

# Patrones de distribución, asociación y diversidad de la comunidad de Chrysobalanaceae utilizando técnicas de ecología numérica en la parcela permanente de Barro Colorado Island (BCI)

**Melany Karina Ogando Matos**     *Estudiante, Universidad Autónoma de Santo Domingo (UASD)*

---

Los patrones de diversidad, distribución y asociación de las especies con variables ambientales revelan información acerca de como estas interactúan con el medio ambiente. Utilizando los datos de la composición de especies de la familia Chrysobalanaceae representadas en BCI, y mediante diferentes técnicas de ecología numérica, se muestran los patrones de agrupamiento de los sitios en función de la composición de especies y su asociación con las variables ambientales, se determinan las variables ambientales que influyen en la diversidad alpha y cuales son las especies indicadoras para la diversidad beta. Debido a que los datos utilizados son datos censales se demostró la completitud de la muestra por medio de estimadores de riqueza. *Licania hypoleuca* demostró ser una especie indicadora para uno de los grupos formado por el análisis de agrupamiento, compuesto por solo 4 sitios. Las variables ambientales relacionadas a los patrones de agrupamiento son distintas de aquellas que aportan a la diversidad alpha. Los resultados obtenidos señalan que las especies poco abundantes son las que caracterizan la dismilaridad entre sitios cuando estos son cercanos y la variación de los factores ambientales es leve.

*Keywords:* ecología numérica, BCI, Chrysobalanaceae, correlación, agrupamiento, diversidad

---

## 1 Introducción

Conocer la dispersión y las formas de agrupamiento de los individuos de una especie, es necesario para su conservación (Condit et al., 1996; Hubbell & Foster, 1992). Las especies no son las mismas en todos los lugares, y estos patrones de variación, en cada uno de los niveles de diversidad: genes, especies y ecosistemas, es el objeto de estudio de la biogeografía. Su objetivo es caracterizar la distribución de las especies en la actualidad y la variación geográfica de la diversidad en términos de la interacción de los organismos con su ambiente (Lomolino, Riddle, Whittaker, & Brown, 2010). La similaridad es una medida simple de la similitud de especies y sus abundancias. Es convencional decir que, es lo mismo alta diversidad con alta homogeneidad, lo que es equivalente a poca dominancia (Magurran, 2004).

Los patrones de biodiversidad son el resultado de la combinación de los procesos internos de la comunidad de plantas y las condiciones externas del ambiente (Sang & Bai, 2008). Por ejemplo, la cantidad de nitrógeno en el suelo puede ser asumida como una limitante directa en la distribución de las especies de plantas (Lange, Nobel, Osmond, & Ziegler, 2013). Numerosas especies de la familia Chrysobalanaceae poseen preferencia por suelos húmedos (Future, 2021; Grandtner & Chevrette, 2013; Regional Conservation, 2020; C. Sothers, Prance, Buerki, De Kok, & Chase, 2014). Esta es una familia de plantas de distribución pantropical, y cuenta con 18 géneros con 531 especies que se encuentra un 80% en el neotrópico (Bardon et al., 2013; G. Prance, 2014).

Las especies de Chrysobalanaceae son utilizadas de maneras distintas para el tratamiento y como medicina de algunas enfermedades como la malaria, epilepsia, diarrea y diabetes (Feitosa,

Xavier, & Randau, 2012). Sus usos son frecuentes en la región africana y suramericana, donde son más abundantes (Feitosa et al., 2012). Posee diferentes usos como: El aceite de sus frutos para pinturas y barnices, también su madera como material de construcción, combustible y carbón. Además es utilizada mezclada con arcilla para hacer vasijas de barro (G. Prance, 2014).

La parcela permanente de la isla de Barro Colorado es una reserva de investigación biológica a cargo del Smithsonian Tropical Research Institute (Croat, 1978). Según Condit (1998) la distribución de *Hirtella americana* en la parcela permanente de BCI se encuentra de manera irregular en pequeñas áreas aisladas. Sin embargo, los estudios realizados no han demostrado que esta irregularidad se deba a variables ambientales. Croat (1978) menciona que *Hirtella triandra* es una de las especies mayor representadas por su densidad en este bosque.

En esta investigación se estudia como es la composición de plantas de la familia Chrysobalanaceae en BCI para descubrir los factores que intervienen en los modelos de dispersión, diversidad y agrupamiento de estas especies. El objetivo principal es conocer como estas especies se relacionan entre ellas y con los factores del ambiente, además de hallar cuáles son esos factores que contribuyen a los patrones de distribución espacial de esta familia. Se estima que debido a la cercanía de los sitios del área de estudio las variables ambientales varían de manera paulatina, por lo que lo caracterizará cada uno de los sitios es la presencia de especies raras o poco abundantes, las cuáles deben estar relacionadas con ciertas variables ambientales.

Se utilizaron distintas técnicas de estudio para conocer como se agrupan los sitios en función de la composición de especies y cuáles variables ambientales muestran relación a estos grupos, las especies indicadoras o con preferencia por algún hábitat, las variables ambientales que influyen en la diversidad alpha y las especies contribuyentes a la diversidad beta, y descubrir si los patrones de distribución de las especies está correlacionado por las variables ambientales.

## **2 Metodología**

### *2.1 Obtención de los datos*

Los datos fueron obtenidos del censo realizado durante el 2010 por el Smithsonian Tropical Research Institute en la parcela permanente de Barro Colorado Island en el lago Gatún, Panamá (S. Hubbell, Condit, & Foster, 2010). En este censo, se contabilizaron todos los árboles con troncos de al menos 10mm de diámetro de altura de pecho (DAP), y estos fueron identificados y marcados. Esta parcela cuenta con 50 hectáreas dividida en 50 cuadros de 1 hectárea cada uno.

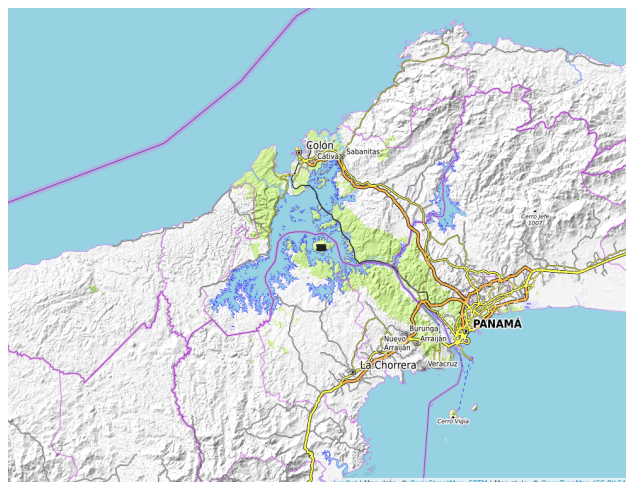


Figure 1: Parcela de 50-ha de Barro Colorado Island, Panamá

Los datos utilizados en esta investigación fueron administrados a través del repositorio Batlle (2020). Estos datos continenen la matriz de comunidad y la matriz ambiental. En la matriz de comunidad se extrajeron los datos de la familia Chrysobalanaceae.

## 2.2 *Análisis estadístico*

Para conocer los patrones de agrupamiento según la composición de especies de Chrysobalanaceae se realizó un análisis de agrupamiento tomando en consideración cuatro técnicas jerárquicas y aglomerativas (Borcard, Gillet, Legendre, & others, 2011; Krebs, 2014), las cuales fueron: por enlace simple, por enlace completo, por enlace promedio (UPGMA) y por el método de Ward. Los datos de la matriz de comunidad fueron normalizados y se calculó la distancia euclídea, para luego proceder a realizar las técnicas de agrupamiento.

Para conocer el patrón de organización de la familia Chrysobalanaceae y seleccionar el dendrograma que mejor explica las relaciones entre las especies de esta familia, se realizaron pruebas de distancia cofenética; y para conocer el número de grupos óptimos se calculó la anchura de siluetas. Por medio de Bootstrap multiescalar se revisaron los datos obtenidos en los métodos anteriores. Para evaluar la relación de los grupos obtenidos con las variables ambientales se utilizó una prueba de igualdad de promedios por t student y la prueba no paramétrica de la suma de rangos de Wilcoxon (medianas). Además, se realizó un análisis de especies indicadoras mediante la prueba de IndVal y un analisis de especies con preferencia por hábitat mediante el coeficiente de correlación biserial puntual (Phi).

