



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA



ESTUDIO FAUNÍSTICO DE ARAÑAS
(ARACHNIDAE: ARANEAE) DE CHAPA DE
MOTA, ESTADO DE MÉXICO.

LA CIBERDIVERSIDAD COMO UNA
PROPUESTA INTEGRATIVA.

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

Biólogo

PRESENTA:

Israel David Anguiano Sosa

DIRECTOR DE TESIS:

Dr. César Gabriel Durán Barrón



Los Reyes Iztacala, Estado de México, 2019



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

A mi familia por haber sido tolerantes “hasta excesos criticados”.

A mis sobrinos, por quienes todo vale la pena.

A A. por cambiar mi vida más de una vez.

A Fernando Allier † por su confianza, amistad y enseñanzas.

A todos aquellos que dedican su vida a defender la casa común...

...y a las nuevas generaciones



Agradecimientos

Agradezco al Dr. César Gabriel Durán Barrón, por su ayuda y consejos; y por su excelente gusto \m/ musical \m/ que hizo las tardes en el laboratorio tan llevaderas.

También agradezco a la Dra. Esperanza Guarneros Reyes, al Dr. Arturo Silva Rodríguez y al resto del equipo del Laboratorio de Educación y Evaluación Digital y del Laboratorio Digital de Desarrollo Infantil por darme la oportunidad de trabajar con ellos y por la confianza para desarrollar la plataforma de recolección de datos.

Al Biol. Marcial García Pineda y a todos los voluntarios del Jardín Botánico por el enorme esfuerzo que realizan diariamente para mantenerlo y a las malezas que me enseñaron que a pesar de todos los intentos por eliminarlas siempre encuentran la manera de seguir creciendo por sobre todas las cosas.

A mis sinodales: Mtra. María del Pilar Villeda Callejas; Mtra. Ana Lilia Muñoz Viveros; Biol. Marcela Patricia Ibarra González y al Dr. Estéban Jiménez Sánchez por su dedicación a los insectos y sus valiosos conocimientos.

Finalmente, agradezco a todos los que llegaron, a los que se fueron, a los que regresaron y a los que nunca se quisieron ir, *Malgré tout!*

Declaración de autenticidad

Por la presente declaro que, salvo cuando se haga referencia específica al trabajo de otras personas, el contenido de esta tesis es original y no se ha presentado total o parcialmente para su consideración para cualquier otro título o grado en esta o cualquier otra Universidad. Esta tesis es resultado de mi propio trabajo y no incluye nada que sea el resultado de algún trabajo realizado en colaboración, salvo que se indique específicamente en el texto.

Israel David Anguiano Sosa. Los Reyes Iztacala, Estado de México, 2019

Índice general

1. Introducción	1
1.1. Crisis de la biodiversidad	1
1.2. Panorama general	3
1.3. Biología de las arañas	3
1.4. Importancia de la taxonomía y diversidad cibernéticas	5
1.5. Hacia una ciencia abierta	6
2. Objetivos	7
2.1. General	7
2.2. Particulares	7
3. Antecedentes	9
3.1. El orden Araneae en México	9
3.2. Estudios recientes	9
3.3. Diversidad de Araneae en el Estado de México	11
3.4. Cibertaxonomía en México	11
4. Área de estudio	13
5. Materiales y métodos	17
5.1. Obtención e identificación de los especímenes	17
5.2. Análisis estadístico	19
5.3. Recolección de datos	20
6. Resultados	23
6.1. Riqueza	23
6.2. Abundancia	27
6.3. Abundancia por sitio	33
6.4. Análisis de diversidad	33
6.5. Modelo de diversidad	37
6.6. Distancia ecológica	40
6.7. Implementación de la plataforma Open Data Kit	40
7. Discusión	49

ÍNDICE GENERAL

8. Conclusiones	53
Índice de figuras	55
Índice de cuadros	57
Apéndices	59
A. Listado taxonómico	61
B. Géneros por sitio	67
C. Modelo de regresión lineal generalizado	73
D. Paquetes utilizados	79
E. Código fuente	81
E.1. finaltex.R	81
E.2. funciones.R	124
Literatura citada	131

Resumen

Las arañas son uno de los grupos más exitosos del planeta, de distribución cosmopolita, han colonizado todos los ambientes terrestres y se encuentran en todos los continentes excepto la Antártida. Presentan hábitos diurnos y nocturnos, pueden ser cazadoras activas o pasivas, tienen un cortejo complejo y por su amplia gama de comportamiento son un grupo de gran importancia ecológica; a pesar de ello, en México han sido relativamente poco estudiadas.

El presente estudio versa sobre la araneofauna de suelo en el municipio de Chapa de Mota, Estado de México. Se incluye un listado faunístico así como aspectos fenológicos de las diversas familias, caracterización de 3 diferentes comunidades en el área y comparación entre tipos de vegetación y métodos de colecta; los análisis estadísticos, se enfocaron en el estudio de la diversidad α y β usando modelos de regresión generalizados. Los organismos fueron recolectados en el Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Agro-Silvo Pastoril (CEIEPASP), en cuatro tipos de vegetación y mediante dos métodos de colecta distintos (trampas NTP-80 y de caída) durante el periodo Agosto-2014 a Junio-2015. 931 especímenes del orden Araneae fueron revisados (373 ♀, 448 ♂ y 82 inmaduros) y agrupados en 26 familias, 92 géneros y 172 morfoespecies; se identificaron seis familias sobresalientes, las cuales representan el 75 % del total de individuos: Anyphaenidae, Agelenidae, Gnaphosidae, Linyphiidae, Lycosidae y Salticidae.

Entre las trampas NTP-80, el bosque de pino-encino tuvo una riqueza total de 17 familias y el cultivo de cipreses 11. De las trampas de caída el transecto 3 (cipreses) presentó una menor diversidad, con 13 familias mientras que el sitio 4 (pino + maíz) tuvo la mayor con 18 familias. La riqueza observada coincide con el análisis de coordenadas principales, y con la literatura, donde Agelenidae predomina en el bosque nativo, Anyphaenidae y Linyphiidae en el cultivo de cipreses mientras que el resto de las familias se distribuyen equitativamente entre ambos y Lycosidae tiene una sobre-representación en los ambientes más perturbados.

El reporte de los resultados se generó en \LaTeX mientras que todos los análisis se realizaron con el lenguaje de programación R de forma que puedan reproducirse y actualizarse de manera sencilla. Para facilitar el estudio de la diversidad se propone un catálogo digital basado en la plataforma Open Data Kit (ODK) para automatizar el proceso de recolección, análisis y difusión de nuevos datos taxonómicos.

1. Introducción

*De même l'araignée est ventrue. En elle la nature a tout sacrifié
au métier, au besoin, à l'appareil industriel qui satisfera le besoin.
C'est un ouvrier, un cordier, un fileur et un tisseur. Ne regardez
pas sa figure, mais le produit de son art. Elle n'est pas seulement
un fileur, elle est une filature.*
—JULES MICHELET, *L'Insecte*

*L'araignée a mauvais renom: pour la plupart d'entre nous c'est
un animal odieux, malfaisant que chacun s'empresse d'écraser
sous le pied. À ce jugement sommaire, l'observateur oppose ses
talents de tisserand, ses ruses de chasses, ses tragiques amours.*
—JEAN-HENRI FABRE, *Souvenirs entomologiques*

1.1. Crisis de la biodiversidad

En menos de 50 años se han reducido en más del 60 % todas las poblaciones de vertebrados del planeta y hasta 80 % en el caso de los mamíferos (WWF, 2018). La desaparición de especies es tan peligrosa para nuestra supervivencia como lo es el cambio climático y si bien el panorama para la conservación de las especies “grandes” es sombrío, la dimensión de la tragedia para los artrópodos es aún incalculable frente a su inmensa diversidad y la falta de información sobre los mismos. Según un informe de la Agencia Ambiental Europea (Swaay *et al.*, 2013), entre 1990 y 2011 las poblaciones de mariposas en pastizales disminuyeron un 50 % en el continente; mientras que un estudio en Alemania, reportó hasta un 75 % de declive en la biomasa de los insectos voladores en áreas protegidas de ese país a lo largo de 27 años (Hallmann *et al.*, 2017).

Estas cifras alarmantes podrían estarse repitiendo a nivel global debido a que por mucho tiempo la abundancia de los artrópodos se dio por sentada y existe poca información histórica

para comparar el cambio en el número de sus poblaciones. Lister y García (2018) apuntan que en los últimos 30 años la temperatura en los bosques tropicales ha aumentado en promedio 2°C dejando a los artrópodos particularmente vulnerables; usando datos de 1976 a 2012 sobre su abundancia y la de otros grupos insectívoros en la selva de Luquillo, Puerto Rico, encontraron un descenso sostenido durante los últimos 20 años; ranas, aves y reptiles disminuyeron más del 50%. En un estudio previo en la reserva de Chamela, México, los autores, utilizando los mismos métodos de colecta, encontraron que la biomasa de los artrópodos disminuyó en un 80% con respecto a 1987. De confirmarse estas tendencias, el colapso en las cadenas tróficas debido al cambio climático podría ser mucho peor de lo anticipado.

En México alrededor del 70% de la vegetación natural (correspondiente al 50% del territorio nacional) se conserva en estado primario, sin embargo esta se encuentra en diversos grados de fragmentación y deterioro. En el Estado de México la vegetación original cubre sólo el 35% de su superficie y entre 2002 y 2011 se encontró entre los estados en los que se degradó con mayor velocidad la vegetación natural primaria a una tasa de 1.18% anual; y entre 1997 y 2014 fue responsable del 19.4% de la producción de productos forestales no maderables (SEMARNAT, 2015). Pineda-Jaimes *et al.* (2009) señalan que en el período entre 1993-2002, el Estado de México perdió 3,836 ha. de bosque de coníferas, 7,295 ha. de bosque de latifoliadas, 309 ha. de bosque mesófilo de montaña y 2,250 ha. de bosque mixto, sumando un total de 13,691 ha.

Debido a la falta de información sobre los artrópodos, su diversidad y la pérdida acelerada de sus hábitats, es urgente conocer la biodiversidad para crear políticas de conservación. Existen cuatro grandes herramientas que permiten documentar la biodiversidad: Inventarios taxonómicos, bases digitalizadas de datos, protocolos de planeación de impacto ambiental y colecciones biológicas (Bojórquez-Tapia *et al.*, 1994). Los inventarios permiten conocer las especies que habitan en un área delimitada y proporcionan información sobre parámetros como distribución de taxones dentro del hábitat, eficiencia de muestreo o tendencia a representar el número total de especies en la comunidad (Colwell y Coddington, 1994; Bodner, 2002).

En este sentido, las colecciones biológicas resultan ser una de las principales fuentes de información en materia de diversidad biológica. La gran cantidad de información que representan y el hecho de estar en constante cambio requiere, para su consulta y actualización, del uso de herramientas especializadas de cómputo. La idea de conjuntar estas colecciones en una red de información permite, no sólo la conexión de los principales bancos de datos, la actualización de la información y el contacto directo con los especialistas, sino el acceso, intercambio y consulta de datos de manera abierta al público en general de todo el mundo (CONABIO, 2015)

Llorente-Bousquets *et al.* (2008) afirman que es necesario reconocer:

La importancia estratégica de inventariar los recursos de México; la necesidad de apoyar y fortalecer a las instituciones y a los taxónomos que producen los métodos y los conocimientos taxonómicos necesarios para realizar dicho inventario; la trascendencia de formar nuevos taxónomos adiestrados en metodologías, conceptos y teorías taxonómicas contemporáneas, y la pertinencia de iniciar una transformación profunda del quehacer taxonómico en nuestro país, adoptando prácticas formales y modernas, probando, adaptando y creando los métodos o técnicas en sistemática biológica que permitan avanzar significativamente en la realidad de un inventario biológico nacional y que repercutan en el manejo y la conservación de la biodiversidad

de la región.

1.2. Panorama general

En 2018 se cumplieron 260 años de la 10^{ma} edición del *Systema Naturae* de Linneo, designada por The International Commission on Zoological Nomenclature (ICZN) como el punto de inicio de la nomenclatura zoológica (Griswold y Ramirez, 2017). Desde entonces hemos tratado ininterrumpidamente de clasificar el infinito viviente y, sin embargo, nueve de cada diez especies en nuestro planeta aún están por descubrirse. Incluso frente a la urgencia que nos impone el cambio climático y lo que algunos científicos consideran la sexta extinción masiva, a consecuencia de la actividad humana (Ceballos *et al.*, 2017), y aunque diariamente se descubren nuevas especies, la escasez de recursos y expertos es cada vez mayor (Drew, 2011).

Por otra parte, la infraestructura digital moderna ha provocado una revolución en la forma de hacer y comunicar la ciencia. Ante este panorama, la taxonomía tiene la oportunidad de reinventarse al tiempo que muchas de las barreras que dificultaban la creación de un inventario completo de la vida en la Tierra comienzan a levantarse de manera insospechada hace tan sólo una generación (Wheeler, 2004). Wilson (2005) afirma que, gracias a los avances tecnológicos, semejante empresa podría completarse en tan sólo 25 años con una inversión comparable a la del Proyecto del Genoma Humano; pero antes, la sociedad en su conjunto debe estar dispuesta a aceptar que nuestro futuro está íntimamente ligado con el del resto de los seres vivos.

La diversidad cibernética da a conocer las especies capturadas en un inventario faunístico, sin importar su estatus taxonómico, facilitando la comparación de caracteres con valor diagnóstico mediante el uso de imágenes digitales de alta resolución (Miller *et al.*, 2014; MacLeod, 2007; Wheeler, 2008). El conjunto de estas imágenes, al compartirse con varios especialistas a nivel mundial, reduce el tiempo invertido en la determinación e identificación de especies nuevas. El uso de la diversidad cibernética, finalmente, tiene implicaciones importantes en áreas como la conservación, aprovechamiento y el manejo de ecosistemas (Miller *et al.*, 2014). En la última década el trabajo faunístico ha sido responsable en gran parte del incremento en el número de especies conocidas, permitiendo desarrollar métodos de muestreo para comparar la riqueza de especies en biomas distintos (Platnick y Raven, 2013). Sin embargo, su progreso es parcial y heterogéneo debido a los retos particulares que presentan los distintos grupos de organismos.

1.3. Biología de las arañas

Actualmente a nivel mundial, el orden Araneae (Clerk, 1757) cuenta con 48,053 especies descritas, agrupadas en 4,126 géneros y 117 familias (World Spider Catalog, 2019) mientras que para el caso específico de México se conocen 2,295 especies en 66 familias y 534 géneros (Francke, 2014). Jiménez (1996) menciona 1,759 especies endémicas, y estima 1,000 más aún por describir. El orden Araneae ocupa el séptimo lugar en cuanto a número de especies animales y el segundo dentro de los arácnidos después de los ácaros (Coddington *et al.*, 2004). En contraste con otros grupos megadiversos cuya variedad se explica mediante la adopción de diferentes estrategias

1. INTRODUCCIÓN

tróficas, las arañas son casi exclusivamente depredadoras; salvo la ocasional ingesta de néctar y polen como suplemento alimenticio entre juveniles de las familias Linyphiidae y Thomisiidae, sólo *Baheera kiplingi* (Salticidae) se ha descrito como predominante herbívora (Meehan *et al.*, 2009).

Las arañas son uno de los grupos más exitosos y diversos del planeta. La más antigua, *Arthrolycosa antiqua*, data del período Carbonífero con una edad aproximada de 360 millones de años, perteneciendo al suborden Mesothelae la mayoría de las arañas de este período (Dunlop, 2018). A través del registro fósil se puede observar que existe una co-radiación entre las arañas y los insectos que cazaban, por lo cual se considera que el desarrollo de la seda como método de caza contribuyó a la evolución del vuelo en los insectos durante el Pérmico (Selden y Penney, 2010; Blackledge *et al.*, 2009).

Como el resto de los arácnidos, su cuerpo está dividido en dos tagmata: prosoma y opistosoma, además poseen cuatro pares de apéndices locomotores; todas las arañas, con excepción de la familia Uloboridae, presentan quelíceros bisegmentados con glándulas de veneno. El prosoma y el opistosoma están unidos por medio de un pedicelo angosto, cuentan con un sistema nervioso centralizado y pueden tener hasta ocho ocelos, o carecer de ellos las especies troglobias, cuyo arreglo es un carácter de importancia taxonómica. En el extremo posterior del opistosoma las glándulas de seda están agrupadas en apéndices denominados hileras, lo que las distingue de los grupos fósiles más antiguos. Las arañas pueden presentar genitales sencillos o complejos clasificándose en haplóginas o enteléginas respectivamente; en los machos adultos los pedipalpos se modifican como aparatos copuladores, mientras que en el caso de las hembras enteléginas, estas presentan un epiginio o placa ventral que contiene las aberturas genitales, ambos caracteres se utilizan para su identificación a nivel de especie (Brusca y Brusca, 2003; Francke, 2014).

Los arácnidos son el único grupo que utiliza la seda a lo largo de toda su vida con diversos fines, no sólo para alimentación o refugio, pudiendo crear las arañas, hasta siete tipos diferentes mediante distintas glándulas (Foelix, 2011). Sus redes pueden ser orbiculares, tubulares o en forma de sábana, también pueden usarse como madrigueras en el suelo y para crear trampas. Algunas especies pequeñas logran trasladarse grandes distancias lanzando su seda al aire elevándose como papalotes en un fenómeno conocido como anemocoria pasiva (Udvardy y Papp, 1969). La araña *Argyroneta aquatica*, que se ha adaptado a vivir en agua dulce, incluso utiliza la seda para atrapar burbujas de aire permitiéndole respirar bajo el agua (Beccaloni, 2009).

El veneno de las arañas es una combinación de varias proteínas y sus efectos son tan variados como las presas de las que se alimentan, sin embargo la mayoría se consideran inofensivos para los humanos. De los más de 4,000 géneros de arañas conocidos sólo 38 contienen especies que pueden afectar al ser humano y 20 de ellos se han citado para México (Jiménez, 1996), de estos, sólo los géneros *Latrodectus* (Fabricius, 1775) y *Loxosceles* (Heineken y Lowe, 1832) se consideran de importancia médica por sus hábitos sinantrópicos; no obstante, las mordeduras son poco frecuentes y la mortalidad en adultos saludables es baja (Tay Zavala *et al.*, 2009; Secretaría de Salud, 2011).

Por otra parte, como cazadoras, son importantes reguladoras de otras poblaciones de artrópodos y pueden utilizarse como control biológico en sistemas agroecológicos y como indicadores de riqueza de especies (Coddington *et al.*, 1991). Debido a su abundancia y rol dominante dentro del gremio de artrópodos depredadores (Wise, 1995; Young y Edwards, 1990), a que son altamente influenciadas por la fragmentación del hábitat en general (Whitehouse *et al.*, 2002) y a los

cambios antropogénicos (Miyashita *et al.*, 1998; Bolger *et al.*, 2000), las arañas reflejan cambios en la estructura trófica de ecosistemas alterados por el hombre (Shochat *et al.*, 2004; Rypstra *et al.*, 1999; Hatley y Macmahon, 1980) y son un bioindicador ideal de cambios en la vegetación (Wheater *et al.*, 2000; Churchill y Ludwig, 2004).

1.4. Importancia de la taxonomía y diversidad cibernéticas

Actualmente el desarrollo de herramientas basadas en la infraestructura digital ha permitido a la taxonomía incrementar el conocimiento y descripción de especies nuevas distribuidas principalmente en las regiones tropicales del planeta. Debido a ello, esta ciencia busca generar conocimiento de forma rápida, eficiente e integral; que se vea reflejado en la publicación de trabajos descriptivos para que puedan ser compartidos a nivel mundial ayudando a solventar la crisis de la biodiversidad (Wheeler, 2004). Como Wilson (2004) señala, la cooperación entre taxónomos y la utilización de tecnologías modernas son importantes para poder describir la biodiversidad de manera efectiva.

Dos corrientes basadas en los conceptos antes mencionados se han propuesto como métodos para superar el impedimento taxonómico, la primera es la *Cibertaxonomía* que reivindica la Taxonomía como una ciencia analítica; mediante revistas especializadas en trabajo descriptivo, busca la colaboración simultánea de varios investigadores a nivel mundial en revisiones taxonómicas, proveer información bibliográfica disponible en repositorios y fuentes electrónicas y utilizar la fotografía digital, los avances en técnicas moleculares de secuenciación de ADN y el enorme poder del internet para distribuir grandes cantidades de datos (Wheeler, 2008).

La segunda corriente se denomina *Ciberdiversidad* (Miller *et al.*, 2014) y se refiere al conjunto de tecnologías y avances científicos mencionados anteriormente, pero enfocados a la documentación de inventarios biológicos. Su metodología abarca desde la aplicación de muestreos sistemáticos, rápidos, estándar y específicos (Coddington *et al.*, 1991; Scharff *et al.*, 2003), la utilización de estos datos para comparar y estimar la riqueza de especies entre áreas (Colwell y Coddington, 1994; Gotelli y Colwell, 2011); y la publicación de datos morfológicos y moleculares en páginas de internet especializadas (*GBIF*, *GeneBank*, *NCBI*, *Morphbank*, entre otros). Las bases de datos ligadas a inventarios faunísticos son importantes porque permiten comparar estudios sin importar el estado taxonómico del grupo, agiliza la identificación de especies nuevas y da evidencia de la precisión de las determinaciones (Rivera-Quiroz y Alvarez-Padilla, 2015; Miller *et al.*, 2012; Penev *et al.*, 2009).

La experiencia mexicana, entre otros factores, estimuló a la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico (OCDE) para crear una estructura internacional que hiciera disponible la información global sobre biodiversidad, la *Global Biodiversity Information Facility* (gbif 2001). Gracias a esta y otras iniciativas se ha logrado digitalizar y compartir de manera abierta millones de datos ambientales, taxonómicos, geográficos, sociodemográficos, etc. Al mismo tiempo, la participación de los especialistas es fundamental para contar con un sistema de información constituido por datos confiables, y organizado de forma tal que el público en general pueda tener acceso a ellos para realizar sus propios análisis y síntesis.

