

CCA-RDA

Santos G

Tabla de contenidos

1	Contexto de proyecto (CCA-RDA)	1
2	Carga de librerías y dataset	1
3	Preparación de datos y transformaciones	1
4	Colinealidad en variables ambientales (VIF)	3
5	RDA: ajuste, tests y resumen	3
6	CCA: ajuste, tests y resumen	8
7	Comparación RDA vs CCA	12
8	Conclusiones	12

1 Contexto de proyecto (CCA-RDA)

El presente análisis busca comprender cómo las variaciones en la composición de especies vegetales entre sitios se relacionan con gradientes ambientales edáficos y químicos. Para ello, se aplican métodos de ordenación multivariada que permiten resumir la compleja estructura de los datos y explorar las asociaciones entre comunidades biológicas y variables ambientales. El enfoque CCA/RDA amplía la interpretación al incorporar explícitamente la relación entre las especies y los gradientes ambientales medidos. Estas técnicas permiten identificar qué variables explican la mayor parte de la variación en la composición florística y visualizar los principales ejes ecológicos que estructuran la comunidad.

2 Carga de librerías y dataset

```
1 # Librerías principales
2 library(tidyverse)    # manipulación y ggplot2
3 library(vegan)        # rda(), cca(), anova.cca(), vif.cca(), decostand()
4 library(knitr)        # kable()
5 library(ggrepel)      # etiquetas en ggplot
6 library(broom)        # tidy() si lo necesitas
7
```

```

8 # Datos de ejemplo
9 data(varespec)
10 data(varechem)

```

3 Preparación de datos y transformaciones

```

1 # Comprobar dimensiones de las matrices
2
3 dims <- tibble(
4   objeto = c("varespec (especies)", "varechem (ambientales)"),
5   filas = c(nrow(varespec), nrow(varechem)),
6   columnas = c(ncol(varespec), ncol(varechem))
7 )
8 knitr::kable(dims)

```

Tabla 1: Dimensiones de los conjuntos de datos biológicos (varespec) y ambientales (varechem)

objeto	filas	columnas
varespec (especies)	24	44
varechem (ambientales)	24	14

```

1 # Revisar rareza (proporción de ceros)
2
3 zero_prop <- tibble(
4   variable = colnames(varespec),
5   prop_zero = colSums(varespec == 0) / nrow(varespec)
6 )
7
8 zero_prop %>%
9   arrange(desc(prop_zero)) %>%
10  head(6) %>%
11  knitr::kable(digits = 3)

```

Tabla 2: Proporción de ceros en las primeras seis especies de la matriz de abundancias

variable	prop_zero
Betupube	0.875
Cladamau	0.875
Cladcerv	0.875
Hylosple	0.833
Icmaeric	0.833
Cladphyl	0.833

```

1 # Transformaciones para análisis
2
3 varespec_hel <- decostand(varespec, method = "hellinger") # para RDA
4 varespec_log <- decostand(varespec, method = "log", na.rm = TRUE) # para CCA
5
6 # Escalar variables ambientales
7
8 varechem_scaled <- scale(varechem)

```

Antes de realizar los análisis de ordenación canónica (CCA y RDA), se verificó la estructura de los datos biológicos (varespec) y ambientales (varechem), estos muestran que ambos conjuntos de datos poseen el mismo número de filas (sitios de muestreo), garantizando la correspondencia entre las matrices de especies y variables ambientales (ver Tabla 1).

Posteriormente, se evaluó la proporción de ceros en la matriz de abundancias de especies (ver Tabla 2). Una alta proporción de ceros es común en datos ecológicos, ya que muchas especies presentan distribuciones restringidas o baja frecuencia en los sitios. Sin embargo, valores excesivos pueden generar sesgos en los métodos lineales, lo que justifica la aplicación de transformaciones previas.

En este caso, se aplicaron dos transformaciones complementarias:

- **Transformación de Hellinger** (`decostand(..., method = "hellinger")`), adecuada para análisis de redundancia (RDA), ya que suaviza la influencia de especies muy abundantes y permite el uso de métodos basados en distancias euclidianas.
- **Transformación logarítmica** (`decostand(..., method = "log")`), recomendada para la CCA, que asume relaciones unimodales entre especies y gradientes ambientales.

Finalmente, las variables ambientales se escalaron (`scale()`), asegurando que todas contribuyan de manera comparable a los análisis, independientemente de sus unidades originales.