Las técnicas de ordenación consisten en colocar objetos o variables en un espacio donde cada uno representa una dimensión (Borcard et al., 2011). Los gráficos generados mediante estos análisis muestran una relación ordenada de las variables formando un diagrama de dispersión (Legendre & Gallagher, 2001; Legendre & Legendre, 2012).

A fin de detectar las tendencias de ordenación de las especies de la familia Chrysobalanaceae se utilizaron diferentes técnicas de tipo restringida y no restringida. El análisis de componentes principales (PCA) se realizó para variables ambientales utilizando solo las variables numéricas y escalándolas a puntuaciones Z para generar una matriz de correlaciones; para las variables de la matriz de comunidad los datos fueron transformados basados en Hellinger. El análisis de correspondencia (CA) se realizó calculando las distancias de los objetos en CHI cuadrado. La técnicas

de ordenación restringida utilizada fue un análisis de correspondencia canónica (CCA).

Para el análisis de la diversidad Alpha se calcularon los números de diversidad Alpha y los ratios de Hill como se encuentra explicado por Krebs (2014) y Borcard et al. (2011). Los sitios que poseían solo una especie fueron excluidos. Posteriormente, se realizó un análisis de correlación de Pearson con las variables ambientales seleccionadas, para conocer si existe asociación con la diversidad Alpha. Con el objetivo de medir la diversidad de especies de una localidad cuando solo se tienen una muestra de la riqueza total de la comunidad, se utilizó el enfoque asintótico no paramétrico de Chao. La diversidad beta calculada con los datos de presencia/ausencia de las especies nos dice cuántas más especies están presentes en toda el área que en un sitio individual (Borcard et al., 2011). La contribución local de los sitios y las especies a la diversidad beta fue realizada siguiendo los procedimientos indicados por Borcard et al. (2011).

Uno de los fundamentos de la ecología espacial es comprender como el espacio impacta en la estructura de la comunidad (Cantrell, Cosner, & Ruan, 2010). La autocorrelación espacial es una medida de la similaridad o disimilaridad de dos sitios cercanos con relación a los pares seleccionados aleatoriamente (Borcard et al., 2011). El análisis de correlación espacial se realizó siguiendo la metodología descrita por Batlle (2020). En primer lugar, los datos de la matriz de comunidad fueron transformados midiendo la distancia Hellinger, y se generó la vecindad para la matriz ambiental. Entonces, la autocorrelación de las especies y las variables ambientales se midió a partir de un correlograma. Posteriormente, se eliminaron las tendencias espaciales de autocorrelación transformando la matriz de comunidad Hellinger en una matriz de posiciones XY, para luego realizar una prueba Mantel de correlograma. De igual forma, se evaluó la autocorrelación espacial por I de Moran sin tomar en cuenta las tendencias espaciales.

Los análisis fueron realizados en la consola de RStudio (R Core Team, 2020) administrada por José Ramón Martínez Batlle. Para acceder a la consola se realizó mediante el navegador Google Chrome en una computadora personal de prestaciones básicas. Los paquetes utilizados para los diferentes análisis fueron Oksanen et al. (2019), R. Kindt & Coe (2005), Wickham (2017) y De Caceres & Legendre (2009).

### 3 Resultados

La familia Chrysobalanaceae se encuentra representada en BCI por un total de 4,821 individuos formada por las especies *Hirtella americana*, *Hirtella triandra*, *Licania platypus* y *Licania hypoleuca* **1**. La especie más abundante fue *Hirtella triandra*, que representa un 90% de la composición de la familia en BCI.

Table 1: Tabla de abundancias de las especies de Chrysobalanaceae en BCI

Latin	n
<i>Hirtella triandra</i>	4408
<i>Licania platypus</i>	251
<i>Licania hypoleuca</i>	141
<i>Hirtella americana</i>	21

Los análisis de agrupamiento por medio de las cuatro técnicas mostraron grupos similares, con un grupo consistente en todas las técnicas formado por los sitios 24, 25, 29 y 30. Los dendrogramas que mostraron mayor correlación cofenética fueron los creados por los métodos de enlace

completo y enlace promedio (UPGMA). El número de grupos obtenido mediante el cálculo de anchura de silueta fue de dos para los dendrogramas generados por enlace completo, por enlace promedio (UPGMA) y por Ward.

El mapa de calor generado para los dendrogramas muestra ligeramente la apariencia de tres grupos, sin embargo el análisis mediante bootstrap multiescalar refuerza la partición en solo dos grupos para UPGMA, Ward y por enlace completo. Ya que los dendrogramas generados por UPGMA y por enlace completo mostraron resultados muy similares, los dendrogramas utilizados para posteriores análisis fueron los generados por medio de agrupamiento por enlace completo y Ward para dos grupos óptimos [2](#). El grupo uno formado por 46 sitios y el grupo dos formado por 4 sitios [3](#).

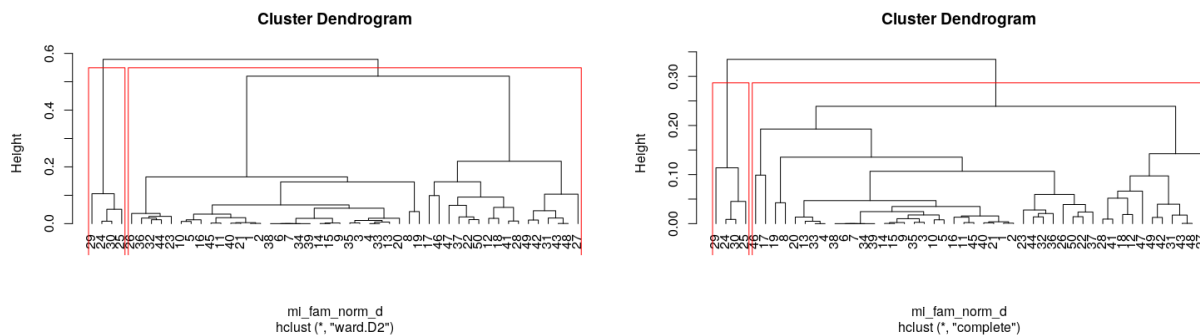


Figure 2: Dendrogramas generados por análisis de agrupamiento

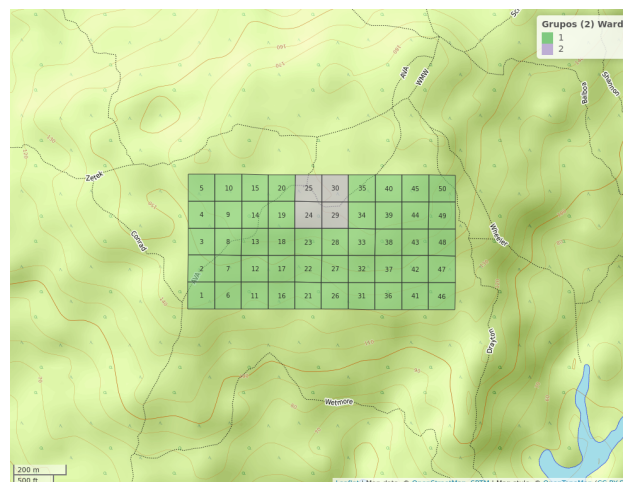


Figure 3: Mapa según grupos generados por análisis de agrupamiento

Las pruebas de igualdad de promedios realizadas por medio de t-student mostró que las variables heterogeneidad ambiental, Nitrógeno y elevación media muestran relación significativa con los grupos formados por medio del análisis de agrupamiento. La suma de rangos de Wilcoxon no se realizó, debido a que esta prueba se utiliza para una anchura de silueta de tres o más, y los modelos de agrupamiento que se utilizaron se realizaron para dos grupos óptimos.

