abundancia <- bci_env_grid %>% st_drop_geometry %>%
  select(habitat, abundancia_global, riqueza_global) %>%
  pivot_longer(
    cols = c(abundancia_global, riqueza_global),
    names_to = 'variable',
    values_to = 'valor')
habitat_riqueza_abundancia
#' Construiré el gráfico definiendo a 'habitat' en el eje 'x', y valor en 'y', mientras que usaré
habitat_riqueza_abundancia %>%
  ggplot() +
  aes(x = habitat, y = valor) +
  geom_boxplot() +
  facet_wrap(~ variable, scal = 'free_y')

```

```

#' En resumen, usa 'tidyverse' para sacar el máximo provecho de tus datos. El paquete 'dplyr' te

#' ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Mapas de riqueza y abundancia global y de mi familia"
#' author: "JR"
#' date: "25 de octubre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

#' ### Cargar paquetes
library(mapview)
library(tidyverse)
library(vegan)
library(sf)
library(RColorBrewer)

#' ### Cargar datos
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')

#' ### Explorar el objeto de matriz ambiental
bci_env_grid

#' ### Generar mapa de cuadros sin simbología
mapa_cuadros <- mapView(
  bci_env_grid,
  col.regions = 'grey80',
  alpha.regions = 0.3,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = F, zoom = 14,
  zcol = 'id') %>% addStaticLabels() %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_cuadros
mapa_cuadros %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros.png') #Genera archivo

#' ### Paletas
azul <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Blues"))
rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Reds"))

#' ### Mapa de cuadros, simbología por abundancia global
mapa_cuadros_abun_global <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'abundancia',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',

```

```

legend = T, zoom = 14,
col.regions = azul,
zcol = 'abundancia_global') %>%
addStaticLabels(label = bci_env_grid$abundancia_global, textsize = "6pt") %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 16)
mapa_cuadros_abun_global
mapa_cuadros_abun_global %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_abun_global.png')

#' ### Mapa de cuadros, simbología por riqueza global
mapa_cuadros_riq_global <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'riqueza',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'riqueza_global') %>%
addStaticLabels(label = bci_env_grid$riqueza_global, textsize = "7pt") %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 15)
mapa_cuadros_riq_global
mapa_cuadros_riq_global %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_riq_global.png')

#' ### Mapa de cuadros, simbología por abundancia de mi familia
mapa_cuadros_abun_mi_familia <- mapView(
  bci_env_grid %>% mutate(abun = rowSums(mc_myrtc)),
  layer.name = 'abundancia',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = azul,
  zcol = 'abun') %>%
addStaticLabels(label = rowSums(mc_myrtc)) %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 15)
mapa_cuadros_abun_mi_familia
mapa_cuadros_abun_mi_familia %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_abun_mi_familia.png')

#' ### Mapa de cuadros, simbología por riqueza de mi familia
mapa_cuadros_riq_mi_familia <- mapView(
  bci_env_grid %>% mutate(riq = specnumber(mc_myrtc)),

```

```

layer.name = 'riqueza',
alpha.regions = 0.6,
map.types = 'OpenTopoMap',
legend = T, zoom = 14,
col.regions = rojo,
zcol = 'riq') %>%
addStaticLabels(label = specnumber(mc_myrtc)) %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,
  zoom = 15)
mapa_cuadros_riq_mi_familia
mapa_cuadros_riq_mi_familia %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_riq_mi_familia.png')

#' ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Mapas de variables ambientales"
#' author: "JR"
#' date: "25 de octubre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

#' ### Cargar paquetes
library(mapview)
library(tidyverse)
library(sf)
library(RColorBrewer)

#' ### Cargar datos
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')

#' ### Paletas
azul <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Blues"))
rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Reds"))
rojo_inv <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(8, "Reds")))

#' ### Mapa de cuadros, simbología por pendiente
mapa_cuadros_pendiente <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'pendiente',
  alpha.regions = 0.4,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'pendiente_media') %>%
addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$pendiente_media, 1)) %>%
leaflet::setView(
  lng = -79.85136,
  lat = 9.15097,

```

```

    zoom = 16)
mapa_cuadros_pendiente
mapa_cuadros_pendiente %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_pendiente.png') #Genera archivo

#' ### Mapa de cuadros, simbología por Nitrógeno
mapa_cuadros_nit <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'N (mg/kg)',
  alpha.regions = 0.4,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'N') %>%
  addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$N, 1)) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 16)
mapa_cuadros_nit
mapa_cuadros_nit %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_nit.png')

#' ### Mapa de cuadros, simbología por pH
mapa_cuadros_ph <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'pH',
  alpha.regions = 0.4,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T, zoom = 14,
  col.regions = rojo_inv,
  zcol = 'pH') %>%
  addStaticLabels(label = round(bci_env_grid$pH, 1)) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 16)
mapa_cuadros_ph
mapa_cuadros_ph %>% mapshot(file = 'mapa_cuadros_ph.png')

#', ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Correlaciones entre variables ambientales"
#' author: "JR"
#' date: "25 de octubre, 2020"
#' output: github_document
#' ---


knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ### Cargar paquetes

```

```

library(tidyverse)
library(sf)
library(ez)
library(psych)
library(vegan)

#' ### Cargar datos
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')

#' ### Una correlación simple
cor(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)
plot(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)
cor.test(bci_env_grid$pendiente_media, bci_env_grid$geomorf_vertiente_pct)

#' ### Generar objeto de columnas numéricas
#' El objeto que generaré, denominado 'env_num', no tendrá las columnas 'id' y las de coordenadas
env_num <- bci_env_grid %>%
  dplyr::select_if(is.numeric) %>%
  dplyr::select(-id, -matches('U.*')) %>%
  st_drop_geometry %>%
  mutate(
    riqueza_mifam = specnumber(mc_myrtc),
    abundancia_mifam = rowSums(mc_myrtc)) %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_pct$', replacement = '') %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\n')
env_num %>% tibble

#' ### Panel de correlaciones con herramientas del paquete 'graphics' y 'psych'
cor(env_num)
ncol(env_num)
pairs(env_num[,sample(1:33, 15)]) # paquete graphics
env_num[,sample(1:33, 15)] %>% pairs.panels #paquete psych

#' ### Panel de correlaciones con 'ez'
#
#' ##### Todas las variables (se empasta). Comentado, sólo mostrado para fines didácticos
# p_cor_todos <- env_num %>%
#   ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 4)
# p_cor_todos

#' ##### Sólo suelo (elementos y pH), abundancia/riqueza
p_cor_suelo_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(matches('^[A-T,Z]|abundancia|riqueza|^pH$', ignore.case = F)) %>%
  ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_suelo_ar

#' ##### Sólo heterogeneidad, geomorfología, abundancia/riqueza

```

```

p_cor_geomorf_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(-matches('^[A-T,Z]|pH', ignore.case = F)) %>%
  ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_geomorf_ar

#' ##### Matriz de comunidad
p_cor_mc <- mc_myrtc %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\n') %>%
  ezCor(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3)
p_cor_mc

#' ---
#' title: "Análisis exploratorio de datos. Mapas de variables ambientales por lotes"
#' author: "JR"
#' date: "3 de diciembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#'
#' #### Cargar paquetes
#'
library(tmap)
library(sf)
library(tidyverse)
library(RColorBrewer)
#'
#' #### Cargar datos
#'
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
#'
#' ## Convertir a KML
#'
st_write(
  bci_env_grid %>% rename(Name = id),
  driver = 'KML',
  dsn = 'matriz_ambiental.kml')
st_write(
  bci_env_grid %>% rename(Name = id) %>% st_centroid(),
  driver = 'KML',
  dsn = 'matriz_ambiental_puntos.kml')
#'
#' Uní los dos archivos anteriores en un único KML nombrado como 'mapa_cuadros_1ha_para_google_earth.kml'
#'
#' ## Generar mapas por lotes
#'

```

```

#' ### Variables ambientales numéricas con 'ggplot2'
#
mapas_var_amb_num_gg <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  group_by(variable) %>%
  mutate(
    valor = scales::rescale(valor, to = c(0, 1)),
    id = rep(1:50)) %>%
  ggplot +
  aes(geometry = geometry, fill = valor) +
  theme(axis.text = element_blank()) +
  geom_sf(lwd = 0.1, color = 'grey50', alpha = 0.8) + coord_sf() +
  scale_fill_gradientn(colours = brewer.pal(11, 'BrBG')) +
  geom_sf_text(aes(label = id, color = between(valor, 0.3, 0.7)), size = 1.75) +
  scale_color_manual(guide = FALSE, values = c("white", "black")) +
  facet_wrap(~ variable, ncol = 6) +
  ggtitle('Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a 1')
mapas_var_amb_num_gg
#
#' PNG
#
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_numericas.png',
  width = 1700, height = 1080, res = 150)
mapas_var_amb_num_gg
dev.off()
#
#' ### Variables ambientales numéricas con 'tmap'
#
mapas_var_amb_num_tmap <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  group_by(variable) %>%
  mutate(
    valor = scales::rescale(valor, to = c(0, 1)),
    id = rep(1:50)) %>%
  tm_shape() +
  tm_polygons(col = 'valor',
              palette = brewer.pal(11, 'BrBG'),
              style ='cont',
              legend.is.portrait = FALSE) +
  tm_facets(by = 'variable', ncol = 6, nrow = 6) +
  tm_layout(main.title="Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales numéricas escaladas de 0 a 1",
            main.title.size = 0.7,
            legend.outside.position="bottom",
            legend.outside=TRUE,
            legend.width = 0.2,
            )

```

```

    legend.text.size = 0.5,
    legend.stack="horizontal",
    outer.margins=0)
mapas_var_amb_num_tmap
#'
#' PNG
#'
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_numericas_tmap.png',
  width = 1800, height = 1400, res = 350, pointsize = 12)
mapas_var_amb_num_tmap
dev.off()
#'
#' ### Variables ambientales nominales con 'tmap'
#'
mapas_var_amb_nom_tmap <- bci_env_grid %>%
  select_if(negate(is.numeric)) %>%
  gather(variable, valor, -geometry) %>%
  tm_shape() +
  tm_polygons(col = 'valor',
              palette = brewer.pal(8, 'Set1'),
              legend.show = T) +
  tm_facets(by = 'variable', ncol = 2, free.scales = T, free.coords = T) +
  tm_layout(main.title="Cuadros de 1 Ha de BCI. Variables ambientales nominales",
            main.title.size = 0.7,
            asp = 3.5,
            legend.text.size = 0.7)
mapas_var_amb_nom_tmap
#'
#' PNG
#'
png(
  filename = 'mapas_variables_ambientales_nominales_tmap.png',
  width = 2000, height = 1200, res = 350, pointsize = 12)
mapas_var_amb_nom_tmap
dev.off()

```

## 8.2 Medición de asociación