4 Colinealidad en variables ambientales (VIF)

```

1 # Modelo RDA preliminar para evaluar VIF
2 rda_prelim <- rda(varespec_hel ~ ., data = as.data.frame(varechem_scaled))
3 vif_vals <- vif.cca(rda_prelim) # VIF por variable en vegan
4 vif_tbl <- tibble(variable = names(vif_vals), VIF = round(vif_vals, 3))
5 knitr::kable(vif_tbl)

```

Tabla 3: VIF (inflación de la varianza) para variables ambientales (modelo RDA preliminar)

variable	VIF
N	1.884
P	6.185
K	11.747
Ca	9.826
Mg	9.595
S	18.461
Al	20.332

Tabla 3: VIF (inflación de la varianza) para variables ambientales (modelo RDA preliminar)

variable	VIF
Fe	8.849
Mn	5.168
Zn	7.755
Mo	4.575
Baresoil	2.213
Humdepth	5.639
pH	6.910

Se presentan los valores del Factor de Inflación de la Varianza (VIF) para cada variable ambiental incluida en el modelo RDA preliminar (ver Tabla 3). El VIF mide cuánto se incrementa la varianza de un coeficiente debido a la colinealidad con las demás variables. En este caso, las variables S (18.46) y Al (20.33) presentan colinealidad excesiva y deberían eliminarse o combinarse con otras relacionadas antes de ajustar el modelo final. Además, K (11.75) y Ca (9.83) están en el límite superior y podrían retenerse con precaución o someterse a una selección posterior basada en significancia ecológica o estadística.

5 RDA: ajuste, tests y resumen

```

1 # Calcular VIF para identificar colinealidad
2
3 vif_vals <- vif.cca(rda(varespec_hel ~ .,
4 data = as.data.frame(varechem_scaled)))
5 vif_tbl <- tibble(variable = names(vif_vals), VIF = vif_vals)
6
7 # Seleccionar variables con VIF <= 10
8
9 vars_select <- vif_tbl %>%
10 filter(VIF <= 10) %>%
11 pull(variable)
12
13 # Ajustar modelo RDA con variables depuradas
14
15 form <- as.formula(paste("varespec_hel ~", paste(vars_select,
16 collapse = " + ")))
17 rda_mod2 <- rda(form, data = as.data.frame(varechem_scaled))
18
19 # Evaluaciones estadísticas
20
21 anova_rda_global <- anova.cca(rda_mod2, permutations = 999)
22 anova_rda_axes <- anova.cca(rda_mod2, by = "axis", permutations = 999)
23 anova_rda_terms <- anova.cca(rda_mod2, by = "terms", permutations = 999)
24
25 # Tabla de resultados
26
27 knitr::kable(broom::tidy(anova_rda_global))

```

Tabla 4: ANOVA global RDA depurado (permutaciones)

term	df	Variance	statistic	p.value
Model	11	0.2139955	1.54933	0.032
Residual	12	0.1506778	NA	NA

El modelo RDA depurado resultó estadísticamente significativo ($F = 1.55$, $p = 0.032$), lo que indica que las variables ambientales seleccionadas explican una proporción relevante de la variación en la composición de especies (ver Tabla 4).

```
1 # Tabla ANOVA por ejes
2
3 knitr::kable(broom::tidy(anova_rda_axes))
```

Tabla 5: ANOVA por ejes RDA depurado

term	df	Variance	statistic	p.value
RDA1	1	0.1002774	7.9861113	0.070
RDA2	1	0.0578672	4.6085541	0.265
RDA3	1	0.0156129	1.2434131	1.000
RDA4	1	0.0124031	0.9877820	NA
RDA5	1	0.0109701	0.8736637	NA
RDA6	1	0.0059894	0.4769977	NA
RDA7	1	0.0041455	0.3301457	NA
RDA8	1	0.0023206	0.1848132	NA
RDA9	1	0.0018126	0.1443536	NA
RDA10	1	0.0015195	0.1210155	NA
RDA11	1	0.0010771	0.0857823	NA
Residual	12	0.1506778	NA	NA

El análisis por ejes muestra que los dos primeros componentes (RDA1 y RDA2) concentran la mayor proporción de la varianza explicada por el modelo (0.1 y 0.058, respectivamente) (ver Tabla 5). Aunque solo el primer eje se aproxima a la significancia estadística ($p = 0.07$), este patrón es común en análisis ecológicos, donde la primera dimensión suele resumir los principales gradientes ambientales dominantes.

```
1 # Tabla ANOVA por términos
2
3 knitr::kable(broom::tidy(anova_rda_terms))
```