Los análisis de especies indicadoras o con preferencia por determinados hábitats dio como

resultado que *Licania hypoleuca* parece ser una especie indicadora para el grupo 2 (formado por los sitios 24, 25, 29 y 30).

Mediante el cálculo de los factores de inflación (VIF) de las variables de suelo y ambientales se escogió un grupo reducido de variables que tuvieran poca correlación entre ellas con un VIF menor de 10. Las variables escogidos fueron Aluminio, Cobre, Manganeseo, Nitrógeno, pH, Nitrógeno mineralizado, elevación media, heterogeneidad ambiental y orientación media.

El análisis de componentes principales para los datos de variables ambientales seleccionadas dio como resultado que los sitios se asocian en dos grupos distintivos, sin embargo estos grupos no se corresponden con los generados por medio del análisis de agrupamiento por enlace completo (4).

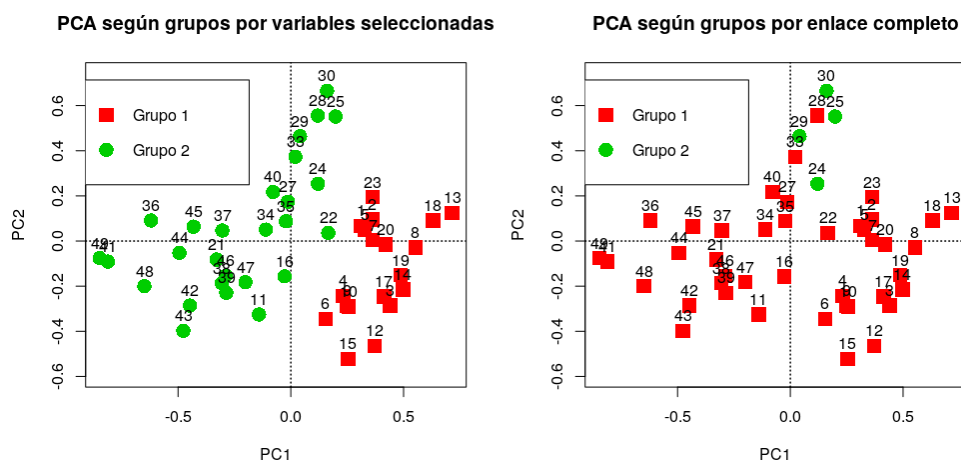
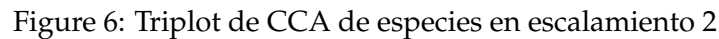


Figure 4: Analisis de Componentes Principales por grupos

El análisis de componentes principales (PCA) aplicado a la matriz de comunidad muestra la relación de *Licania hypoleuca* con los sitios del grupo 2 del análisis de agrupamiento generado por enlace completo 5, al igual que en el análisis de correspondencia. Esta especie parece asociarse de manera inversa con la abundancia de Manganeseo. Las especies *Hirtella triandra* e *Hirtella americana* presentan correlación inversa, pues los vectores se muestran en direcciones completamente opuestas.



**Triplot de CCA especies según variables seleccionadas, escalamiento 2**



7

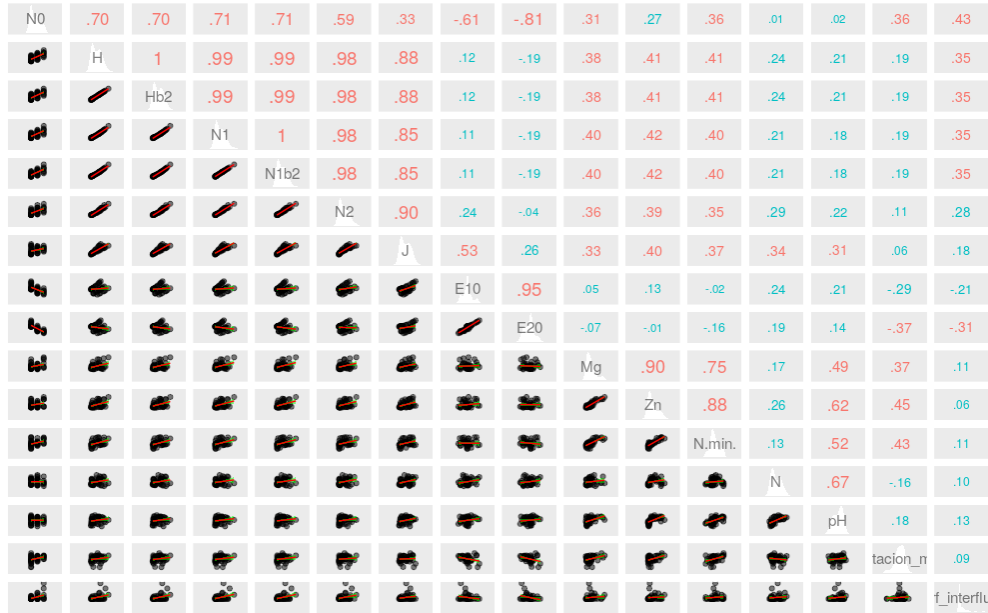


Figure 7: Análisis de Correlación de Pearson aplicados a índices de diversidad según variables ambientales

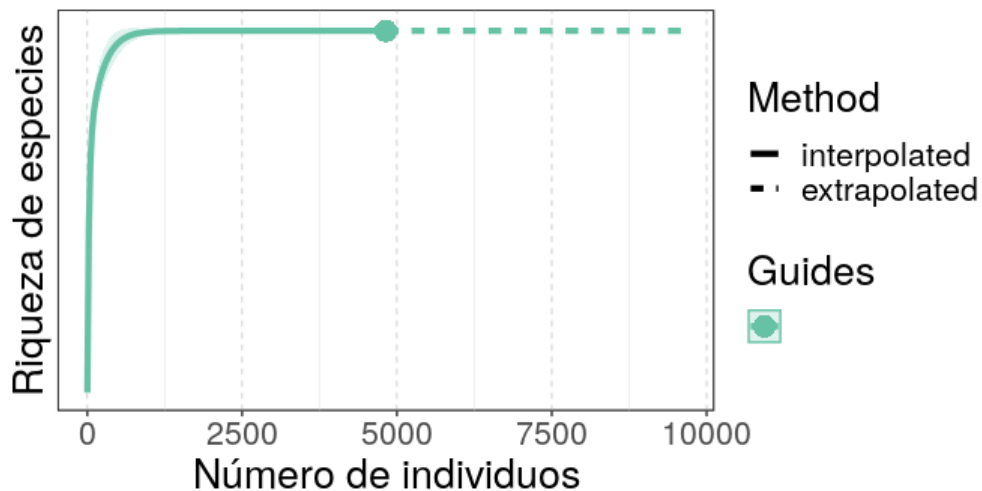


Figure 8: Gráfico de rarefacción para toda la comunidad

Sin embargo, al realizar la estimación de la riqueza por medio de los estimadores de Chao para los grupos generados en el análisis de agrupamiento, se estima que el grupo 1 se encuentra representado en un 100%, pero para el grupo 2 es necesario aumentar el esfuerzo de muestreo. Esto puede deberse a la desigualdad del número de sitios en los grupos.

La diversidad beta multiplicativa disminuye mientras aumenta la importancia de la abundancia más que la riqueza, esto se debe a la autocorrelación espacial de los sitios, y demuestra que la diversidad de la comunidad está marcada por la presencia de especies indicadoras. Las especies que muestran contribución a la diversidad beta son *Licania hypoleuca* y *Licania platypus*, mientras que ninguno de los sitios resultó como contribuyente.



Mediante la prueba de correlograma las variables Boro, Calcio, Magnesio, Zinc, Nitrógeno, pH y Nitrógeno mineralizado mostraron correlación en múltiples órdenes (9). La prueba Mantel sin tendencias de autocorrelación muestra que en los residuos la correlación no es significativa, por lo que parece que hay una dependencia espacial inducida por las variables ambientales. El I de moran aplicado a la matriz sin tendencia espacial dio como resultado que *Licania hypoleuca* e *Hirtella triandra* se encuentran en un patrón aglomerativo (10). La variable que muestra un patrón aglomerativo común con los grupos generados mediante el análisis de agrupamiento es la elevación media.

