

Partición de la variación en comunidades de ácaros, influencia ambiental y espacial

Lisanny de la Rosa (Matrícula 100675664)

2026-02-17

Contents

Resumen (Abstract)	1
1. Introducción	2
2. Materiales y métodos	2
2.2. Preparación de datos (decisiones analíticas)	4
2.3. Técnica principal (núcleo del ejercicio)	4
2.4. Verificación mínima de supuestos / diagnósticos	4
2.5. Reproducibilidad	4
3. Resultados	5
3.1. Resultados del AED	6
3.2. Resultados de la técnica principal	6
3.3. Resultados complementarios (opcionales)	6
4. Discusión	6
4.1. Respuesta directa a preguntas/hipótesis	6
4.2. Interpretación conectada con teoría	6
4.3. Implicaciones biogeográficas/ecológicas (y conservación si aplica)	6
5. Aporte del trabajo	6
6. Limitaciones	6
7. Conclusiones	6
Referencias	6
Apéndice A. Bitácora de decisiones (incluye IA)	6
A.1. Decisiones analíticas	6
A.2. Uso de IA (si aplica)	7

Resumen (Abstract)

Escribe 150–250 palabras. Incluye: (i) problema, (ii) datos, (iii) técnica principal, (iv) 1–2 hallazgos, (v) conclusión principal y 1 limitación.

Palabras clave: palabra1; palabra2; palabra3; ...

1. Introducción

La identificación de los factores que determinan la distribución de las especies constituye un eje central en la ecología. Se reconoce que las comunidades biológicas están estructuradas tanto por condiciones ambientales como por procesos espaciales, incluyendo dispersión y dinámica histórica (Borcard et al., 2011). En este marco, la partición de la variación se ha consolidado como una herramienta metodológica que permite separar la influencia de estas dimensiones y evaluar su importancia relativa en la organización de las comunidades (Borcard et al., 1992).

Los ácaros oribátidos, organismos abundantes en suelos y turberas, ofrecen un modelo idóneo para este tipo de análisis. Su distribución puede estar condicionada por variables ambientales como la densidad del sustrato, el contenido de agua y el tipo de sustrato, pero también por procesos espaciales relacionados con la dispersión limitada y la heterogeneidad del hábitat (Borcard et al., 2004). El conjunto de datos clásico de la turbera de Quebec constituye un escenario de referencia para aplicar estas técnicas y explorar cómo se combinan los factores ambientales y espaciales en la estructuración de comunidades.

En este contexto, el problema central consiste en distinguir la contribución relativa de cada dimensión. Una primera pregunta que orienta este trabajo es si existe evidencia de dispersión limitada en las comunidades de ácaros. Si la fracción espacial pura explica una proporción significativa de la variación, ello sugeriría que la distribución de las especies no depende únicamente del ambiente, sino también de restricciones en la dispersión. Una segunda pregunta se refiere a la escala espacial considerada: ¿qué nivel de detalle falta por capturar en el modelo? Si la fracción inexplicada resulta elevada, podría indicar que las variables espaciales utilizadas no reflejan toda la estructura espacial, lo que abriría la posibilidad de incorporar escalas más finas o más amplias en futuros análisis. De estas preguntas se deriva la hipótesis de que tanto las variables ambientales como las espaciales contribuyen a explicar la variación en la composición de especies, pero que existe una fracción espacial significativa independiente del ambiente, lo que apoyaría la idea de que la dispersión limitada y la estructura espacial del hábitat desempeñan un papel clave en la organización de las comunidades.

Este análisis se inscribe en el marco más amplio de las ciencias ecológicas y biogeográficas. La integración de factores ambientales y espaciales permite avanzar hacia una comprensión más completa de los procesos que generan y mantienen la biodiversidad. La partición de la variación no solo aporta evidencia sobre la ecología de los ácaros, sino que también contribuye a debates generales sobre la importancia relativa del nicho y la dispersión en la estructuración de comunidades, un tema central en la ecología contemporánea Cottenie (2005).

2. Materiales y métodos

Área de estudio y datos de la comunidad de ácaros

Para este estudio se emplearon los conjuntos de datos mite, mite.env y mite.xy, disponibles en el paquete vegan de R (Oksanen et al., 2025). El dataset mite contiene la abundancia de especies de ácaros en 70 muestras de sustrato, mientras que mite.env provee información ambiental asociada a cada muestra (densidad del sustrato, contenido de agua y tipo de sustrato). El dataset mite.xy incluye las coordenadas espaciales de las muestras, permitiendo la incorporación de gradientes espaciales en los análisis.