```

#' ---
#' title: "Medición de asociación. Modo Q aplicado a mi familia asignada"
#' author: "JR"
#' date: "9 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

```

```
knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)
```

```

#' ## Preámbulo

#' ### Cargar paquetes
library(vegan)
library(adespatial)
library(broom)
library(tidyverse)
library(sf)
library(cluster)
library(gclus)
source('biodata/funciones.R')

#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
#'
#' ## Modo Q: matrices de disimilitud entre objetos
#'
#' ### Modo Q para datos cuantitativos de especies (abundancia). Datos de mi familia asignada
#'
#' Aplicado a mi familia asignada de BCI, en la forma de matriz de distancia euclídea, utilizando
#'
mi_fam_d_hel <- dist.ldc(mc_myrtc, "hellinger", silent = T)
mi_fam_d_hel %>% tidy # Para evitar desbordar la consola
#'
#' Para interpretar esta matriz, es necesario representarla gráficamente. En la representación ex
#'
coldiss(mi_fam_d_hel, diag = T)
#'
#' Mejorable el gráfico, quizá este es más explícito:
#'
coldissgg(mi_fam_d_hel, ordered = T, nc = 4, fsz = 0)
#'
#' Con valores de distancia sobreimpresos (se empastan un poco)
#'
coldissgg(mi_fam_d_hel, ordered = T, nc = 4, fsz = 1.5)
#'
#' Puedes guardar el gráfico usando el botón 'Export' de la pestaña 'Plots'
#'
#' Una forma alterna de guardar el gráfico es mediante funciones de R. La calidad de gráficos ex
#'
png(
  filename = 'matriz_disimilitud_hellinger.png',
  width = 2400, height = 1200, pointsize = 32
)
coldiss(mi_fam_d_hel, diag = T)

```

```

dev.off()
#
#' MUY IMPORTANTE. La última función, 'dev.off()', es necesaria para cerrar el dispositivo. Si no lo haces, el script no se ejecutará.
#
#' ### Modo Q para datos binarios (presencia/ausencia)
#
#' Habitualmente, sólo dispones de datos de presencia/ausencia. En tales casos, existe un conjunto de métricas que se aplican directamente a estos datos.
#
#' Un error común consiste en referirse a los índices de Jaccard y de Sorensen "a secas", sin especificar qué tipo de métrica se usa.
#
#' Si alguna vez te enfrentas a textos donde no se especifica qué tipo de métrica se usa, te sugiero que consultes la documentación de R o de tu software de análisis.
#
#' Recalco: **es imprescindible declarar qué tipo de métrica estás usando**. Ejemplos de redacciones incorrectas:
#
#' - Correcto: "índice de **disimilaridad** de Jaccard", "índice de **similaridad** de Sorensen"
#
#' - Incorrecto: "índice de Jaccard", "índice de Sorensen".
#
#'
#' A continuación, muestro cómo calcular la **distancia de Jaccard** (**DJ**) en un ú
#
mi_fam_jac <- vegdist(mc_myrtc, method = 'jac', binary = T)
mi_fam_jac %>% tidy # Mostrando sólo las primeras 10 combinaciones en modo data.frame
#
#' El argumento 'binary=T' en 'vegdist' "ordena" que se realice primero 'decostand(mc_apcyn_meli
#
#' En esta matriz de disimilaridad, al igual que en la anterior, un valor pequeño (rosa) significa una alta similaridad y un valor grande (azul) una baja similaridad.
#
coldiss(mi_fam_jac, diag = T)
#
#' La distancia de Jaccard (**DJ**) se puede expresar como "la proporción de especies que son diferentes entre los dos sitios dividida por la suma de las especies que son diferentes y las que son comunes".
#
#' Como la distancia de Jaccard (**DJ**) es el complemento a 1 de la similaridad de Jaccard (**SJ**), podemos obtener la similaridad de Jaccard multiplicando por 1.
#
(1 - mi_fam_jac) %>% tidy %>% rename(similaridad=distance) #Similaridad
#
#' Dado que este resultado muestra la similaridad, podemos leerlo como "el sitio 1 y el 2 comparten una cantidad de especies similares".
#
#' La fórmula de la similaridad de Jaccard es **SJ=a/(a+b+c)**, donde **a** es el número de especies comunes, **b** es el número de especies que son únicas del sitio 1 y **c** es el número de especies que son únicas del sitio 2.
#
#' Para obtener las variables **a**, **b** y **c**, usaremos la función 'betadiver' del paquete 'vegdist'.
#
mi_fam_abc <- betadiver(mc_myrtc)
mi_fam_abc %>%
  map(tidy) %>%
  map(slice, 1) %>%
  map_df(I, .id = 'tipo') %>%
  dplyr::select(tipo, n_especies=distance)
#

```



```

#' date: "3 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo

#' ### Cargar paquetes
library(vegan)
library(adespatial)
library(broom)
library(tidyverse)
library(sf)
library(gclus)
source('biodata/funciones.R')

#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
#'
#' ## Modo R: matrices de dependencia entre variables (índice de correlación)
#'
#' ### Modo R para datos cuantitativos de especies (abundancia)
#'
#' En este caso, las variables usaré los valores de abundancias de especies como variables. Es d
#'
#' Aunque se podría usar el índice de correlación como métrica de la dependencia (tal como mostr
#'
#' Por tal razón, es recomendable aplicar la transformación *Chi* a la matriz de comunidad trans
#'
#' Primero, sustituyo el carácter de espacio por un <enter> en los nombres de las especies (carac
#'
mi_fam_t <- mc_myrtc %>%
  rename_all(gsub, pattern = ' ', replacement = '\n') %>%
  t()
mi_fam_t %>% tibble
#'
#' Segundo, transformo la matriz transpuesta usando estandarización *Chi*.
#'
mi_fam_t_chi <- decostand(mi_fam_t, "chi.square")
mi_fam_t_chi %>% tibble
#'
#' Tercero, calculo la distancia euclídea.
#'
mi_fam_t_chi_d <- dist(mi_fam_t_chi)
mi_fam_t_chi_d %>% tidy

```

```

#'
#' Finalmente, creo el "mapa de calor".
#'
coldiss(mi_fam_t_chi_d, diag = TRUE)
#'
#' En el mapa de calor **ordenado** (el de la derecha), se identifica al menos un patrón de depen-
#'
#' #### Modo R para datos binarios (presencia/ausencia)
#'
#' Arriba usé la distancia de Jaccard para evaluar asociación entre sitios. Dicha métrica tambié-
#'
mi_fam_t_jac <- vegdist(mi_fam_t, "jaccard", binary = TRUE)
mi_fam_t_jac %>% tidy
coldiss(mi_fam_t_jac, diag = TRUE)
#'
#' #### Modo R para datos cuantitativos, NO de abundancia de especies (variables ambientales)
#'
#' En modo R evalúas asociación entre descriptores, es decir, entre variables. La métrica comúnm-
#'
#' En este ejemplo, mostraré la correlación entre variables de suelo y la abundancia y riqueza g-
#'
env_num <- bci_env_grid %>%
  dplyr::select_if(is.numeric) %>%
  dplyr::select(-id, -matches('`U.*')) %>%
  st_drop_geometry %>%
  mutate(
    riqueza_mifam = specnumber(mc_myrtc),
    abundancia_mifam = rowSums(mc_myrtc)) %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_pct$', replacement = '') %>%
  rename_all(gsub, pattern = '_| ', replacement = '\n')
env_num %>% tibble

p_cor_suelo_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(matches(`[A-T,Z]` | abundancia | riqueza | `~pH$`, ignore.case = F)) %>%
  ezCorM(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3, method = 'pearson')
p_cor_suelo_ar

p_cor_suelo_ar_spearman <- env_num %>%
  dplyr::select(matches(`[A-T,Z]` | abundancia | riqueza | `~pH$`, ignore.case = F)) %>%
  ezCorM(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3, method = 'spearman')
p_cor_suelo_ar_spearman

png(
  filename = 'matriz_correlacion_suelo_abun_riq_spearman.png',
  width = 1920, height = 1080, res = 125
)
p_cor_suelo_ar_spearman
dev.off() #NO OLVIDAR ESTA IMPORTANTE SENTENCIA

```

```

p_cor_geomorf_ar <- env_num %>%
  dplyr::select(-matches('^[A-T,Z]|pH', ignore.case = F)) %>%
  ezCorM(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3, method = 'pearson')
p_cor_geomorf_ar

p_cor_geomorf_ar_spearman <- env_num %>%
  dplyr::select(-matches('^[A-T,Z]|pH', ignore.case = F)) %>%
  ezCorM(r_size_lims = c(4,8), label_size = 3, method = 'spearman')
p_cor_geomorf_ar_spearman

png(
  filename = 'matriz_correlacion_geomorf_abun_riq_spearman.png',
  width = 1920, height = 1080, res = 110
)
p_cor_geomorf_ar_spearman
dev.off() #NO OLVIDAR ESTA IMPORTANTE SENTENCIA

```

### 8.3 Análisis de agrupamiento (cluster analysis)

```

#' ---
#' title: "Análisis de agrupamiento (cluster analysis). <br> Parte 1: agrupamiento jerárquico"
#' author: "JR"
#' date: "11 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo

#' ### Cargar paquetes
library(vegan)
library(magrittr)
library(broom)
source('biodata/funciones.R')

#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
#'
#' ## Características de las técnicas de agrupamiento
#'
#' Las técnicas de agrupamiento se clasifican según los algoritmos que emplean y el orden de eje
#'
#' - Secuenciales o simultáneos.

```

```

#' - Por aglomeración o por división. En referencias en español encontrarás "aglomerativos" y "d
#' - Monotéticos o polítéticos.
#' - Jerárquicos o no jerárquicos.
#' - Probabilísticos o no probabilísticos.
#' - Restringidos o no restringidos.
#'
#' ## Agrupamiento jerárquico
#'
#' El agrupamiento jerárquico (AJ) es una técnica de agrupamiento secuencial que consiste en la
#'
#' Dentro del AJ es frecuente usar un enfoque aglomerativo, lo cual implica aplicar algoritmos s
#'
#' El AJ aglomerativo dispone de varios algoritmos de resolución del agrupamiento por pares, que
#'
#' Normalmente, en el análisis de agrupamiento nos interesa agrupar sitios en función de sus des
#'
#' Dado que los cuadros en BCI están autocorrelacionados espacialmente, violamos el supuesto de
#'
#' #### Agrupamiento "aglomerativo" por enlace simple
#'
#' Este método utiliza, como criterio de enlace para agrupar sucesivamente pares de objetos, la
#'
#' Para aplicar este método, debes transformar la matriz de comunidad utilizando alguno de los m
#'
mi_fam_norm <- decostand(mi_fam, "normalize")
mi_fam_norm_d <- vegdist(mi_fam_norm, "euc")
mi_fam_norm_d %>% tidy
#'
#' Es importante, para garantizar consistencia a lo largo del agrupamiento, asignar los nombres
#'
attr(mi_fam_norm_d, "labels") <- rownames(mi_fam)
#'
#' Posteriormente, el agrupamiento jerárquico lo realizaré con la función 'hclust' del paquete 'h
#'
(cl_single <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'single'))
#'
#' Finalmente, el dendrograma a continuación:
plot(cl_single, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
      main = "Sitios de BCI según composición de especies de Myrtaceae\nEnlace simple a partir de
      xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#'
#' #### Agrupamiento "aglomerativo" por enlace completo
#'
#' En este caso, el criterio de enlace para agrupar sucesivamente pares de objetos es la menor s
#'
(cl_complete <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'))
plot(cl_complete, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
      main = "Sitios de BCI según composición de especies de Myrtaceae\nEnlace completo a partir de
      xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#'

```