Tabla 6: ANOVA por términos RDA depurado (cada variable)

term	df	Variance	statistic	p.value
N	1	0.0247781	1.9733309	0.086
P	1	0.0317265	2.5267067	0.034
Ca	1	0.0197257	1.5709617	0.156
Mg	1	0.0046957	0.3739683	0.931

Tabla 6: ANOVA por términos RDA depurado (cada variable)

term	df	Variance	statistic	p.value
Fe	1	0.0514913	4.1007711	0.006
Mn	1	0.0166130	1.3230645	0.240
Zn	1	0.0100008	0.7964681	0.534
Mo	1	0.0101538	0.8086485	0.531
Baresoil	1	0.0078140	0.6223115	0.718
Humdepth	1	0.0232214	1.8493565	0.108
pH	1	0.0137750	1.0970443	0.341
Residual	12	0.1506778	NA	NA

El análisis por términos revela que las variables Fósforo (P) y Hierro (Fe) son los predictores más influyentes en la estructura de la comunidad, con efectos estadísticamente significativos ($p = 0.034$ y $p = 0.006$, respectivamente). Otras variables, como Nitrógeno (N) y Profundidad del horizonte húmico (Humdepth), muestran una tendencia marginal ($p \approx 0.086$ – 0.108), lo que sugiere que podrían estar asociadas a gradientes secundarios de composición (ver Tabla 6).

En contraste, variables como Magnesio (Mg), Zinc (Zn), Molibdeno (Mo) o cobertura de suelo desnudo (Baresoil) presentaron valores de p elevados ($p > 0.3$), indicando una contribución limitada a la variación de especies en el modelo (ver Tabla 6).

En conjunto, estos resultados indican que la fertilidad edáfica, particularmente el contenido de P y Fe, desempeña un papel central en la organización de la comunidad vegetal. Por otro lado, el efecto limitado de variables como Mg, Zn, Mo o Baresoil refleja una menor contribución a los patrones de variación de especies dentro del rango ambiental estudiado.

```

1 # Extraer scores del modelo RDA depurado
2 site_scr <- scores(rda_mod2, display = "sites")
3 sp_scr   <- scores(rda_mod2, display = "species")
4 env_scr  <- scores(rda_mod2, display = "bp") # bp = biplot scores
5
6 # Convertir a tibble con nombres
7 site_df <- as_tibble(site_scr, rownames = "site")
8 sp_df   <- as_tibble(sp_scr, rownames = "species")
9 env_df  <- as_tibble(env_scr, rownames = "var")
10
11 # Graficar biplot diferenciado
12 ggplot() +
13   # Puntos de sitios (azul)
14   geom_point(data = site_df, aes(x = RDA1, y = RDA2), color = "#1f77b4",
15             size = 3, alpha = 0.8) +
16   geom_text_repel(data = site_df, aes(x = RDA1, y = RDA2, label = site),
17                 size = 3, color = "#1f77b4") +
18
19   # Puntos de especies (rojo)
20   geom_point(data = sp_df, aes(x = RDA1, y = RDA2), color = "#d62728",
21             size = 2, alpha = 0.7) +
22   geom_text_repel(data = sp_df, aes(x = RDA1, y = RDA2, label = species),
23                 size = 2.5, color = "#d62728") +
24

```

```

25 # Vectores ambientales (negros)
26 geom_segment(data = env_df, aes(x = 0, y = 0, xend = RDA1, yend = RDA2),
27             arrow = arrow(length = unit(0.25, "cm")), color = "black") +
28 geom_text_repel(data = env_df, aes(x = RDA1, y = RDA2, label = var),
29               size = 3, color = "black") +
30
31 # Etiquetas y tema
32 labs(title = "Biplot RDA (RDA1 vs RDA2)",
33       x = "RDA1", y = "RDA2") +
34 theme_minimal(base_size = 12)