Variables ambientales

Las condiciones ambientales asociadas a cada muestra se obtuvieron del dataset complementario mite.env. Este incluye tres variables relevantes:

- Densidad del sustrato (SubsDens), que refleja la compactación del medio y puede influir en la disponibilidad de microhábitats.
- Contenido de agua (WatrCont), indicador de humedad, un factor crítico para la supervivencia y dispersión de los ácaros.
- Tipo de sustrato (Substrate), variable categórica que distingue entre diferentes clases de hábitat, aportando información sobre heterogeneidad ambiental.

Estas variables fueron seleccionadas por su relevancia ecológica y por representar condiciones físicas y químicas que potencialmente afectan la estructura de las comunidades de ácaros.

Variables espaciales

La información espacial proviene del dataset mite.xy, que contiene las coordenadas de cada muestra en el área de estudio. A partir de estas coordenadas se generaron polinomios espaciales de primer y segundo orden (x, y, x^2 , y^2 , xy). Este procedimiento permite modelar gradientes espaciales y capturar patrones de autocorrelación espacial en la distribución de las especies. La inclusión de polinomios espaciales es una aproximación común para representar procesos de dispersión limitada y efectos espaciales no directamente asociados a las variables ambientales medidas.

Transformación de datos La matriz de abundancia de especies fue transformada mediante la estandarización de Hellinger (decostand(mite, "hellinger")). Esta transformación convierte las abundancias en valores relativos y aplica una raíz cuadrada, reduciendo la influencia de especies dominantes y evitando problemas asociados a la doble ausencia. El método de Hellinger es ampliamente recomendado para análisis de ordenación y partición de varianza en ecología comunitaria, ya que preserva las relaciones de similitud entre muestras y mejora la interpretación de los resultados.

Análisis estadístico

El análisis principal consistió en una partición de varianza mediante la función varpart() del paquete vegan. Este procedimiento permite descomponer la varianza explicada en cuatro fracciones:

- Ambiente puro ([a]), correspondiente a la varianza explicada únicamente por las variables ambientales.
- Espacio puro ([b]), correspondiente a la varianza explicada únicamente por las variables espaciales.
- Fracción compartida ([c]), que refleja la varianza explicada simultáneamente por ambiente y espacio, indicando estructuración espacial de las condiciones ambientales.
- Varianza residual ([d]), que representa la proporción no explicada por los predictores considerados.

El significado estadístico de las fracciones de interés se evaluó mediante análisis de redundancia (RDA) y pruebas de permutación (anova.cca()), lo que permite determinar si las asociaciones observadas son robustas y no producto del azar. Este enfoque proporciona una visión integral de los factores que estructuran las comunidades de ácaros, diferenciando entre efectos puramente ambientales, espaciales y compartidos.

```
#>
#> Partition of variance in RDA
#>
#> Call: varpart(Y = Y, X = mite.env[, c("SubsDens", "WatrCont",
#> "Substrate")], S)
#>
#> Explanatory tables:
#> X1: mite.env[, c("SubsDens", "WatrCont", "Substrate")]
#> X2: S
#>
#> No. of explanatory tables: 2
#> Total variation (SS): 27.205
#> Variance: 0.39428
#> No. of observations: 70
#>
#> Partition table:
#>                               Df R.squared Adj.R.squared Testable
#> [a+c] = X1                  8  0.42839    0.35343     TRUE
#> [b+c] = X2                  5  0.35495    0.30455     TRUE
#> [a+b+c] = X1+X2            13  0.54761    0.44259     TRUE
#> Individual fractions
#> [a] = X1|X2                 8                0.13804     TRUE
```

```

#> [b] = X2|X1      5          0.08916   TRUE
#> [c]              0          0.21539   FALSE
#> [d] = Residuals           0.55741   FALSE
#> ---
#> Use function 'rda' to test significance of fractions of interest

```

2.1.2. Diseño de muestreo y variables

Describe: unidad muestral, variables biológicas (respuesta) y ambientales (explicativas), tipos de variables, rangos, NA, etc.