```

    xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#
#' ### Agrupamiento "aglomerativo" por enlace promedio
#
#' En este caso, el criterio de enlace para agrupar sucesivamente pares de objetos es el promedio
#
#' Así, dependiendo de si se media o centroide, o si se ponderan o no las distancias originales,
#
#' Sólo crearé el dendrograma del método UPGMA.
#
#(cl_upgma <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'average'))
plot(cl_upgma, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
      main = "Sitios de BCI según composición de especies de Myrtaceae\nUPGMA a partir de matriz
              xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')
#
#' ### Agrupamiento por el método de Ward de varianza mínima
#
#' Se basa en los mismos supuestos y criterios de la regresión lineal por mínimos cuadrados, similares
#
#(cl_ward <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2'))
plot(cl_ward, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,
      main = "Sitios de BCI según composición de especies de Myrtaceae\nMétodo de Ward a partir de matriz
              xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')

#' ---
#' title: "Análisis de agrupamiento (cluster analysis). <br> Parte 2: Interpretación y comparación"
#' author: "JR"
#' date: "11 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---
```

knitr::opts\_chunk\$set(fig.width=12, fig.height=8)

```

#' ## Preámbulo
#
#' ### Cargar paquetes
#
library(vegan)
library(tidyverse)
library(broom)
library(cluster)
library(gclus)
library(pvclust)
library(sf)
source('biodata/funciones.R')
#
#' ### Cargar datos
#'
```

```

load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam %>% tibble
bci_env_grid %>% tibble
#
#' #### Generar matriz de distancias de cuerdas
#
mi_fam_norm <- decostand(mi_fam, "normalize")
mi_fam_norm_d <- vegdist(mi_fam_norm, "euc")
mi_fam_norm_d %>% tidy
#
#' ## Interpretación visual de dendrogramas
#
#' [En el script anterior] (aa_analisis_de_agrupamiento_1_jerarquico.md) realicé los dendrogramas
#
#' La primera evaluación de los dendrogramas NO debe venir de la mano de sofisticados análisis m
#
#' Evita concentrar tu vista en grupos extremadamente pequeños; comienza analizando el árbol des
#
#' Anota tus impresiones, para que las compares con los resultados que posteriormente obtendrás;
#
#' Para la exploración visual, generaré los objetos de cluster dentro de una lista:
#
lista_cl <- list(
  cl_single = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'single'),
  cl_complete = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'),
  cl_upgma = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'average'),
  cl_ward = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2')
)
#
#' Un plot en panel 2x2 ayuda a visualizarlos todos de manera conjunta. En tu caso, observa y co
#
par(mfrow = c(2,2))
invisible(map(names(lista_cl), function(x) plot(lista_cl[[x]], main = x, hang = -1)))
par(mfrow = c(1,1))
#
#' En mi caso, exceptuando el dendrograma generado por medio del enlace simple, detecto al menos
#
#' - Un grupo pequeño, compuesto por los sitios 14 y 19.
#' - Un "grupo" heterogéneo y grande, conformado por el resto de sitios.
#
#' Además de los grupos anteriores, detecto elementos que no forman grupos, es decir, sitios que
#
#' ## Elegir método y número de clústers
#
#' Existen varios criterios para elegir un dendrograma idóneo, como por ejemplo, los gráficos ti
#

```

```

#' ### Seleccionar método de agrupamiento por correlación cofenética
#
#' La correlación cofenética implica conocer la distancia cofenética, y esta última se entiende m
#
#' Usando la lista de objetos de clústers, calcularé la correlación cofenética dentro de un 'map'
#
map_df(lista_cl, function(x) {
  coph_d <- cophenetic(x)
  corr <- cor(mi_fam_norm_d, coph_d)
  return(corr)
})
#
#'
#' Habrás notado que, tanto UPGMA como enlace completo, tienen valores altos de correlación cofe
#
#'
#' ### Elegir número de clústers
#
#'
#' Elegiré UPGMA como método de agrupamiento y determinaré cuántos grupos son idóneos de acuerdo
#
#'
#' El objetivo de la función 'calcular_anchuras_siluetas' está implícito en su nombre, y requiere
#
#'
#' 1. Las anchuras promedio para cada partición, excepto para las particiones 'i=1' y 'i=50', po
#
#'
#' 2. Número óptimo de grupos. Haré los cálculos para UPGMA y Ward, y luego explico en qué consi
#
#'
#' Para UPGMA:
#
#'
anch_sil_upgma <- calcular_anchuras_siluetas(
  mc_orig = mi_fam,
  distancias = mi_fam_norm_d,
  cluster = lista_cl$cl_upgma)
anch_sil_upgma
#
#'
#' El objeto 'anchuras_siluetas' de la lista 'anch_sil_upgma' te muestra un vector con los prome
#
#'
#' Igualmente, el objeto 'n_grupos_optimo' te indica cuál es el número óptimo de clústers a crea
#
#'
#' Haré el gráfico de dendrograma, aunque nota que en este caso primero reordenaré los sitios co
#
#'
u_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_upgma, mi_fam_norm_d)
plot(u_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = u_dend_reord,
  k = anch_sil_upgma$n_grupos_optimo)
#
#'
#' Ahora compararé el dendrograma con el mapa de calor en un mismo gráfico, colocando los dendro
#
#'
heatmap(
  as.matrix(mi_fam_norm_d),

```

```

Rowv = as.dendrogram(u_dend_reord),
symm = TRUE,
margin = c(3, 3),
col = rev(cm.colors(4))
)
#
#' En general, hay dos grupos, uno grande y otro pequeño, y parece haber un tercero en el mapa d
#
#' Mostraré el resultado para Ward:
#
anch_sil_ward <- calcular_anchuras_siluetas(
  mc_orig = mi_fam,
  distancias = mi_fam_norm_d,
  cluster = lista_cl$cl_ward)
anch_sil_ward
#
#' En este caso, el valor máximo, que ocupa la posición número 3, no se diferencia mucho del de
#
w_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_ward, mi_fam_norm_d)
plot(w_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = w_dend_reord,
  k = 3) # anch_sil_ward$n_grupos_optimo)
plot(w_dend_reord, hang = -1)
rect.hclust(
  tree = w_dend_reord,
  k = 4) #anch_sil_ward$n_grupos_optimo + 1)
#
#' Comparando el dendrograma con el mapa de calor. Verificar si el número de grupos hace sentido
#
heatmap(
  as.matrix(mi_fam_norm_d),
  Rowv = as.dendrogram(w_dend_reord),
  symm = TRUE,
  margin = c(3, 3),
  col = rev(cm.colors(4)))
)
#
#' Nótese que este dendrograma hace más sentido que el sugerido por UPGMA. En cualquier casos, c
#
#' ### Evaluación mediante remuestreo por *bootstrap* multiescalar
#
#' Con suerte, un agrupamiento aplicado a datos muestrales reflejará los patrones naturales de o
#
#' Sin embargo, los datos de BCI también tienen sesgo, pues se usa un DAP de corte para decidir
#
#' No obstante, aun con todas sus bondades, los datos censales carecen de una fortaleza: no refl
#

```

```

#' Por estas razones, los análisis de agrupamientos realizados hasta este punto, reflejan tanto
#
#' El método de remuestreo por *bootstrap* multiescalar está implementado en el paquete 'pvclust'
#
#' La función 'pvclust' devolverá un dendrograma enriquecido, que incluirá los valores de AU y BP
#
#' - Rectángulos de borde azul, para todos aquellos grupos que resulten con valores de AU>0.91 e
#
#' - Líneas inferiores rojas, que resaltan aquellos grupos (o subgrupos) que obtuvieron AU>0.95.
#
#' Ten presente que, al realizar remuestreo por *bootstrap* multiescalar, cada corrida puede arr
#
#' #### UPGMA
#
# cl_pvclust_upgma <-
#   pvclust(t(mi_fam_norm),
#           method.hclust = "average",
#           method.dist = "euc",
#           iseed = 91, # Resultado reproducible
#           parallel = TRUE)
# Añadir los valores de p
plot(cl_pvclust_upgma, hang = -1)
# Añadir rectángulos a los grupos significativos
lines(cl_pvclust_upgma)
pvrect(cl_pvclust_upgma, alpha = 0.91, border = 4)
#
#' #### Ward
#
# cl_pvclust_ward <-
#   pvclust(t(mi_fam_norm),
#           method.hclust = "ward.D2",
#           method.dist = "euc",
#           #iseed = 191, # Resultado reproducible
#           parallel = TRUE)
# Añadir los valores de p
plot(cl_pvclust_ward, hang = -1)
# Añadir rectángulos a los grupos significativos
lines(cl_pvclust_ward)
pvrect(cl_pvclust_ward, alpha = 0.91, border = 4)
#
#' ### Recapitulando los grupos de sitios.
#
#' ##### Patrones comunes y dispares
#
#' Detecto algunos patrones consistentes en cuanto a grupos de sitios según composición de las e
#
#' - Tanto en UPGMA como en Ward, detecté al menos dos o tres grandes grupos. Con el primer mét
#
#'

```

```

#' - En el caso específico del dendrograma Ward, 'pvclust' atomizó los sitios en demasiados grupos
#
#' ##### ¿Cómo declaro los grupos de sitios?
#
#' Para conservar las clasificaciones de grupos de sitios anteriores, crearé un vector con el id de
#
#' UPGMA:
(grupos_upgma_k2 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_upgma, k = 2)))
#
#' En este caso, los sitios del 1 al 13 pertenecen al grupo 1, los sitios 14 y 19 pertenecen al grupo 2
#
#table(grupos_upgma_k2)
#
#' Nota lo desiguales que son estos grupos, un efecto esperado dado el alto grado de autocorrelación
#
#' Ward:
#
(grupos_ward_k3 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_ward, k = 3)))
table(grupos_ward_k3)
#
#' Guardaré estos vectores en archivos para reutilizarlos en *scripts* posteriores:
#
#saveRDS(grupos_upgma_k2, 'grupos_upgma_k2.RDS')
#saveRDS(grupos_ward_k3, 'grupos_ward_k3.RDS')
#
#' Evita usar este, y cualquier otro procedimiento, de manera mecánica. En tu caso, quizá tengas que
#
#' En el próximo *script*, aprenderás a comparar este resultado con las variables ambientales. Tendrás
#
#' ---
#'
#' title: "Análisis de agrupamiento (cluster analysis). <br> Parte 3: Grupos (clústers), variables y
#' author: "JR"
#' date: "15 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr:::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#
#' ### Cargar paquetes
#
library(mapview)
library(tidyverse)
library(sf)
library(RColorBrewer)
source('biodata/funciones.R')
#

```