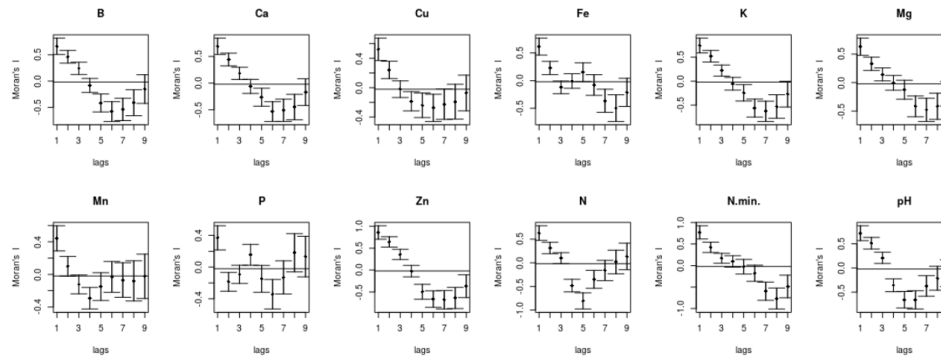


Figure 9: Correlograma de variables ambientales

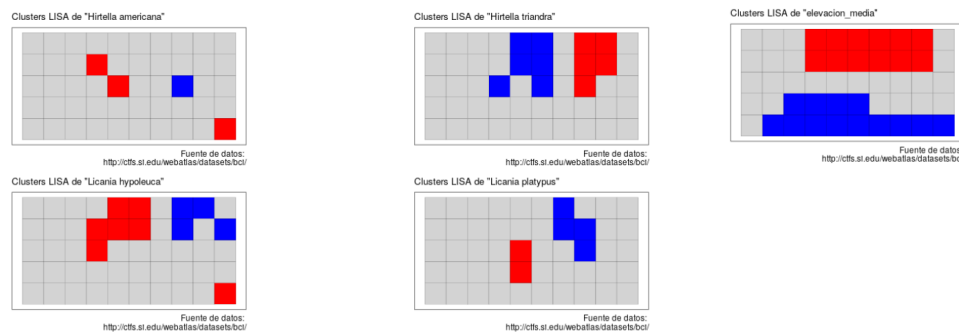


Figure 10: Mapas Lisa generados para las especies de Chrysobalanaceae y elevación media

#### 4 Discusión

La combinación de diferentes técnicas de ecología numérica nos permitió detectar las relaciones existentes entre la composición de especies de la familia Chrysobalanaceae y las variables ambientales. Esta familia posee un alto número de individuos debido a *Hirtella triandra* que es una de las especies más abundantes de BCI. Debido a que las demás especies pertenecientes a la familia poseen una abundancia menor de 300 individuos, se confirma que los sitios se caracterizan por las especies raras.

Los sitios se distinguieron en dos grupos, uno de ellos caracterizado por la abundancia de *Licania hypoleuca*, este grupo está formado por los sitios 24, 25, 29 y 30. Las variables ambientales que mostraron asociación a este grupo fueron la heterogeneidad ambiental, Nitrógeno y elevación media, las cuáles también se mostraron relacionadas en el análisis de componentes principales

(PCA). Estos hallazgos señalan que *Licania hypoleuca* es una especie especialista para ambientes con valores altos de variación de los factores abióticos.

Las técnicas de análisis de ordenación al comparar sitios y especies muestra que los sitios del grupo 2 se encuentran correlacionados con la abundancia de *Licania hypoleuca*, y esta a su vez parece asociarse de manera inversa con la abundancia de Manganeseo. Estos resultados confirman la hipótesis de que los sitios se caracterizan por la presencia de la especies raras, y la abundancia de estas especies está determinada por las variables ambientales. El análisis de correspondencia canónica señala que *Hirtella triandra* e *Hirtella americana* se relacionan de manera inversa. Esto se refleja en los sitios donde *H. americana* es más abundante, los cuáles son los sitios donde *H. triandra* tiene un menor número de individuos. Esto puede significar que la distribución de *H. americana* no es de manera irregular, como explica Condit (1998), sino que es inversamente proporcional a la abundancia de *H. triandra*.

Las variables ambientales que mostraron relación con el agrupamiento de los sitios no fueron las mismas que se relacionan con la diversidad alpha, estos resultados no confirman la premisa de que los factores ambientales que influyen en la diversidad alpha son los mismos que determinan la composición de especies en el agrupamiento de los sitios. El método de muestreo utilizado para generar la base de datos usada en esta investigación se trata de un censo, por lo tanto se espera que el análisis de estimación de riqueza muestra una alta completitud de la muestra, y estos son los resultados que se obtiene al realizar los estimadores de riqueza de Chao.

Las especies *Licania hypoleuca* e *Licania platypus* son las especies que resultaron contribuyentes a la diversidad beta de la comunidad, este resultado confirma lo obtenido en el estudio de especies indicadoras en el análisis de agrupamiento, pero aporta nueva información mostrando a *L. platypus* como una especie que aporta a la variación de la diversidad entre sitios, esto puede deberse a la poca abundancia que posee en comparación a la abundancia total de la familia.

Los datos parecen mostrar una correlación espacial inducida por algunas variables ambientales esto confirma que, la cercanía de los sitios aumenta la correlación espacial debido a que la variación de los factores abióticos en zonas cercanas son bajos. Al generar los mapas Lisa las especies *Licania hypoleuca* e *Hirtella triandra* parecen mostrar un patrón aglomerado y se solapan con los sitios del grupo 2, lo cual demuestra que los valores de abundancia altos de *Licania hypoleuca* son una de las características de este grupo, y además modela que se relaciona con una baja abundancia de *Hirtella triandra*. La orientación media también muestra un patrón aglomerado que solapa con los sitios del grupo 2, confirmando una vez más que esta variable es una de las características de estos sitios.

El hallazgo de que las especies poco abundantes son las que caracterizan los sitios, y éstas a su vez son dependientes de diversos factores ambientales, implica que los patrones diversidad, distribución y asociación de las comunidades son determinados por las especies especialistas. Posterior a estos estudios, se recomienda aplicar técnicas de ecología numérica a diferentes grupos de datos para comparar los resultados, y abundar en como las especies son una característica importante para la descripción de los hábitat, y a su vez como estas se relacionan o son dependientes de diferentes variables ambientales. También es posible realizar nuevos estudios de esta familia pero en sitios distintos para identificar como estas especies interactúan unas con otras y con las variables del ambiente.

## 5 Agradecimientos

Agradezco al profesor José Martínez Batlle por sus enseñanzas y su apoyo en el análisis de esta investigación. También al Smithsonian Tropical Research Institute por la obtención y el suministro

de los datos.