2.1.3. Limitaciones del dataset

Señala limitaciones **reales** (tamaño muestral, sesgos, variables omitidas, representatividad, escalas, etc.).

2.2. Preparación de datos (decisiones analíticas)

2.2.1. Limpieza y manejo de NA

2.2.2. Transformaciones y estandarización

Explica qué transformación aplicas y **por qué**.

2.2.3. Medida(s) de distancia (si aplica)

Declara la(s) distancia(s) y justifica (tipo de datos, objetivo, supuestos).

2.3. Técnica principal (núcleo del ejercicio)

Describe la técnica, qué responde, qué representa cada salida y sus supuestos.

2.4. Verificación mínima de supuestos / diagnósticos

Aquí no se trata de “cumplir por cumplir”: explica **qué chequeas** y qué implica.

2.5. Reproducibilidad

Declara cómo garantizas reproducibilidad: semilla, sesión, orden de ejecución.

```

#> R version 4.4.0 (2024-04-24)
#> Platform: x86_64-pc-linux-gnu
#> Running under: Ubuntu 22.04.4 LTS
#>
#> Matrix products: default
#> BLAS:    /usr/lib/x86_64-linux-gnu/openblas-pthread/libblas.so.3
#> LAPACK: /usr/lib/x86_64-linux-gnu/openblas-pthread/libopenblas-p0.3.20.so; LAPACK version 3.10.0
#>
#> locale:
#> [1] LC_CTYPE=C.UTF-8        LC_NUMERIC=C          LC_TIME=C.UTF-8
#> [4] LC_COLLATE=C.UTF-8     LC_MONETARY=C.UTF-8   LC_MESSAGES=C.UTF-8
#> [7] LC_PAPER=C.UTF-8       LC_NAME=C            LC_ADDRESS=C
#> [10] LC_TELEPHONE=C        LC_MEASUREMENT=C.UTF-8 LC_IDENTIFICATION=C
#>
#> time zone: Etc/UTC
#> tzcode source: system (glibc)
#>

```

```

#> attached base packages:
#> [1] stats      graphics   grDevices utils      datasets   methods    base
#>
#> other attached packages:
#> [1] readr_2.1.5       tidyverse_1.3.1     dplyr_1.1.4
#> [4] ggplot2_3.5.2     SpadeR_0.1.1       iNEXT_3.0.1
#> [7] adeSpatial_0.3-23 indicSpecies_1.7.14 cluster_2.1.6
#> [10] vegan_2.6-6.1    lattice_0.22-6    permute_0.9-7
#>
#> loaded via a namespace (and not attached):
#> [1] DBI_1.2.3          deldir_2.0-4       s2_1.1.6
#> [4] rlang_1.1.5         magrittr_2.0.3     ade4_1.7-22
#> [7] e1071_1.7-14       compiler_4.4.0    mgcv_1.9-1
#> [10] png_0.1-8          vctrs_0.6.5       reshape2_1.4.4
#> [13] stringr_1.5.1    pkgconfig_2.0.3   wk_0.9.1
#> [16] crayon_1.5.3     fastmap_1.2.0    utf8_1.2.4
#> [19] promises_1.3.2   rmarkdown_2.27   tzdb_0.4.0
#> [22] ps_1.8.1          purrr_1.0.4      xfun_0.53
#> [25] seqinr_4.2-36    jsonlite_1.8.9   progress_1.2.3
#> [28] later_1.4.1      adegenet_2.1.10  uuid_1.2-0
#> [31] jpeg_0.1-10       parallel_4.4.0  prettyunits_1.2.0
#> [34] R6_2.5.1          stringi_1.8.4   RColorBrewer_1.1-3
#> [37] boot_1.3-30       Rcpp_1.0.14      bookdown_0.39
#> [40] knitr_1.47        adephylo_1.1-16  httpuv_1.6.15
#> [43] Matrix_1.7-0     adegraphics_1.0-21 splines_4.4.0
#> [46] igraph_2.0.3     tidyselect_1.2.1 rstudioapi_0.17.1
#> [49] yaml_2.3.10      phylobase_0.8.12 websocket_1.4.1
#> [52] processx_3.8.5  tibble_3.2.1     plyr_1.8.9
#> [55] withr_3.0.2      shiny_1.10.0    evaluate_0.24.0
#> [58] sf_1.0-16         units_0.8-5     spData_2.3.1
#> [61] proxy_0.4-27     xml2_1.3.6      pillar_1.9.0
#> [64] KernSmooth_2.23-24 generics_0.1.3  sp_2.1-4
#> [67] chromote_0.4.0   hms_1.1.3      munsell_0.5.1
#> [70] scales_1.3.0     xtable_1.8-4   rncl_0.8.7
#> [73] class_7.3-22     glue_1.8.0      tools_4.4.0
#> [76] interp_1.1-6     XML_3.99-0.16.1 grid_4.4.0
#> [79] spdep_1.3-5      ape_5.8       RNeXML_2.4.11
#> [82] latticeExtra_0.6-30 colorspace_2.1-0 nlme_3.1-165
#> [85] cli_3.6.3        fansi_1.0.6    gtable_0.3.5
#> [88] digest_0.6.37    classInt_0.4-10 htmltools_0.5.8.1
#> [91] lifecycle_1.0.4   httr_1.4.7     mime_0.12
#> [94] MASS_7.3-61