```

#' ### Cargar datos
#
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2) #Importante, tener en cuenta los desiguales tamaños de los grupos
grupos_ward_k3 <- readRDS('grupos_ward_k3.RDS')
table(grupos_ward_k3)
#
#'
#' ### Paletas
#
rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, "Reds"))
rojo_inv <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(8, "Reds")))
colores_grupos <- brewer.pal(8, "Accent")
#
#'
#' ## Explorar efectos
#
#'
#' ### Pruebas de igualdad de promedios de las variables entre 2 grupos
#
#' Para evaluar homogeneidad de promedios usaré las pruebas *t* (medias), basada en la distribuc
#
#' Primero crearé un objeto que permita realizar tanto las pruebas como los diagramas de cajas.
#
#'
(m_amb_upgma_k2 <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>% select(-id) %>%
  mutate(grupos_upgma_k2) %>%
  st_drop_geometry() %>%
  pivot_longer(-grupos_upgma_k2, names_to = "variable", values_to = "valor"))
#
#'
#' A continuación, las pruebas:
#
#'
m_amb_upgma_k2 %>%
  group_by(variable) %>%
  summarise(
    p_valor_t = t.test(valor ~ grupos_upgma_k2)$p.value,
    p_valor_w = wilcox.test(valor ~ grupos_upgma_k2, exact = F)$p.value) %>%
  arrange(p_valor_t) %>%
  print(n=Inf)
#
#'
#' Interesa observar las variables que obtuvieron valores de p<0.01. Reitero que, en mi caso, mi
#
#'
#' Por otra parte, este es un buen momento para "revisitar" tus análisis exploratorios de datos
#
#'
#' Los gráficos:
#
#'
m_amb_upgma_k2 %>%
  group_by(variable) %>%
  ggplot() + aes(x = grupos_upgma_k2, y = valor, fill = grupos_upgma_k2) +

```

```

geom_boxplot() +
  scale_fill_brewer(palette = 'Accent') +
  theme_bw() +
  theme(legend.position="none") +
  facet_wrap(~ variable, scales = 'free_y')
#'
#' Mapas:
#'
mapa_upgma_k2 <- mapView(
  bci_env_grid %>% mutate(grupos_upgma_k2),
  layer.name = 'Grupos (2) UPGMA',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = colores_grupos[1:2],
  zcol = 'grupos_upgma_k2') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_upgma_k2
mapa_upgma_k2 %>% mapshot(
  file = 'mapa_upgma_k2.png',
  remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton"))
)
#'
#' Mapa de una de las variables donde se presentó efecto de su promedio (p<0.01), en este caso,
#'
mapa_zn <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'Zinc',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = rojo,
  zcol = 'Zn') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_zn
mapa_zn %>% mapshot(
  file = 'mapa_zinc.png',
  remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton"))
)
#'

```

```

#' #### Pruebas de igualdad de promedios de las variables entre 3 grupos o más
#'
#' Objeto común:
#'
(m_amb_ward_k3 <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>% select(-id) %>%
  mutate(grupos_ward_k3) %>%
  st_drop_geometry() %>%
  pivot_longer(-grupos_ward_k3, names_to = "variable", values_to = "valor")
#'
#' Pruebas, en este caso ANOVA (evalúa homogeneidad de medias; no se cumplen muchos de los supue
#'
m_amb_ward_k3 %>%
  group_by(variable) %>%
  summarise(
    p_valor_a = oneway.test(valor ~ grupos_ward_k3)$p.value,
    p_valor_k = kruskal.test(valor ~ grupos_ward_k3)$p.value) %>%
  arrange(p_valor_k) %>%
  print(n=Inf)
#'
#' Gráficos:
#'
#'
m_amb_ward_k3 %>%
  group_by(variable) %>%
  ggplot() + aes(x = grupos_ward_k3, y = valor, fill = grupos_ward_k3) +
  geom_boxplot() +
  scale_fill_brewer(palette = 'Accent') +
  theme_bw() +
  theme(legend.position="none") +
  facet_wrap(~ variable, scales = 'free_y')
#'
#' Mapas:
#'
#'
mapa_ward_k3 <- mapView(
  bci_env_grid %>% mutate(grupos_ward_k3),
  layer.name = 'Grupos (3) Ward',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = colores_grupos[1:3],
  zcol = 'grupos_ward_k3') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_ward_k3
mapa_ward_k3 %>% mapshot(

```

```

file = 'mapa_ward_k3.png',
remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton")
)
#'
#' Mapa de una de las variables donde se presentó efecto de su promedio (p<0.01), en este caso,
#'
mapa_ph <- mapView(
  bci_env_grid,
  layer.name = 'pH',
  alpha.regions = 0.6,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = T,
  col.regions = rojo_inv,
  zcol = 'pH') %>%
  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_ph
mapa_ph %>% mapshot(
  file = 'mapa_ph.png',
  remove_controls = c("zoomControl", "layersControl", "homeButton")
)
#'

#' ---
#' title: "Análisis de agrupamiento (cluster analysis). <br> Parte 4: Especies indicadoras, especie
#' author: "JR"
#' date: "15 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#'
#' ### Cargar paquetes
#'
library(indicspecies)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)

```

```

grupos_ward_k3 <- readRDS('grupos_ward_k3.RDS')
table(grupos_ward_k3)
#'
#' ## Análisis de especies indicadoras mediante IndVal
#'
#' ### UPGMA
#'
iva_upgma_k2 <- multipatt(
  x = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = 'IndVal.g',
  max.order = 2,
  control = how(nperm = 999))
summary(iva_upgma_k2, indvalcomp = TRUE)
colSums(mi_fam)
(p_upgma_adj <- p.adjust(iva_upgma_k2$sign$p.value))
(iva_upgma_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = "IndVal.g",
  nboot = 1000))
#'
#' Ward
#'
iva_ward_k3 <- multipatt(
  x = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k3,
  func = 'IndVal.g',
  max.order = 3,
  control = how(nperm = 999))
summary(iva_ward_k3, indvalcomp = TRUE)
colSums(mi_fam)
(p_ward_adj <- p.adjust(iva_ward_k3$sign$p.value))
(iva_ward_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k3,
  func = "IndVal.g",
  nboot = 1000))
#'
#' ## Análisis de especies con preferencia por hábitat mediante el coeficiente de correlación bi
#'
#' ### UPGMA
#'
phi_upgma_k2 <- multipatt(
  mi_fam,
  grupos_upgma_k2,
  func = "r.g",
  max.order = 1,

```

```

control = how(nperm = 999))
summary(phi_upgma_k2)
colSums(mi_fam)
(phi_upgma_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_upgma_k2,
  func = "r.g",
  nboot = 1000))
#'
#' Ward
#'
phi_ward_k3 <- multipatt(
  mi_fam,
  grupos_ward_k3,
  func = "r.g",
  max.order = 2,
  control = how(nperm = 999))
summary(phi_ward_k3)
colSums(mi_fam)
(phi_ward_boot <- strassoc(
  X = mi_fam,
  cluster = grupos_ward_k3,
  func = "r.g",
  nboot = 1000))

```

#### 8.4 Análisis de ordenación

```

#' ---
#' title: "Técnicas de ordenación. <br> Parte 1: Ordenación no restringida. <br> PCA, CA y PCoA"
#' author: "JR"
#' date: "21 de noviembre, 2020"
#' output: github_document
#'
#' ---
knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#'
#' ### Cargar paquetes
#'
library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
library(mapview)
source('biodata/funciones.R')
#'

```

```

#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
(colnames(mi_fam) <- make.cepnames(colnames(mi_fam)))
(df_equivelencias <- data.frame(
nombre_original = colnames(mc_myrtc),
  colnames(mi_fam)))
bci_env_grid %>% tibble
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)
grupos_ward_k3 <- readRDS('grupos_ward_k3.RDS')
table(grupos_ward_k3)
#'
#' ## Ordenación
#'
#' La ordenación se basa en los mismos principios que la medición de asociación (similaridad) y
#'
#' A diferencia del análisis de agrupamiento, o como complemento de éste, el análisis de ordenación
#'
#' El análisis de ordenación puede ser no restringido (o simple) y restringido (o 'canónico'). Es
#'
#' Las principales técnicas de ordenación no restringida son análisis de componentes principales
#'
#' #### Análisis de componentes principales (PCA)
#'
#' Es el método tradicional basado en vectores propios que comúnmente se aplica a datos cuantitativos
#'
#' ##### PCA aplicado a datos ambientales
#'
#' Para aplicar PCA a datos ambientales, es necesario que todas las variables sean numéricas y "
#'
#' Dado que se requiere que las variables de entrada sean exclusivamente numéricas, el primer paso
#'
#' ¡IMPORTANTE! Haré esta demostración sólo con las variables de suelo, **pero puedes (y debes)
```

#' A partir de los datos de suelo, la función 'rda', de 'vegan' realizará los siguientes pasos:

```

env_suelo <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  dplyr::select(matches('^[A-T,Z]|^pH$', ignore.case = F))
env_suelo %>% tibble
env_suelo_pca <- rda(env_suelo, scale = TRUE)
env_suelo_pca
summary(env_suelo_pca)
#'
#' Para agilizar la producción de scripts analíticos de referencia, trasladaré las explicaciones
```