```

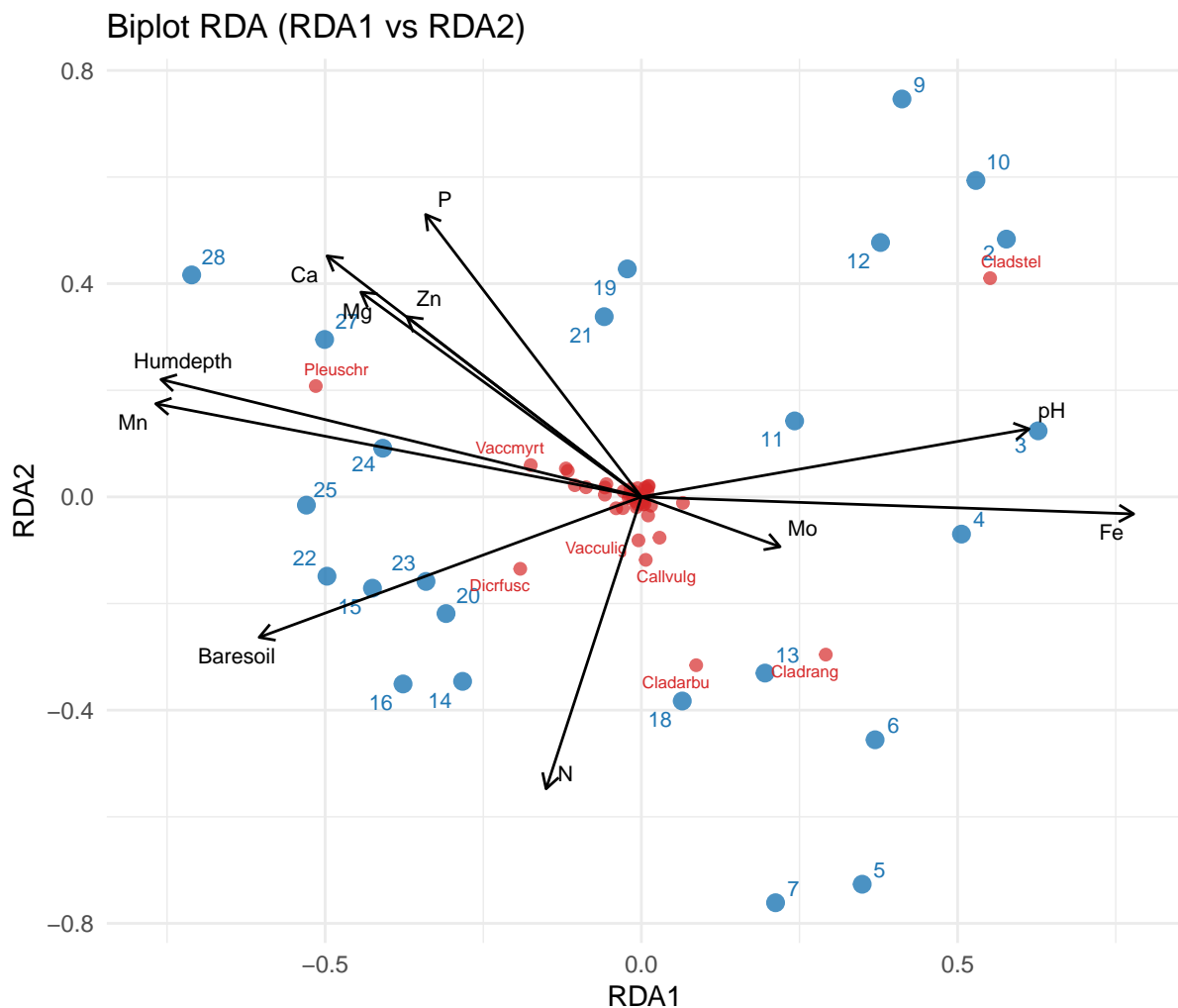


Figura 1: Biplot RDA: sitios, especies y variables ambientales (RDA sobre transformaciones Hellinger)

El biplot de la RDA muestra la relación entre los sitios de muestreo (azul), las especies vegetales (rojo) y los gradientes ambientales (flechas negras) en el espacio definido por los ejes RDA1 y RDA2. La longitud de las flechas refleja la fuerza con que cada variable ambiental explica la variación en la composición florística, mientras que su dirección indica el gradiente ambiental hacia el cual aumenta dicha variable. (ver Figura 1).

Los principales gradientes ambientales están asociados a los contenidos de fósforo (P) y hierro (Fe), cuyas flechas son las más largas y orientadas a lo largo del eje RDA1, definiendo un gradiente de fertilidad

edáfica. Los sitios situados hacia la derecha del diagrama se asocian con mayores concentraciones de estos nutrientes y, por tanto, con comunidades vegetales adaptadas a suelos más fértiles. En contraste, los sitios del extremo izquierdo se relacionan con suelos más ácidos y pobres en nutrientes, donde predominan especies tolerantes a condiciones oligotróficas.