Se estima que el acervo digital sobre la biodiversidad contiene información de entre de 2 y

3 mil millones de ejemplares biológicos distribuidos en todo el planeta. Sin embargo esa información debe convertirse primero en conocimiento accesible para guiar el proceso de toma de decisiones, no sólo en el ámbito de conservación sino también para el aprovechamiento de los recursos naturales e incluso cuestiones epidemiológicas. Recientemente el Centro de Ciencias de la Complejidad, Universidad Nacional Autónoma de México (C3-UNAM) y la Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad (CONABIO) desarrollaron conjuntamente una nueva plataforma web interactiva llamada SPECIES, que utiliza minería de datos espaciales para analizar los registros del Sistema Nacional de Información Biológica (SNIB) en conjunto con capas climáticas y topográficas para generar modelos ecológicos desde una perspectiva integral. (Flores y Vargas-Paradas, 2017)

Los anteriores ejemplos indican una clara tendencia en el uso de tecnologías de la información para identificar factores que permitan explicar fenómenos complejos e interacciones ecológicas que no son evidentes sin un gran conjunto de datos de distinto tipo. Ante la sociedad de la información, varios autores afirman la necesidad de una “ciencia abierta” (*open science*), basada en el modelo del software libre o de código abierto, que permita una mayor transparencia en cuanto al uso de métodos y datos de manera que los resultados puedan reproducirse homogénea y eficientemente por otros investigadores (Gold, 2016; Kidwell *et al.*, 2016; Maurer, 2003).

1.5. Hacia una ciencia abierta

Desde los años 80's, Zuboff (2015) ha documentado como las tecnologías digitales no sólo tienen la capacidad de “automatizar” (*automate*) procesos sino también de “informatizar” (*informate*), o generar *metadatos*, sobre los mismos lo cual promueve una “división del aprendizaje” que caracteriza a la sociedad de la información de la misma manera en que la división del trabajo caracterizó a la sociedad industrial. Así como la aparición de la imprenta dio paso a la Ilustración, la irrupción de las nuevas tecnologías en todos los ámbitos de la vida cotidiana ha hecho resurgir el viejo conflicto sobre la distribución del conocimiento; un conflicto sobre el cual convergen los movimientos por la transparencia y la democratización de la ciencia y la tecnología (*open source, open access, open data, etc*) (Willinsky, 2005).

Al ser un movimiento nuevo, el discurso a favor de una “ciencia abierta” (*open science*) no está claramente definido, sin embargo Fecher y Friesike (2014) identifican 5 corrientes principales para entender el concepto: democrática, considera que el conocimiento está distribuido de manera desigual y busca que este sea accesible para todo el mundo; pragmática, asume que los científicos deberían colaborar más mediante la adopción de prácticas abiertas para ser más eficientes en su labor; infraestructura, sostiene que la investigación depende de las herramientas disponibles y por lo tanto busca crear plataformas y servicios accesibles; pública, afirma que la ciencia debe ser pública e involucrar a todos los ciudadanos; métrica, considera que la forma en que se mide el impacto científico basado solamente en las publicaciones es inadecuado y plantea que son necesarios indicadores más integrales para evaluarlo propiamente.

2. Objetivos

2.1. General

Realizar un estudio faunístico del orden Araneae del Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Agro-Silvo Pastoril (CEIEPASP) en el municipio de Chapa de Mota, Estado de México.

2.2. Particulares

Elaborar un listado taxonómico del orden Araneae del Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Agro-Silvo Pastoril (CEIEPASP) en el municipio de Chapa de Mota, Estado de México.

Analizar la abundancia y temporalidad de las familias principales separadas por sexo y comparar los distintos tipos de vegetación .

Comparar y analizar la riqueza, la eficacia y la fenología de cada uno de los métodos de recolección (NTP-80 y trampas de caída)

Hallar la correlación entre temperatura y precipitación mensual promedio, abundancia promedio y riqueza.

Describir la diversidad α mediante curvas de acumulación, de rango-abundancia y perfiles de Rényi.

Construir un modelo de regresión lineal generalizado (*glm*) que incluya los factores climáticos, el sexo y el tipo de vegetación y realizar pruebas de ANOVA y de χ^2 entre variables.

Describir la diversidad β mediante la fórmula de Bray-Curtis y el análisis de coordenadas principales (PCoA).

Utilizar la plataforma Open Data Kit para elaborar una base de datos digital que incluya datos curatoriales, geográficos y taxonómicos, además de fotografías de los especímenes.

Realizar una clave digital a nivel de familia con base en la clave de Ubick *et al.* (2005) para dispositivos móviles.

3. Antecedentes

3.1. El orden Araneae en México

Entre 1879 y 1915 se publicó la obra más importante hasta la fecha sobre diversidad de especies de México y Centroamérica: *Biologia Centrali Americana. Contributions to the knowledge of the fauna and flora of Mexico and Central America*. Destaca por su enorme aportación al conocimiento de la aracnofauna mexicana, el capítulo escrito por Pickard Cambridge quien registró y describió gran cantidad de nuevos géneros y especies (Jiménez, 1996). Asimismo, es importante mencionar la contribución del arcnólogo alemán E. Keyserling cuya obra *Die Spinnen Amerikas* consta de seis volúmenes.

A pesar de su diversidad e importancia ecológica las arañas han sido un grupo poco estudiado en México; el primer catálogo completo de arañas del país lo realiza Hoffman (1976) documentando su distribución a nivel estatal, posteriormente, Jiménez (1996) y Jiménez e Ibarra (2008) lo actualizan con información de las localidades. Entre los hábitats naturales en que se han estudiado se encuentran el matorral-xerófilo (Ibarra, 1979), bosque de pino-encino (Medina, 2002) y selva baja caducifolia (Alvarez, 1999; Castelo, 2000; Durán-Barrón, 2000; Nieto, 2000; Correa, 2001), menos estudiados son los ambientes áridos (Bizuet-Flores *et al.*, 2015), subterráneos (Bolivar y Pieltain, 1940; Bonet, 1953, 1971; Brignoli, 1972, 1977; Reddell y Elliott, 1973; Gertsch, 1971, 1977; Guerrero, 1992; Hoffmann, 2003; Pastrana, 2006) y los archipiélagos (Jiménez, 1991). También se han estudiado sus interacciones ecológicas en agroecosistemas de cacao y cafetales (Henaut *et al.*, 2001; Pinkus Rendón *et al.*, 2006; Pérez-de La Cruz *et al.*, 2007; Moreno-Mendoza *et al.*, 2012), así como en hábitats antropogénicos (Jiménez, 1998; Hurtado-Félix *et al.*, 2007; Cupul-Magaña y Navarrete-Heredia, 2008; Desales-Lara, 2009; Durán-Barrón *et al.*, 2009; Desales-Lara *et al.*, 2011, 2013; Rodríguez-Rodríguez *et al.*, 2015; Salazar-Olivo y Solís-Rojas, 2015; Durán-Barrón *et al.*, 2016).

3.2. Estudios recientes

Los inventarios sobre el orden Araneae en México suelen dedicarse principalmente a aspectos ecológicos y de conservación, donde el uso de protocolos, esfuerzo de muestreo y áreas diferentes vuelve difícil comparar la diversidad entre localidades. Algunos estudios recientes enfocados en

3. ANTECEDENTES

la diversidad del orden son los de Maya-Morales *et al.* (2012) quienes estudiaron la diversidad en dos localidades de bosque mesófilo de montaña con diferente grado de perturbación pertenecientes a la reserva de la Biósfera Volcán Tacaná, Chiapas, registraron un total de 22 familias y 112 especies y morfoespecies. El estudio se llevó a cabo durante seis meses en 2009 cubriendo tanto la temporada seca como lluviosa. Encontraron que la perturbación humana influye en las comunidades de arañas: La riqueza fue significativamente mayor en el lugar menos perturbado así mismo la temporada lluviosa tuvo un efecto negativo en la abundancia con respecto al sitio más perturbado.

Ibarra-Núñez *et al.* (2011) en un bosque mesófilo de montaña perteneciente a la reserva de la Biósfera Volcán Tacaná, Chiapas, registraron un total de 32 familias y 151 especies, las cuales representan el 32.5 % de la araneofauna del estado, se registraron siete géneros y 12 especies nuevas para México. Las arañas de suelo se recolectaron mediante trampas de caída y embudos de Berlese. Las familias con mayor riqueza fueron Anyphaenidae, Araneidae, Linyphiidae, Salticidae y Theridiidae.

Jiménez y Navarrete (2010) describieron la temporalidad y diversidad de arañas de suelo del matorral sarcocaula en la región del Cabo, Baja California Sur, realizaron colectas semanales entre 1991-1992 mediante trampas de caída. Se registraron un total de 22 familias, 44 géneros y 53 especies. Las familias con mayor abundancia fueron Miturgidae (42.2 %), Oonopidae (23.5 %), Caponiidae (8.0 %) y Gnaphosidae (7.9 %). Gnaphosidae fue la más rica en especies (11), seguida por Salticidae (7). La riqueza de especies fue constante durante todo el año, con un ligero ascenso en el verano (29) y una ligera disminución en invierno (24). La mayor riqueza específica se encontró en otoño. En la mayoría de las especies, la distribución mostró una marcada estacionalidad.

Corcuera *et al.* (2010), quienes realizaron un estudio enfocado en comparar la diversidad y distribución de arañas no tejedoras entre bosques nativos de pino y plantaciones de eucalipto en el municipio de Morelia, Michoacán. El muestreo se realizó mediante trampas de caída durante el otoño después de la principal temporada reproductiva registrando un total de ocho familias y 33 especies. Respecto a la composición ecológica se encontraron similitudes en ambas comunidades con la diferencia de que las familias Lycosidae, Oxyopidae y Salticidae presentaron mayor riqueza en las plantaciones mientras que el bosque nativo presentó mayor riqueza de las familias Gnaphosidae y Corinnidae.

Pinkus Rendón *et al.* (2006) caracterizaron 18 hábitats en un paisaje fragmentado en el municipio de San Fernando, Chiapas, usando trampas de caída y colecta directa, de febrero a abril y de junio a agosto de 2002. Registraron un total de 115 especies las cuales representan un 41 % de todos los registros para el estado de Chiapas. Aquellos hábitats menos perturbados contienen una proporción importante de la diversidad. Por otra parte, hallaron correlación entre la diversidad de arañas de suelo y la cobertura vegetal, así como la diversidad de plantas durante la época lluviosa.

3.3. Diversidad de Araneae en el Estado de México

En el caso del Estado de México, Desales-Lara (2014) lo coloca en el 8^{vo} lugar en cuanto a diversidad de arañas en la República Mexicana y registra un aumento de 65 % desde 1996, pasando de 126 especies descritas a 208. También menciona que la mayoría de los trabajos de taxonomía sólo se conocen localmente y muchas morfoespecies aún no han sido descritas públicamente. De los 125 municipios del estado, sólo se tienen registros de arañas en 29, siendo los principales Ecatepec, Temascaltepec, Coacalco, Villa del Carbón, Tonatico y Malinalco. Para alrededor del 25 % de las especies, no se encontró el dato del municipio en el cual fueron recolectadas.

Igualmente en el Estado de México se describe una nueva especie de la familia Filistatidae y se dan a conocer siete nuevos registros de aranéidos y terídidos (Desales-Lara, 2012; Desales-Lara *et al.*, 2008).

Ruiz-Noguez *et al.* (2016) realizaron un listado de las especies del orden Araneae presentes en la zona noreste de la Sierra de Guadalupe entre julio de 2014 y junio de 2015. Se encontraron 33 especies y nueve morfoespecies en 36 géneros y 16 familias. Las familias más ricas en especies fueron Salticidae (31 %), Araneidae (14 %), Thomisidae (10 %), Theridiidae y Lycosidae (7 %). Los especímenes fueron colectados mediante trampas de caída, redes de golpeo sobre la vegetación y manualmente con pinzas.

Estrada-Alvarez (2014) hace una revisión acerca de las arañas migalomorfas (Dipluridae y Theraphosidae) del estado, reportando nuevas localidades; se citan por primera vez a tres especies de tarántulas y se describen cuatro especies nuevas de la familia Theraphosidae.

Cruz-Hernández (2013) presenta la diversidad de saltícidos en la Sierra de Guadalupe, en los municipios de Ecatepec y Coacalco. El período de estudio fue de diciembre de 2011 a diciembre de 2012, encontrándose 270 ejemplares (84 ♀, 41 ♂ y 145 juveniles) en 16 especies, nueve géneros y cinco subfamilias. 13 especies se citan por primera vez en el lugar y aumenta el número de especies en el estado de ocho a 20. Las colectas fueron diurnas utilizando red de golpeo, levantando piedras y troncos, buscando telarañas sobre la vegetación y se colocaron además cinco trampas de caída.

Por otra parte, Medina (2002) realiza un estudio en bosque de pino-encino, que representa la vegetación natural de la zona, encontrando 20 familias, 42 géneros y 63 especies. Las principales familias recolectadas mediante trampas de caída fueron Agelenidae, Anyphaenidae, Corinnidae, Dictynidae, Gnaphosidae, Linyphiidae y Pholcidae. Respecto a la temporalidad de las arañas del suelo se encontró una mayor abundancia de mayo a noviembre, con el mayor número de ejemplares entre octubre y noviembre.

3.4. Cibertaxonomía en México

A mediados de los 90's la *Agenda Sistemática 2000* planteó una serie de metas sobre el papel que debía cumplir la disciplina en el nuevo siglo, más de 20 años después sus objetivos aún se mantienen vigentes por lo que la *Agenda Sistemática 2020* (Daly *et al.*, 2012) actualiza las misiones originales e incorpora los avances filogenéticos reconociendo la importancia de la dimensión evolutiva en sus metas. Tomando en cuenta estos retos, desde la creación de la CONABIO en

3. ANTECEDENTES

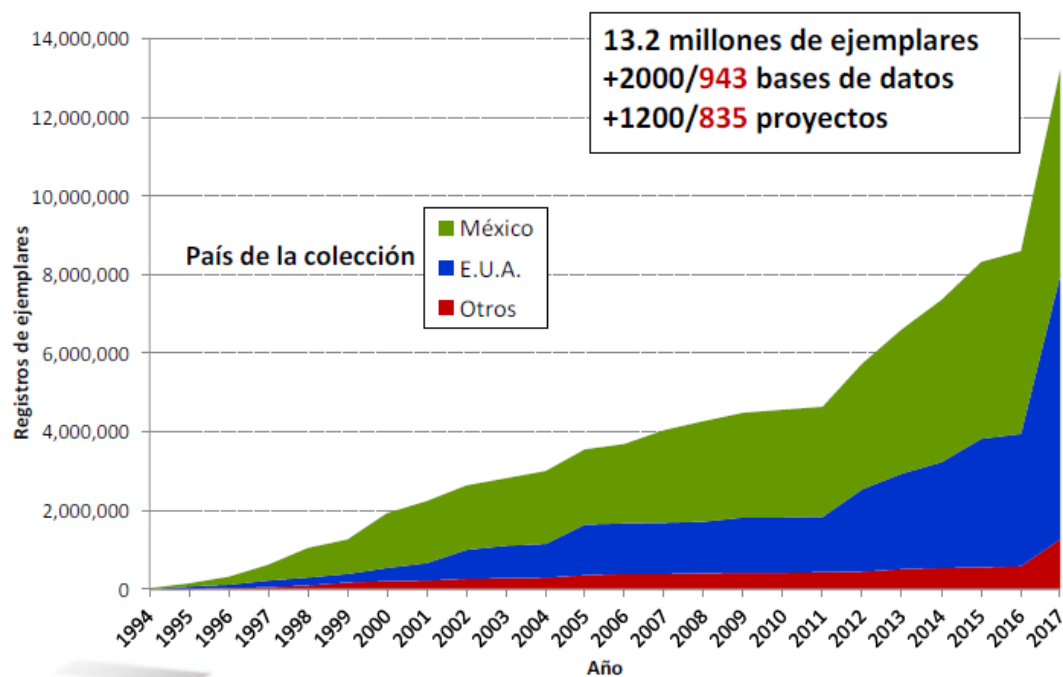


Figura 3.1: Número de ejemplares y bases de datos registrados en el SNIB. Tomado de CONABIO (2017)

1992, se ideó el SNIB con el fin de contar con un marco de referencia para conocer los recursos del país (Figura 3.1). La CONABIO adoptó como modelo inicial una estructura basada en datos primarios en la cual el espécimen (ejemplar resguardado en una colección científica biológica) constituye la columna vertebral del sistema. (CONABIO, 2008). El SNIB cuenta actualmente con alrededor de 8 millones de localidades georreferenciadas para 81,602 especies de flora y fauna (González-Salazar *et al.*, 2017).

Respecto a la cibertaxonomía de arácnidos en México, el laboratorio de aracnología de la Facultad de Ciencias de la UNAM, a cargo del Dr. Fernando Álvarez-Padilla, ha creado un sitio web sobre diversidad de arañas en México publicando un catálogo fotográfico a partir de los trabajos de:

Rivera-Quiroz *et al.* (2016) en una selva alta perennifolia ubicada en la localidad de Xilitla, reportando 205 especies y 39 familias de arañas, de las cuales un total de 1,432 especímenes adultos y 51 especies pertenecientes a la familia Theridiidae, utilizando métodos estandarizados de muestreo en un cuadrante de una hectárea.

Salgueiro Sepúlveda (2013) en un bosque de pino-encino ubicado en el municipio de Atonilco, Veracruz, registró 2,225 especímenes adultos pertenecientes a 31 especies de la familia Theridiidae, en dos cuadrantes de una hectárea usando métodos estandarizados de recolecta y recolectados a lo largo de un año.

4. Área de estudio

El CEIEPASP perteneciente a la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM, se localiza sobre el km 68.5 de la carretera Atizapán-Jilotepec dentro de la cabecera municipal de Chapa de Mota, al noroeste del Estado de México, enclavada en el sistema orográfico de la provincia del Eje Volcánico Transversal y las subprovincias Lagos y Volcanes de Anáhuac y Llanuras y Sierras de Querétaro e Hidalgo, sus coordenadas son 99°31'16.14''O y 19°48'57.59''N. El Centro se ubica en una pequeña cuenca hidrológica tributaria del alto Pánuco, con bosque de encino y pastizal. Posee una altitud en su punto más bajo de 2,671 msnm y de 2,730 msnm en su punto más alto. El tipo de suelo está desarrollado sobre roca del tipo ígnea extrusiva conformado por andesita (53.12%), volcanoclástico (22.79%) y basalto (5.65%) en las partes altas; roca sedimentaria conglomerado (6.95%) y brecha sedimentaria (0.4%) de formación aluvial en las zonas bajas (INEGI, 2018b). Corresponde a un Phaeozem lúvico y se caracteriza por presentar textura franco arcillosa, pH ligeramente ácido (4.97 - 5.87) y una capacidad de intercambio catiónico que varía de 13 a 48 cmol/kg⁻¹ (Del Bosque, 2015) (Figura 4.1). Toda el área presenta un porcentaje de pendiente que oscila entre 10-15%, siendo el promedio del 10%, con una alta cantidad de materia orgánica en todas las zonas y representa una frontera entre el avance de las áreas urbanas y rurales (FMVZ-UNAM, 2012).

El clima de la región está clasificado como templado subhúmedo Cb (w1) (w). Presenta una temperatura media anual que oscila entre los 14 y 29°C. Las heladas comienzan en octubre y finalizan en las primeras semanas de abril (FMVZ-UNAM, 2012). Los días de heladas van de 60 a 80 (SEGOB, 2010). La temporada de lluvias va de abril a octubre, con precipitaciones desde 37.7 mm hasta 182.9 mm y la época de secas es de noviembre a marzo, con precipitaciones de 7.5 mm hasta 18.6 mm (SMN-CONAGUA, 2016). El rango de precipitación va de 700 - 1,000 mm. La precipitación del mes más seco es menor de 40 mm (INEGI, 2018a).

El paisaje del área de estudio está fragmentado en 5 sitios: tres de Bosque, una de Agricultura y una de Potrero (originados en la década de los ochentas), siendo su mayoría de cobertura del bosque original, y rodeada por las áreas de cultivo y de pastizal (Figura 4.2 y 4.3). En la zona de agricultura se tienen cultivos de organismos perennes maderables (*Pinus patula* y *Cupressus lindleyi*) cultivos anuales (avena, cebada y alfalfa) y los restantes son zonas de bosque templado de encino con un dosel arbóreo que alcanza alturas de 15 a 20 m en el que predominan *Quercus mexicana*, *Q. crassipes*, *Crataegus pubescens* y *Alnus firmifolia* (Del Bosque, 2015).

En cuanto al resto de especies vegetales existe una importante diversidad, destacando los encinos (*Quercus rugosa*, Née.1801; *Q. laurina*, Bonpl. y *Q. crassifolia*, Bonpl.1809), el tejocote

4. ÁREA DE ESTUDIO

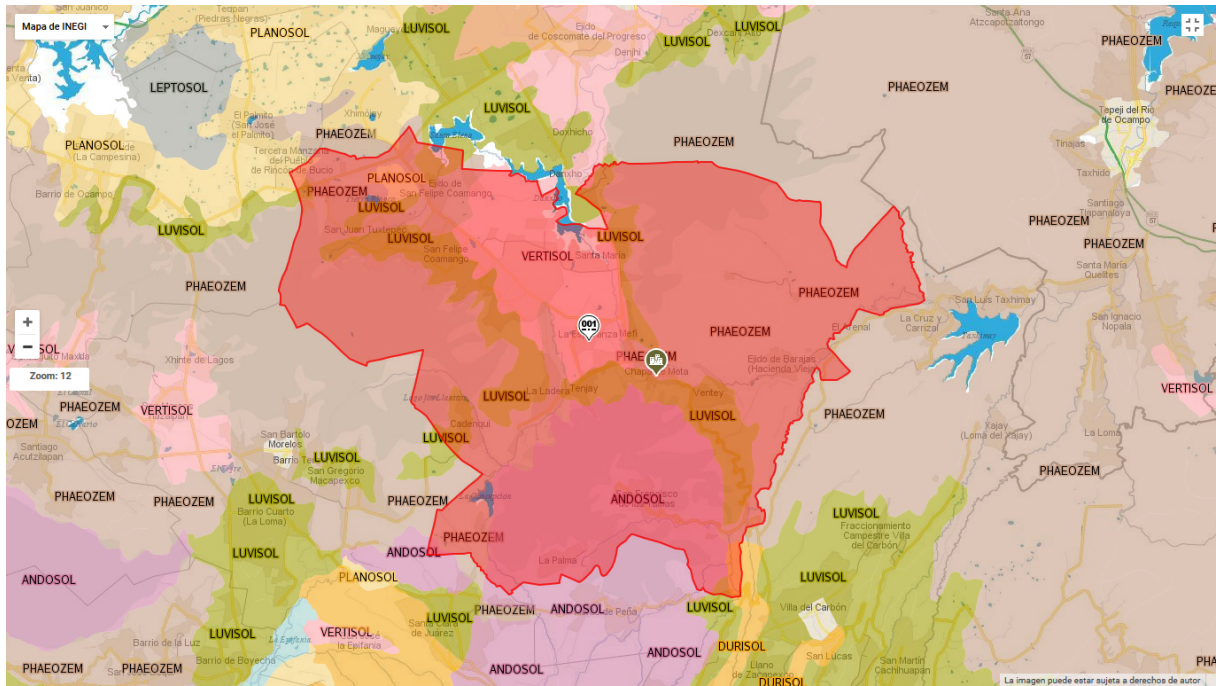


Figura 4.1: Mapa edafológico del municipio de Chapa de Mota. INEGI (2018b)

(*Crataegus pubescens* (Kunth) Steud, 1841), capulín (*Prunus serótina subsp. capuli* (Cav.) Mc-Vaugh. 1951), pino ocote (*Pinus teocote*, Schldt et Cham), madroño (*Arbutus glandulosa*, Mart y Galeotti. 1842) y tepozán (*Buddleja cordata*, Kunt). Entre la vegetación secundaria se encuentra el chacal (*Stevia salicifolia*, Cav.), hierba mora (*Monnina schlechtendaliana*, D. Dietr.), escoba (*Baccharis conferta*, Kunt), perlilla (*Fuchsia sp.*) y zacatón (*Muhlenbergia macroura* (Kunth) Benth)(FMVZ-UNAM, 2012). El dosel del sotobosque está dominado por las familias Compositae y Solanaceae, con una altura máxima de 1.5 m la mayoría de sus especies y una mayor diversidad de las formas herbáceas. Dentro de la comunidad vegetal estudiada se observó una riqueza de angiospermas, encontrándose 105 especies agrupadas en 27 familias y presentando una estructura herbáceo-arborea (Del Bosque, 2015).