```

#'
#' En el vídeo asociado, explico el significado de:
#'
#' - Inercia, *Inertia*
#' - Valores propios, autovalores, *Eigenvalues*
#' - Escalamiento, *Scaling*
#' - Puntuaciones de "especies", *Species scores*
#' - Puntuaciones de "sitios", *Site scores*
#'
screeplot(env_suelo_pca, bstick = TRUE)
#'
#' Usando función 'cleanplot.pca'
#'
par(mfrow = c(1, 2))
cleanplot.pca(env_suelo_pca, scaling = 1, mar.percent = 0.08, cex.char1 = 1.5)
cleanplot.pca(env_suelo_pca, scaling = 2, mar.percent = 0.04, cex.char1 = 1.5)
par(mfrow = c(1, 1))
#'
#' Comparar distribución de los sitios en biplots con distribución real en el mapa:
#'
#' #### Generar mapa de cuadros sin simbología
#'
mapa_cuadros <- mapView(
  bci_env_grid,
  col.regions = 'grey80',
  alpha.regions = 0.3,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = F, zoom = 14,
  zcol = 'id') %>% addStaticLabels() %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
mapa_cuadros
#'
#' Comparar con resultados de un análisis de agrupamiento del mismo conjunto de datos. Primero a
#'
(env_agrupamiento <- hclust(dist(scale(env_suelo)), 'ward.D'))
(env_grupos <- cutree(env_agrupamiento, k = 3))
(mi_cluster <- factor(env_grupos))
(mi_cluster_l <- levels(mi_cluster))
(mi_cluster_l_seq <- 1:length(mi_cluster_l))
#'
#' Observa que estoy generando un agrupamiento basado en los datos de suelo. No estoy comparando
#'
#' Luego calculo las puntuaciones de los sitios para usarlas luego como coordenadas de los puntos
#'
(puntuaciones <- scores(env_suelo_pca, display = 'wa', scaling = 1))

```

```

#'
#' Luego creo el gráfico base, coloco los puntos sobre el gráfico usando las puntuaciones, les co
#'
grafico_base <- plot(
  env_suelo_pca,
  display = "wa",
  scaling = 1,
  type = "n",
  main = "PCA y grupos"
)
abline(v = 0, lty = "dotted")
abline(h = 0, lty = "dotted")
for (i in mi_cluster_l_seq) {
  points(puntuaciones[mi_cluster == i, ],
         pch = (14 + i),
         cex = 2,
         col = i + 1)
}
text(puntuaciones, row.names(env_suelo), cex = 1, pos = 3)
legend(
  "topright", # Otras alternativas: "bottomleft", "bottomright" y "topleft"
  paste("Grupo", c(mi_cluster_l_seq)),
  pch = 14 + c(mi_cluster_l_seq),
  col = 1 + c(mi_cluster_l_seq),
  pt.cex = 2
)
#'
#' Es razonable que el análisis cluster y el biplot muestren patrones consistentes, puesto que s
#'
#' Si hago lo mismo, pero usando mi análisis de agrupamiento anterior (*scripts* "aa_analisis_de
#'
# (mi_cluster_anterior <- grupos_upgma_k2)
(mi_cluster_anterior <- grupos_ward_k3)
(mi_cluster_anterior_l <- levels(mi_cluster_anterior))
(mi_cluster_anterior_l_seq <- 1:length(mi_cluster_anterior_l))
grafico_base <- plot(
  env_suelo_pca,
  display = "wa",
  scaling = 1,
  type = "n",
  main = "PCA y grupos"
)
abline(v = 0, lty = "dotted")
abline(h = 0, lty = "dotted")
for (i in mi_cluster_anterior_l_seq) {
  points(puntuaciones[mi_cluster_anterior == i, ],
         pch = (14 + i),
         cex = 2,

```

```

        col = i + 1)
}
text(puntuaciones, row.names(env_suelo), cex = 1, pos = 3)
legend(
  "topright", # Otras alternativas: "bottomleft", "bottomright" y "topleft"
  paste("Grupo", c(mi_cluster_anterior_l_seq)),
  pch = 14 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),
  col = 1 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),
  pt.cex = 2
)
#'
#' Esto podría significar que las tendencias/patrones de mi matriz de comunidad (cuadros de 1 Ha
#'
## ##### PCA aplicado a datos de comunidad transformados
#'
mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')
mi_fam_hel %>% tibble
mi_fam_hel_pca <- rda(mi_fam_hel)
summary(mi_fam_hel_pca)
screeplot(
  mi_fam_hel_pca,
  bstick = TRUE,
  n pcs = length(mi_fam_hel_pca$CA$eig)
)
mi_fam_hel_pca_sc1 <- scores(mi_fam_hel_pca,
                               display = "species", scaling = 1)
mi_fam_hel_pca_sc2 <- scores(mi_fam_hel_pca,
                               display = "species", scaling = 2)
par(mfrow = c(1, 2))
cleanplot.pca(mi_fam_hel_pca, scaling = 1, mar.percent = 0.06, cex.char1 = 0.7)
cleanplot.pca(mi_fam_hel_pca, scaling = 2, mar.percent = 0.06, cex.char1 = 0.7)
par(mfrow = c(1, 1))
#'
#' Si intentáramos realizar el PCA a datos de comunidad no transformados, no recogeríamos apropiadamente las especies que contribuyen mucho a los ejes 1 y 2 del PCA (aquellas cuyos vectores sobresalen)
#'
## Evaluaré el ajuste del PCA de datos de comunidad a datos ambientales, mediante la función 'envfit'
#'
biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")
(mi_fam_hel_pca_envfit <- envfit(mi_fam_hel_pca, env_suelo, scaling = 2))
plot(mi_fam_hel_pca_envfit, p.max = 0.05 , col = 3)
#'
## Comento los resultados en el vídeo asociado. También probaré ajuste con todas las numéricas disponibles
#'
## NOTA: te recomiendo probar otros métodos de selección de variables, como por ejemplo, usando

```

```

#'
env_num <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id) %>%
  st_drop_geometry
(mi_fam_hel_pca_envfit_num <- envfit(mi_fam_hel_pca, env_num, scaling = 2))
biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")
plot(mi_fam_hel_pca_envfit_num, p.max = 0.05 , col = 3)
biplot(
  mi_fam_hel_pca,
  main = "PCA, escalamiento 2, ajuste a variables ambientales")
plot(mi_fam_hel_pca_envfit_num, p.max = 0.1 , col = 3)
#'
#' Comento los resultados en el vídeo asociado.
#'
#' ¿Cuándo o a qué datos aplicar PCA?
#'
#' - PCA no es especialmente sensible a datos muy desviados de la normalidad.
#' - Como toda técnica, PCA tiene limitaciones.
#' - Las variables deben ser dimensionalmente homogéneas (unidades comparables o adimensionales).
#' - No usar en matriz transpuestas (no hace sentido la covarianza entre objetos).
#' - Es posible usar PCA con dato de presencia/ausencia, en cuyo caso, la matriz de comunidad de
#' - Las relaciones entre variables se miden por ángulos, no por proximidad de las puntas de los
#'
#' #### Análisis de correspondencia (CA)
#'
mi_fam_ca <- cca(mi_fam)
summary(mi_fam_ca)
summary(mi_fam_ca, scaling = 1)
#'
#' Screeplot
#'
screeplot(mi_fam_ca, bstick = TRUE, n pcs = length(mi_fam_ca$CA$eig))
#'
#' Biplots
#'
par(mfrow = c(1, 2))
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 1,
      main = "Análisis de correspondencia, escalamiento 1"
)
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 2, # Por defecto scaling=2, lo escribo sólo para fines didácticos
      main = "Análisis de correspondencia, escalamiento 2")
par(mfrow = c(1, 1))
#'

```

```

#' Excluyendo especie *Chamguava schippii*, abreviada como *Chamschi*.
#'
mi_fam_ca <- cca(mi_fam[, -grep('Chamschi', colnames(mi_fam))])
summary(mi_fam_ca)
summary(mi_fam_ca, scaling = 1)
screeplot(mi_fam_ca, bstick = TRUE, n pcs = length(mi_fam_ca$CA$eig))
par(mfrow = c(1, 2))
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 1,
      main = "CA, escalamiento 1, sin Chamguava schippii"
)
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 2,
      main = "CA, escalamiento 2, sin Chamguava schippii")
par(mfrow = c(1, 1))
#'
## #' Excluyendo especie *Myrcia gatunensis*, abreviada como *Myrcgatu*.
#'
mi_fam_ca <- cca(mi_fam[, -grep('Myrcgatu', colnames(mi_fam))])
summary(mi_fam_ca)
summary(mi_fam_ca, scaling = 1)
screeplot(mi_fam_ca, bstick = TRUE, n pcs = length(mi_fam_ca$CA$eig))
par(mfrow = c(1, 2))
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 1,
      main = "CA, escalamiento 1, sin Myrcia gatunensis"
)
plot(mi_fam_ca,
      scaling = 2,
      main = "CA, escalamiento 2, sin Myrcia gatunensis")
par(mfrow = c(1, 1))
#'
## Análisis de coordenadas principales (PCoA)
#'
## Las técnicas de ordenación anteriores preservan la distancia euclídea entre los objetos. Si n
#'
## La función que realiza el PCoA en '{vegan}' es 'cmdscale' (de *Classical (Metric) Multidimens
#'
mi_fam_d_bray <- vegdist(mi_fam, method = 'bray') # En realidad, 'bray' es la opción por defecto
mi_fam_d_bray_pcoa <- cmdscale(
  mi_fam_d_bray,
  k = (nrow(mi_fam) - 1),
  add = T,
  eig = TRUE)
round(mi_fam_d_bray_pcoa$eig, 2)
round(sum(mi_fam_d_bray_pcoa$eig[mi_fam_d_bray_pcoa$eig<0]),2)
round(sum(mi_fam_d_bray_pcoa$eig[mi_fam_d_bray_pcoa$eig>=0]),2)
ordiplot(scores(mi_fam_d_bray_pcoa, choices = c(1, 2)),

```

```

    type = "t",
    main = "PCoA con promedios ponderados de especies")
abline(h = 0, lty = 3)
abline(v = 0, lty = 3)
mi_fam_d_bray_pcoa_wa <- wascores(mi_fam_d_bray_pcoa$points[, 1:2], mi_fam)
text(
  mi_fam_d_bray_pcoa_wa,
  rownames(mi_fam_d_bray_pcoa_wa),
  cex = 0.7, col = "red")
(mi_fam_d_bray_pcoa_env <- envfit(mi_fam_d_bray_pcoa, env_num))
plot(mi_fam_d_bray_pcoa_env, p.max = 0.05, col = 3)

# ---  

# title: "Técnicas de ordenación. <br> Parte 2: Ordenación restringida o 'canónica'. <br> RDA,  

# author: "JR"  

# date: "21 de noviembre, 2020"  

# output: github_document  

# ---  

knitr:::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)  

# ## Preámbulo  

#  

# ### Cargar paquetes  

#  

library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
source('biodata/funciones.R')
#  

# ### Cargar datos  

#  

load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
(colnames(mi_fam) <- make.cepnames(colnames(mi_fam)))
(df_equivelencias <- data.frame(
  nombre_original = colnames(mc_myrtc),
  colnames(mi_fam)))
bci_env_grid %>% tibble
#  