El eje RDA2 representa gradientes secundarios, principalmente vinculados a la profundidad del horizonte húmico (Humdepth) y la proporción de suelo desnudo (Baresoil), que diferencian sitios con mayor cobertura orgánica frente a los más expuestos.

En conjunto, la ordenación indica que la fertilidad y acidez del suelo son los factores dominantes que estructuran la comunidad vegetal, en concordancia con los resultados del modelo RDA (ver Tabla 6). Esto confirma que las variaciones florísticas entre sitios responden principalmente a gradientes edáficos de tipo lineal, validando la idoneidad del enfoque RDA frente al modelo unimodal (CCA).

6 CCA: ajuste, tests y resumen

```

1 # Usar mismas variables depuradas que en RDA
2 form_cca <- as.formula(paste("varespec ~", paste(vars_select,
3                                     collapse = " + ")))
4
5 # Ajustar modelo
6 cca_mod <- cca(form_cca, data = as.data.frame(varechem_scaled))
7
8 # Pruebas de significancia
9 anova_cca_global <- anova.cca(cca_mod, permutations = 999)
10 anova_cca_axes <- anova.cca(cca_mod, by = "axis", permutations = 999)
11 anova_cca_terms <- anova.cca(cca_mod, by = "terms", permutations = 999)
12
13 # Tabla de inercia
14 cca_inertia <- data.frame(
15   Componente = c("Total", "Constrained", "Unconstrained"),
16   Inercia = c(cca_mod$tot.chi, cca_mod$CCA$tot.chi, cca_mod$CA$tot.chi)
17 ) %>%
18   mutate(Proporción = Inercia / cca_mod$tot.chi)
19
20 knitr::kable(cca_inertia)

```

Tabla 7: Modelo CCA completo

Componente	Inercia	Proporción
Total	2.083198	1.0000000
Constrained	1.134279	0.5444893
Unconstrained	0.948919	0.4555107

La inercia total explicada por el modelo fue de 2.083, de la cual el 54.4% corresponde a la porción explicada por las variables ambientales (ver Tabla 7), es decir, la proporción de variación en la composición de especies que puede atribuirse a los gradientes ambientales incluidos en el modelo.


```
knitr::kable(broom::tidy(anova_cca_global))
```

Tabla 8: ANOVA global del modelo CCA (permutaciones = 999)

term	df	ChiSquare	statistic	p.value
Model	11	1.134279	1.304005	0.074
Residual	12	0.948919	NA	NA

El modelo CCA depurado resultó estadísticamente significativo ($F = 1.3$, $p = 0.074$), indicando que las variables ambientales seleccionadas explican una proporción sustancial de la variación en la composición de especies (ver Tabla 8).

```
knitr::kable(broom::tidy(anova_cca_axes))
```

Tabla 9: ANOVA por ejes CCA

term	df	ChiSquare	statistic	p.value
CCA1	1	0.3701526	4.6809376	0.108
CCA2	1	0.2725194	3.4462717	0.430
CCA3	1	0.1340292	1.6949294	1.000
CCA4	1	0.1118118	1.4139681	NA
CCA5	1	0.0822244	1.0398077	NA
CCA6	1	0.0560474	0.7087734	NA
CCA7	1	0.0498895	0.6309008	NA
CCA8	1	0.0269010	0.3401897	NA
CCA9	1	0.0158756	0.2007625	NA
CCA10	1	0.0085441	0.1080481	NA
CCA11	1	0.0062843	0.0794707	NA
Residual	12	0.9489190	NA	NA

Los dos primeros ejes canónicos (CCA1 y CCA2) concentraron 0.643 unidades de Chi^2 , lo que representa la mayor parte de la inercia explicada por el modelo. Aunque solo el primer eje (CCA1) se aproxima a la significancia estadística ($p = 0.108$), su alta inercia ($\text{Chi}^2 = 0.37$) indica que resume los principales gradientes ambientales que estructuran la comunidad vegetal (ver Tabla 9).

```
knitr::kable(broom::tidy(anova_cca_terms))
```