## 6 *Script reproducible*

```
## [1] "#' Script Reproducible"
## [2] "#' "
## [3] "#' "
## [4] "#' Cargar paquetes"
## [5] "#'"
## [6] "library(vegan)"
## [7] "library(tidyverse)"
## [8] "library(sf)"
## [9] "source('biodata/funciones.R')"
## [10] "#'"
## [11] "#' Cargar datos"
## [12] "load('biodata/Chrysobalanaceae.Rdata')"
## [13] "load('biodata/matriz_ambiental.Rdata')"
## [14] "bci_env_grid %>% tibble"
## [15] "censo_chrys %>% tibble"
## [16] "#'"
## [17] "#' Analisis Exploratorio"
## [18] "#' Lista de especies: 4"
## [19] "sort(colnames(mc_chrys))"
## [20] "#'"
## [21] "#' Abundancia de toda la comunidad"
## [22] "sum(colSums(mc_chrys))"
## [23] "#'"
## [24] "#' Abundancia por cuadrante"
## [25] "sort(rowSums(mc_chrys))"
## [26] "#'"
## [27] "#' Abundancia por especie"
## [28] "sort(colSums(mc_chrys))"
## [29] "#'"
## [30] "#' Tabla de abundancias"
## [31] "abun_sp <- censo_chrys %>% "
## [32] "  group_by(Latin) %>% "
## [33] "  count() %>% "
## [34] "  arrange(desc(n))"
## [35] "abun_sp"
## [36] "#'"
## [37] "#' Analisis de Agrupamiento"
## [38] "#' Cargar otros paquetes"
## [39] "library(cluster)"
## [40] "library(gclus)"
## [41] "library(pvclust)"
## [42] "library(mapview)"
## [43] "library(RColorBrewer)"
```

```

## [44] "library(broom)"
## [45] "library(indicspecies)"
## [46] "#'"
## [47] "#' Crear abreviaturas de la familia"
## [48] "mi_fam <- mc_chrys"
## [49] "(colnames(mi_fam) <- make.cepnames(colnames(mi_fam)))"
## [50] "(df_equivalencias <- data.frame("
## [51] "  nombre_original = colnames(mc_chrys),"
## [52] "  colnames(mi_fam)))"
## [53] "#'"
## [54] "grupos_ward_k2 <- readRDS('grupos_ward_k2.RDS')"
## [55] "table(grupos_ward_k2)"
## [56] "grupos_compl_k2 <- readRDS('grupos_compl_k2.RDS')"
## [57] "table(grupos_compl_k2)"
## [58] "#'"
## [59] "#'#' Cargar paletas de colores"
## [60] "rojo <- colorRampPalette(brewer.pal(8, \"Reds\"))"
## [61] "rojo_inv <- colorRampPalette(rev(brewer.pal(8, \"Reds\")))"
## [62] "colores_grupos <- brewer.pal(8, \"Accent\")"
## [63] "#'"
## [64] "#' Transformar la matriz de comunidad"
## [65] "#'"
## [66] "mi_fam_norm <- decostand(mi_fam, \"normalize\")"
## [67] "mi_fam_norm_d <- vegdist(mi_fam_norm, \"euc\")"
## [68] "mi_fam_norm_d %>% tidy"
## [69] "attr(mi_fam_norm_d, \"labels\") <- rownames(mi_fam)"
## [70] "#' "
## [71] "#' Agrupamiento por Enlace completo"
## [72] "(cl_complete <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'))"
## [73] "plot(cl_complete, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,"
## [74] "      main = \"Sitios de BCI según composición de especies de Chrysobalanaceae\\nEnlace"
## [75] "      xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')"
```

```

## [76] "#' Agrupamiento por medio de Ward"
## [77] "(cl_ward <- hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2'))"
## [78] "plot(cl_ward, labels = rownames(mi_fam), hang = -1,"
## [79] "      main = \"Sitios de BCI según composición de especies de Chrysobalanaceae\\nMétodo"
## [80] "      xlab = 'Sitios', ylab = 'Altura')"
```

```

## [81] "#' "
## [82] "#' Medicion de la correlacion cofenetica"
## [83] "#' "
## [84] "lista_cl <- list("
## [85] "  cl_complete = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'complete'),"
## [86] "  cl_ward = hclust(mi_fam_norm_d, method = 'ward.D2')"
```

```

## [87] ")"
```

```

## [88] "par(mfrow = c(1,2))"
## [89] "invisible(map(names(lista_cl), function(x) plot(lista_cl[[x]], main = x, hang = -1, ce"
## [90] "par(mfrow = c(1,1))"
## [91] "#'"

```

```

## [92] "map_df(lista_cl, function(x) {"
## [93] "   coph_d <- cophenetic(x)"
## [94] "   corr <- cor(mi_fam_norm_d, coph_d)"
## [95] "   return(corr)"
## [96] "}")"
## [97] "#'"
## [98] "#' Calculo de la anchura de siluetas"
## [99] "#'"
## [100] "anch_sil_ward <- calcular_anchuras_siluetas("
## [101] "   mc_orig = mi_fam, "
## [102] "   distancias = mi_fam_norm_d, "
## [103] "   cluster = lista_cl$cl_ward)"
## [104] "anch_sil_ward"
## [105] "w_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_ward, mi_fam_norm_d)"
## [106] "plot(w_dend_reord, hang = -1)"
## [107] "rect.hclust("
## [108] "   tree = w_dend_reord,"
## [109] "   k = anch_sil_ward$n_grupos_optimo)"
## [110] "heatmap("
## [111] "   as.matrix(mi_fam_norm_d),"
## [112] "   Rowv = as.dendrogram(w_dend_reord),"
## [113] "   symm = TRUE,"
## [114] "   margin = c(3, 3),"
## [115] "   col = rev(cm.colors(4))"
## [116] ")"
## [117] "#' Bootstrap"
## [118] "cl_pvclust_ward <- "
## [119] "   pvclust(t(mi_fam_norm),"
## [120] "           method.hclust = \"ward.D2\"),"
## [121] "           method.dist = \"euc\"),"
## [122] "           iseed = 191, # Resultado reproducible"
## [123] "           parallel = TRUE)"
## [124] "plot(cl_pvclust_ward, hang = -1)"
## [125] "lines(cl_pvclust_ward)"
## [126] "pvrect(cl_pvclust_ward, alpha = 0.91, border = 4)"
## [127] "saveRDS(grupos_ward_k2, 'grupos_ward_k2.RDS')"
## [128] "#' Para complete"
## [129] "anch_sil_compl <- calcular_anchuras_siluetas("
## [130] "   mc_orig = mi_fam, "
## [131] "   distancias = mi_fam_norm_d, "
## [132] "   cluster = lista_cl$cl_complete)"
## [133] "anch_sil_compl"
## [134] "(grupos_compl_k2 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_complete, k = 2)))"
## [135] "table(grupos_compl_k2)"
## [136] "#'"
## [137] "w_dend_reord <- reorder.hclust(lista_cl$cl_complete, mi_fam_norm_d)"
## [138] "plot(w_dend_reord, hang = -1)"
## [139] "rect.hclust("

```

```

## [140] " tree = w_dend_reord,"
## [141] " k = anch_sil_compl$n_grupos_optimo)"
## [142] "#'"
## [143] "heatmap("
## [144] " as.matrix(mi_fam_norm_d),"
## [145] " Rowv = as.dendrogram(w_dend_reord),"
## [146] " symm = TRUE,"
## [147] " margin = c(3, 3),"
## [148] " col = rev(cm.colors(4))"
## [149] ")"
## [150] "#' Bootstrap"
## [151] "cl_pvclust_compl <- "
## [152] " pvclust(t(mi_fam_norm),"
## [153] "         method.hclust = \"complete\"),"
## [154] "         method.dist = \"euc\"),"
## [155] "         iseed = 27, # Resultado reproducible"
## [156] "         parallel = TRUE)"
## [157] "plot(cl_pvclust_compl, hang = -1)"
## [158] "lines(cl_pvclust_compl)"
## [159] "pvrect(cl_pvclust_compl, alpha = 0.91, border = 4)"
## [160] "(grupos_compl_k2 <- as.factor(cutree(lista_cl$cl_complete, k = 2)))"
## [161] "table(grupos_compl_k2)"
## [162] "saveRDS(grupos_compl_k2, 'grupos_compl_k2.RDS')"
## [163] "#'"
## [164] "#' Relación de Variables ambientales con grupos de Ward"
## [165] "(m_amb_ward_k2 <- bci_env_grid %>%"
## [166] "  select_if(is.numeric) %>% select(-id) %>% "
## [167] "  mutate(grupos_ward_k2) %>%"
## [168] "  st_drop_geometry() %>% "
## [169] "  pivot_longer(-grupos_ward_k2, names_to = \"variable\", values_to = \"valor\"))"
## [170] "#' "
## [171] "m_amb_ward_k2 %>%"
## [172] "  group_by(variable) %>%"
## [173] "  summarise("
## [174] "    p_valor_t = t.test(valor ~ grupos_ward_k2)$p.value,"
## [175] "    p_valor_w = wilcox.test(valor ~ grupos_ward_k2, exact = F)$p.value) %>%"
## [176] "  arrange(p_valor_t) %>%"
## [177] "  print(n=Inf)"
## [178] "#' "
## [179] "m_amb_ward_k2 %>% "
## [180] "  group_by(variable) %>% "
## [181] "  ggplot() + aes(x = grupos_ward_k2, y = valor, fill = grupos_ward_k2) + "
## [182] "  geom_boxplot() + "
## [183] "  scale_fill_brewer(palette = 'Accent') + "
## [184] "  theme_bw() + "
## [185] "  theme(legend.position=\"none\") + "
## [186] "  facet_wrap(~ variable, scales = 'free_y'))"
## [187] "#' "