# ## Ordenación restringida
#  

# Con este conjunto de técnicas de ordenación, las tendencias detectadas en un conjunto de datos
#  

# Las principales técnicas de ordenación restringida son análisis de redundancia o RDA (siglas
#  

# ### Análisis de redundancia (RDA)
```

```

#'
#' En el análisis de ordenación simple o no restringida, la matriz de datos (de comunidad o ambi
#'
#' RDA combina la regresión y el análisis de componentes principales. El RDA es una regresión li
#'
#' - Cada variable de respuesta (e.g. matriz de comunidad) es ajustada (por regresión) a la matriz
#'
#' - Se prueba significancia estadística de la relación entre las variables de respuesta y explican
#'
#' - Si la prueba resulta significativa, se realiza un PCA de la matriz de valores ajustados. Es
#'
#' - Luego se usa la matriz de vectores propios canónicos para calcular dos tipos de puntuaciones
#'
#'     - Usando la matriz de valores ajustados para obtener una ordenación en el espacio de las
#'
#'     - Usando la matriz de valores centrados de las variables de respuesta para obtener una ordenaci
#'
#' Mostraré a continuación ejemplos aplicados a mi familia asignada. Para agilizar, trasladaré los
#'
#' Nota (de nuevo): recuerda que los datos de BCI están autocorrelacionados espacialmente, por lo
#'
#' ##### Ejemplo usando las matriz ambiental de variables suelo:
#'
mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')
mi_fam_hel %>% tibble
env_suelo <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  dplyr::select(matches('^[A-T,Z] | ^pH$', ignore.case = F))
env_suelo %>% tibble
mi_fam_hel_rda_suelo <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_suelo)
summary(mi_fam_hel_rda_suelo)
#'
#' ¿Qué partes del resumen debes mirar?
#'
#' - La varianza, particionada, de la cual se muestra tanto la inercia (absoluta) como la proporcional
#'
#' - Los valores propios (*eigenvalues*) y su contribución a la varianza. Existen *eigenvalues* y *site scores*
#'
#' - Las puntuaciones de sitios (*site scores*) y de especies (*species scores*) tienen el mismo número de filas
#'
#' - Las puntuaciones restringidas de sitio (en '{vegan}' se usa la etiqueta *Site constraints*)
#'
#' - Finalmente, el resumen presenta las puntuaciones para el *biplot*, que más adelante usaré en el
#'
#' Tal como comenté arriba, es importante calcular un R2 insesgado, siendo este más útil que el R2 tradicional
#'
RsquareAdj(mi_fam_hel_rda_suelo)$adj.r.squared
#'

```

```

#' Normalmente, el R2 insesgado es mucho más bajo que el sesgado, porque se relativiza
#'
#' Otro diagnóstico importante es la determinación de los factores de inflación de la varianza (VIF)
#'
vif.cca(mi_fam_hel_rda_suelo)
#'
#' Variables con valores por encima de 10 deben ser examinadas y, desde una posición conservadora
#'
#' Finalmente, la representación del modelo se realiza en un *tripplot*, que es un gráfico enriquecido
#'
#' Escalamiento 1:
#'
plot(mi_fam_hel_rda_suelo,
      scaling = 1,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Tripplot de RDA especies ~ var. suelo, escalamiento 1"
)
mi_fam_hel_rda_suelo_sc1 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_suelo,
         choices = 1:2,
         scaling = 1,
         display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_suelo_sc1[, 1] * 0.9,
       mi_fam_hel_rda_suelo_sc1[, 2] * 0.9,
       length = 0,
       lty = 1,
       col = "red"
)
#'
#' Paso la interpretación de este gráfico y la del siguiente al vídeo correspondiente.
#'
#' Escalamiento 2
#'
plot(mi_fam_hel_rda_suelo,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Tripplot de RDA especies ~ var. suelo, escalamiento 2"
)
mi_fam_hel_rda_suelo_sc2 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_suelo,
         scaling = 2,
         choices = 1:2,
         display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_suelo_sc2[, 1] * 0.9,

```

```

    mi_fam_hel_rda_suelo_sc2[, 2] * 0.9,
    length = 0,
    lty = 1,
    col = "red"
)
#
#'
## ##### Ejemplo usando las matriz ambiental con variables seleccionadas
#
## El RDA anterior mostró que las variables de suelo son útiles para predecir la matriz de comunidades
#
## - Hay mucha colinealidad entre ellas.
#
## - No se probó mejorar el modelo añadiendo otras variables, además de las de suelo.
#
## Crearé una matriz ambiental con las variables que resultaron significativas en el ajuste *posterior*
#
env_selec <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, B, Ca, Cu, Fe, K, Mg, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec)
#
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec)
#
## Haré el plot del escalamiento 2 para comprobar gráficamente asociación entre variables sin la
##
plot(mi_fam_hel_rda_selec,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec, escalamiento 2"
)
#
## Tal como comenté arriba, variables con valores VIF por encima de 10, deben ser examinadas. En este caso, solo la variable pH es relevante.
#
env_selec2 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, B, Cu, Fe, Mg, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec2 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec2)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec2)
plot(mi_fam_hel_rda_selec2,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec, escalamiento 2"
)

```

```

    display = c("sp", "lc", "cn"),
    main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec2, escalamiento 2"
)
#
#'
#' Nota que las posiciones rotaron, no así la asociación entre la mayoría de las variables. 'B'
#'
env_selec3 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    UTM.EW,
    Al, Cu, Fe, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec3 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec3)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec3)
plot(mi_fam_hel_rda_selec3,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec3, escalamiento 2"
)
#
#'
#' Finalmente, la coordenada 'UTM.EW' tiene un alto valor VIF, por lo que es preferible excluirlo
#'
env_selec4 <- bci_env_grid %>%
  select(
    heterogeneidad_ambiental,
    riqueza_global,
    Al, Cu, Fe, Mn, P, Zn, N, N.min., pH) %>%
  st_drop_geometry
mi_fam_hel_rda_selec4 <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_selec4)
vif.cca(mi_fam_hel_rda_selec4)
plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
)
#
#'
#' Las variables 'N.min.' y 'Zn' ahora presentan valores VIF aceptables. Habrás notado que es todo
#'
summary(mi_fam_hel_rda_selec4)
RsquareAdj(mi_fam_hel_rda_selec4)$adj.r.squared
#
#'
#' Triplot, pero ahora con las flechas para las especies.
#'
#'
#' Escalamiento 1:
#'
plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
      scaling = 1,

```

```

    display = c("sp", "lc", "cn"),
    main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 1"
)
mi_fam_hel_rda_selec4_sc1 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_selec4,
         choices = 1:2,
         scaling = 1,
         display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc1[, 1] * 0.9,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc1[, 2] * 0.9,
       length = 0,
       lty = 1,
       col = "red"
)
#'
#' Escalamiento 2
#'
plot(mi_fam_hel_rda_selec4,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de RDA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
)
mi_fam_hel_rda_selec4_sc2 <-
  scores(mi_fam_hel_rda_selec4,
         scaling = 2,
         choices = 1:2,
         display = "sp"
  )
arrows(0, 0,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc2[, 1] * 0.9,
       mi_fam_hel_rda_selec4_sc2[, 2] * 0.9,
       length = 0,
       lty = 1,
       col = "red"
)
#'
#' #### Análisis de correspondencia canónica (CCA)
#'
#' ##### Ejemplo usando las matriz ambiental con variables seleccionadas:
#'
mi_fam_cca_selec4 <- cca(mi_fam ~ ., env_selec4)
summary(mi_fam_cca_selec4)
RsquareAdj(mi_fam_cca_selec4)
#'
#' Escalamiento 1
#'

```

```

plot(mi_fam_cca_selec4,
      scaling = 1,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de CCA especies ~ var. selec4, escalamiento 1"
)
#
#'
#' Escalamiento 2
#'
plot(mi_fam_cca_selec4,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de CCA especies ~ var. selec4, escalamiento 2"
)
#
#'
#' Excluyendo especies con abundancia menor a 100 individuos
#'
colSums(mi_fam) %>% sort
mi_fam_no_raras <- mi_fam %>% select_if(colSums(.) > 100)
intersect(colnames(mi_fam), colnames(mi_fam_no_raras))
setdiff(colnames(mi_fam), colnames(mi_fam_no_raras))
mi_fam_no_raras_cca_selec4 <- cca(mi_fam_no_raras ~ ., env_selec4)
summary(mi_fam_no_raras_cca_selec4)
RsquareAdj(mi_fam_no_raras_cca_selec4)
#
#'
#' Escalamiento 1
#'
plot(mi_fam_no_raras_cca_selec4,
      scaling = 1,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de CCA especies no raras ~ var. selec4, escalamiento 1"
)
#
#'
#' Escalamiento 2
#'
plot(mi_fam_no_raras_cca_selec4,
      scaling = 2,
      display = c("sp", "lc", "cn"),
      main = "Triplot de CCA especies no raras ~ var. selec4, escalamiento 2"
)

```

## 8.5 Análisis de diversidad

```

#' ---
#' title: "Análisis de diversidad. <br> Parte 1: Diversidad alpha"
#' author: "JR"
#' date: "29 de noviembre, 2020"
#' output: github_document

```

```

#' ---

knitr::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#'
#' ### Cargar paquetes
#'
library(vegan)
library(adespatial)
library(plyr)
library(RColorBrewer)
library(tidyverse)
library(sf)
library(SpadeR)
library(iNEXT)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
bci_env_grid %>% tibble
grupos_upgma_k2 <- readRDS('grupos_upgma_k2.RDS')
table(grupos_upgma_k2)
grupos_ward_k3 <- readRDS('grupos_ward_k3.RDS')
table(grupos_ward_k3)
#'
#' ## Diversidad alpha
#'
#' **La tentación de medir la diversidad mediante un único número, ha atrapado a muchos investigadores**
#'
#' **La riqueza de especies, una cifra de uso común en estudios ecológicos, es un elemento muy sencillo**
#'
#' El término **"diversidad biológica"** se asume que fue acuñado a principios de los 80, y **se refiere a la diversidad de especies**
#'
#' **Biodiversidad** es de factura más reciente, y es una contracción de "biológica-diversidad"
#'
#' La definición de biodiversidad del PNUMA es: **variabilidad entre organismos vivos** de todo tipo
#'
#' **Hubbell** (2001) ofrece una definición más adaptada a la práctica actual y mucho más restrictiva
#'
#' En estas dos últimas acepciones (Hubbell y Magurran), la diversidad biológica puede dividirse en tres componentes principales
#'
#' ### La diversidad de especies como un único número
#'
#' Usaré la notación *q* para designar el número de especies o riqueza de especies, y *n* para númer

```