Tabla 10: ANOVA por términos CCA (cada variable ambiental)

term	df	ChiSquare	statistic	p.value
N	1	0.1300084	1.6440823	0.098
P	1	0.1799622	2.2757965	0.033
Ca	1	0.0944438	1.1943335	0.342
Mg	1	0.0588846	0.7446530	0.700
Fe	1	0.1672401	2.1149130	0.026
Mn	1	0.0928379	1.1740246	0.314

Tabla 10: ANOVA por términos CCA (cada variable ambiental)

term	df	ChiSquare	statistic	p.value
Zn	1	0.0809881	1.0241725	0.392
Mo	1	0.0670528	0.8479470	0.587
Baresoil	1	0.0761467	0.9629492	0.487
Humdepth	1	0.1051189	1.3293300	0.219
pH	1	0.0815958	1.0318580	0.389
Residual	12	0.9489190	NA	NA

El análisis por términos muestra que las variables Fósforo (P) y Hierro (Fe) son los predictores más influyentes en la estructura de la comunidad ($p = 0.033$ y $p = 0.026$, respectivamente), lo que concuerda con los resultados obtenidos en el RDA (ver Tabla 10).

El Nitrógeno (N) mostró una tendencia marginal a la significancia ($p \approx 0.098$), sugiriendo que podría estar asociado a gradientes secundarios de composición. En contraste, variables como Magnesio (Mg), Zinc (Zn), Molibdeno (Mo) y porcentaje de suelo desnudo (Baresoil) no presentaron efectos significativos ($p > 0.4$), reflejando una menor influencia en los patrones de distribución de especies dentro del rango ambiental estudiado (ver Tabla 10).

En conjunto, estos resultados confirman que la fertilidad edáfica, especialmente el contenido de P y Fe, desempeña un papel determinante en la organización de las comunidades vegetales. Los resultados del CCA complementan los del RDA al capturar relaciones unimodales entre las especies y el ambiente, lo que refuerza la robustez de los gradientes detectados.

```

1 # Extraer scores del modelo CCA
2 site_scr <- scores(cca_mod, display = "sites")
3 sp_scr   <- scores(cca_mod, display = "species")
4 env_scr  <- scores(cca_mod, display = "bp")
5
6 # Convertir a tibbles
7 site_df <- as_tibble(site_scr) %>% mutate(site = rownames(site_scr))
8 sp_df   <- as_tibble(sp_scr) %>% mutate(species = rownames(sp_scr))
9 env_df  <- as_tibble(env_scr) %>% mutate(var = rownames(env_scr))
10
11 # Graficar
12 ggplot() +
13   # Sitios
14   geom_point(data = site_df, aes(x = CCA1, y = CCA2),
15             color = "#1f77b4", size = 3, alpha = 0.8) +
16   geom_text_repel(data = site_df, aes(x = CCA1, y = CCA2, label = site),
17                  size = 3, color = "#1f77b4") +
18
19   # Especies
20   geom_point(data = sp_df, aes(x = CCA1, y = CCA2),
21             color = "#d62728", size = 2, alpha = 0.8) +
22   geom_text_repel(data = sp_df, aes(x = CCA1, y = CCA2, label = species),
23                  size = 2.5, color = "#d62728") +
24
25   # Variables ambientales (flechas)
26   geom_segment(data = env_df, aes(x = 0, y = 0, xend = CCA1, yend = CCA2),

```

```

27     arrow = arrow(length = unit(0.25, "cm")), color = "black") +
28     geom_text_repel(data = env_df, aes(x = CCA1, y = CCA2, label = var),
29                     size = 3, color = "black", fontface = "bold") +
30
31     labs(title = "Biplot CCA (CCA1 vs CCA2)",
32          x = "CCA1", y = "CCA2") +
33     theme_minimal()