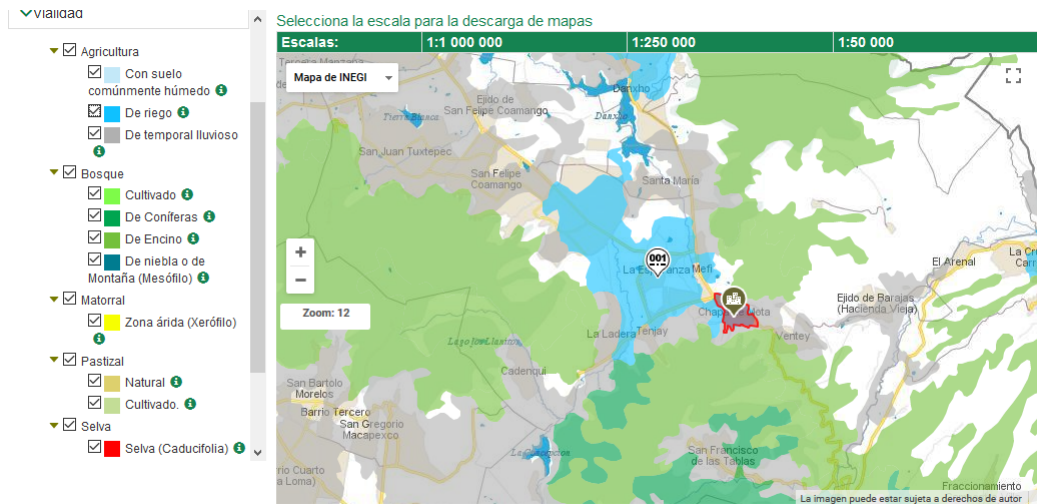


Figura 4.2: Mapa de uso de suelo del municipio de Chapa de Mota. INEGI (2018c)

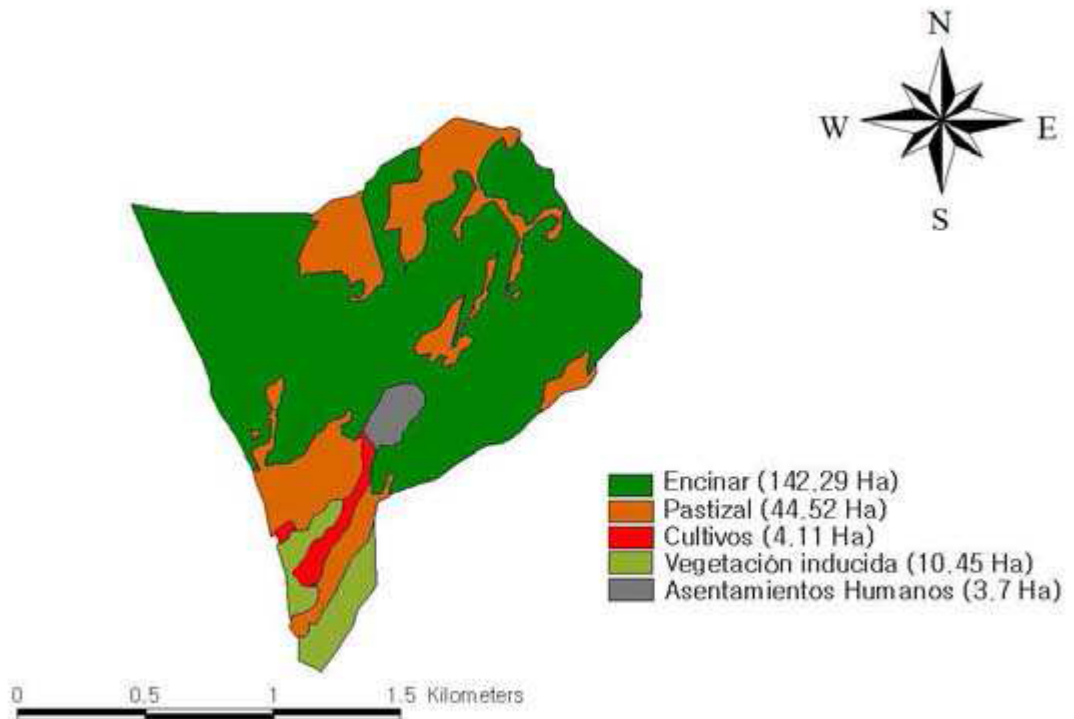


Figura 4.3: Uso de suelo dentro del CEIEPASP. - Tomado de Del Bosque (2015)

5. Materiales y métodos

5.1. Obtención e identificación de los especímenes

Se revisaron especímenes del orden Araneae, pertenecientes a la Colección de Artrópodos de la Facultad de Estudios Superiores Iztacala (CAFESI-UNAM), los cuales fueron obtenidos en la localidad durante un muestreo enfocado en coleópteros necrófilos, recolectados mensualmente entre agosto de 2014 y junio de 2015 mediante trampas de caída (Valdez, 2017) y necrotrampas modificadas (Onesto, 2017). Para las trampas de caída, el área de estudio fue compuesta por un mosaico de cuatro sitios con diferente uso de suelo y vegetación (Cuadro 5.1, Figura 5.1), en cada uno se colocaron siete trampas de caída en un transecto de 100 m, separadas entre sí por una distancia aproximada de 12 m. Las trampas fueron enterradas a ras de suelo lo más cercano al pie de un árbol para ocultarlas y evitar su inundación. Cada trampa consistió en un recipiente plástico de un litro, con 500 ml de mono-etilenglicol al 50 % y se cubrieron parcialmente con un plato a una altura de 5 cm. Adicionalmente se registraron 19 organismos colectados mediante “intercepción de vuelo” (*sic*) o sin referencia.

Por su parte las necrotrampas fueron de tipo NTP-80 (Morón y Terrón, 1984) modificadas, cebadas con calamar y como líquido conservador mono-etilenglicol al 50 %. El cebo se sustituyó cada mes y los ejemplares capturados se filtraron del líquido conservador el cual era reemplazado sólo cuando se veía diluido o muy sucio. Para los muestreos se seleccionaron dos sitios, uno con la vegetación natural que correspondió a un bosque de encino y otro a una zona de cultivo de cipreses, la distancia entre los sitios fue de aproximadamente 1 Km, en cada zona se colocaron tres trampas a lo largo de un transecto con una distancia entre ellas de por lo menos 100 m, para evitar que interfirieran entre ellas.

El material se encuentra preservado en alcohol al 70 % y etiquetado de acuerdo con su método de captura, localidad y fecha. La determinación taxonómica se llevó a cabo mediante el uso de un microscopio estereoscópico marca MotiCTM modelo MZ-140 con oculares 10x y 30x, utilizando una caja petri con arena y alcohol etílico al 80 % para depositar al organismo y pinzas entomológicas para su manejo. Se siguió la clave de Ubick *et al.* (2017) para determinar los individuos a nivel de familia y género, además de literatura especializada del World Spider Catalog (WSC).

5. MATERIALES Y MÉTODOS

Sitio	Vegetación	Altitud (msnm)	Coordenadas	Particularidades	Longitud del transecto (m)	Fotografía del sitio
Bosque de encino	Encinos, pinos, herbáceas y pasto.	2738	99°7'35"O 19°50'8.73"N	Suelo Pheozem, terreno con inclinación de 25°. Sin pastoreo y sin especies cultivadas, amplia cobertura de dosel (encinos) y gran cantidad de hojarasca. Poca compactación del suelo y cercano a un espejo de agua.	98.5	
Pastizal y tierra de cultivo	Fragmento de bosque, pastizal inducido y cultivo de temporal.	2714	99°31'12.3"O 19°49'50.5"N	Suelo Pheozem, inclinación de 10°. Transecto atraviesa cañales de apicultura, y tierras aradas, zona con poca cobertura vegetal, cultivos de temporal y zona de pastizal natural compactado, pastoreo vacuno continuo.	94.5	
Zona reforestada con cipreses	Cipreses, área de 5m de pasto a un lado de estanque.	2709	99°31'30.9"O 19°49'29"N	Suelo Luvrisol, inclinación de 20°. Amplia cobertura vegetal, con cipreses a una distancia no mayor de 4m entre sí, gran cantidad de materia vegetal en suelo, sin pastoreo y cercano a un estanque de agua de lluvias.	99	
Zona reforestada con pinos intercalada con cultivos	Pinos y cultivos de maíz.	2701	99°31'30.1"O 19°49'22.9"N	Suelo Pheozem, sin inclinación, con líneas de pinos, intercaladas con cultivo de maíz, gran exposición solar y con una zona de pastoreo (debajo de pinos).	106	

Cuadro 5.1: Resumen de características de los sitios muestreados - Tomado de Valdez (2017)

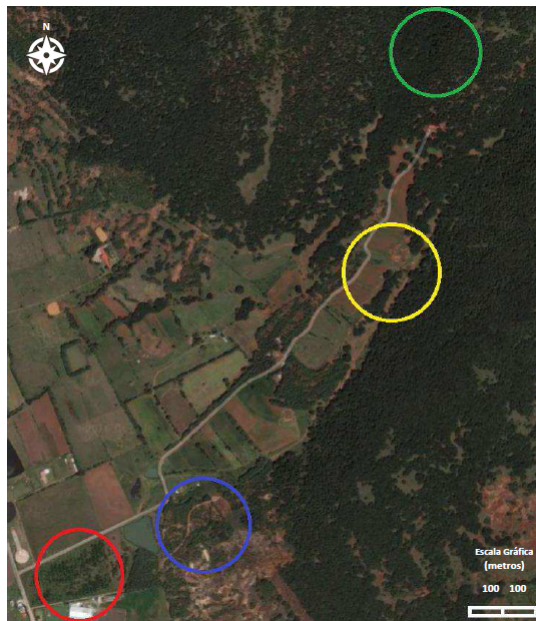


Figura 5.1: Sitios de muestreo - Bosque de encino (círculo verde), Pastizal natural y tierras de cultivo (círculo amarillo), Zona reforestada con Cipreses (círculo azul) y Zona reforestada con pinos intercalada con cultivos de maíz (círculo rojo). Tomado de Valdez (2017)

5.2. Análisis estadístico

Se calculó la riqueza (número de especies) y abundancia respectivas tanto en lo general así como por trampas individuales, período y trampas agrupadas por sitio de colecta. Se realizó una correlación con los valores promedio de temperatura y precipitación mensuales, mediante el coeficiente de Pearson (Kindt y Coe, 2005) y una prueba de t para encontrar relaciones significativas. Debido al uso de diferentes trampas y a las desventajas de los métodos se utilizaron valores de abundancia relativos.

Para valorar la diversidad alfa (el análisis de la comunidad) se graficaron curvas de acumulación de géneros para cada uno de los grupos mediante los métodos de promedios exactos y de rarefacción. Así como curvas de rango-abundancia para comparar la riqueza y abundancia entre sitios (Magurran, 2004). También se calcularon perfiles de Rényi para caracterizar las distintas comunidades mediante los índices de diversidad de Shanon y dominancia de Simpson (Moreno, 2001; Kindt y Coe, 2005).

Para analizar la influencia de factores ambientales como el tipo de vegetación, el clima y el sexo, se utilizó un modelo de regresión generalizado (*glm*) basado en una distribución quasi-poisson (binomial negativa) tomando como valores de referencia la población de sexo hembra del bosque de pino-encino. Además se complementó con una prueba de χ^2 con distribución binomial para un modelo de presencia-ausencia de especies (Kindt y Coe, 2005).

La diversidad beta (análisis entre comunidades) se estudió mediante un análisis de simili-

tud calculando la distancia ecológica entre sitios mediante las fórmulas de Bray-Curtis, luego se compararon mediante las pruebas de Mantel y ANOSIM para los factores. Finalmente se ordenaron las distancias mediante análisis de coordenadas principales (PCoA) habiendo transformado previamente los datos de abundancia en perfiles (Kindt y Coe, 2005).

Todos los análisis se realizaron en R 3.4.3 (R Core Team, 2018) mediante el paquete Biodiversity R 2.8-4 (Kindt y Coe, 2005). Para una lista completa de los paquetes utilizados consultar el apéndice D.

5.3. Recolección de datos

ODK es una plataforma desarrollada originalmente por Google y la Universidad de Washington, cuya filosofía abierta y modular busca ofrecer un sistema de información asequible a muchas de las regiones donde el acceso a tecnologías y capacitación es limitado. Existen dos versiones; la 1.0 está enfocada a ser compatible con la mayor cantidad de dispositivos utilizando el menor número de recursos posibles, mientras que la versión 2.0 incluye un mayor número de herramientas así como la habilidad de establecer conexiones dinámicas con la base de datos, sin embargo requiere de dispositivos más modernos y un servicio de conectividad estable. ODK 1.0 consta de dos componentes principales:

Collect es una aplicación móvil para el sistema Android que permite manipular de manera asíncrona formularios complejos que involucren condiciones lógicas, grupos y repeticiones; soporta diversos tipos de datos como: texto, geolocalización, imagen, audio, video e incluso códigos de barras gracias a los diferentes sensores presentes en los teléfonos inteligentes.

Aggregate es la parte del servidor que puede desplegarse mediante un instalador sencillo, permite la recopilación de datos tanto en la nube como localmente, también se pueden observar los datos recolectados en tiempo real en forma de tabla o visualizarlos mediante histogramas, gráficas de pastel o en un mapa si contienen coordenadas. Los datos pueden exportarse a Google fusion tables, o en formato csv, json o kml para aplicaciones geográficas.

Al enfocarse en el sistema Android asegura ser compatible con una gran cantidad de dispositivos móviles. Para garantizar la interoperabilidad, se utiliza el estándar basado en XML, XForm, mediante la implementación OpenRosa, el cual permite manejar diferentes tipos de datos así como crear condicionantes, soporte multilingüe y lógica de saltos, entre otras características (Hartung *et al.*, 2010).

En ámbitos biológicos, la plataforma ODK ha sido utilizada en el Parque Nacional Galápagos, como un sistema de monitoreo en campo de especies introducidas, para agilizar y automatizar los procesos de captura de información. Tomando en consideración el caso anterior, se planteó adaptar la primera parte del sistema propuesto por García (2014). En la figura 5.2 se observa la arquitectura propuesta: un proxy NGINX para conectar los diferentes servicios, una base de datos compartida, la plataforma ODK, un geoportal para aplicaciones de mapeo y un motor de análisis estadístico.

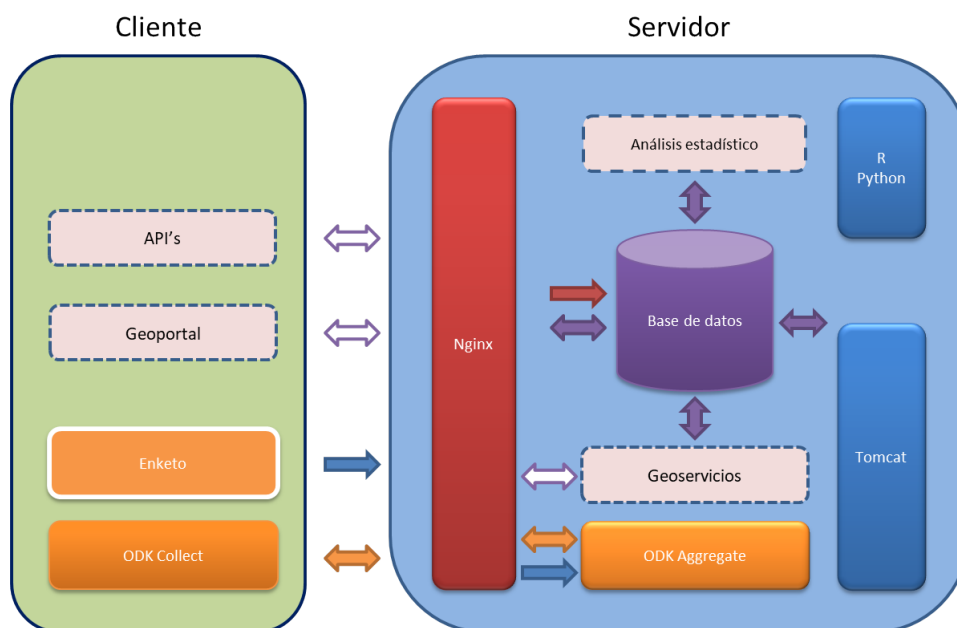


Figura 5.2: Arquitectura propuesta. Los servicios en línea punteada aún están en desarrollo

A diferencia de otras plataformas especializadas, la versatilidad de ODK permite la creación de formularios dirigidos a todos los niveles, desde público en general hasta expertos, incluyendo toda la información necesaria de manera sencilla y con un bajo uso de recursos, pudiendo adaptarse al momento y tipo de estudio. También puede utilizarse, como en este caso, para crear guías visuales o claves que pueden consultarse interactivamente.

ODK Aggregate v.1.15 se instaló en un servlet Apache Tomcat 8 con una base de datos Postgresql v.9.6 y proxy NGINX para manejar las conexiones SSL. Se elaboró un formulario en formato XLSForm para la plataforma, con 14 campos curatoriales: (1) nombre del colector, (2) responsable de recolecta, (3) código de colecta, (4) fecha de colecta, (5) método de colecta, (6) tipo de preparación, (7) número de especímenes colectados, (8) Estado, (9) Municipio, (10) coordenadas geográficas, (11) tipo de clima, (12) temperatura promedio, (13) precipitación promedio y (14) tipo de vegetación. Para la identificación de los especímenes se utilizaron 11 campos adicionales: (1) clave del vial, (2) clase, (3) orden, (4) infraorden, (5) familia, (6) género, (7) especie, (8) sexo, (9) cantidad, (10) autor y (11) registro fotográfico del organismo. Además se adaptó la clave de familias de Ubick *et al.* (2005) como un subformulario para facilitar su referencia digital.

Los ejemplares identificados se re-etiquetaron y se agregaron a la base de datos; se compararon los resultados obtenidos con otros listados similares y finalmente se depositará el material separado y etiquetado en la Colección Nacional de Arácnidos (CNAN) del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México (IB-UNAM) mientras que los ejemplares duplicados permanecerán en la CAFESI-UNAM.

6. Resultados

6.1. Riqueza

Se revisaron 931 especímenes (373 ♀, 448 ♂ y 80 inmaduros) agrupados en 26 familias, 92 géneros y 171 morfoespecies (Apéndice A). Las seis familias con mayor número de morfoespecies fueron Lycosidae con 27, Gnaphosidae (25), Agelenidae (22) y Linyphiidae (21), seguidas por Salticidae y Anyphaenidae con 13 y 11 morfoespecies cada una (Figura 6.1).

La riqueza de las trampas NTP-80 fue de 19 familias y 50 géneros y para las de caída 25 familias y 78 géneros, siete familias se encontraron en todos los sitios de muestreo: Agelenidae, Anyphaenidae, Corinnidae, Gnaphosidae, Linyphiidae, Lycosidae, Salticidae (Cuadro 6.1 y Apéndice B). Las familias comunes a las trampas NTP que no se encuentran en todas las de caída son Cybaeidae y Pimoidae, mientras que las familias que aparecen en todas las de caída, pero no en todas las NTP son Araneidae, Miturgidae, Zoropsidae.

Respecto a las trampas NTP, las familias que sólo se hallaron en el bosque de pino-encino fueron: Araneidae, Liocranidae, Mimetidae, Mysmenidae, Theridiidae, Theridiosomatidae, Thomisidae, Zoropsidae. Para el cultivo de cipreses: Dictynidae y Nesticidae. Mientras que las familias comunes a ambos fueron: Agelenidae, Anyphaenidae, Corinnidae, Cybaeidae, Gnaphosidae, Linyphiidae, Lycosidae, Pimoidae, Salticidae.

En el caso de las trampas de caída, las familias exclusivas para el transecto 1 fueron: Dipluridae, Haniidae, Liocranidae, Pimoidae, Theridiosomatidae. En los demás transectos se encontraron individuos únicos, en el transecto 2 se encontró una Mygalomorpha sin opistosoma; en el 3 un Sparassidae; y en el 4 un Clubionidae. Las familias comunes entre ellas fueron: Agelenidae, Anyphaenidae, Araneidae, Corinnidae, Gnaphosidae, Linyphiidae, Lycosidae, Miturgidae, Salticidae, Zoropsidae.

Las trampas NTP-80 tuvieron una riqueza entre 9 (#4) y 27 (#3) géneros distintos y en total, el bosque de pino-encino presentó una riqueza total de 17 familias y 43 géneros mientras que en el cultivo de cipreses se observaron 11 familias y 25 géneros. De las trampas de caída el transecto 3 mostró la menor diversidad, con 13 familias y 26 géneros mientras que el sitio 4 tuvo la mayor diversidad con 17 familias y 43 géneros. La mayor diversidad se encontró durante agosto y septiembre con 42 y 35 géneros respectivamente (Figura 6.2). De agosto a diciembre la riqueza disminuyó, excepto en el transecto 4 el cuál alcanza su máximo en noviembre; entre octubre y abril el número de géneros oscila alrededor de los 25 por mes (Figura 6.3 y 6.4).