```

#'
#' ##### Riqueza de especies y rarefacción
#'
#' Magurran (2004) distingue entre **densidad de especies**, que equivale al número de especies
#'
#' Para asegurar la comparabilidad entre sitios, se han propuesto distintos métodos. Uno es la r
#'
#' 
#'
#' ##### Componentes de la diversidad de especies basada en abundancia: riqueza y equidad
#'
#' Asumamos que un sitio de muestreo es una variable cualitativa, y cada especie es un "estado".
#'
#' 
#'
#' Desde el punto de vista ecológico, la **H** tiene dos propiedades importantes:
#'
#' - Crece al aumentar la riqueza de especies *q*.
#' - Crece con la uniformidad (=equidad o equitabilidad, es decir, qué tan bien repartida se enc
#'
#' Para una *q* dada, *H* asume su valor máximo ( $H_{\max}$ ) cuando todas las especies es
#'
#' 
#'
#' Un ejemplo ilustra lo anterior:
#'
#' - Cinco especies, 55 individuos, abundancias desiguales:
#'
foo1 <- c(25, 16, 9, 4, 1)
diversity(foo1)
#'
#' - Cinco especies, 55 individuos, abundancias homogéneas
#'
foo2 <- c(11, 11, 11, 11, 11)
diversity(foo2)
log(5)
#'
#' Otros índices miden exclusivamente la homogeneidad de la abundancia, a lo que se denomina equ
#'
#' Uno de los más usados es la **equidad de Pielou** o *J* (1966), que es la razón entre la entr
#'
#' 
#'
#' Teóricamente, **este índice sólo debería aumentar cuando aumenta la homogeneidad de la abunda
#'
#' Todos los **índices de equidad** se relacionan con la forma de los modelos de abundancia de esp
#'
#' Otra medida común en trabajos de ecología numérica, pero que es inversa o contraria a la equi

```

```

#'
#' 
#'
#' Este valor aumenta con la dominancia, por lo que realmente no mide diversidad, sino más bien
#'
#' La riqueza de especies (*q*), la entropía de Shannon (*H*), la equidad de Pielou (*J*) y el i
#'
#' 
#'
#' donde *a* es el orden de la medida de entropía (*a=0,1,2...*), la cual cuantifica la importan
#'
#' 
#'
#' Las tres primeras entropias de Renyi (*Ha*), donde *a=0, 1 y 2*, y los correspondi
#'
#' Por otra parte, los tres primeros números de diversidad de Hill tienen significados que conoc
#'
#'  <br>
#' > Según Borcard et al., 2018.
#'
#' Bajo esta notación:
#'
#' - La equidad de Pielou (denominada también equidad de Shannon) equivale a *J=H1/H<
#'
#' Usando la misma aproximación, Hill propuso también otras ratios que, a diferencia de lo que o
#'
#' - *E1=N1/N0* a la cual el propio Hill denominó como su versión de la
#'
#' - *E2=N2/N0*, a la cual Hill denominó como su versión de la
#'
#' Los números de diversidad y las ratios de Hill son menos sensibles a las matrices de comunida
#'
#' **Estas afirmaciones tienen implicaciones muy importantes desde el punto de vista ecológico,
#'
#' **Índices, entropías, equidades, ratios**
#'

(indices <- alpha_div(mi_fam))
pairs(indices,
      lower.panel = panel.smooth,
      upper.panel = panel.cor,
      diag.panel = panel.hist,
      main = "Pearson Correlation Matrix")
indices_env <- bind_cols(
  indices,
  bci_env_grid %>%
    select_if(is.numeric) %>%
    st_drop_geometry %>%
    select(-id) %>%

```

```

    select(-matches('geom.*pct$')))

indices_env %>% tibble
ezCorM(indices_env, r_size_lims = c(3,5), label_size = 4)
#'
#' **Modelos de abundancia de especies**
#'
mi_fam_mae <- radfit(mi_fam)
plot(mi_fam_mae)
#'
#' **Rarefacción**
#'
#' Riqueza por sitios
#'
riqueza <- specnumber(mi_fam)
riqueza %>% sort
#'
#' Sitios con riqueza mínima y máxima
#'
riqueza[riqueza == min(riqueza)]
riqueza[riqueza == max(riqueza)]
range(riqueza)
#'
#' Abundancia por sitios
#'
abundancia <- rowSums(mi_fam)
abundancia %>% sort
#'
#' Sitios con abundancias mínima y máxima
#'
abundancia[abundancia == min(abundancia)]
abundancia[abundancia == max(abundancia)]
(rango_abun <- range(abundancia))
#'
#' Abundancia en el sitio más pobre
#'
abundancia[riqueza == min(riqueza)]
#'
#' Abundancia en el sitio más rico
#'
abundancia[riqueza == max(riqueza)]
#'
#' Riqueza en el sitio con menor abundancia
#'
riqueza[abundancia == min(abundancia)]
#'
#' Riqueza en el sitio con mayor abundancia
#'
riqueza[abundancia == max(abundancia)]

```

```

#'
#' Rarefacción a la abundancia más pequeña encontrada
#'
riqueza_menor_abun <- rarefy(mi_fam, sample = rango_abun[1])
sort(riqueza)
sort(round(riqueza_menor_abun))
rarecurve(
  mi_fam,
  step = 1,
  sample = rango_abun[1],
  xlab = "Número de individuos (tamaño de muestra)",
  ylab = "Especies",
  label = TRUE,
  col = "blue"
)
#'
##' #### Riqueza de especies, estimación y comparación, "completitud de muestra" (existe en el dic
#'
##' Aproximación básica:
#'
specpool(mi_fam)
specpool(mi_fam)[[1]]/specpool(mi_fam)*100
#'
##' Lista comprensiva de métodos (incluyendo recientes):
#'
##' - **Enfoques asintóticos. Estiman la riqueza de especies**:
#'
##'   - Paramétricos:
#'
##'     - Modelo homogéneo (estándar y MLE)
#'
##'   - No paramétricos:
#'
##'     - Chao1 y Chao1-bc
#'
##'     - iChao1
#'
##'     - Basados en "cobertura" o "completitud de muestra". ACE para datos de abundancia
#'
##'     - Estimadores Jackknife (de primer y segundo órdenes)
#'
##' - **Enfoques no asintóticos. Se utilizan para hacer rarefacción y extrapolación**:
#'
##'   - Basados en tamaño de la muestra
#'
##'   - Basados en "cobertura" o "completitud de muestra"
#'
##' ##### Enfoques asintóticos y no asintóticos aplicados a la matriz de comunidad combinada
#'
##' Generar la matriz de comunidad combinada, en la que todos los sitios forman uno.
#'
mi_fam_combinada <- colSums(mi_fam)
mi_fam_combinada %>% sort
mi_fam_combinada_chao <- estimacion_riqueza_chao(
  mc = mi_fam_combinada,
  n_raras = 60)
mi_fam_combinada_chao$asintoticos_estimacion
mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion

```

```

mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico
#'
#' ##### Enfoques asintóticos y no asintóticos aplicados a una matriz de comunidad agrupada
#'
#' #' Generar matriz de comunidad agrupada según el método de Ward (tres grupos), procedente de
#'
mi_fam_k3 <- mi_fam %>%
  mutate(g=grupos_ward_k3) %>%
  group_by(g) %>%
  summarise_all(sum) %>%
  select(-g) %>%
  data.frame
mi_fam_k3 %>% rowSums %>% sort
mi_fam_k3_chao <- estimacion_riqueza_chao(
  mc = mi_fam_k3,
  n_raras = 60)
mi_fam_k3_chao$asintoticos_estimacion
mi_fam_k3_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion
mi_fam_k3_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico

#' ---
#' title: "Análisis de diversidad. <br> Parte 2: Diversidad beta"
#' author: "JR"
#' date: "2 de diciembre, 2020"
#' output: github_document
#' ---

knitr:::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)

#' ## Preámbulo
#'
#' #### Cargar paquetes
#'
library(vegan)
library(adespatial)
library(plyr)
library(tidyverse)
library(sf)
library(vegetarian)
library(mapview)
source('biodata/funciones.R')
#'
#' #### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
bci_env_grid %>% tibble

```

```

#'
#' ## Diversidad beta
#'
#' En la concepción de Whittaker, la diversidad alfa es la local o de sitio, la diversidad beta
#'
#' La diversidad alfa la medimos usando métricas que ponderan comúnmente la riqueza y la equidad
#'
#' ### Diversidad beta con un único número
#'
beta_multiplicativa <- calcular_beta_multiplicativa(
  mc = mi_fam,
  orden = 0:20)
beta_multiplicativa
#'
#' Notar que, para esta matriz de comunidad, la diversidad beta multiplicativa disminuye en exceso
#'
#' ### Contribución de especies a la diversidad beta (SCBD, *species contribution to beta diversity*)
#'
determinar_contrib_local_y_especie(
  mc = mi_fam,
  alpha = 0.05,
  nperm = 9999,
  metodo = 'hellinger')
#'
mapa_cuadros <- mapView(
  bci_env_grid,
  col.regions = 'grey80',
  alpha.regions = 0.3,
  map.types = 'OpenTopoMap',
  legend = F, zoom = 14,
  zcol = 'id') %>% addStaticLabels() %>%
  leaflet::setView(
    lng = -79.85136,
    lat = 9.15097,
    zoom = 15)
#'
#' Utilizar el mapa de cuadros para identificar aquellos que contribuyen más a la diversidad beta
#'
mapa_cuadros

```

## 8.6 Ecología espacial

```

#' ---
#' title: "Análisis espacial de datos ecológicos. <br> Autocorrelación"
#' author: "JR"
#' date: "5 de diciembre, 2020"
#' output: github_document

```

```

#' ---
#'
knitr:::opts_chunk$set(fig.width=12, fig.height=8)
#'
#' ## Preámbulo
#'
#' ### Cargar paquetes
#'
library(ape)
library(spdep)
library(ade4)
library(adegraphics)
library(adespatial)
library(vegan)
library(tidyverse)
library(sf)
library(gridExtra)
library(grid)
library(gtable)
source('biodata/funciones.R')
source('https://raw.githubusercontent.com/maestria-geotel-master/unidad-3-asignacion-1-vecindad-')
#'
#' ### Cargar datos
#'
load('biodata/Myrtaceae.Rdata')
load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')
mi_fam <- mc_myrtc
mi_fam %>% tibble
bci_env_grid %>% tibble
#'
#' ## Preparar datos
#'
#' ### Generar matriz Hellinger
#'
mi_fam_hel <- decostand (mi_fam, "hellinger")
#'
#' ### Transformar matriz ambiental en objeto 'sp', generar vecindad
#'
bci_env_grid_sp <- bci_env_grid %>% as_Spatial
centroides <- bci_env_grid %>% st_centroid
bci_xy <- centroides %>% st_coordinates %>% as.data.frame
(vecindad <- bci_env_grid_sp %>% poly2nb)
(pesos_b <- nb2listw(vecindad, style = 'B'))
#+ fig.width=12, fig.height=6
plot(bci_env_grid_sp)
plot(vecindad, coords = bci_xy, add=T, col = 'red')
#'
#' ## Autocorrelación espacial mediante correlograma

```