```

3. Resultados

Presenta resultados en el mismo orden que Métodos. Cada figura/tabla debe tener: (i) qué muestra, (ii) resultado clave, (iii) vínculo con preguntas.

3.1. Resultados del AED

3.2. Resultados de la técnica principal

3.3. Resultados complementarios (opcionales)

4. Discusión

4.1. Respuesta directa a preguntas/hipótesis

Responde P1, P2, etc., citando evidencia concreta (figuras/tablas).

4.2. Interpretación conectada con teoría

Vuelve a los conceptos del checklist y muestra que los entiendes: qué significa el patrón, qué no significa, y bajo qué supuestos.

4.3. Implicaciones biogeográficas/ecológicas (y conservación si aplica)

¿Qué sugiere tu análisis sobre procesos, filtros ambientales, dispersión, estructura espacial, heterogeneidad?

5. Aporte del trabajo

En 3–6 líneas: ¿qué aporta tu trabajo? (Puede ser metodológico: “muestra cómo...”; o conceptual: “sugiere que...”)

6. Limitaciones

Lista 3–6 limitaciones **reales**:

- Dataset (muestra, variables, escala)
- Método (supuestos, sensibilidad a parámetros, distancia, transformación)
- Generalización (qué NO puedes concluir)

7. Conclusiones

3–6 bullets o un párrafo corto. Deben ser defendibles y estar sustentadas en resultados.

Referencias

Apéndice A. Bitácora de decisiones (incluye IA)

Registra decisiones clave y evidencia de verificación. No es “para delatarte”: es para mostrar trazabilidad.

A.1. Decisiones analíticas

- Transformación elegida: ... (por qué)
- Distancia elegida: ... (por qué)
- Parámetros clave: ... (por qué)
- Alternativas probadas: ... (qué cambió)

A.2. Uso de IA (si aplica)

Si usaste IA, documenta qué preguntaste y cómo verificaste.

- Objetivo de la consulta: ...
 - Resumen de la respuesta recibida: ...
 - Cómo verifiqué (doc, ayuda de R, manual, paper, etc.): ...
 - Qué adopté y qué descarté: ...
-

- Borcard, D., Gillet, F., & Legendre, P. (2011). *Numerical ecology with r*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-7976-6>
- Borcard, D., Legendre, P., Avois-Jacquet, C., & Tuomisto, H. (2004). Dissecting the spatial structure of ecological data at multiple scales. *Ecology*, 85(7), 1826–1832. <https://doi.org/10.1890/03-3111>
- Borcard, D., Legendre, P., & Drapeau, P. (1992). Partialling out the spatial component of ecological variation. *Ecology*, 73(3), 1045–1055. <https://doi.org/10.2307/1940179>
- Cottenie, K. (2005). Integrating environmental and spatial processes in ecological community dynamics. *Ecology Letters*, 8(11), 1175–1182. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00820.x>
- Hubbell, S. P. (2011). The unified neutral theory of biodiversity and biogeography. In *The unified neutral theory of biodiversity and biogeography*. Princeton University Press.
- Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P., McGlinn, D., Minchin, P. R., O'Hara, R. B., Simpson, G. L., Solymos, P., Stevens, M. H. H., Szoecs, E., & Wagner, H. (2025). *Vegan: Community ecology package*. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>