6. RESULTADOS

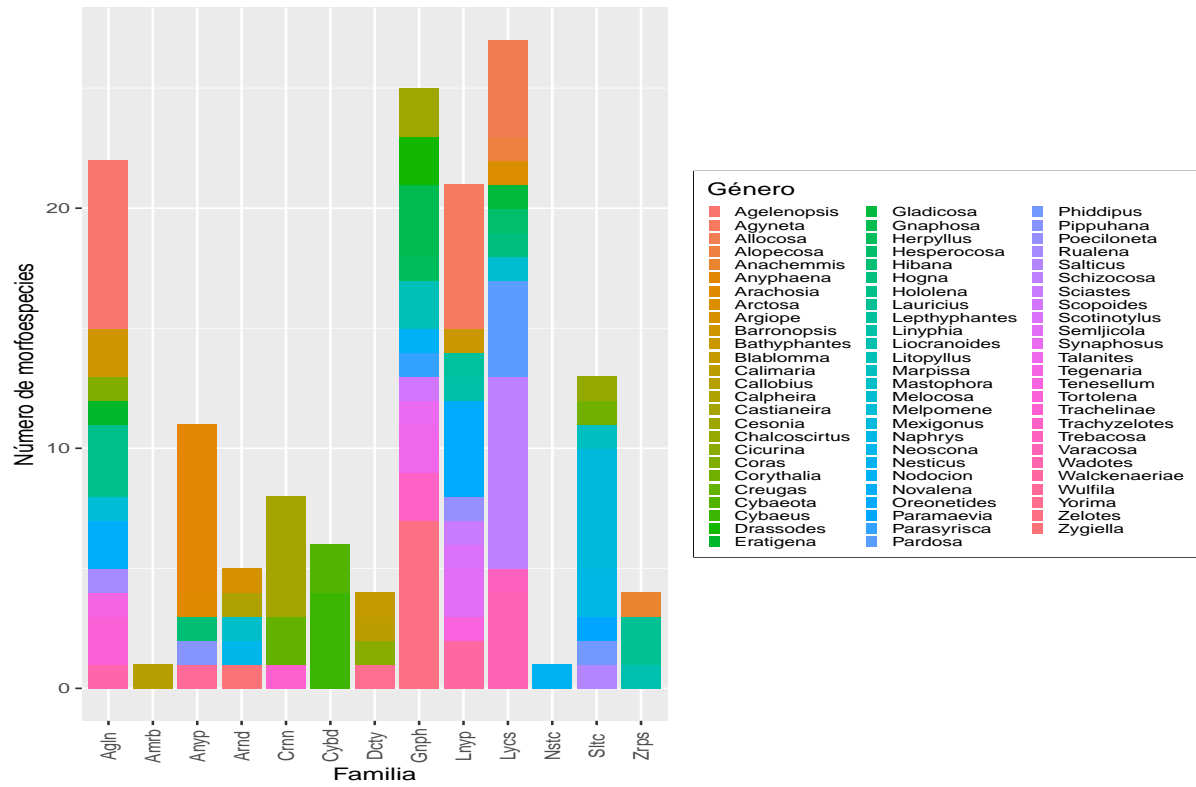


Figura 6.1: Número de morfoespecies por familia

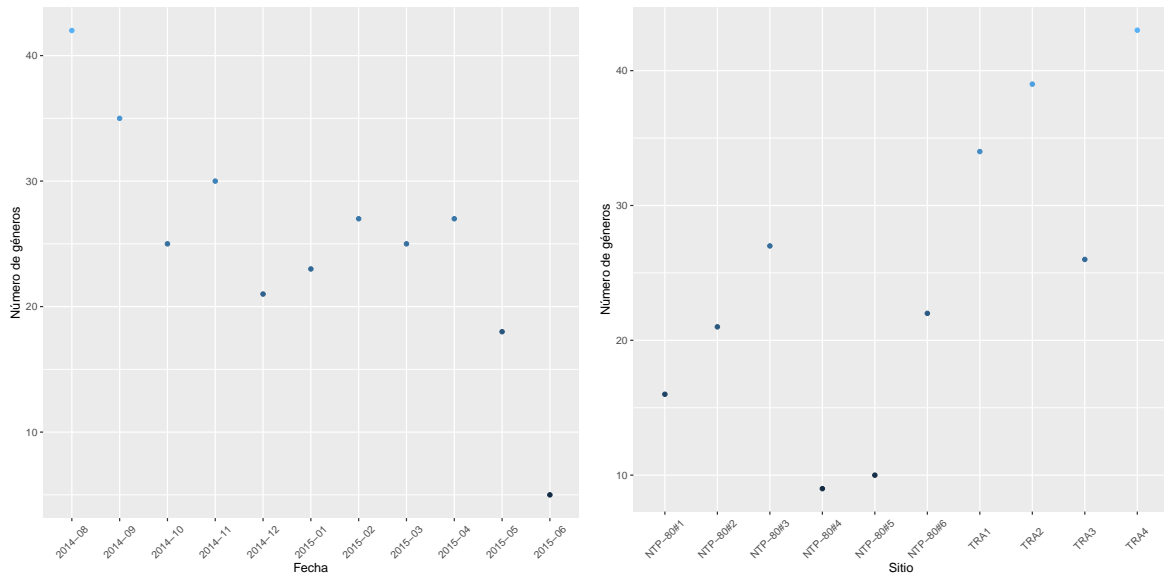


Figura 6.2: Riqueza total por mes (izq.) y por sitio (der.)

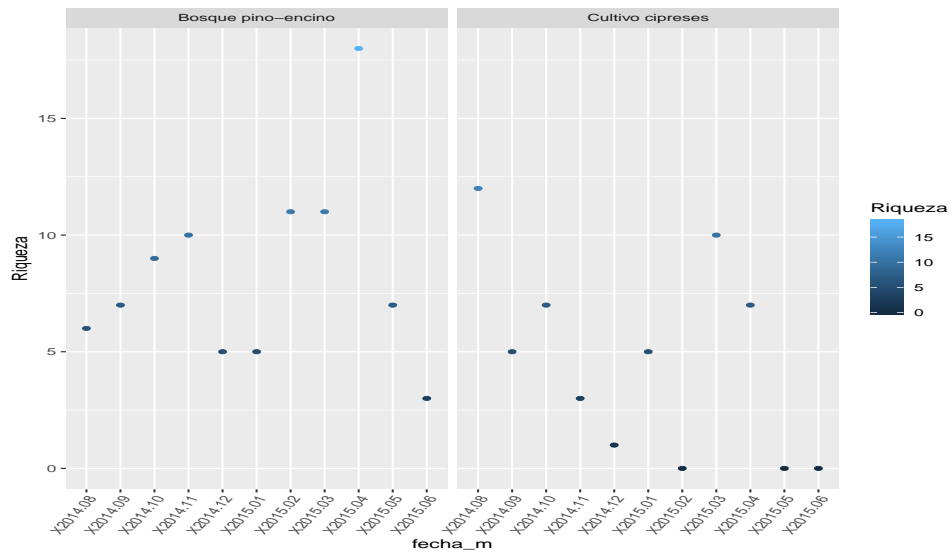


Figura 6.3: Riqueza por mes para las trampas NTP-80

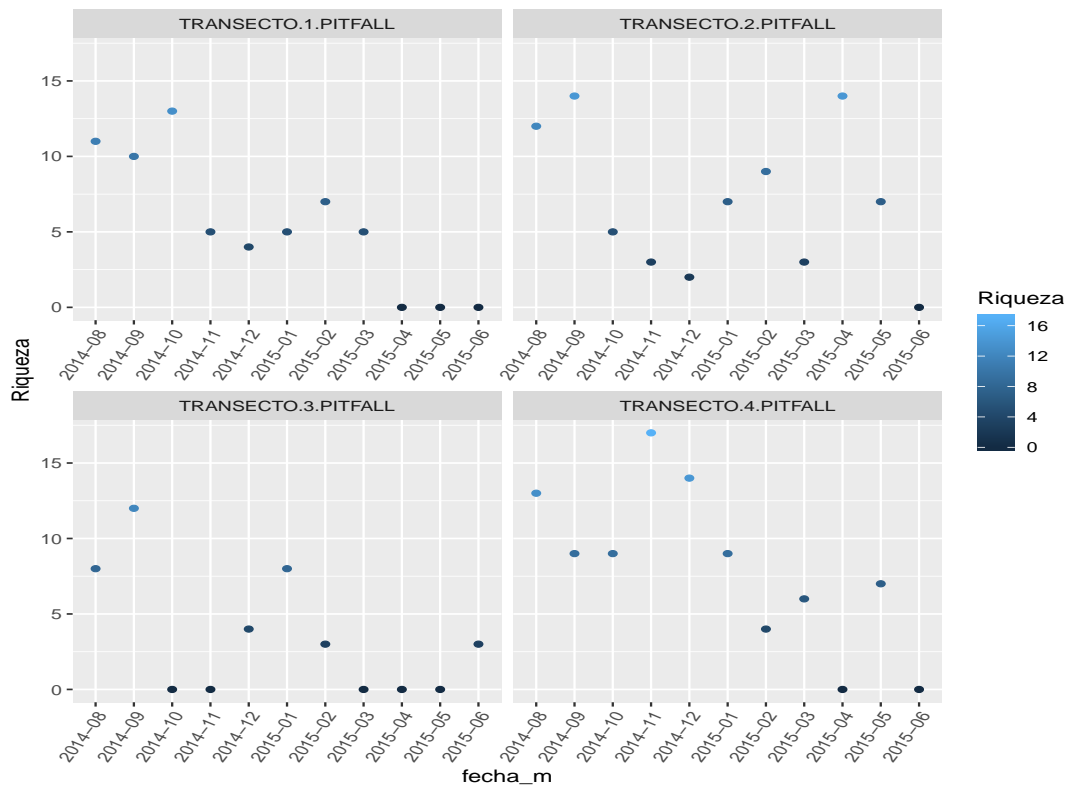


Figura 6.4: Riqueza por mes para las trampas de caída

Cuadro 6.1: Número de individuos colectados por sitio de muestreo

Familia	Bosque de pino-encino			Cultivo de cipreses			TRANSECTO 1-PITFALL	TRANSECTO 2-PITFALL	TRANSECTO 3-PITFALL	TRANSECTO 4-PITFALL
	NTP-80 1	NTP-80 2	NTP-80 3	NTP-80 4	NTP-80 5	NTP-80 6				
Agelenidae	10	16	20	4	4	17	45	21	7	18
Amaurobiidae	0	0	0	0	0	0	0	1	0	9
Anyphaenidae	3	1	4	4	3	5	20	14	5	7
Araneidae	1	0	0	0	0	0	9	11	3	6
Clubionidae*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Corinnidae	0	13	0	0	3	1	6	9	1	12
Cybaecidae	1	2	1	0	0	2	4	0	0	3
Dictynidae	0	0	0	0	1	2	0	2	0	10
Dipluridae*	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Gnaphosidae	7	4	1	1	1	5	16	13	6	24
Haniidae*	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
Linyphiidae	3	6	12	12	4	4	12	10	11	30
Liocranidae	0	0	2	0	0	0	2	0	0	0
Lycosidae	33	1	10	1	0	2	8	59	4	158
Mimetidae*	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Miturgidae	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2
Mygalomorphae*	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Mysmenidae	1	1	2	0	0	0	0	0	2	2
Nesticidae	0	0	0	0	0	2	4	2	0	4
Pimoidae	0	2	1	0	0	3	2	0	0	0
Salticidae	0	8	4	1	1	2	11	7	3	2
Sparassidae*	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Theridiidae	0	0	1	0	0	0	0	2	1	0
Theridiosomatidae	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0
Thomisidae	0	0	2	0	0	0	1	2	0	2
Zoropsidae	0	7	0	0	0	0	2	1	1	2

* Familias únicas

6.2. Abundancia

En cuanto abundancia, se identificaron 276 Lycosidae, 165 Agelenidae y 107 Linyphiidae seguidas por 79 Gnaphosidae y 75 Anyphaenidae (Figura 6.5). Estas cinco familias representan el 75.6 % del total de individuos (Figura 6.6). De las 26 familias recolectadas, sólo 13 se encuentran representadas con más de 10 ejemplares.

A pesar de que en la literatura no se hace distinción entre inmaduros y juveniles, para el análisis fenológico de este estudio se consideraron inmaduros a los organismos enteléginos que no mostraban estructuras sexuales visibles y como juveniles aquellos cuyas estructuras sexuales eran distinguibles mas no se observaban desarrolladas. Así, la distribución total por sexo fue de 40.2 % hembras, 48.2 % machos (incluyendo juveniles) y el resto de inmaduros y ejemplares que por estar incompletos o dañados no pudieron determinarse (Figura 6.7). La proporción de sexos también varió entre familias, para Agelenidae, Corinnidae, Gnaphosidae, y Lycosidae alrededor del 50 % fueron machos y de 30-40 % hembras, la familia Cybaeidae tuvo un porcentaje aproximado de 50 % entre ambos sexos; por otra parte, Amaurobiidae, Anyphaenidae, Araneidae, Dictynidae, y Salticidae presentaron una mayor proporción de hembras. Finalmente para Linyphiidae se obtuvieron igual número de hembras y machos (31.8 %) mientras que el resto fueron inmaduros y juveniles (Figura 6.8).

En la distribución temporal se aprecia que los meses de agosto y septiembre revelaron mayor abundancia mientras que las familias disminuyeron de octubre a diciembre y a partir de enero comenzaron a incrementarse de nuevo (Figura 6.9); respecto al sexo, la proporción de machos se mantuvo estable alrededor del 40 % con un pico del 50 % en octubre y una depresión del 30.9 % en marzo mientras que las hembras oscilaron entre el 20 y el 40 % con un máximo en abril y un mínimo en noviembre. Los inmaduros manifestaron dos picos, uno en noviembre de 26.2 % y otro de 16.2 % en marzo, por su parte los juveniles aumentaron entre enero y marzo (Figura 6.10). De acuerdo a las proporciones entre trampas, el promedio fue de 36.3 % para las hembras, 39.6 % para los machos, 8.4 % para los inmaduros y 6.3 % para los juveniles, sin embargo los machos exhibieron más variaciones y en las trampas NTP #3-6 y la trampa de caída 3, su porcentaje fue igual o menor al de las hembras; mientras que las trampas NTP y de caída #3 tuvieron la mayor proporción de inmaduros con 15 y 15.2 % respectivamente (Figura 6.11).

Tomando en cuenta los factores ambientales y la riqueza a nivel de familia, la correlación entre temperatura y precipitación promedio es de 0.657 sin embargo no hay correlación significativa entre ambos factores y la riqueza mensual. Por otra parte, la abundancia promedio sí presentó un coeficiente de Pearson de 0.528 para la temperatura y de 0.413 para la precipitación promedio y de 0.596 con la riqueza (Figura 6.12).