```

#'
#' ### Una y solo una variable ambiental
#'
var_ph <- bci_env_grid %>% st_drop_geometry %>% pull(pH)
ph_correl <- sp.correlogram(vecindad,
                            var_ph,
                            order = 9,
                            method = "I",
                            zero.policy = TRUE)
print(ph_correl, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
#+ fig.width=12, fig.height=6
plot(ph_correl)
#'
#'
#' ### Múltiples variables
#'
#'
#' ##### Abundancias de especies (matriz de comunidad transformada)
#'
suppressWarnings(auto_spp_hel <- calcular_autocorrelacion(
  df_fuente = mi_fam_hel,
  orden = 9,
  obj_vecindad = vecindad,
  pos_var = '(matriz Hellinger)'))
print(auto_spp_hel, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
dim_panel <- rev(n2mfrow(ncol(mi_fam_hel)))
#+ fig.width=12, fig.height=10
par(mfrow = dim_panel)
suppressWarnings(invisible(lapply(auto_spp_hel, function(x) plot(x, main = x$var))))
#'
#'
#' ### Variables ambientales (matriz ambiental)
#'
#'
bci_env_grid_num <- bci_env_grid %>%
  st_drop_geometry %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)
suppressWarnings(auto_amb <- calcular_autocorrelacion(
  df_fuente = bci_env_grid_num,
  orden = 9,
  obj_vecindad = vecindad))
print(auto_amb, digits = 2, p.adj.method = 'holm')
dim_panel <- rev(n2mfrow(ncol(bci_env_grid_num)))
#+ fig.width=12, fig.height=14
par(mfrow = dim_panel)
suppressWarnings(invisible(lapply(auto_amb, function(x) plot(x, main = x$var))))
#'
#'
#' ## Autocorrelación espacial mediante prueba Mantel (matrices de distancia)
#'
#'
#' Para aplicar la prueba Mantel a datos de comunidad, es necesario quitar la tendencia espacial
#'

```

```

mi_fam_sin_tendencia <- resid(
  lm(as.matrix(mi_fam_hel) ~ .,
  data = bci_xy))
mi_fam_sin_tendencia_d <- dist(mi_fam_sin_tendencia)
(mi_fam_correlograma <- mantel.correlog(
  mi_fam_sin_tendencia_d,
  XY = bci_xy,
  nperm = 999))
#+ fig.width=12, fig.height=6
plot(mi_fam_correlograma)
#
# ## Autocorrelación espacial por medio de pruebas de permutación para el I de Moran
#
## #### I de Moran global aplicado a abundancia de especies transformadas sin tendencia
#
(autocor_global_residuos <- sapply(
  dimnames(mi_fam_sin_tendencia)[[2]],
  function(x)
    moran.mc(
      x = mi_fam_sin_tendencia[,x],
      listw = pesos_b,
      zero.policy = T,
      nsim = 9999),
    simplify = F))
#
## #### I de Moran local
#
## ##### Aplicado a variables ambientales
#
bci_env_grid_num_sf <- bci_env_grid %>%
  select_if(is.numeric) %>%
  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)
bci_env_grid_num_sf %>% tibble
lisamaps_amb <- sapply(grep('geometry', names(bci_env_grid_num_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = bci_env_grid_num_sf[x],
      var = x,
      pesos = pesos_b,
      tituloleyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado de y)',
      leyenda = F,
      anchuratitulo = 50,
      tamanotitulo = 10,
      fuentedatos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',
      titulomap = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_amb$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_amb[[1]]) + theme(legend

```

```

grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[1:12], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 1)
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[13:22], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 1)
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[23:31], nrow = 3)), lisamaps_amb$leyenda, height = 1)
#'
##' ##### Aplicado a abundancias de especies transformadas
#'
mi_fam_hel_sf <- bci_env_grid %>% select %>% bind_cols(mi_fam_hel)
lisamaps_mifam <- sapply(
  grep('geometry', names(mi_fam_hel_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = mi_fam_hel_sf[x],
                  var = x,
                  pesos = pesos_b,
                  tituloleyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado de "y")',
                  leyenda = F,
                  anchuratitulo = 50,
                  tamanotitulo = 10,
                  fuentedatos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',
                  titulomap = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    # dev.new();print(m$grafico)
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_mifam$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_mifam[[1]] + theme(legend.position = 'none'))))
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam[1:8], nrow = 3)), lisamaps_mifam$leyenda, height = 1)
# grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam[9:16], nrow = 3)), lisamaps_mifam$leyenda, height = 1)
#'
##' ##### Aplicado a abundancias de especies transformadas sin tendencia
#'
mi_fam_sintendencia_sf <- bci_env_grid %>% select %>% bind_cols(mi_fam_sin_tendencia %>% as.data.frame())
lisamaps_mifam_sintendencia <- sapply(
  grep('geometry', names(mi_fam_sintendencia_sf), invert = T, value = T),
  function(x) {
    m <- lisamap(objesp = mi_fam_sintendencia_sf[x],
                  var = x,
                  pesos = pesos_b,
                  tituloleyenda = 'Significancia ("x-y", léase como "x" rodeado de "y")',
                  leyenda = F,
                  anchuratitulo = 50,
                  tamanotitulo = 10,
                  fuentedatos = '\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',
                  titulomap = paste0('Clusters LISA de "', x, '"'))
    # dev.new();print(m$grafico)
    return(m$grafico)
  }, simplify = F
)
lisamaps_mifam_sintendencia$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_mifam_sintendencia[[1]] + theme(legend.position = 'none'))))
grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam_sintendencia[1:8], nrow = 3)), lisamaps_mifam_sintendencia$leyenda, height = 1)

```

```
# grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam_sintendencia[9:16], nrow = 3)), lisamaps_
```

## Referencias

- Almeida, S. (2019). *Myrtaceae, familia*. Retrieved from <https://knoow.net/es/ciencias-tierra-vida/biologia-es/myrtaceae-familia/>
- Batlle, J. R. M. (2020). biogeografia-master/scripts-de-analisis-BCI: Long coding sessions (Version v0.0.0.9000). <https://doi.org/10.5281/zenodo.4402362>
- Borcard, D., & Legendre, P. (2012). Is the mantel correlogram powerful enough to be useful in ecological analysis? A simulation study. *Ecology*, 93(6), 1473–1481.
- Borcard, D., Gillet, F., Legendre, P., & others. (2011). *Numerical ecology with r* (Vol. 2). Springer.
- Britannica, E. (2016). *Myrtaceae*. Retrieved from <https://www.britannica.com/plant/Myrtaceae>
- Buzai, G. D., & Baxendale, C. A. (2009). Análisis exploratorio de datos espaciales. *Geografía Y Sistemas de Información Geográfica*, No 1,(2009).
- Chao, A., & Chiu, C.-H. (2016). Species richness: Estimation and comparison. *Wiley StatsRef: Statistics Reference Online*, 1, 26.
- Claver Farías, I., & others. (1984). Guía para la elaboración de estudios del medio físico: Contenido y metodología. *Ministerio de Obras Públicas Y Urbanismo. Madrid*.
- De la Llata Loyola, M. D. (2003). *Ecología y medio ambiente*. Editorial Progreso.
- Efron, B. (1992). Bootstrap methods: Another look at the jackknife. In *Breakthroughs in statistics* (pp. 569–593). Springer.
- Hubbell, S., Foster, R., & Condit, R. (2005). *Barro colorado forest census plot data*. Retrieved from <http://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/>
- Hurtado, M. J. R., & Silvente, V. B. (2012). Cómo aplicar las pruebas paramétricas bivariadas t de student y anova en spss. caso práctico. *Reire*, 5(2), 83–100.
- Jaccard, P. (1908). Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat.*, 44, 223–270.
- Kruskal, W. H., & Wallis, W. A. (1952). Use of ranks in one-criterion variance analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 47(260), 583–621.
- Legendre, P., & Legendre, L. (2012). *Numerical ecology*. Elsevier.
- Lorenzo-Cáceres, J. M. S. de. (s.f.). *Familia myrtaceae*. Retrieved from <https://www.arbolesornamentales.es/Myrtaceae.htm>
- Magurran, A. E. (1988). *Ecological diversity and its measurement*. Princeton university press.
- Palmer, A., Jiménez, R., & Montaño, J. J. (2000). Tutorial sobre coeficientes de correlación con una o dos variables categóricas. *Revista Electrónica de Psicología*, 4(2).
- Perez, R., & R, C. (s.f.). *Tree atlas of panama*. Retrieved from <http://ctfs.si.edu/PanamaAtlas/famdescr.php?Family=Myrtaceae>
- Pérez, R., Aguilar, S., Condit, R., Foster, R., Hubbell, S., & Lao, S. (2005). Metodología empleada en los censos de la parcela de 50 hectareas de la isla de barro colorado, panamá. *Centro de Ciencias Forestales Del Tropico (CTFS) Y Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales (STRI)*, 1–24.
- Pineda, P. (2014). *Análisis del sistema de parcelas permanentes de medición en los bosques de guatemala. informe final*. Guatemala: Proyecto " Sistemas de información sobre la productividad de los ....
- R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. Retrieved from <https://www.R-project.org/>
- Rodríguez-Castro, L., & Flores, N. (2021). Colonización de la hepática epífila leptolejeunea elliptica (lehm & lindenb) schiffn.(Lejeuneaceae), sobre dos especies de arbustos de la isla barro

- colorado (bci). *Tecnociencia*, 23(1), 82–103.
- Romero Domínguez, A. (2021). *Propuesta de estrategia de monitoreo transaccional anti lavado de activos empleando el método de ward y el teorema de chebyshev*.
- Romesburg, C. (2004). *Cluster analysis for researchers*. Lulu. com.
- Salazar, M. E. R. (2000). *Coeficientes de asociación*. Plaza y Valdes.
- Smithsonian Tropical Research, I. (2021). *Species list*. <https://forestgeo.si.edu/sites/neotropics/barro-colorado-island/bci-species/barro-colorado-island-species-list?page=8>.
- Stewart, R., Stewart, J., & Woodring, W. (1980). *Geologic map of the panama canal and vicinity, republic of panama: Mapa geologico del canal de panama y sus alrededores, republica de panama*. United States Geological Survey.
- Sugasti, L., Eng, B., & Pinzón, R. (2018). Medición continua de flujo de co2 ensuelo en una parcela de bosque tropical en isla barro colorado, canal de panamá. *Universidad Tecnológica de Panamá*, 1–7.
- Tibshirani, R. J., & Efron, B. (1993). An introduction to the bootstrap. *Monographs on Statistics and Applied Probability*, 57, 1–436.
- Whittaker, R. H. (1972). Evolution and measurement of species diversity. *Taxon*, 21(2-3), 213–251.
- Wilcoxon, F., & Wilcox, R. A. (1964). *Some rapid approximate statistical procedures*. Lederle Laboratories.