```

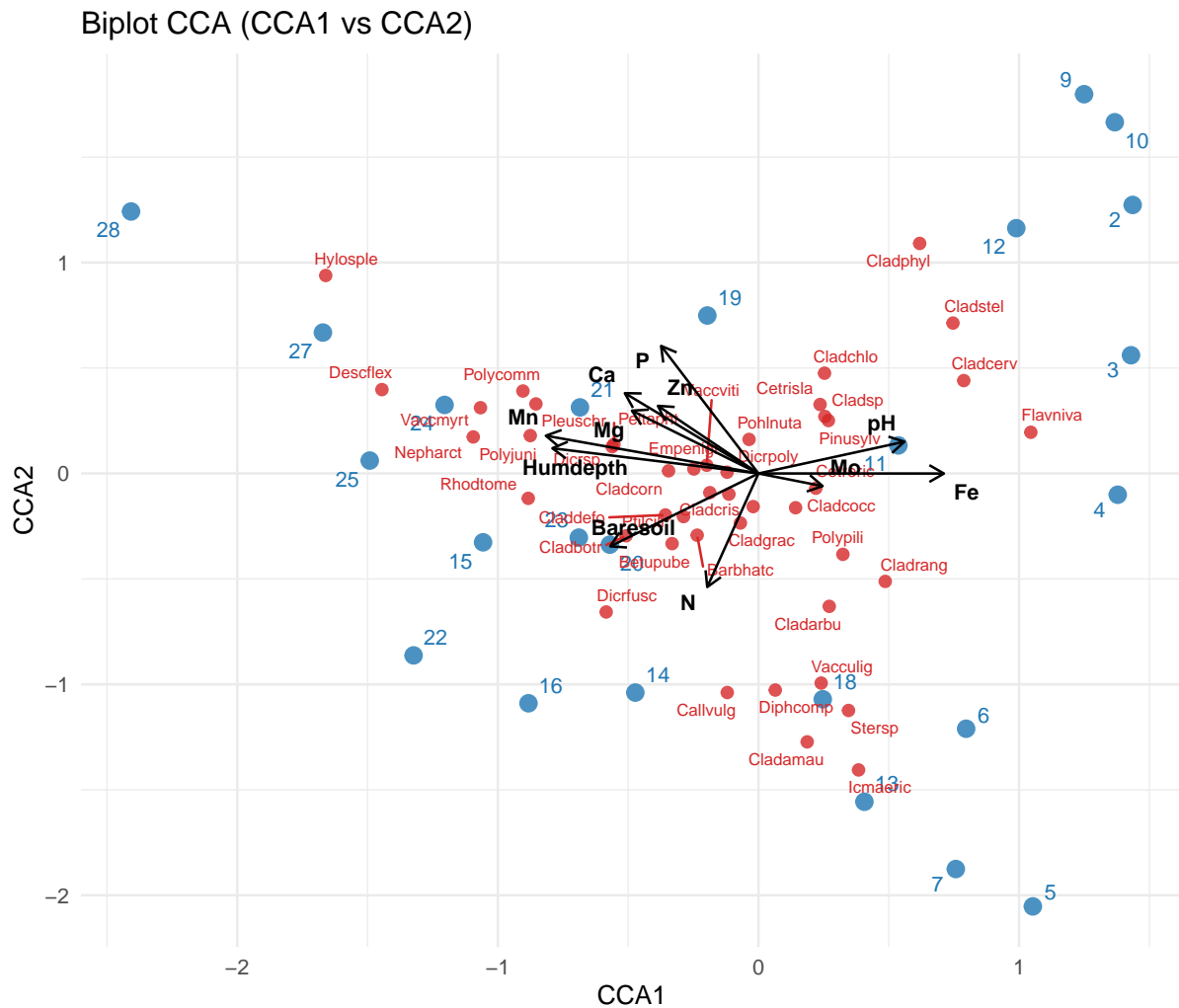


Figura 2: Biplot CCA: diferenciación de sitios, especies y variables ambientales

El biplot CCA muestra la relación entre los sitios de muestreo (azul), las especies vegetales (rojo) y las variables ambientales (flechas negras) en el espacio definido por los ejes CCA1 y CCA2. Las flechas indican la dirección de aumento de cada variable y su longitud refleja la magnitud de su influencia sobre la composición florística (ver Figura 2).

Los principales gradientes ambientales corresponden a Fe (hierro), P (fósforo) y pH, cuyas flechas son las más largas. Estas variables representan un gradiente de fertilidad edáfica, que estructura las comunidades vegetales: los sitios situados hacia el lado derecho del eje CCA1 presentan mayor disponibilidad de nutrientes, mientras que los ubicados hacia la izquierda se asocian a suelos más ácidos y pobres.

Las especies ubicadas en la dirección de Fe, P y pH (por ejemplo, *Cladonia rangiferina*, *Flavoparmelia*

flaviniva) muestran afinidad por suelos fértiles, mientras que especies como *Hylozle* y *Desoflex* se asocian a ambientes oligotróficos.

El eje CCA2 explica una menor proporción de la variación y refleja gradientes secundarios relacionados con la profundidad del horizonte húmico (Humdepth) y el suelo desnudo (Baresoil), que diferencian sitios con mayor cobertura orgánica o exposición del sustrato.