6. RESULTADOS

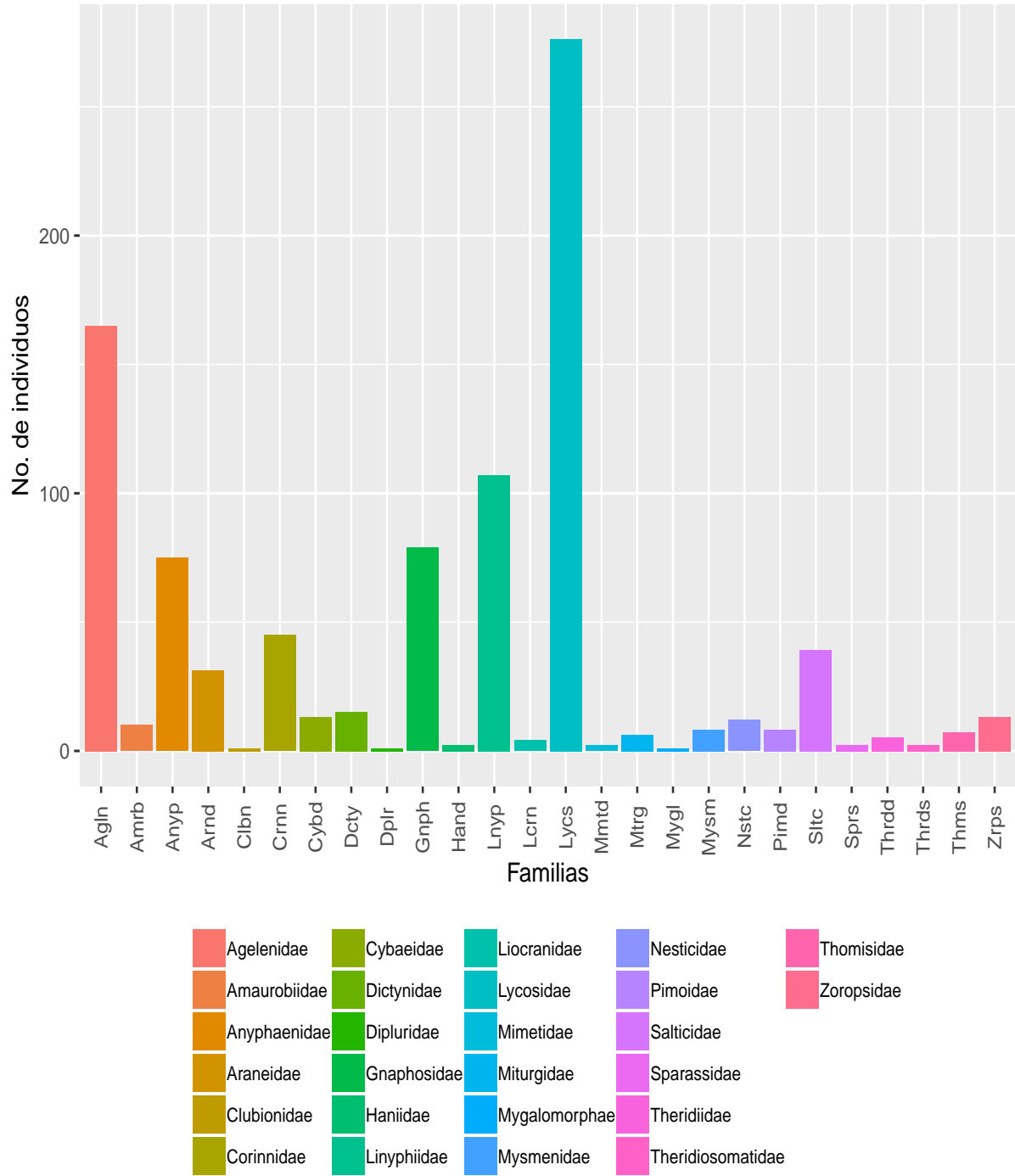


Figura 6.5: Número de individuos por familia

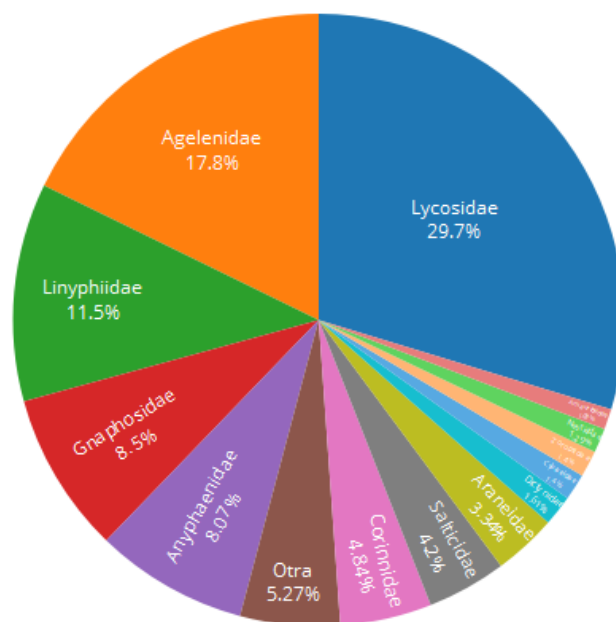


Figura 6.6: Porcentaje de familias respecto al total de individuos

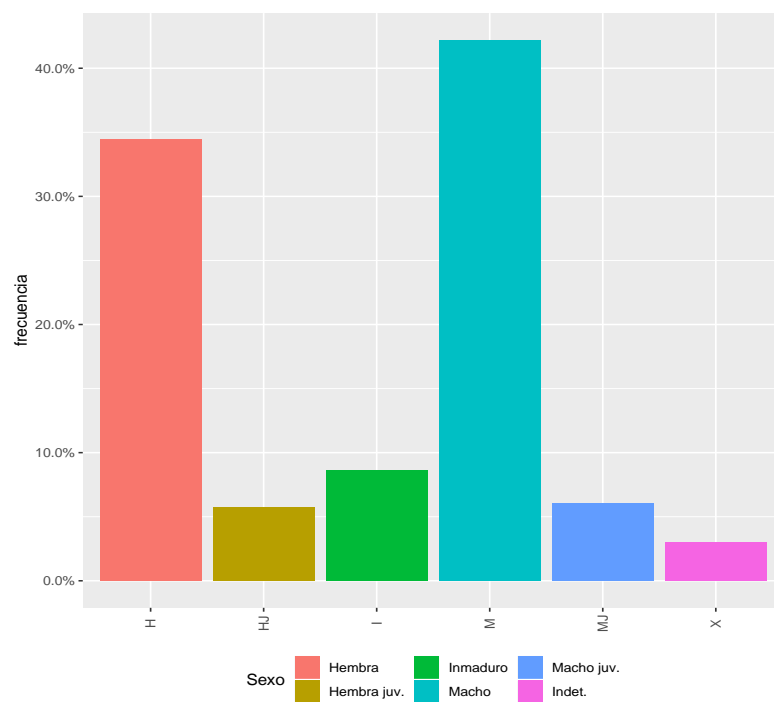


Figura 6.7: Porcentaje de sexos totales

6. RESULTADOS



Figura 6.8: Porcentaje de sexos por familia

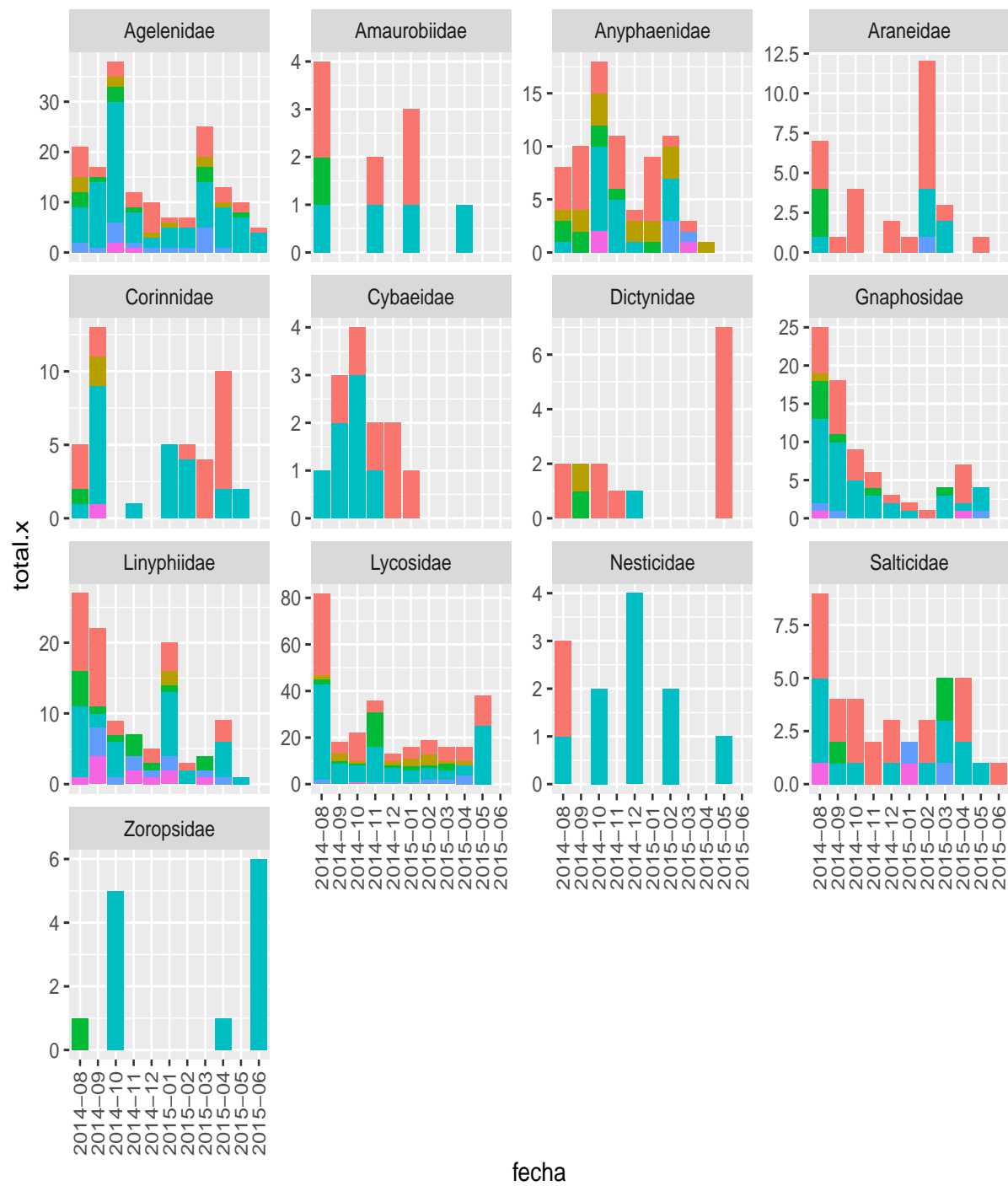


Figura 6.9: Sexos por familia recolectados cada mes

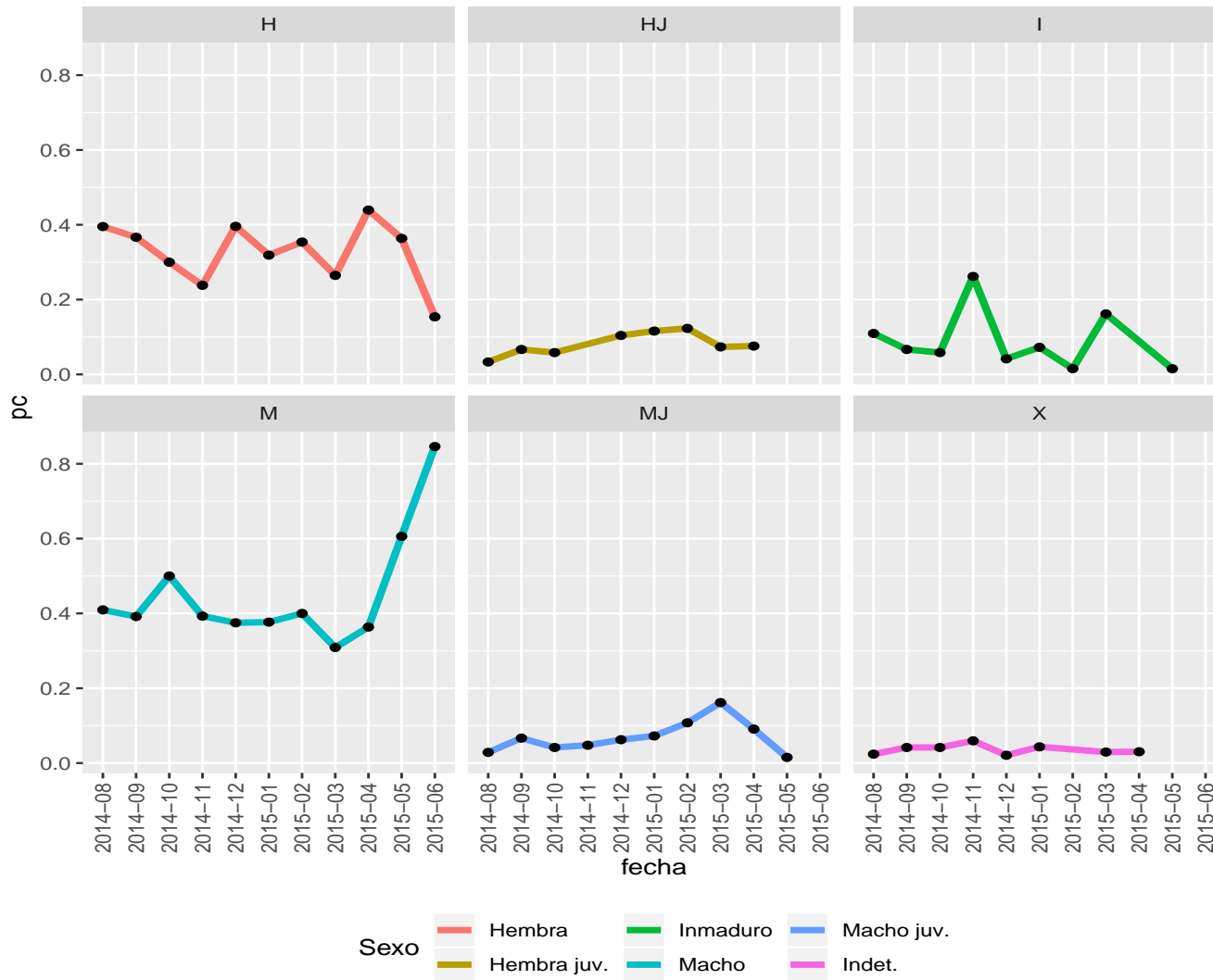


Figura 6.10: Total de sexos recolectados mensualmente

6.3. Abundancia por sitio

Para las trampas NTP-80 en el bosque de pino-encino se recolectaron 17 familias, de las cuales Agelenidae y Lycosidae representan 25.1 y 24 % respectivamente, seguidas por Linyphiidae (11.5 %); mientras que Corinnidae presenta 13 individuos y Gnaphosidae, así como Salticidae, 12. Por otra parte en el cultivo de cipreses, en general, fue donde se recolectaron la menor cantidad de organismos; se identificaron 11 familias, las proporciones en abundancia son parecidas sin embargo el orden es distinto; las familias dominantes fueron: Agelenidae (29.4 %), Linyphiidae (23.5 %) y Anyphaenidae (14.1 %); de igual manera Gnaphosidae representa el 8.2 % y Corinnidae, junto con Salticidae, el 4.7 %. Otra diferencia entre ambas comunidades es que mientras en el bosque de pino de pino-encino Lycosidae ocupa el segundo lugar con 24 % y Anyphaenidae el 4.4 %; en el cultivo de cipreses, Anyphaenidae tiene 14.1 % y Lycosidae sólo el 3.5 % (Figura 6.13).

En el caso de las trampas de caída, el transecto 1 muestra una dominancia de Agelenidae (30.6 %), Anyphaenidae (13.6 %) y Gnaphosidae (10.9 %) seguidas por Linyphiidae (8.2 %) y Salticidae (7.5 %). El transecto 2 muestra una mayor proporción de Lycosidae (37.6 %) El transecto 3 fue el que menor abundancia tuvo dentro del grupo y la principal familia es Linyphiidae (23.9 %) seguida por Agelenidae (15.2 %), Gnaphosidae (13 %) y Anyphaenidae (10.9 %). Finalmente, el transecto 4 fue el más abundante de todos los sitios de colecta, no obstante Lycosidae representa más del 50 % de los individuos, el segundo lugar fue Linyphiidae con el 10.3 % seguida por Gnaphosidae (8.2 %) y Agelenidae (6.2 %) (Figura 6.14).

En cuanto a la proporción total por familias, los transectos 1 y 4 colectaron la mayoría de los organismos para 3 familias cada uno. En el transecto 1 se capturó a la mayoría de Agelenidae (27.3 %), Anyphaenidae (26.7 %) y Salticidae (28.2 %), mientras que en el transecto 4 se encontraron la mayoría de Gnaphosidae (30.4 %), Linyphiidae (28 %), y Lycosidae (57.2 %). De las trampas NTP-80, sólo las del bosque de pino-encino capturaron un porcentaje de entre 10 y 15 % de las familias anteriores, excepto Salticidae de las cuales el 20.5 % se encontraron en la NTP 2 y el 10.3 % en NTP 3; mientras que NTP 6 (cipreses), junto con la trampa de caída 3, capturó 6.7 % de Anyphaenidae (Figura 6.15).

6.4. Análisis de diversidad

De acuerdo con la curva de acumulación de géneros por mes, se observa que agosto y septiembre presentaron la mayor riqueza, seguidos de noviembre, febrero y abril; por su parte enero y marzo muestran una curva menos pronunciada con casi el doble de eventos que los últimos 2 meses (Figura 6.16). Agrupados por método, las trampas de caída mostraron mayor diversidad que las NTP, siendo las trampas 4 y 2 las más diversas, seguidas por el transecto 1; el sitio 3 y las trampas NTP #3 alcanzaron el mismo número de géneros pero con un esfuerzo mayor, NTP #6 y NTP #2 siguen una curva similar pero con un número de muestras parecido al transecto 3; NTP #1 también la sigue pero el número de muestras es menor. Por último, las trampas NTP #4 y 5 tuvieron la menor inclinación y un número de muestras similar a NTP #1 (Figura 6.17). De acuerdo con el tipo de trampa, en general las trampas de caída mostraron mayor diversidad

6. RESULTADOS

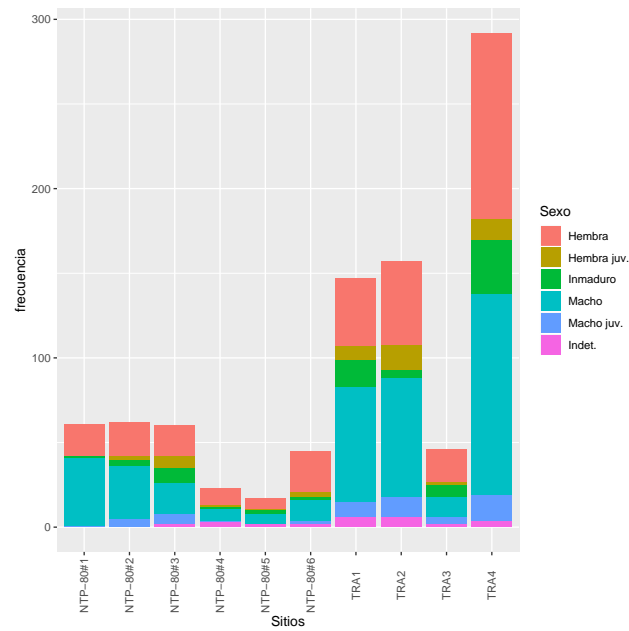


Figura 6.11: Abundancia de sexos por sitio de colecta. TRA = Trampa de caída.

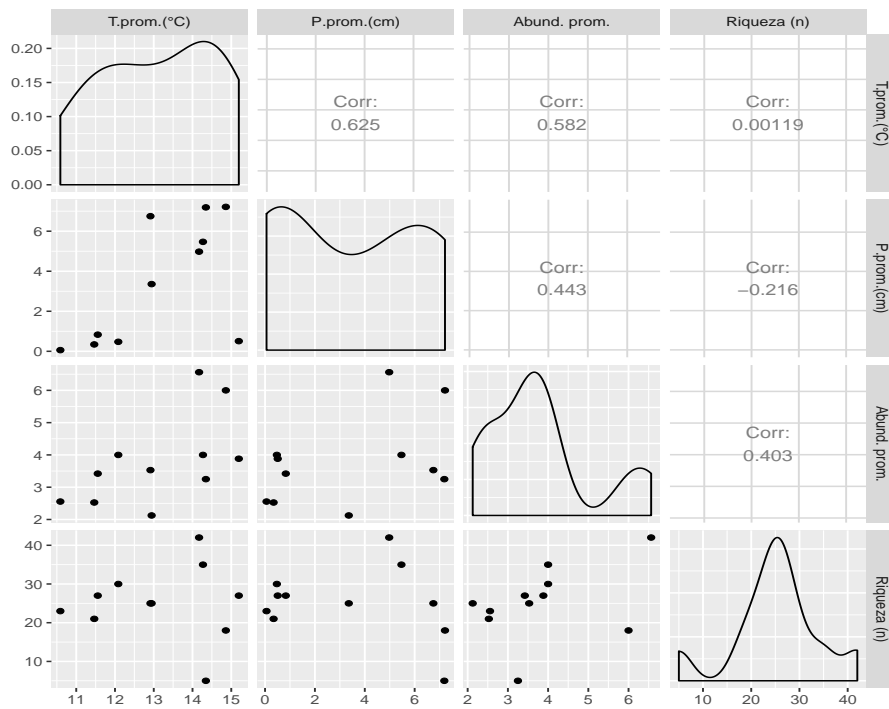
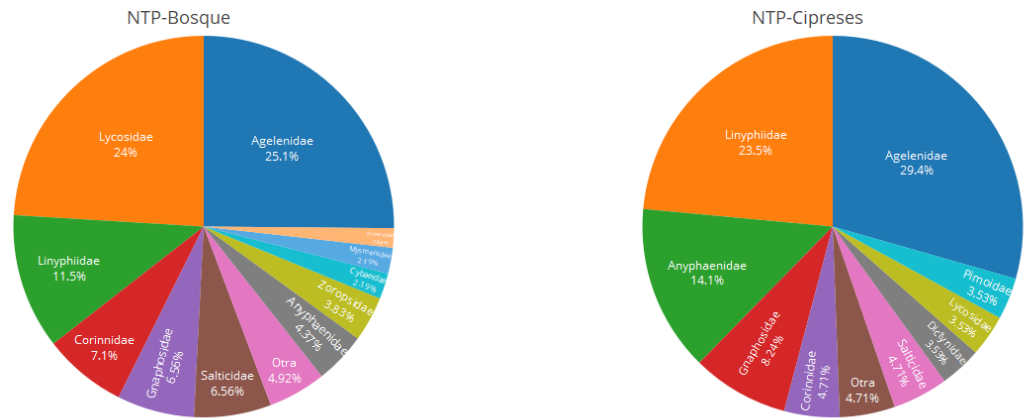


Figura 6.12: Correlación entre temperatura mensual promedio (T.prom), precipitación mensual promedio (P.prom), abundancia promedio y riqueza. Coeficiente de Pearson (superior), gráfica de puntos (inferior) y densidad (diagonal)



(a) Bosque de pino-encino: 1-3

(b) Cultivo de cipreses: 4-6

Figura 6.13: Porcentaje de familias en trampas NTP

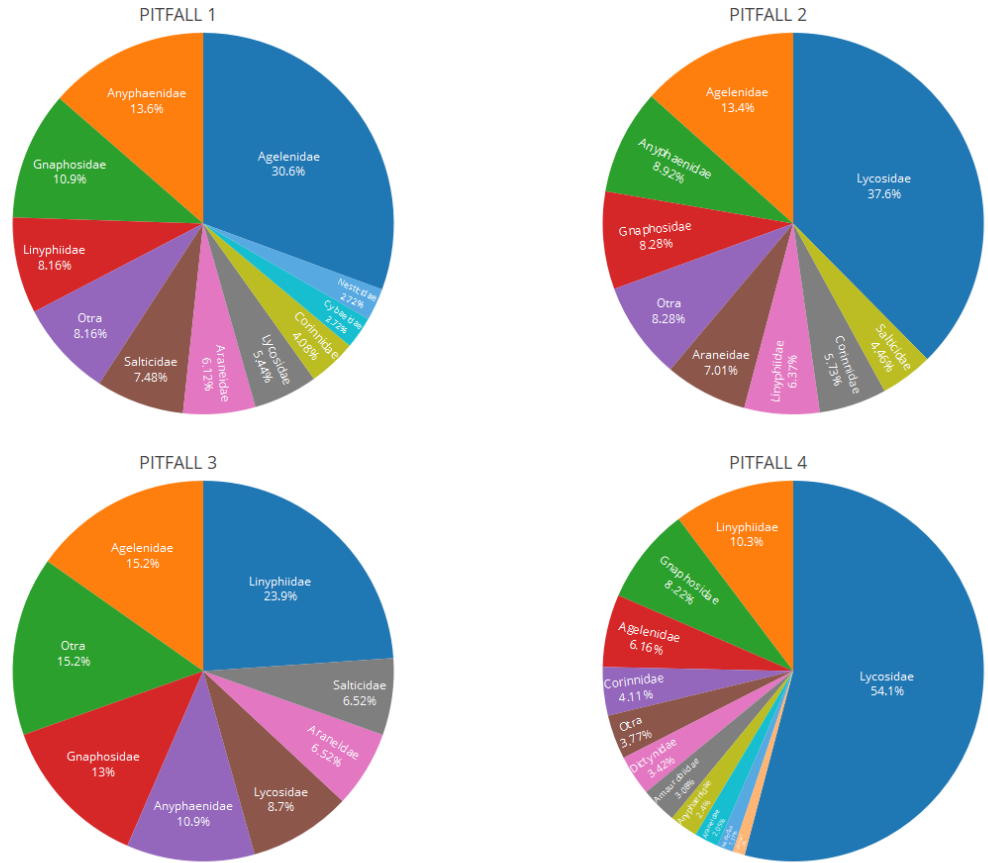


Figura 6.14: Porcentaje de familias para las trampas de caída (PITFALL)

6. RESULTADOS

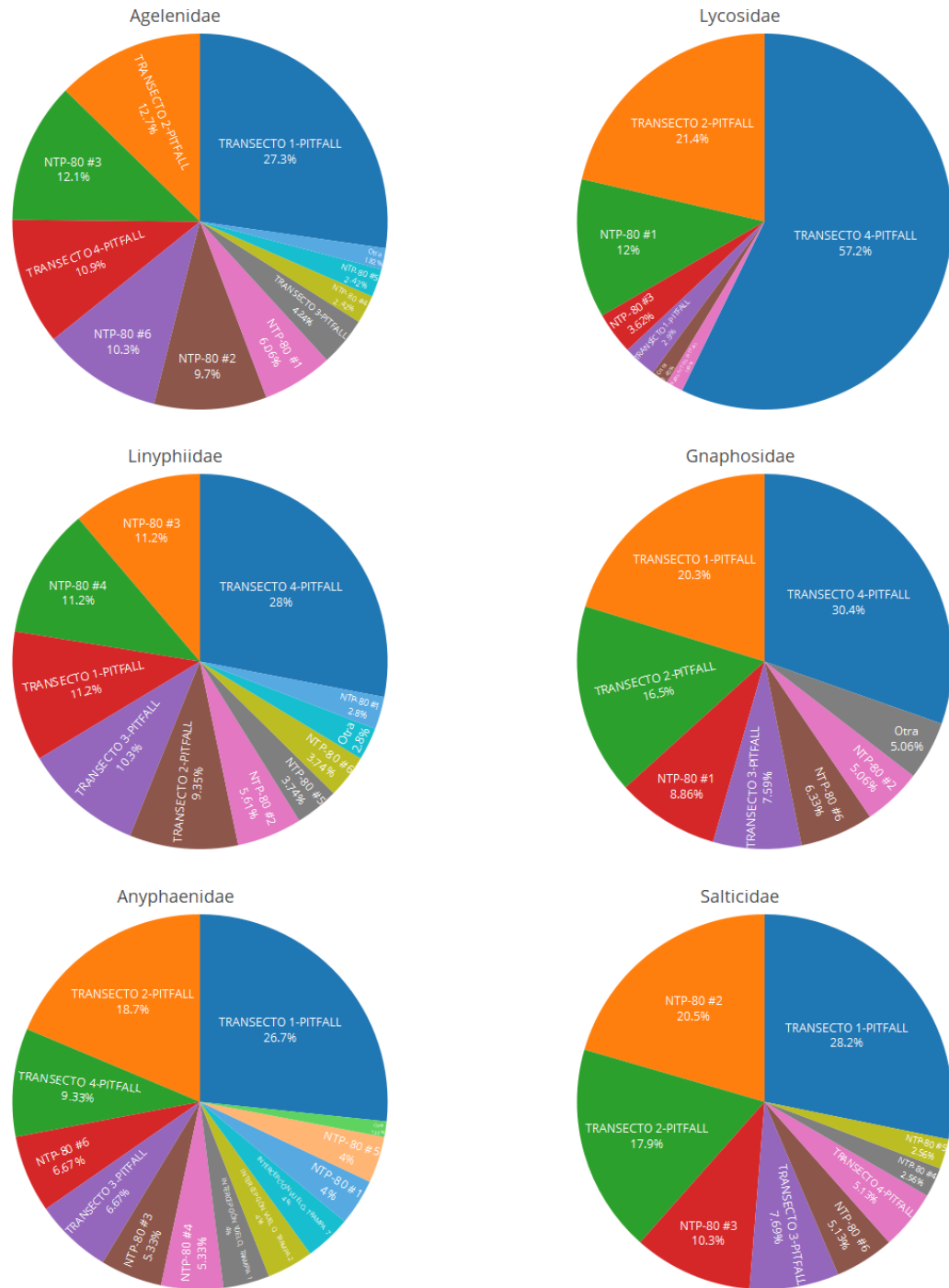


Figura 6.15: Porcentaje de abundancia total de familias recolectadas por sitio

que las NTP (Figura 6.18), a su vez el bosque de pino-encino mostró mayor diversidad que el cultivo de cipreses (Figura 6.19).

La curva de rango-abundancia muestra las 4 familias más abundantes, Lycosidae, Agelenidae, Linyphiidae y Gnaphosidae (Figura 6.20). Agrupadas por tipo de vegetación, la proporción de abundancia entre primeros y segundos lugares difiere más del 10 %, con excepción del bosque de pino-encino en el cual Agelenidae y Lycosidae se encuentran casi en la misma proporción. En el caso específico del transecto 4 la distancia es de más del 40 % con Lycosidae representando más de la mitad de los organismos colectados (Figura 6.21).