```

```

## [188] "#' Mapa de grupos por medio de Ward"
## [189] "mapa_ward_k2 <- mapView("
## [190] "  bci_env_grid %>% mutate(grupos_ward_k2),"
## [191] "  layer.name = 'Grupos (2) Ward',"
## [192] "  alpha.regions = 0.6,"
## [193] "  map.types = 'OpenTopoMap',"
## [194] "  legend = T,"
## [195] "  col.regions = colores_grupos[1:2],"
## [196] "  zcol = 'grupos_ward_k2') %>% "
## [197] "  addStaticLabels(label = bci_env_grid$id) %>% "
## [198] "  leaflet::setView("
## [199] "    lng = -79.85136,"
## [200] "    lat = 9.15097,"
## [201] "    zoom = 16)"
## [202] "mapa_ward_k2"
## [203] "#' "
## [204] "#' Especies indicadoras para Ward_k2"
## [205] "iva_ward_k2 <- multipatt("
## [206] "  x = mi_fam,"
## [207] "  cluster = grupos_ward_k2,"
## [208] "  func = 'IndVal.g',"
## [209] "  max.order = 2,"
## [210] "  control = how(nperm = 999))"
## [211] "summary(iva_ward_k2, indvalcomp = TRUE)"
## [212] "colSums(mi_fam)"
## [213] "(p_ward_adj <- p.adjust(iva_ward_k2$sign$p.value))"
## [214] "(iva_ward_boot <- strassoc("
## [215] "  X = mi_fam,"
## [216] "  cluster = grupos_ward_k2,"
## [217] "  func = \"IndVal.g\",",
## [218] "  nboot = 1000))"
## [219] "#'"
## [220] "phi_ward_k2 <- multipatt("
## [221] "  mi_fam,"
## [222] "  grupos_ward_k2,"
## [223] "  func = \"r.g\",",
## [224] "  max.order = 2,"
## [225] "  control = how(nperm = 999))"
## [226] "summary(phi_ward_k2)"
## [227] "colSums(mi_fam)"
## [228] "(phi_ward_boot <- strassoc("
## [229] "  X = mi_fam,"
## [230] "  cluster = grupos_ward_k2,"
## [231] "  func = \"r.g\",",
## [232] "  nboot = 1000))"
## [233] "#'"
## [234] "#' Cargar otros paquetes"
## [235] "library(ape)"

```

```

## [236] "library(spdep)"
## [237] "library(ade4)"
## [238] "library(adegraphics)"
## [239] "library(adespatial)"
## [240] "library(gridExtra)"
## [241] "library(grid)"
## [242] "library(gtable)"
## [243] "library(magrittr)"
## [244] "library(plyr)"
## [245] "library(SpadeR)"
## [246] "library(iNEXT)"
## [247] "library(vegetarian)"
## [248] "source('https://raw.githubusercontent.com/maestria-geotel-master/unidad-3-asignacion-1'"
## [249] "#' Tecnicas de ordenacion"
## [250] "#' "
## [251] "#' Hacer una matriz de variables ambientales solo con variables seleccionadas"
## [252] "env_select <- bci_env_grid %>% "
## [253] "  st_drop_geometry %>% "
## [254] "  dplyr::select_if(is.numeric) %>% "
## [255] "  dplyr::select(-id) %>% "
## [256] "  dplyr::select(Al, Cu, Mn, N, N.min., pH, elevacion_media, heterogeneidad_ambiental,"
## [257] "env_select %>% tibble"
## [258] "#' "
## [259] "#' Analisis de Redundancia"
## [260] "mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')"
## [261] "mi_fam_hel %>% tibble"
## [262] "mi_fam_hel_rda_select <- rda(mi_fam_hel ~ ., env_select)"
## [263] "summary(mi_fam_hel_rda_select)"
## [264] "#'"
## [265] "RsquareAdj(mi_fam_hel_rda_select)$adj.r.squared"
## [266] "vif.cca(mi_fam_hel_rda_select)"
## [267] "#' "
## [268] "#' Analisis de Componentes Principales"
## [269] "env_select_pca <- rda(env_select, scale = TRUE)"
## [270] "env_select_pca"
## [271] "summary(env_select_pca)"
## [272] "#'"
## [273] "par(mfrow = c(1, 2))"
## [274] "cleanplot.pca(env_select_pca, scaling = 1, mar.percent = 0.08, cex.char1 = 0.5)"
## [275] "cleanplot.pca(env_select_pca, scaling = 2, mar.percent = 0.04, cex.char1 = 0.5)"
## [276] "par(mfrow = c(1, 1))"
## [277] "#'"
## [278] "(env_agrupamiento <- hclust(dist(scale(env_select)), 'ward.D'))"
## [279] "(env_grupos <- cutree(env_agrupamiento, k = 2))"
## [280] "(mi_cluster <- factor(env_grupos))"
## [281] "(mi_cluster_l <- levels(mi_cluster))"
## [282] "(mi_cluster_l_seq <- 1:length(mi_cluster_l))"
## [283] "(puntuaciones <- scores(env_select_pca, display = 'wa', scaling = 1))"

```



```

## [284] "par(mfrow = c(1, 2))"
## [285] "grafico_base <- plot("
## [286] "  env_select_pca,"
## [287] "  display = \"wa\", \"
## [288] "  scaling = 1,\"
## [289] "  type = \"n\", \"
## [290] "  main = \"PCA según grupos por variables seleccionadas\""
## [291] ")\"
## [292] "abline(v = 0, lty = \"dotted\")\"
## [293] "abline(h = 0, lty = \"dotted\")\"
## [294] "for (i in mi_cluster_l_seq) {"
## [295] "  points(puntuaciones[mi_cluster == i, ],\"
## [296] "          pch = (14 + i),\"
## [297] "          cex = 2,\"
## [298] "          col = i + 1)\"
## [299] "}\"
## [300] "text(puntuaciones, row.names(env_select), cex = 1, pos = 3)\"
## [301] "legend(\"
## [302] "  \"topleft\", # Otras alternativas: \"bottomleft\", \"bottomright\" y \"topleft\""
## [303] "  paste(\"Grupo\", c(mi_cluster_l_seq)),\"
## [304] "  pch = 14 + c(mi_cluster_l_seq),\"
## [305] "  col = 1 + c(mi_cluster_l_seq),\"
## [306] "  pt.cex = 2\"
## [307] ")\"
## [308] "#'"
## [309] "(mi_cluster_anterior <- grupos_compl_k2)\"
## [310] "(mi_cluster_anterior_l <- levels(mi_cluster_anterior))\"
## [311] "(mi_cluster_anterior_l_seq <- 1:length(mi_cluster_anterior_l))\"
## [312] "grafico_base <- plot("
## [313] "  env_select_pca,\"
## [314] "  display = \"wa\", \"
## [315] "  scaling = 1,\"
## [316] "  type = \"n\", \"
## [317] "  main = \"PCA según grupos por enlace completo\""
## [318] ")\"
## [319] "abline(v = 0, lty = \"dotted\")\"
## [320] "abline(h = 0, lty = \"dotted\")\"
## [321] "for (i in mi_cluster_anterior_l_seq) {"
## [322] "  points(puntuaciones[mi_cluster_anterior == i, ],\"
## [323] "          pch = (14 + i),\"
## [324] "          cex = 2,\"
## [325] "          col = i + 1)\"
## [326] "}\"
## [327] "text(puntuaciones, row.names(env_select), cex = 1, pos = 3)\"
## [328] "legend(\"
## [329] "  \"topleft\", # Otras alternativas: \"bottomleft\", \"bottomright\" y \"topleft\""
## [330] "  paste(\"Grupo\", c(mi_cluster_anterior_l_seq)),\"
## [331] "  pch = 14 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),\"