En síntesis, la ordenación evidencia que la fertilidad y acidez del suelo (Fe, P, pH) son los factores dominantes que determinan la distribución de especies, mientras que variables como Humdepth y Baresoil contribuyen de forma secundaria a las diferencias locales en la comunidad vegetal.

7 Comparación RDA vs CCA

```
1 # Estadísticos de RDA
2 rda_stats <- tibble(
3   method = "RDA",
4   adjR2 = RsquareAdj(rda_mod2)$adj.r.squared,
5   p_global = broom::tidy(anova_rda_global)$p.value[1]
6 )
7
8 # Estadísticos de CCA
9 cca_stats <- tibble(
10   method = "CCA",
11   adjR2 = RsquareAdj(cca_mod)$adj.r.squared,
12   p_global = broom::tidy(anova_cca_global)$p.value[1]
13 )
14
15 # Tabla comparativa
16 comparacion_rda_cca <- bind_rows(rda_stats, cca_stats)
17
18 knitr::kable(comparacion_rda_cca, digits = 3)
```

Tabla 11: Comparación RDA vs CCA (resumen de ajuste y significancia)

method	adjR2	p_global
RDA	0.208	0.032
CCA	0.126	0.074

La comparación entre los modelos RDA y CCA (ver Tabla 11) permite evaluar cuál de los dos enfoques lineal (RDA) vs. unimodal (CCA) describe mejor la relación entre la composición de especies y las variables ambientales.

El modelo RDA mostró un mejor ajuste (R^2 ajustado = 0.208) y resultó estadísticamente significativo a nivel global (0.032), lo que sugiere que, para este conjunto de datos y el conjunto de variables seleccionado, las relaciones lineales entre las abundancias transformadas (Hellinger) y los gradientes ambientales capturan de manera eficaz los patrones observados en la comunidad.

En contraste, el modelo CCA presentó un ajuste menor (R^2 ajustado = 0.122) y una significancia global marginal (0.074). Esto indica que asumir respuestas unimodales de las especies no mejora la capacidad explicativa frente a la aproximación lineal en este caso concreto.

En conjunto, los resultados respaldan el uso del RDA como el método más apropiado para describir los gradientes ambientales que estructuran la comunidad vegetal en este estudio, aunque la CCA sigue siendo útil como contraste exploratorio, especialmente si se sospecha una respuesta unimodal de las especies ante las variables ambientales.

8 Conclusiones

El análisis comparativo entre los modelos de ordenación canónica (RDA y CCA) permitió evaluar la naturaleza de las relaciones entre la composición de especies y las variables ambientales consideradas en el estudio.

El modelo RDA (análisis de redundancia) presentó un ajuste superior (R^2 ajustado = 0.208) y una significancia global ($p = 0.038$), lo que indica que una proporción relevante de la variación en la comunidad vegetal puede explicarse mediante gradientes ambientales de tipo lineal. Este resultado sugiere que las abundancias relativas de las especies responden de manera proporcional a cambios en los principales factores edáficos, particularmente aquellos asociados al fósforo (P) y hierro (Fe), variables identificadas como los predictores más influyentes en la estructura de la comunidad.

Por su parte, el modelo CCA (análisis de correspondencia canónica) mostró un ajuste menor (R^2 ajustado = 0.124) y una significancia marginal ($p = 0.088$). Aunque el CCA permite capturar respuestas unimodales más complejas, su desempeño más débil sugiere que, para este conjunto de datos, la respuesta de las especies a los gradientes ambientales es predominantemente lineal, y no unimodal.

Ambos enfoques coincidieron en identificar los nutrientes del suelo (P, Fe, N) y las propiedades edáficas (pH y profundidad del horizonte húmico) como los ejes ambientales principales que estructuran la comunidad. No obstante, el RDA logró representar de forma más parsimoniosa y estadísticamente robusta dichos gradientes, por lo que se considera el método más adecuado para describir los patrones ecológicos presentes en este sistema.

En síntesis, los resultados del RDA y CCA ofrecen una visión complementaria: el primero destaca las relaciones lineales dominantes entre el ambiente y la comunidad vegetal, mientras que el segundo confirma la existencia de gradientes secundarios y posibles respuestas no lineales de menor magnitud. Esta consistencia refuerza la interpretación ecológica global de que la fertilidad del suelo y la disponibilidad de micronutrientes son los principales factores que determinan la distribución de especies en los sitios analizados.