Se calcularon los perfiles de Rényi para cada trampa, en la gráfica 6.22 se observa que el sitio NTP #5 fue el que presentó mayor equidad. Por otra parte, la mitad de los sitios obtuvo un índice de Shannon mayor a 2, de las trampas de caída sólo el transecto 4 estuvo por debajo, con 1.78; mientras que de las NTP estuvieron por encima la #2 (2.08) y la #6 (2.03), la #3 obtuvo un índice de 1.96. De manera agregada por tipo de trampa ambas tuvieron un índice similar: 2.26 para las NTP y 2.23 las de caída. Por tipo de vegetación el bosque de pino encino obtuvo 2.21 y el cultivo de cipreses 2.0 y un índice de Simpson de 0.85 y 0.82 respectivamente.

El índice más alto de Simpson, correspondió a las trampas de caída transectos 3 (0.87) y 1 (0.85) mientras que el transecto 4 obtuvo 0.68 y NTP #4 y #1 0.66. En cuanto a las temporadas, los meses con un índice de Shannon superior a 2 fueron enero, febrero, abril, agosto, septiembre, octubre y diciembre; en tanto que los que estuvieron por debajo fueron marzo, mayo, junio y noviembre. El índice de Simpson fue mayor a 0.8 para enero, febrero, abril, agosto, septiembre, octubre, y diciembre; y de 0.63 a 0.79 para los mismos meses más bajos.

6.5. Modelo de diversidad

Se utilizó un modelo de regresión lineal generalizado (*glm*) con una distribución quassipoisson para indagar el efecto de las diferentes variables sobre las cinco principales familias y entre sí, tomando como valores de referencia el bosque de pino-encino y de sexo hembra. De acuerdo con el criterio de información de Akaike se seleccionó la combinación de tipo de vegetación, sexo y la interacción entre temperatura y precipitación promedio para explicar la desviación en los distintos modelos (Apéndice C). Para Agelenidae se encontraron relaciones significativas con la trampa de caída 1 ($p = 0.00025$), la abundancia de machos ($9.8e - 05$), precipitación promedio ($p = 0.02370$) y la interacción temperatura y precipitación promedio ($p = 0.04242$); con una desviación explicada de 29.7 %. Lycosidae presenta claramente diferencias significativas respecto a los transectos 4 ($p = 6.5e - 09$) y 2 ($p = 0.0092$), el ANOVA encuentra relación entre tipo de vegetación ($p = 4.50e - 16$), sexo ($p = 7.97e - 05$) y temperatura promedio ($p = 0.0024$); el modelo explica el 52.6 % de la desviación. Para Gnaphosidae, hay diferencias entre los transectos 1 ($p = 0.00018$), 2 ($p = 0.03211$) y 4 ($p = 1.1e - 05$), entre hembras y machos juveniles con una p de 0.010 y 0.00745 respectivamente y la temperatura promedio ($p = 3.7e - 05$), explicando un 34.8 % de la desviación. Los factores significativos para Anyphaenidae fueron las trampas de caída 1 ($p = 0.0012$) y 2 ($p = 0.0122$), el ANOVA muestra relación entre tipo de vegetación ($p = 0.00855$) y temperatura promedio ($p = 0.04476$) y explica 17.6 % de la desviación. Finalmente, para Linyphiidae, el modelo sólo explica 12.9 % de la desviación,

6. RESULTADOS

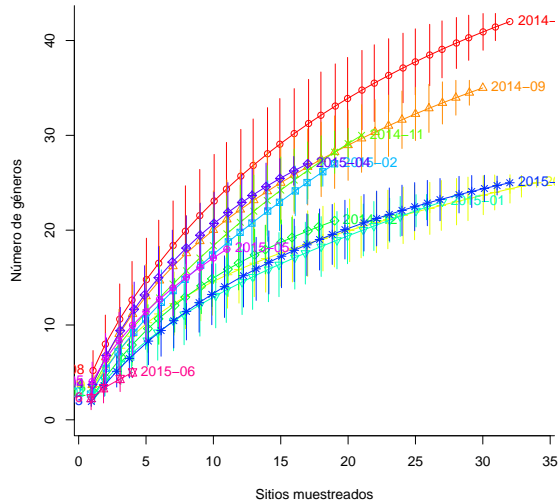


Figura 6.16: Curva de acumulación de géneros por mes usando el método de rarefacción

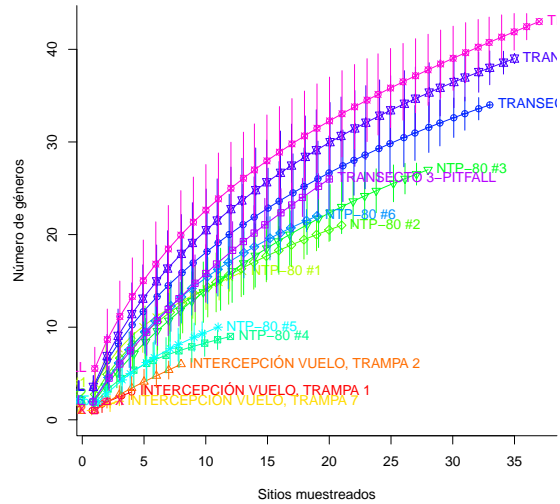


Figura 6.17: Curva de acumulación de géneros para cada sitio. Se observan 3 grupos principales: transecto 4 y 2; transecto 1 y 3, NTP 1, 2, 3 y 6; NTP 4, 5 y otros métodos de colecta.

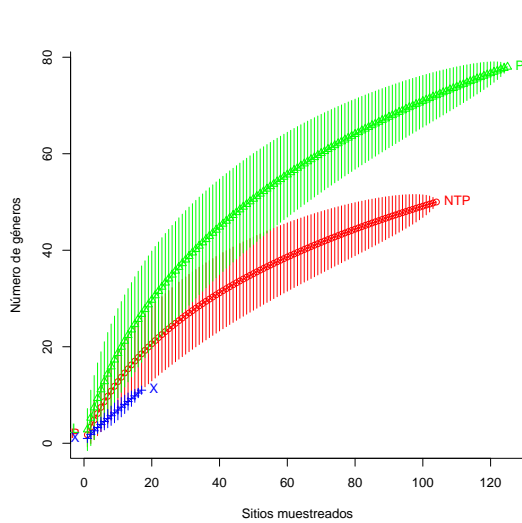


Figura 6.18: Curva de acumulación de géneros agrupados por método de colecta. Los muestreos con trampas de caída (PIT) muestran mayor diversidad que los demás métodos.

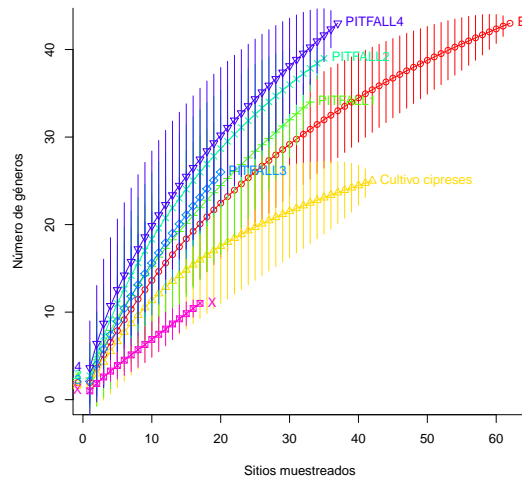


Figura 6.19: Curva de acumulación de géneros para cada tipo de vegetación. El bosque de pino-encino (en rojo) está representado por las trampas NTP 1-3 y el cultivo de cipreses por las trampas NTP 4-6

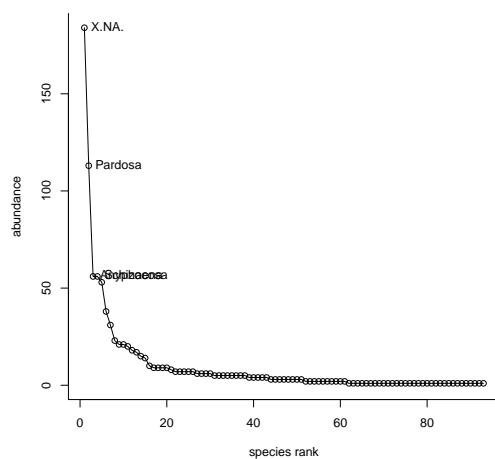


Figura 6.20: Curva rango-abundancia para familias totales

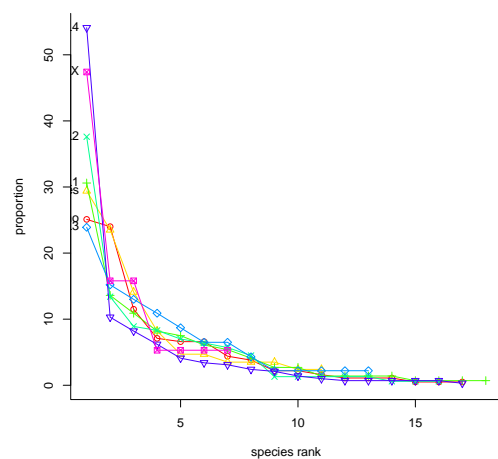


Figura 6.21: Curva rango-abundancia por tipo de vegetación. \circ Bosque de pino-encino, \triangle Cultivo cipreses, $+$ PITFALL1, \times PITFALL2, \diamond PITFALL3, ∇ PITFALL4, \boxtimes X

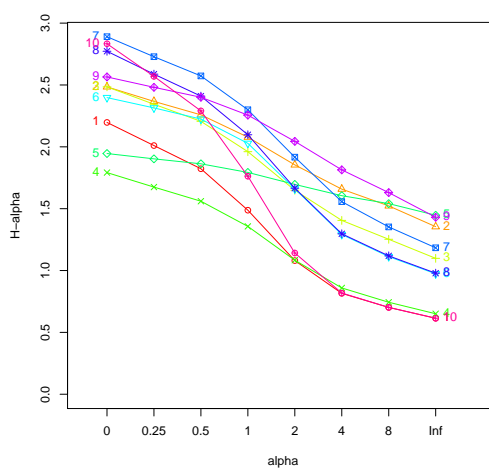


Figura 6.22: Perfiles de Rényi por sitio: 1.NTP1, 2.NTP2, 3.NTP3, 4.NTP4, 5.NTP5, 6.NTP6, 7.PITFALL1, 8.PITFALL2, 9.PITFALL3, 10.PITFALL4. Los valores de alpha 1 y 2 corresponden a los índices de Shannon e inverso de Simpson respectivamente.

sin ningún factor significativo.

Por otra parte, se realizó la prueba de χ^2 , usando una distribución binomial, para analizar la influencia de las variables de mes de colecta, tipo de vegetación y sexo respecto a la presencia-ausencia de las familias. Todos los factores obtuvieron una $p < 0.05$, excepto en Lycosidae donde la fecha no influyó, sin embargo para Agelenidae, el factor más significativo fue el tipo de vegetación ($p = 0.000132$); para Linyphiidae, el sexo ($p = 0.00575$); para Lycosidae el sitio tuvo una influencia definitiva ($p < 2e - 16$); Gnaphosidae también el sexo ($p = 0.000109$) y para Anyphaenidae el factor más importante fue la fecha de colecta ($p = 0.00400$).

6.6. Distancia ecológica

Para calcular la diversidad beta se tomaron las proporciones relativas de cada familia entre sitios y se usó fórmula de distancia ecológica de Bray-Curtis (Cuadro 6.2). La prueba de análisis de similitud (ANOSIM) respecto a los métodos de colecta mostró correlación moderada con un valor $R = 0.378$ y significancia = 0.009901.

Se realizó un análisis de coordenadas principales (PCoA), la bondad de ajuste (GoF) para los 2 ejes principales respecto a la matriz de distancias fue de 60.92 y 62.61 % de la varianza. La figura 6.23 muestra la correlación entre la distancia original en la matriz y la distancia en la gráfica correspondiente a los eigenvalues. De acuerdo al análisis de Mantel el valor del estadístico fue de 0.925 con una significancia de 0.009901 y explica 87.1 % de la desviación.

En la figura 6.24, se espera un solapamiento entre el bosque de pino-encino y la plantación de cipreses mientras que el transecto 4, que representa la combinación entre bosque nativo y cultivos, se encuentra a una mayor distancia del resto; los sitios NTP 2 y 6 muestran una composición similar, a pesar de ser tipos de vegetación distintos, junto con el transecto 1 y NTP 3, ambos correspondientes al bosque de pino-encino; un segundo grupo está conformado por NTP 1 (pino) y la trampa de caída 2 (pastizal) junto con la trampa de caída 4 (pino-maíz). El siguiente grupo en cuanto a distancia son las NTP restantes del cultivo de cipreses (4 y 5), finalmente el transecto 3 se encuentra a una distancia intermedia entre los centroides de los 2 tipos de trampa. Las observaciones restantes se llevaron a cabo con otros métodos enfocados en estratos diferentes lo cual se refleja en un grupo independiente.

Al añadir las puntuaciones de las familias que se espera que más influyan en la riqueza de cada sitio, se observa que la mayoría coinciden en la intersección entre el bosque de pino encino y el cultivo de cipreses, donde predominan Gnaphosidae y Agelenidae; hacia el centro se encuentran familias de tamaño pequeño y mediano y en el área de cipreses se encuentran principalmente Linyphiidae y Anyphaenidae. Por último, en los ambientes más degradados (pastizal y zona agrícola) se observa una mayor importancia de Lycosidae (Figura 6.24).

6.7. Implementación de la plataforma Open Data Kit

La plataforma consiste de un cliente ya sea móvil o en línea y un servidor web basado en Java. Los formularios para recolección de datos se realizaron en Excel y se convirtieron

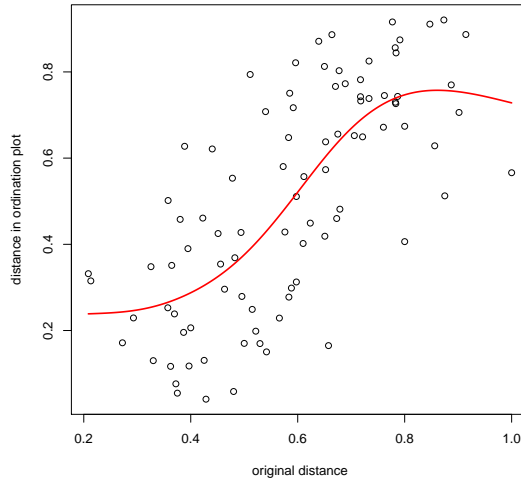
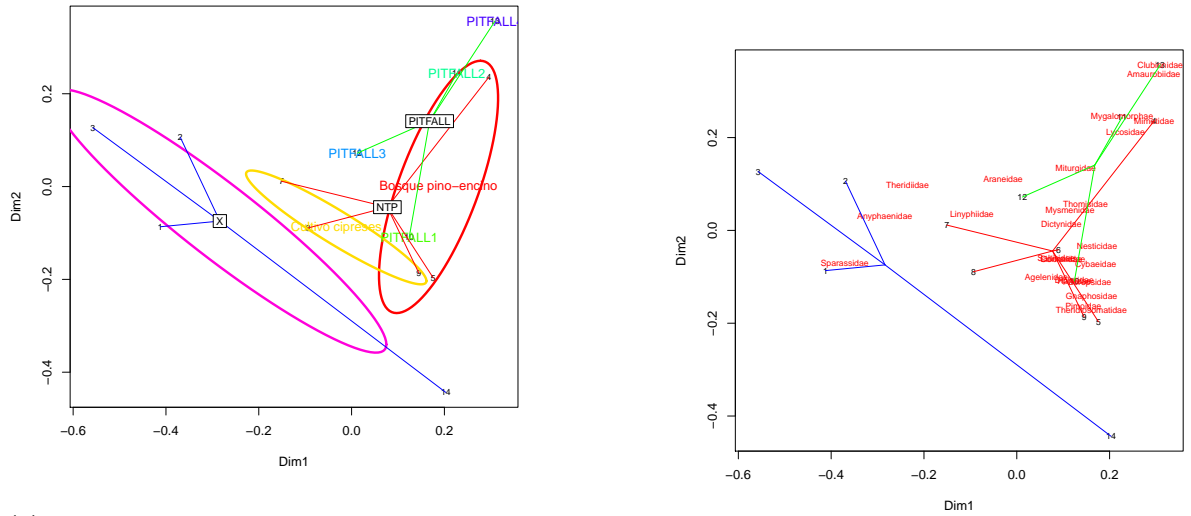


Figura 6.23: Correlación entre la distancia ecológica calculada y esperada



(a) El área dentro de la elipse representa la distancia ecológica (d.e.) donde se espera el 95% de los casos para cada categoría. Los recuadros indican el centroide (d.e. promedio) de cada una

(b) Familias en rojo muestran las principales influencias esperadas para cada d. e.

Figura 6.24: Análisis de coordenadas principales (PCoA)

6. RESULTADOS

Cuadro 6.2: Distancia ecológica: Bray-Curtis

	NTP-80 1	NTP-80 2	NTP-80 3	NTP-80 4	NTP-80 5	NTP-80 6	TRANSECTO 1-PITFALL	TRANSECTO 2-PITFALL	TRANSECTO 3-PITFALL	TRANSECTO 4-PITFALL
NTP-80 1	0.00000000	0.65758858	0.52158470	0.65074840	0.67888139	0.56575592	0.54165273	0.29288921	0.51496793	0.20851112
NTP-80 2	0.65758858	0.00000000	0.48010753	0.61009818	0.35768501	0.42508961	0.38665789	0.59749332	0.52945302	0.67288997
NTP-80 3	0.52158470	0.48010753	0.00000000	0.45579710	0.42254902	0.37222222	0.35714286	0.48248408	0.36231884	0.59748858
NTP-80 4	0.65074840	0.61009818	0.45579710	0.00000000	0.32992327	0.49565217	0.47796510	0.58294101	0.36956522	0.71783800
NTP-80 5	0.67888139	0.35768501	0.42254902	0.32992327	0.00000000	0.39477124	0.38855542	0.53990259	0.36445013	0.67062853
NTP-80 6	0.56575592	0.42508961	0.37222222	0.49565217	0.39477124	0.00000000	0.21315193	0.49398443	0.42850242	0.61156773
TRANSECTO 1-PITFALL	0.54165273	0.38665789	0.35714286	0.47796510	0.38855542	0.21315193	0.00000000	0.39681095	0.32564330	0.58349641
TRANSECTO 2-PITFALL	0.29288921	0.59749332	0.48248408	0.58294101	0.53990259	0.49398443	0.39681095	0.00000000	0.38022708	0.27229299
TRANSECTO 3-PITFALL	0.51496793	0.52945302	0.36231884	0.36956522	0.36445013	0.42850242	0.32564330	0.38022708	0.00000000	0.57281120
TRANSECTO 4-PITFALL	0.20851112	0.67288997	0.59748858	0.71783800	0.67062853	0.61156773	0.58349641	0.27229299	0.57281120	0.00000000

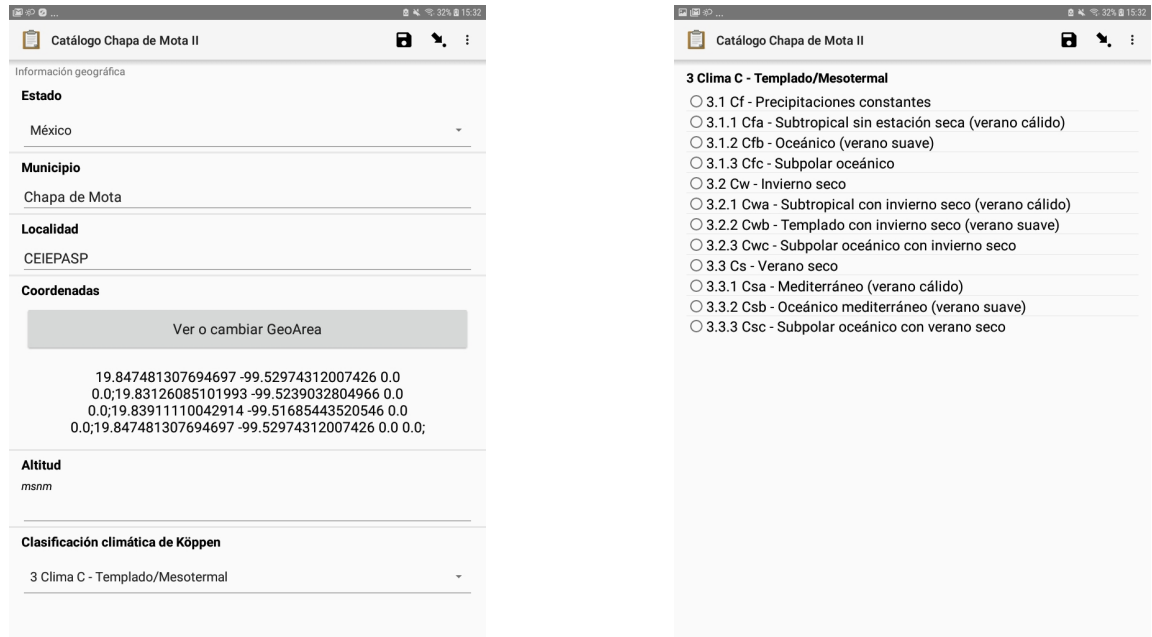
a xml mediante la herramienta XLSForm. El servidor se encuentra disponible en <https://desarrollolab.net/bio> para consulta del catálogo en línea y descarga de los formularios. En cuanto a la aplicación móvil (ODKCollect) el formulario permite la recolección de coordenadas puntuales o la delimitación de un polígono mediante GPS o usando el mapa fuera de línea. Además de los datos de la localidad, se pueden introducir preguntas en función de respuestas anteriores, como el subclima (Figura 6.25). En la sección taxonómica además de introducir la clasificación del organismo, se pueden añadir datos de la determinación y generar un código para identificación (Figura 6.26). Aparte del texto, también se pueden introducir recursos como imágenes del organismo, de la tela, o del sustrato dónde se encontró (Figura 6.27). Para facilitar la identificación de los organismos, se adaptó una sección donde puede consultarse una guía visual de las familias comunes o la clave de Ubick *et al.* (2005) de manera interactiva (Figura 6.28).

Por el lado del servidor, ODKAggregate consta de 3 secciones principales:

Submissions Aquí se muestran los datos recolectados incluyendo metadatos como Id del dispositivo, usuario, fecha de envío, etc. (Figura 6.29). Los datos pueden ser filtrados, exportados y visualizados (Figura 6.30), también existe la opción de responder el formulario en línea mediante Enketo

Form management En esa pestaña pueden administrarse los formularios y establecer si pueden ser descargados y aceptar respuestas (Figura 6.31). Muestra una lista de los archivos adjuntos y también exportarse o publicarse a una hoja de cálculo o Fusión Tables de Google o un servidor JSON (Figura 6.32).