```

```

## [332] " col = 1 + c(mi_cluster_anterior_l_seq),"
## [333] " pt.cex = 2"
## [334] ")"
## [335] "par(mfrow = c(1, 1))"
## [336] "#'"
## [337] "#' PCA a datos de comunidad"
## [338] "mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, method = 'hellinger')"
## [339] "mi_fam_hel %>% tibble"
## [340] "mi_fam_hel_pca <- rda(mi_fam_hel)"
## [341] "summary(mi_fam_hel_pca)"
## [342] "#'"
## [343] "biplot("
## [344] " mi_fam_hel_pca,"
## [345] " main = \"PCA escalamiento 2 con ajuste a variables seleccionadas\""
## [346] "(mi_fam_hel_pca_envfit <- envfit(mi_fam_hel_pca, env_select, scaling = 2))"
## [347] "plot(mi_fam_hel_pca_envfit, p.max = 0.05 , col = 3)"
## [348] "#'"
## [349] "#' Analisis de Correspondencia"
## [350] "mi_fam_ca <- cca(mi_fam)"
## [351] "summary(mi_fam_ca)"
## [352] "summary(mi_fam_ca, scaling = 1)"
## [353] "par(mfrow = c(1, 2))"
## [354] "plot(mi_fam_ca,"
## [355] "      scaling = 1,"
## [356] "      main = \"Análisis de correspondencia, escalamiento 1\""
## [357] ")"
## [358] "plot(mi_fam_ca,"
## [359] "      scaling = 2, # Por defecto scaling=2, lo escribo sólo para fines didáticos"
## [360] "      main = \"Análisis de correspondencia, escalamiento 2\""
## [361] "par(mfrow = c(1, 1))"
## [362] "#'"
## [363] "#' Analisis de Correspondencia Canonica"
## [364] "mi_fam_cca_select <- cca(mi_fam ~ ., env_select)"
## [365] "summary(mi_fam_cca_select)"
## [366] "RsquareAdj(mi_fam_cca_select)"
## [367] "#' "
## [368] "plot(mi_fam_cca_select,"
## [369] "      scaling = 2,"
## [370] "      display = c(\"sp\", \"lc\", \"cn\"),"
## [371] "      main = \"Triplot de CCA especies según variables seleccionadas, escalamiento 2\""
## [372] ")"
## [373] "#' "
## [374] "#' Analisis de Diversidad"
## [375] "#' "
## [376] "(indices <- alpha_div(mi_fam))"
## [377] "indices_sitios <- indices[-c(6,7,34,38,39),] #Para sitios con mas de una especie"
## [378] "pairs(indices_sitios,"
## [379] "      lower.panel = panel.smooth,"

```

```

## [380] "      upper.panel = panel.cor,"
## [381] "      diag.panel = panel.hist,"
## [382] "      main = \"Pearson Correlation Matrix\""
## [383] "#' "
## [384] "indices_env <- bind_cols("
## [385] "  indices_sitios,"
## [386] "  bci_env_grid[-c(6,7,34,38,39),] %>% "
## [387] "    select_if(is.numeric) %>% "
## [388] "    st_drop_geometry %>% "
## [389] "    select(-id) %>% "
## [390] "    select(Mg, Zn, N.min., N, pH, orientacion_media, geomorf_interfluvio_pct))"
## [391] "indices_env %>% tibble"
## [392] "ezCorM(indices_env, r_size_lims = c(3,5), label_size = 4)"
## [393] "#'"
## [394] "#' Modelos de abundancia de especies"
## [395] "riqueza <- specnumber(mi_fam)"
## [396] "abundancia <- rowSums(mi_fam)"
## [397] "(rango_abun <- range(abundancia))"
## [398] "riqueza_menor_abun <- rarefy(mi_fam, sample = rango_abun[1])"
## [399] "sort(riqueza)"
## [400] "sort(round(riqueza_menor_abun))"
## [401] "rarecurve("
## [402] "  mi_fam,"
## [403] "  step = 1,"
## [404] "  sample = rango_abun[1],"
## [405] "  xlab = \"Número de individuos (tamaño de muestra)\", "
## [406] "  ylab = \"Especies\", "
## [407] "  label = TRUE,"
## [408] "  col = \"blue\""
## [409] ") "
## [410] "#' Estimacion de la riqueza para toda la comunidad y para los grupos"
## [411] "mi_fam_combinada <- colSums(mi_fam)"
## [412] "mi_fam_combinada %>% sort"
## [413] "mi_fam_combinada_chao <- estimacion_riqueza_chao("
## [414] "  mc = mi_fam_combinada,"
## [415] "  n_raras = 22)"
## [416] "mi_fam_combinada_chao$asintoticos_estimacion"
## [417] "mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion"
## [418] "mi_fam_combinada_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico"
## [419] "#'"
## [420] "mi_fam_k2 <- mi_fam %>% "
## [421] "  mutate(g=grupos_ward_k2) %>% "
## [422] "  group_by(g) %>% "
## [423] "  summarise_all(sum) %>% "
## [424] "  select(-g) %>% "
## [425] "  data.frame"
## [426] "mi_fam_k2 %>% rowSums %>% sort"
## [427] "mi_fam_k2_chao <- estimacion_riqueza_chao("