Site admin Preferencias del sitio, administración de usuarios y asignación de roles y permisos. Aquí también se pueden administrar las credenciales de la API de Google y activar características de la versión 2.0.



(a) Coordenadas del sitio

(b) Clima y sublima de la región

Figura 6.25: ODKCollect: Datos geográficos

Las preguntas pueden agruparse en repeticiones, en este caso información taxonómica de cada espécimen en el vial y almacenar información multimedia (Figura 6.33 y 6.34).

Para facilitar la reproducibilidad de los resultados, esta tesis y el reporte de los mismos fueron generados programáticamente mediante $\text{L}^{\text{A}}\text{T}_{\text{E}}\text{X}$ y el paquete `knitr` para incrustar código de R de manera transparente. Las gráficas fueron generadas mediante `ggplot`, `plotly` y el paquete `BiodiversityR`; las tablas usando `kable`, `kableExtra` y `stargazer`.

6. RESULTADOS

Catálogo Chapa de Mota II

Agregar Nuevo Registro (1) > Información Taxonómica

Clase
Arachnida

Orden
Araneae

Infraorden
Araneomorphae

Familia
Seleccione una respuesta

Familia (otra)

Género

Especie

Sexo
 Macho
 Macho juvenil
 Hembra
 Hembra juvenil

(a) Identificación del organismo

Catálogo Chapa de Mota II

Hembra
 Hembra juvenil
 Inmaduro
 Desconocido

Cantidad

Autor y año

Nombre común

Gremio

Determinó
IA

Fecha determinación
Seleccione la fecha

No se ha seleccionado una fecha

ID
IACHM15

(b) Código y fecha de determinación

Figura 6.26: ODKCollect: Datos taxonómicos

Catálogo Chapa de Mota II

Agregar Nuevo Registro (1)

Si es posible toma una foto del espécimen

Tomar la Foto

Escoja la Imagen

(a) Imagen del organismo

Catálogo Chapa de Mota II

Agregar Nuevo Registro (1)

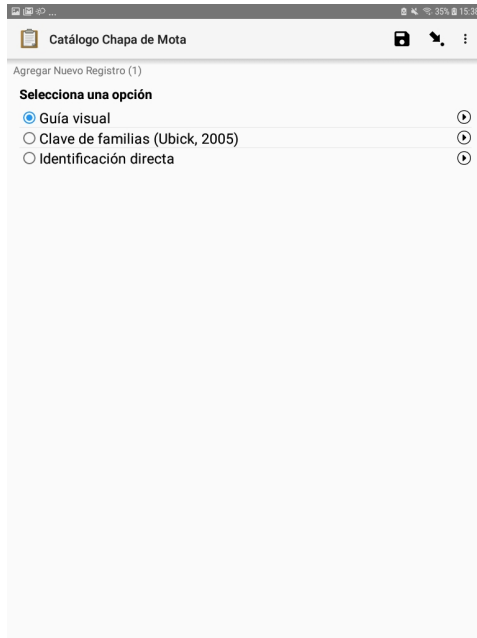
Si es posible toma una foto de la red

Tomar la Foto

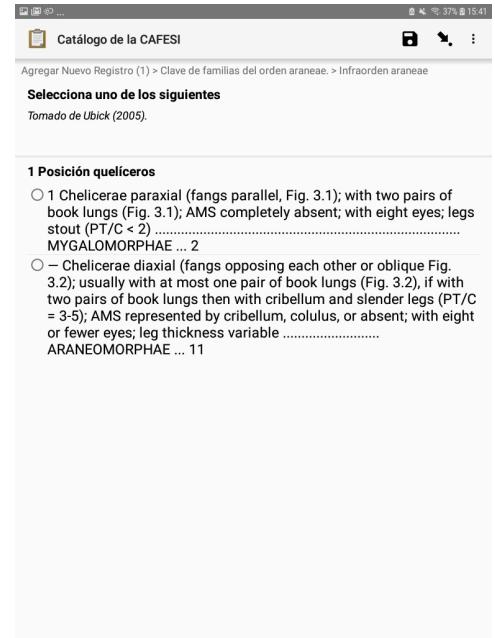
Escoja la Imagen

(b) Imagen de la red

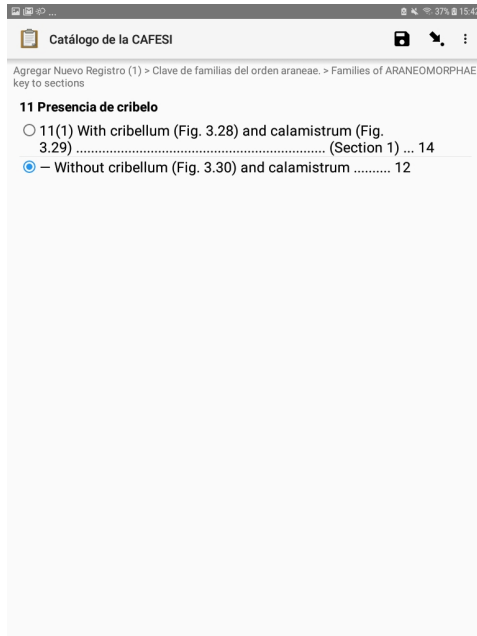
Figura 6.27: ODKCollect: Datos taxonómicos. Multimedia



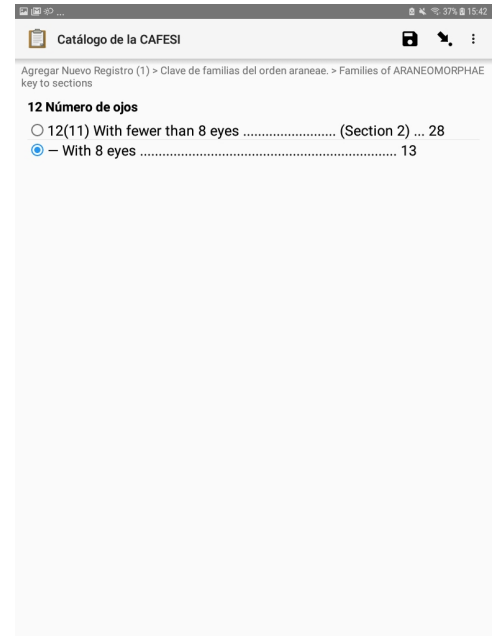
(a) Guías de identificación



(b) Clave dicotómica



(c) Ubick *et al.* (2005)



(d) Ubick *et al.* (2005)

Figura 6.28: ODKCollect: Métodos de identificación

6. RESULTADOS

The screenshot shows the ODK Aggregate interface with a table of data. The table has columns for various attributes including submission ID, collector name, date, site, preparation, specimens, and location. The data is filtered to show submissions from 'Catálogo Chapa de Mota'.

present portada	col_datos col_id	col_datos col_nom	col_datos col_ape	colecta resp	colecta cve_orig	colecta fecha	colecta sitio	colecta cur_prep	colecta especimenes	colecta cve_vial	geo edo	geo mpio	geo loc-list	geo coord	geo alt
	IOR	Izamarí	Onesto-Rodríguez	E. Jimenez	IOR2015LI000559	2015-04-18 00:00:00.0	NTP2	alcohol 80%	13	IACHM15001	15	Chapa de Mota	CEIEPASP	19.821862 -99.531713 0 0,19.826909 -99.526048 0 0,19.824083 -99.523644 0 0,19.818753 -99.529352 0 0,19.821862 -99.531713 0 0	
	IOR	Izamarí	Onesto-Rodríguez	E. Jimenez	IOR2015LI000559	2015-04-18 00:00:00.0	NTP2	alcohol 80%	13	IACHM15002	15	Chapa de Mota	CEIEPASP		
	IOR	Izamarí	Onesto-Rodríguez	E. Jimenez	IOR2015LI000559	2015-04-18 00:00:00.0	NTP2	alcohol 80%	6	IACHM15003	15	Chapa de Mota	CEIEPASP		
	IOR	Izamarí	Onesto-Rodríguez	E. Jimenez	IOR2015LI000553	2015-04-18 00:00:00.0	NTP1	alcohol 80%	2	IACHM15004	15	Chapa de Mota	CEIEPASP		

Figura 6.29: Vista tabular de los datos

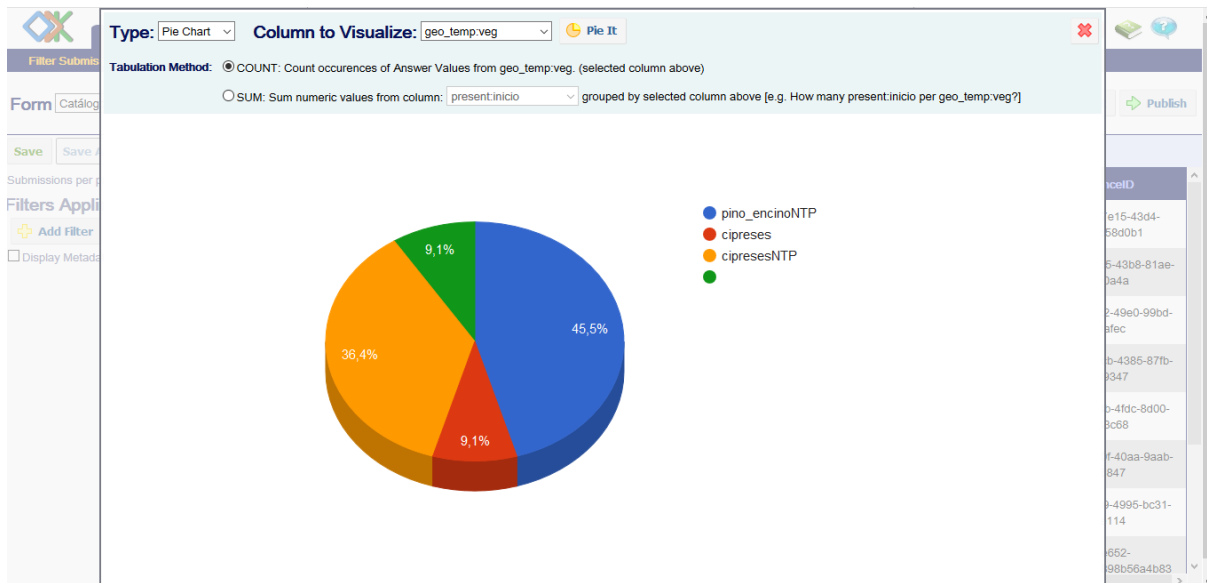


Figura 6.30: ODKAggregate: Visualización gráfica

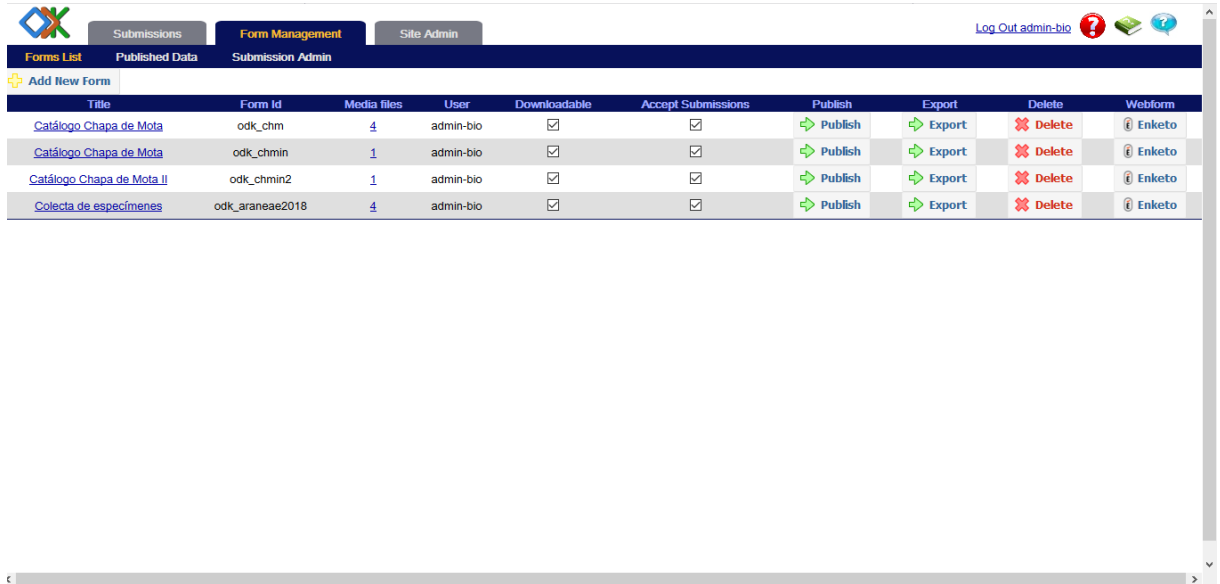


Figura 6.31: ODKAggregate: Administración de los formularios

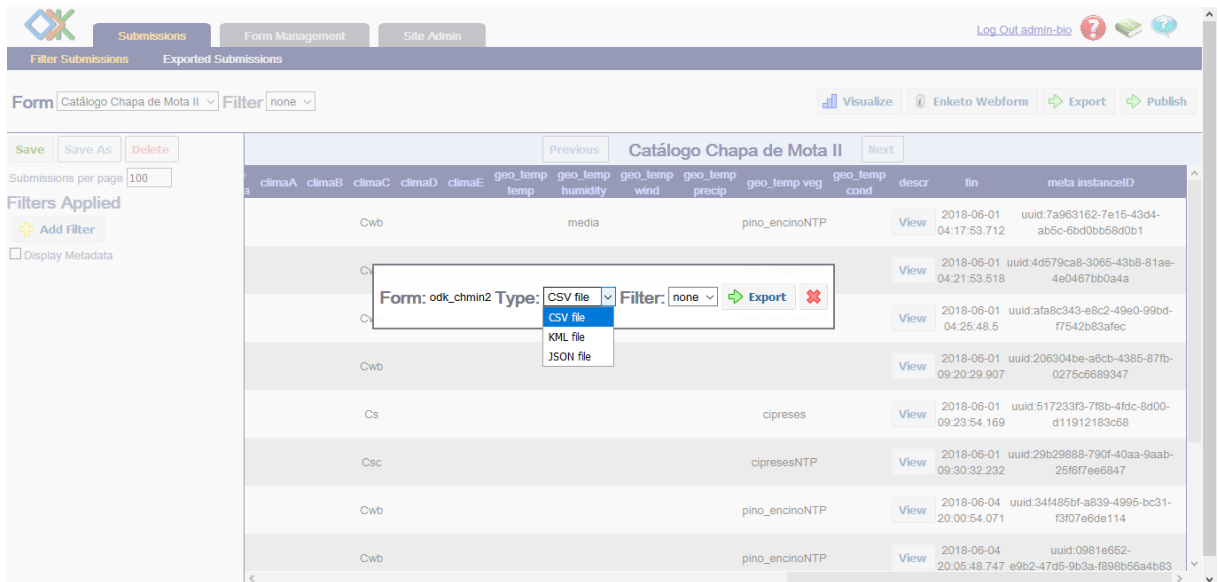


Figura 6.32: ODKAggregate: Exportación de datos

6. RESULTADOS

The screenshot shows the ODKAggregate interface with a table of submissions. The table has columns for taxonomic classification (taxonom class, orden, infraorden, familia, fam_otr, genero, especie, sexo, cant), author (autor), common name (nom_comun), group (gremio), detection (det), date (f_det), and ID (id). The data rows are:

taxonom class	taxonom orden	taxonom infraorden	taxonom familia	taxonom fam_otr	taxonom genero	taxonom especie	taxonom sexo	taxonom cant	taxonom autor	taxonom nom_comun	taxonom gremio	taxonom det	taxonom f_det	tax id
Arachnida	Araneae	Araneomorphae	Agelenidae		Agelenopsis	sp1	H	1				IA	2016-12-01 00:00:00.0	IACH
Arachnida	Araneae	Araneomorphae	Agelenidae		Agelenopsis	sp3	M	1				IA	2016-12-01 00:00:00.0	IACH
Arachnida	Araneae	Araneomorphae	Gnaphosidae		Talanites	sp2	M	1				IA		IACH

Below the table, there are sections for 'Filters Applied' and 'Display Metadata'. The 'meta instances' section shows a list of instance IDs and their corresponding UUIDs.

Figura 6.33: ODKAggregate: Subgrupo de repeticiones por individuo

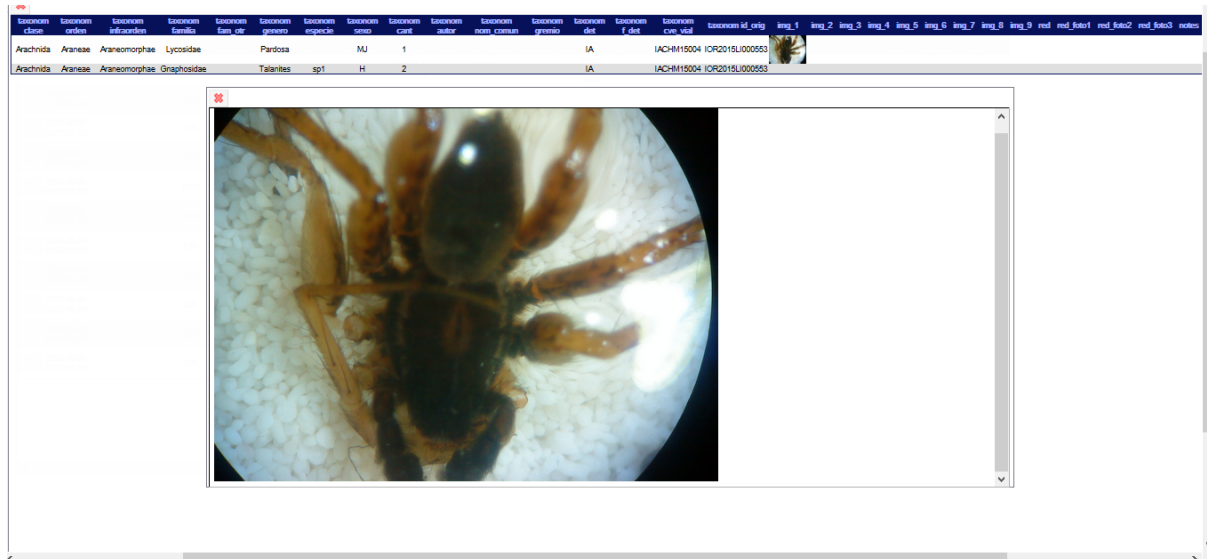


Figura 6.34: ODKAggregate: Imagen del organismo

7. Discusión

Debido al diferente esfuerzo en ambas colectas, es difícil comparar los resultados entre sí. Mientras que las trampas de caída con etilen-glicol han mostrado ser un método adecuado para la colecta de araneofauna de suelo (Colwell y Coddington, 1994; Schmidt *et al.*, 2006), Topping y Luff (1995) advierten que el agregar detergente al fluido incrementa las capturas de arañas aunque no de coleópteros, debido a que los linífidos, entre otros, no son lo suficientemente grandes para romper la tensión superficial; también mencionan que la eficiencia de las trampas depende del nivel de actividad de las arañas, y no necesariamente de su abundancia, y su habilidad para escapar del contenedor por lo que es importante considerar la textura del mismo ya que su eficacia disminuye con el desgaste. Además, las familias Lycosidae y Linyphiidae tienden a estar sobre-representadas con respecto a su densidad en campo (Topping y Sunderland, 1992). Las variaciones comportamentales a su vez están influenciadas por la edad y el sexo de los organismos; por ejemplo, los machos aparecen con mayor frecuencia en las trampas debido a su mayor actividad en la búsqueda de pareja (Merrett, 1967, 1968, 1969).

Por otra parte, las necrotrampas muestran evidentemente un sesgo en el tipo de organismos recolectados, por lo que no se pueden averiguar con certeza los factores involucrados para explicar la diversidad de arañas en los diferentes sitios donde se utilizaron. En su estudio sobre insectos necrófilos del estado de Hidalgo, Morón y Terrón (1984) documentan casi 26,000 ejemplares de díptera, 8,600 Coleopteros y 3,000 Hymenoptera comparados con tan sólo 55 especímenes del orden Araneae. Mientras que, para el bosque mesófilo perturbado, la abundancia fue de 14,185, 3,7012 y 1,100 para los mismos ordenes en contraste con únicamente 186 arañas. Por lo tanto, la mayoría de los especímenes recolectados con este tipo de trampas pueden considerarse como casuales.

A pesar de las desventajas de las trampas, es posible comparar la abundancia relativa de las familias entre los distintos sitios y por lo tanto la diferencia entre comunidades (Shochat *et al.*, 2004). Otros factores que influyen son la composición vegetal y la disponibilidad de presas, dado que son un grupo funcional con una gran variedad de métodos de caza.

Por otro lado, el sesgo hacia familias de tipo “licosoides” es consistente con la literatura sobre su representatividad en las trampas de caída, así como su dominancia en ambientes perturbados. A pesar de no contar con un muestreo en los demás niveles de la comunidad, se encontraron 21 familias de las reportadas en la literatura para el Estado.

Del resto de las familias colectadas: Amaurobiidae, Liocranidae, Mysmenidae, Nesticidae y Pimoidae, no se hallaron registros. Las familias con mayor número de especies reportadas en

el estado son Lycosidae (34), Araneidae (24), Theridiidae (24), Salticidae (22), Gnaphosidae (15), Corinnidae (12) y Linyphiidae (12); mientras que el resto de las familias tienen nueve o menos especies (Desales-Lara, 2014). En este estudio sólo Lycosidae presenta la mitad de las especies reportadas y el resto de las cuatro familias más abundantes presenta mayor número de morfoespecies: Agelenidae (33), Gnaphosidae (30) y Anyphaenidae (15).

Exceptuando las familias de estratos superiores (Araneidae, Tetragnathidae, Thomisidae y Theridiidae) las familias cursoriales muestran una mayor diversidad a lo descrito en estudios tanto en la Sierra de Guadalupe (Ruiz-Noguez *et al.*, 2016) como en Guerrero (Piña-Rodríguez *et al.*, 2015). Mientras que Bizuet-Flores *et al.* (2015) reportan una composición similar para Cuatro Ciénegas donde Gnaphosidae (50) y Lycosidae (39) son las familias más abundantes y diversas.

Corcuera *et al.* (2016) asocian Linyphiidae con la densidad del sustrato al tiempo que confirman que estas disminuyen mientras que las cazadoras prefieren pastos y poca vegetación (Bultman y Uetz, 1982b), Gnaphosidae, por otra parte, prefiere la hojarasca; también sugieren que a pesar de pertenecer al mismo gremio, aprovechan diferentes microhábitats para evitar competencia y señalan que mientras los licósidos disminuyen, las arañas cangrejo y errantes constructoras de red aumentan. En otro estudio (2010) entre una plantación de Eucalipto y un bosque de pino no se encontró diferencia en riqueza, pero sí en cuanto a composición por lo que realizaron un análisis funcional considerando el gremio de las familias para explicar dichos cambios.