```

```

## [428] " mc = mi_fam_k2,"
## [429] " n_raras = 22)"
## [430] "mi_fam_k2_chao$asintoticos_estimacion"
## [431] "mi_fam_k2_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion"
## [432] "mi_fam_k2_chao$no_asintoticos_rarefaccion_extrapolacion_grafico"
## [433] "#' "
## [434] "#' Diversidad beta"
## [435] "determinar_contrib_local_y_especie("
## [436] " mc = mi_fam,"
## [437] " alpha = 0.05,"
## [438] " nperm = 9999,"
## [439] " metodo = 'hellinger')"
```

```

## [440] "#' "
## [441] "#' Analisis de Ecologia Espacial"
## [442] "#'"
## [443] "#' Transformar matriz a Hellinger y generar vecindad"
## [444] "mi_fam_hel <- decostand(mi_fam, \"hellinger\")"
## [445] "bci_env_grid_sp <- bci_env_grid %>% as_Spatial"
## [446] "centroides <- bci_env_grid %>% st_centroid"
## [447] "bci_xy <- centroides %>% st_coordinates %>% as.data.frame"
## [448] "(vecindad <- bci_env_grid_sp %>% poly2nb)"
## [449] "(pesos_b <- nb2listw(vecindad, style = 'B'))"
## [450] "plot(bci_env_grid_sp)"
## [451] "plot(vecindad, coords = bci_xy, add=T, col = 'red')"
```

```

## [452] "#'"
## [453] "#' Autocorrelacion mediante correlograma para variables ambientales"
## [454] "bci_env_grid_num <- bci_env_grid %>%"
## [455] " st_drop_geometry %>% "
```

```

## [456] " select_if(is.numeric) %>% "
```

```

## [457] " select(B, Ca, Mg, Zn, N, pH, N.min.)"
```

```

## [458] "suppressWarnings(auto_amb <- calcular_autocorrelacion("
## [459] " df_fuente = bci_env_grid_num,"
## [460] " orden = 9,"
## [461] " obj_vecindad = vecindad))"
```

```

## [462] "print(auto_amb, digits = 2, p.adj.method = 'holm')"
```

```

## [463] "dim_panel <- rev(n2mfrow(ncol(bci_env_grid_num)))"
```

```

## [464] "par(mfrow = dim_panel)"
```

```

## [465] "suppressWarnings(invisible(lapply(auto_amb, function(x) plot(x, main = x$var))))"
```

```

## [466] "#'"
## [467] "#' Correlograma de Mantel sin tendencias espaciales"
## [468] "mi_fam_sin_tendencia <- resid("
## [469] " lm(as.matrix(mi_fam_hel) ~ .,"
## [470] " data = bci_xy))"
```

```

## [471] "mi_fam_sin_tendencia_d <- dist(mi_fam_sin_tendencia)"
## [472] "(mi_fam_correlograma <- mantel.correlog("
## [473] " mi_fam_sin_tendencia_d,"
## [474] " XY = bci_xy,"
## [475] " nperm = 999))"
```

```

## [476] "plot(mi_fam_correlograma)"
## [477] "#'"
## [478] "#' Calculo de I de Moran y mapas Lisa para especies sin tendencia y algunas variables
## [479] "#'"
## [480] "(autocor_global_residuos <- sapply("
## [481] "  dimnames(mi_fam_sin_tendencia)[[2]],"
## [482] "  function(x)"
## [483] "    moran.mc("
## [484] "      x = mi_fam_sin_tendencia[,x],"
## [485] "      listw = pesos_b,"
## [486] "      zero.policy = T,"
## [487] "      nsim = 9999),"
## [488] "      simplify = F))"
## [489] "#'"
## [490] "bci_env_grid_num_sf <- bci_env_grid %>% "
## [491] "  select_if(is.numeric) %>% "
## [492] "  select(-id, -UTM.EW, -UTM.NS)"
## [493] "bci_env_grid_num_sf %>% tibble"
## [494] "lisamaps_amb <- sapply(grep('geometry', names(bci_env_grid_num_sf), invert = T, value
## [495] "  function(x) {"
## [496] "    m <- lisamap(objesp = bci_env_grid_num_sf[x],"
## [497] "      var = x,"
## [498] "      pesos = pesos_b,"
## [499] "      tituloleyenda = 'Significancia (\\"x-y\\", léase c
## [500] "      leyenda = F,"
## [501] "      anchuratitulo = 50,"
## [502] "      tamanotitulo = 10,"
## [503] "      fuentedatos = '\\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/da
## [504] "      titulumapa = paste0('Clusters LISA de \\"", x, '\\
## [505] "      return(m$grafico)"
## [506] "    }, simplify = F"
## [507] ")'"
## [508] "lisamaps_amb$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisamaps_amb[[1]] + t
## [509] "grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[1:12], nrow = 3)), lisamaps_amb$ley
## [510] "grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[13:22], nrow = 3)), lisamaps_amb$le
## [511] "grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_amb[23:31], nrow = 3)), lisamaps_amb$le
## [512] "#'"
## [513] "mi_fam_sintendencia_sf <- bci_env_grid %>% select %>% bind_cols(mi_fam_sin_tendencia %
## [514] "lisamaps_mifam_sintendencia <- sapply("
## [515] "  grep('geometry', names(mi_fam_sintendencia_sf), invert = T, value = T),"
## [516] "  function(x) {"
## [517] "    m <- lisamap(objesp = mi_fam_sintendencia_sf[x],"
## [518] "      var = x,"
## [519] "      pesos = pesos_b,"
## [520] "      tituloleyenda = 'Significancia (\\"x-y\\", léase como \\"x\\" rodeado de
## [521] "      leyenda = F,"
## [522] "      anchuratitulo = 50,"
## [523] "      tamanotitulo = 10,"

```

```
## [524] "          fuentedatos = '\\nhttp://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/',"
## [525] "          titulomapa = paste0('Clusters LISA de \'", x, '\\\"'))"
## [526] "      # dev.new();print(m$grafico)"
## [527] "      return(m$grafico)"
## [528] "    }, simplify = F"
## [529] "  )"
## [530] "lisamaps_mifam_sintendencia$leyenda <- gtable_filter(ggplot_gtable(ggplot_build(lisama
## [531] "grid.arrange(do.call('arrangeGrob', c(lisamaps_mifam_sintendencia, nrow = 3)), heights
```

## Referencias

Bardon, L., Chamagne, J., Dexter, K. G., Sothers, C. A., Prance, G. T., & Chave, J. (2013). Origin and evolution of chrysobalanaceae: Insights into the evolution of plants in the neotropics. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 171(1), 19–37.

Battle, 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., Gillet, F., Legendre, P., & others. (2011). *Numerical ecology with r* (Vol. 2). Springer.

Cantrell, R. S., Cosner, C., & Ruan, S. (2010). *Spatial ecology*. CRC Press.

Condit, R. (1998). *Tropical forest census plots: Methods and results from barro colorado island, panama and a comparison with other plots*. Springer Science & Business Media.

Condit, R., Hubbell, S. P., Lafrankie, J. V., Sukumar, R., Manokaran, N., Foster, R. B., & Ashton, P. S. (1996). Species-area and species-individual relationships for tropical trees: A comparison of three 50-ha plots. *Journal of Ecology*, 549–562.

Croat, T. B. (1978). *Flora of barro colorado island*. Stanford University Press.

De Caceres, M., & Legendre, P. (2009). Associations between species and groups of sites: Indices and statistical inference. In *Ecology*. Retrieved from <http://sites.google.com/site/miqueldecaceres/>

Feitosa, E. A., Xavier, H. S., & Randau, K. P. (2012). Chrysobalanaceae: Traditional uses, phytochemistry and pharmacology. *Revista Brasileira de Farmacognosia*, 22(5), 1181–1186.

Future, P. for a. (2021). *Licania rigida* (benth). Retrieved November 11, 2021, from <https://pfaf.org/user/Plant.aspx?LatinName=Licania+rigida>

Grandtner, M. M., & Chevrette, J. (2013). *Dictionary of trees, volume 2: South america: Nomenclature, taxonomy and ecology*. Academic Press.

Hubbell, S. P., & Foster, R. B. (1992). Short-term dynamics of a neotropical forest: Why ecological research matters to tropical conservation and management. *Oikos*, 48–61.

Hubbell, S., Condit, R., & Foster, R. (2010). Forest census plot on barro colorado island. Retrieved November 30),, from <http://ctfs.si.edu/webatlas/datasets/bci/>

Kindt, R., & Coe, R. (2005). *Tree diversity analysis. a manual and software for common statistical methods for ecological and biodiversity studies*. Retrieved from <http://www.worldagroforestry.org/output/tree-diversity-analysis>

Krebs, C. J. (2014). *Ecological methodology* (3rd ed.).

Lange, O. L., Nobel, P. S., Osmond, C. B., & Ziegler, H. (2013). *Physiological plant ecology iii: Responses to the chemical and biological environment* (Vol. 12). Springer Science & Business Media.

Legendre, P., & Gallagher, E. D. (2001). Ecologically meaningful transformations for ordination

of species data. *Oecologia*, 129(2), 271–280.

Legendre, P., & Legendre, L. (2012). *Numerical ecology*. Elsevier.

Lomolino, M. V., Riddle, B. R., Whittaker, R. J., & Brown, J. H. (2010). *Biogeography*.

Magurran, A. (2004). Measuring biological diversity. 2004. *Malden: Blackwell*.

Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., ... Wagner, H. (2019). *Vegan: Community ecology package*. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>

Prance, G. (2014). Chrysobalanaceae. In *Flowering plants. eudicots* (pp. 19–28). Springer.

R Core Team. (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. Retrieved from <https://www.R-project.org/>

Regional Conservation, T. I. for. (2020). Chrysobalanus icaco, chrysobalanaceae. Retrieved November 11, 2021, from <https://regionalconservation.org/beta/nfyn/plantdetail.asp?tx=Chryicac&tx=Chryicac>

Sang, W., & Bai, F. (2008). Vascular diversity patterns of forest ecosystem before and after a 43-year interval under changing climate conditions in the changbaishan nature reserve, northeastern china. In *Forest ecology* (pp. 115–130). Springer.

Sothers, C., Prance, G. T., Buerki, S., De Kok, R., & Chase, M. W. (2014). Taxonomic novelties in neotropical chrysobalanaceae: Towards a monophyletic couepia. *Phytotaxa*, 172(2), 176–200.

Wickham, H. (2017). *Tidyverse: Easily install and load the 'tidyverse'*. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=tidyverse>