Debido a que únicamente se colectó a nivel de suelo, hay una escasa proporción de araneidos, sin embargo, la abundancia de Lycosidae es representativa del tipo de vegetación y sirven como indicadores biológicos, además de que puede estar relacionada con la gran actividad de necrófilos estudiados por Valdez (2017).

En la literatura se afirma que en los ambientes tropicales perturbados disminuye la riqueza e incrementa la abundancia de ciertas especies, lo cual está asociado a la productividad del sitio con respecto a la vegetación original (Bultman y Uetz, 1982b). Sin embargo, Corcuera *et al.* (2016) señalan que las diferencias entre los diferentes tipos de vegetación y los sitios entre ellas no son consistentes y cada particularidad, así como sus interacciones, influyen de manera distinta en cada gremio.

Varios estudios muestran cambios significativos entre las temporadas húmedas y secas, posiblemente debidos al cambio en las comunidades vegetales (Churchill y Ludwig, 2004). También con respecto a la disponibilidad de agua y el gradiente de pastoreo, mientras que las familias orbiculares favorecen la cobertura permanente, los licósidos en el hemisferio norte han sido asociados con sitios perturbados y una menor complejidad en cuanto a cobertura del suelo (Uetz, 1979).

Otros estudios en sistemas agroecológicos muestran que la familia Lycosidae es predominante en este tipo de ambiente (Avalos *et al.*, 2013) y en general las especies cursoriales están mejor adaptadas a los cultivos, en una revisión de nueve campos cultivados en E.U. se encontró que cinco familias representaban el 61 % de especies reportadas: Salticidae (89), Linyphiidae (78), Araneidae (77), Theridiidae (64) y Lycosidae (62) (Young y Edwards, 1990).

Entre los factores que afectan la diversidad de arañas cursoriales están la estructura vegetal y las condiciones microclimáticas. Bultman y Uetz (1982a) mostraron como la riqueza de especies incrementaba junto con el grosor del sustrato, sin embargo en el climax del gradiente donde el

sustrato era mucho más profundo, la diversidad disminuía. También mencionan como el gremio de los licósidos domina en los ambientes perturbados y disminuye conforme aumenta el grosor del sustrato. En su estudio sobre la influencia del pastoreo Churchill y Ludwig (2004) muestran que las comunidades son significativamente diferentes y dependen de la disponibilidad de agua, en la medida en que esta refleja la actividad del ganado a lo largo del gradiente sucesional, debido al cambio en la vegetación.

En cuanto la distribución por sexo, la literatura revisada no considera el sexo como un factor de análisis entre las especies, pero los valores agregados se encuentran entre 40 y 70 % de adultos y el resto inmaduros, en ese sentido, el hecho de contar con una mayoría de adultos puede deberse a que la actividad de los gremios atrapados y la actividad de los juveniles se desarrollan en niveles diferentes. Por otro lado, es interesante notar que la proporción entre sexos (50 % machos y 40 % hembras) se mantiene para la mayoría de las familias y tal como se mencionó anteriormente, en este tipo de trampas suelen caer una mayoría de machos; de nuevo, se puede suponer que es debido al nivel de actividad del gremio más que a la densidad real de la comunidad.

La abundancia a lo largo del año muestra un incremento durante la temporada de lluvias, lo cual puede deberse al crecimiento vegetal que atrae una mayor diversidad de animales tanto vertebrados como invertebrados. Solamente las 6 familias principales se encontraron durante todo el año y todas excepto Salticidae fueron más abundantes durante la temporada de lluvias. Por otra parte, durante secas los araneidos y corínidos fueron más abundantes. Con respecto a la riqueza, el bosque nativo mostró una mayor diversidad que la plantación de cipreses y a su vez los transectos de las trampas de caída tuvieron mayor número de familias comparados con las NTP, excepto el número 3 cuya riqueza fue similar.

Mediante el análisis de los perfiles de Rényi, se observa que el sitio con mayor equidad es el NTP 5 mientras que hay tres grupos donde las dominancias, de acuerdo al índice inverso de Simpson, son similares. Ordenados de mayor a menor, el primer grupo está conformado por los sitios: Pitfall3, pitfall1 y NTP2; le siguen: Pitfall2, NTP3, NTP5 y NTP6; por último los sitios con el menor índice son: Pitfall4, NTP1 y NTP4. Los índices de diversidad por mes también varían siendo enero, febrero, abril, agosto, septiembre, octubre y diciembre los meses más diversos y marzo, mayo, junio y noviembre los menos.

Para investigar la influencia de los factores ecológicos sobre la diversidad, se utilizó un modelo de regresión lineal generalizado (*glm*), de acuerdo al modelo, el tipo de vegetación, el sexo y la temperatura, explican hasta el 52.6 % de la variación en la abundancia de Lycosidae y el 34.8 % de Gnaphosidae. Para Agelenidae los factores más importantes fueron la precipitación promedio y la interacción entre precipitación y temperatura así como la proporción de machos, dichos factores explican el 29.7 % de su varianza. Por su parte Anyphaenidae y Linyphiidae se mostraron menos susceptibles a las distintas variables ya que el modelo sólo explica el 17.6 y el 12.9 % de desviación respectivamente. En cuanto a las variables más significativas para predecir la presencia-ausencia de las familias, el sexo fue la más importante para Linyphiidae y Gnaphosidae mientras que el sitio fue definitivo para Agelenidae y especialmente para Lycosidae y la fecha de colecta lo fue para Anyphaenidae. Los resultados anteriores abonan a la idea de que Lycosidae es un buen indicador debido a su sensibilidad a los factores antes mencionados.

Respecto a la composición entre comunidades, la distancia de Bray-Curtis y el análisis de similitud mostraron una correlación moderada entre los sitios, esto es congruente con el gradiente que existe entre las trampas NTP y de caída, así como con los modelos anteriores donde

se mostró como las familias más abundantes, particularmente Lycosidae, responden al tipo de vegetación. Para hacer el análisis subsecuente se optó por un método ordenado en lugar del método por grupos debido a que la estructura vegetal es diferente para cada sitio (Kindt y Coe, 2005). El análisis de coordenadas principales (PCoA) mostró tres grupos: cultivo de cipreses, bosque de pino-encino y otros. A pesar de ser tipos de vegetación distintos hubo un solapamiento entre ambos, lo cual implicaría que se encuentran más cercanos con respecto al gradiente o que su composición es similar. Por su parte los transectos 3 y 4 se encuentran separados a pesar de compartir vegetación con los otros grupos, el transecto 3 se encuentra a una distancia ecológica intermedia entre el cultivo de cipreses y el bosque de pino-encino mientras que el transecto 4 que representa una vegetación mixta presenta mayores diferencias con los demás sitios. De igual manera se observa la sucesión de familias de acuerdo al gradiente: en la intersección entre el bosque nativo y el cultivo de cipreses predominan Gnaphosidae y Agelenidae; entre los cipreses Linyphiidae y Anyphaenidae y en los ambientes con menor cobertura Lycosidae es la más abundante.

De acuerdo al diagnóstico realizado por Del Bosque (2015) se reporta poca viabilidad de frutas y alta morbilidad de los cultivos en el sitio, incluso se reporta la presencia de arañas dentro de bellotas presumiblemente a causa del azar; un hecho sin embargo, que refleja la necesidad de conocer mejor la dinámica de la comunidad para lograr un manejo más eficiente de control de plagas. Dada su relevancia en los sistemas agroecológicos, Rypstra *et al.* (1999) mencionan cómo manipulaciones que favorecen la abundancia y el establecimiento de una comunidad de predadores durante la cosecha influyen en la disminución en el consumo de las plantas y daño foliar ocasionado por plagas. A pesar de ello, estimar la diversidad funcional para cada especie es muy complicado debido a la falta de información ecológica y taxonómica completa o actualizada.

La informática de la biodiversidad tiene que ver con la aplicación de conceptos y métodos de las ciencias de la computación, estadística y biología, la organización, visualización y análisis de datos referentes a la escala orgánica de la diversidad biológica. Es un campo relativamente nuevo, que ha tenido un rápido desarrollo en los últimos 25 años. Ante el principal reto de la taxonomía del siglo XXI que es construir un Atlas completo de la vida en la Tierra se necesita de un enfoque interdisciplinario que provea los medios para movilizar y compartir los datos y el conocimiento de forma accesible. Más importante aún, se necesita de un nuevo paradigma para integrar o sintetizar las distintas clases de datos en información (Jiménez y Koleff, 2016).

La ciencia participativa es un nuevo modelo de entender la ciencia gracias a la tecnología, la cual permite a los ciudadanos ser parte activa del proceso de acreción del conocimiento, en el caso del estudio de la diversidad mediante la agrupación de observaciones de especies. Atendiendo a las necesidades de la sociedad, es necesario ofrecer herramientas tanto para los expertos como para el público en general, que faciliten la identificación de especies y permitan recopilar la mayor cantidad de datos posibles de manera eficiente, como tipo de hábitat, perturbación, etc; acompañados de registros audiovisuales. La automatización de tales tareas también minimiza la generación de errores y aumenta la calidad de los registros.

8. Conclusiones

Se revisaron 931 especímenes del orden Araneae (373 ♀, 448 ♂ y 82 inmaduros) agrupados en 26 familias, 92 géneros y 172 morfoespecies; se identificaron seis familias sobresalientes, las cuales representan el 75 % del total de individuos: Anyphaenidae, Agelenidae, Gnaphosidae, Linyphiidae, Lycosidae y Salticidae.

En este trabajo se observó que la comunidad de arañas cursoriales es consistente con la literatura para este tipo de ambientes perturbados. Se hallaron 21 de las 42 familias reportadas para el Estado de México, además de otras cinco para las cuales no había registro. En cuanto al número de morfoespecies, se ubicaron 17 de Lycosidae en contraste con 34 especies descritas para el Estado, además de 33 Agelenidae, 30 Gnaphosidae y 15 Anyphaenidae comparadas con 14, 15 y 10 especies descritas respectivamente; por lo que a pesar de los sesgos, las familias concuerdan.

En cuanto a la proporción de sexos en general, en las arañas cazadoras esta fue alrededor del 50 % de machos, 30-40 % de hembras y el resto inmaduros. En contraste, las arañas tejedoras presentan un mayor número de hembras y para Cybaeidae y Linyphiidae fueron capturados prácticamente el mismo número de hembras y machos.

Temporalmente, los machos alcanzaron su máximo en octubre y un mínimo en marzo, mientras que las hembras oscilaron entre el 20 y el 40 % con un máximo en abril y un mínimo en noviembre. Los inmaduros presentaron dos picos, uno en noviembre y otro en marzo; por último los juveniles aumentaron entre enero y marzo.

La mayor abundancia y diversidad de individuos se apreció durante la temporada de lluvias con un claro pico entre agosto y septiembre. Sin embargo, no se encontró evidencia de que la temperatura o la precipitación promedio por sí solas expliquen la abundancia de las familias.

Por tipo de vegetación, en el bosque de pino-encino se recolectaron 17 familias y en el cultivo de cipreses 11. Agelenidae es la familia dominante en las trampas NTP-80 y en transecto 1 de las de caída. Mientras que Linyphiidae domina el transecto 3 y Lycosidae los transectos 2 y 4.

En general las trampas de caída mostraron mayor diversidad que las NTP-80, 25 contra 19 familias respectivamente. Las cuatro familias más abundantes fueron: Lycosidae, Agelenidae, Linyphiidae y Gnaphosidae. De acuerdo a los perfiles de Rényi, la trampa NTP 5 presentó la mayor equidad. Ordenados los sitios de mayor a menor dominancia, se observan tres grupos: Pitfall3, pitfall1 y NTP2; le siguen: Pitfall2, NTP3, NTP5 y NTP6; por último los sitios con el menor índice son: Pitfall4, NTP1 y NTP4.

Las seis familias presentes en todos los sitios (Agelenidae, Anyphaenidae, Corinnidae, Gna-

8. CONCLUSIONES

phosidae, Linyphiidae y Lycosidae) apoyan la idea de que los gremios ocupan diferentes microclimas dentro de un mismo hábitat y la perturbación de la estructura vegetal favorece a las familias ambulatorias.

Siguiendo el modelo de regresión lineal generalizado (*glm*) los factores principales que influyen en la abundancia son: tipo de vegetación, sexo y temperatura promedio. Siendo Lycosidae, Gnaphosidae y Agelenidae las familias más susceptibles y Anyphaenidae y Linyphiidae las menos. Por otra parte la presencia-ausencia se ve influida por el sexo (Gnaphosidae, Linyphiidae), el sitio (Lycosidae, Agelenidae) y particularmente para Anyphaenidae.

Respecto a la diversidad beta, se encontró una correlación moderada entre los sitios, correspondiente con el tipo de vegetación. Mediante el análisis de coordenadas principales (PCoA) se observó un solapamiento entre el cultivo de cipreses y el bosque de pino-encino. Mientras que las trampas de caída mostraron particularidades de acuerdo a su estructura vegetal mixta y las familias dominantes que las caracterizan; en la intersección entre el bosque nativo y el cultivo de cipreses predominan Gnaphosidae y Agelenidae; entre los cipreses Linyphiidae y Anyphaenidae y en los ambientes con menor cobertura Lycosidae fue la más abundante.

En el caso de la taxonomía es necesario adoptar una metodología que permita optimizar el proceso de identificación de especies y el uso de aplicaciones móviles es un medio versátil que puede utilizarse tanto *in situ* como en el laboratorio. La plataforma ODK también permite la publicación inmediata de los resultados por lo que la retroalimentación también se expedita y mediante el uso de lenguajes de programación abiertos, los análisis estadísticos y los reportes pueden ser reproducidos y actualizados en cualquier momento del proceso de investigación sin necesidad de transcribir datos, reduciendo errores y evitando duplicar esfuerzos.

Si se toma en consideración que la inversión para digitalizar cada uno de los registros georreferenciados en el SNIB se ha estimado en promedio en ocho dólares, el beneficio por el acceso a la información que actualmente se encuentra en repositorios abiertos internacionales se traduce en millones de dólares, y el usar datos primarios digitales reduce aún más los costos de tener acceso a dicha información.

Índice de figuras

3.1. Registros en el SNIB	12
4.1. Mapa edafológico del municipio de Chapa de Mota	14
4.2. Mapa de uso de suelo del municipio de Chapa de Mota	15
4.3. Uso de suelo dentro del CEIEPASP	15
5.1. Sitios de muestreo	19
5.2. Arquitectura del servidor	21
6.1. Número de morfoespecies por familia	24
6.2. Riqueza total	24
6.3. Riqueza por mes para las trampas NTP-80	25
6.4. Riqueza por mes para las trampas de caída	25
6.5. Número de individuos por familia	28
6.6. Porcentaje de familias	29
6.7. Porcentaje de sexos totales	29
6.8. Porcentaje de sexos por familia	30
6.9. Sexos por familia recolectados cada mes	31
6.10. Total de sexos recolectados mensualmente	32
6.11. Abundancia de sexos por sitio de colecta	34
6.12. Correlación ambiente-abundancia-riqueza	34
6.13. Porcentaje de familias en trampas NTP	35
6.14. Porcentaje de familias para las trampas de caída (PITFALL)	35
6.15. Porcentaje de familias por sitio	36
6.16. Curva de acumulación de géneros por mes	38
6.17. Curva de acumulación de géneros para cada sitio	38
6.18. Curva de acumulación de géneros por método	38
6.19. Curva de acumulación de géneros para cada tipo de vegetación	38
6.20. Curva rango-abundancia para familias totales	39
6.21. Curva rango-abundancia por tipo de vegetación	39
6.22. Perfiles de Rényi por sitio	39
6.23. Correlación entre la distancia ecológica calculada y esperada	41

ÍNDICE DE FIGURAS

6.24. Análisis de coordenadas principales (PCoA)	41
6.25. ODKCollect: Datos geográficos	43
6.26. ODKCollect: Datos taxonómicos	44
6.27. ODKCollect: Datos taxonómicos. Multimedia	44
6.28. ODKCollect: Métodos de identificación	45
6.29. ODKAggregate: Vista tabular de los datos	46
6.30. ODKAggregate: Visualización gráfica	46
6.31. ODKAggregate: Administración de los formularios	47
6.32. ODKAggregate: Exportación de datos	47
6.33. ODKAggregate: Subgrupo de repeticiones por individuo	48
6.34. ODKAggregate: Imagen del organismo	48

Índice de cuadros

5.1. Resumen de características de los sitios muestreados	18
6.1. Número de individuos colectados por sitio de muestreo	26
6.2. Distancia ecológica: Bray-Curtis	42
A.1. Morfoespecies por familia	61
B.1. Número de individuos colectados mediante NTP-80	67
B.2. Número de individuos colectados mediante trampas de caída	69

Apéndices

A. Listado taxonómico

Cuadro A.1: Morfoespecies por familia

familia	genero	especie	total	n_sp
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp1</i>	12	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp2</i>	2	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp3</i>	1	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp4</i>	2	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp5</i>	6	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>sp6</i>	1	7
Agelenidae	<i>Agelenopsis</i>	<i>NA</i>	29	7
Agelenidae	<i>Barronopsis</i>	<i>sp1</i>	1	2
Agelenidae	<i>Barronopsis</i>	<i>NA</i>	5	2
Agelenidae	<i>Coras</i>	<i>NA</i>	3	1
Agelenidae	<i>Eratigena</i>	<i>sp1</i>	4	1
Agelenidae	<i>Hololena</i>	<i>sp1</i>	13	3
Agelenidae	<i>Hololena</i>	<i>sp2</i>	1	3
Agelenidae	<i>Hololena</i>	<i>NA</i>	3	3
Agelenidae	<i>Melpomene</i>	<i>NA</i>	2	1
Agelenidae	<i>Novalena</i>	<i>sp1</i>	2	2
Agelenidae	<i>Novalena</i>	<i>NA</i>	12	2
Agelenidae	<i>Rualena</i>	<i>NA</i>	5	1
Agelenidae	<i>Tegenaria</i>	<i>NA</i>	6	1
Agelenidae	<i>Tortolena</i>	<i>glaucopis</i>	19	2
Agelenidae	<i>Tortolena</i>	<i>NA</i>	12	2
Agelenidae	<i>Wadotes</i>	<i>sp1</i>	7	1
Agelenidae	<i>NA</i>	<i>NA</i>	17	NA
Amaurobiidae	<i>Callobius</i>	<i>sp1</i>	10	1
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp1</i>	29	7
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp2</i>	8	7

A. LISTADO TAXONÓMICO

Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp3</i>	9	7
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp4</i>	1	7
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp5</i>	5	7
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	<i>sp6</i>	1	7
Anyphaenidae	<i>Anyphaena</i>	NA	3	7
Anyphaenidae	<i>Arachosia</i>	NA	1	1
Anyphaenidae	<i>Hibana</i>	NA	9	1
Anyphaenidae	<i>Pippuhana</i>	NA	1	1
Anyphaenidae	<i>Wulfila</i>	NA	1	1
Anyphaenidae	NA	NA	7	NA
Araneidae	<i>Argiope</i>	NA	2	1
Araneidae	<i>Calpheira</i>	NA	1	1
Araneidae	<i>Mastophora</i>	<i>sp1</i>	1	1
Araneidae	<i>Neoscona</i>	NA	1	1
Araneidae	<i>Zygiella</i>	NA	1	1
Araneidae	NA	NA	25	NA
Clubionidae	<i>Clubiona</i>	<i>sp1</i>	1	1
Corinnidae	<i>Castianeira</i>	<i>sp1</i>	10	5
Corinnidae	<i>Castianeira</i>	<i>sp2</i>	4	5
Corinnidae	<i>Castianeira</i>	<i>sp3</i>	19	5
Corinnidae	<i>Castianeira</i>	<i>sp4</i>	1	5
Corinnidae	<i>Castianeira</i>	NA	4	5
Corinnidae	<i>Creugas</i>	<i>sp1</i>	3	2
Corinnidae	<i>Creugas</i>	<i>sp2</i>	3	2
Corinnidae	<i>Trachelinae</i>	NA	1	1
Cybaeidae	<i>Cybaeota</i>	<i>sp1</i>	2	2
Cybaeidae	<i>Cybaeota</i>	NA	1	2
Cybaeidae	<i>Cybaeus</i>	<i>sp1</i>	2	4
Cybaeidae	<i>Cybaeus</i>	<i>sp2</i>	3	4
Cybaeidae	<i>Cybaeus</i>	<i>sp3</i>	1	4
Cybaeidae	<i>Cybaeus</i>	NA	1	4
Cybaeidae	NA	NA	3	NA
Dictynidae	<i>Blablolomma</i>	NA	7	1
Dictynidae	<i>Calimaria</i>	NA	2	1
Dictynidae	<i>Cicurina</i>	<i>sp1</i>	3	1
Dictynidae	<i>Yorima</i>	NA	1	1
Dictynidae	NA	NA	2	NA
Dipluridae	<i>Euagrus</i>	NA	1	1
Gnaphosidae	<i>Cesonia</i>	<i>sp1</i>	2	2
Gnaphosidae	<i>Cesonia</i>	NA	1	2

Gnaphosidae	<i>Drassodes</i>	<i>sp1</i>	1	2
Gnaphosidae	<i>Drassodes</i>	NA	4	2
Gnaphosidae	<i>Gnaphosa</i>	<i>sp1</i>	1	3
Gnaphosidae	<i>Gnaphosa</i>	<i>sp2</i>	1	3
Gnaphosidae	<i>Gnaphosa</i>	NA	7	3
Gnaphosidae	<i>Herpyllus</i>	NA	5	1
Gnaphosidae	<i>Litopyllus</i>	<i>sp1</i>	2	2
Gnaphosidae	<i>Litopyllus</i>	NA	1	2
Gnaphosidae	<i>Nodocion</i>	<i>sp1</i>	1	1
Gnaphosidae	<i>Parasyrisca</i>	NA	1	1
Gnaphosidae	<i>Scopoides</i>	NA	1	1
Gnaphosidae	<i>Synaphosus</i>	NA	1	1
Gnaphosidae	<i>Talanites</i>	<i>sp1</i>	3	2
Gnaphosidae	<i>Talanites</i>	NA	5	2
Gnaphosidae	<i>Trachyzelotes</i>	<i>sp1</i>	1	2
Gnaphosidae	<i>Trachyzelotes</i>	NA	3	2
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>oblongus</i>	3	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>sp1</i>	2	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>sp2</i>	1	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>sp3</i>	5	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>sp4</i>	1	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	<i>sp5</i>	1	7
Gnaphosidae	<i>Zelotes</i>	NA	10	7
Gnaphosidae	NA	NA	15	NA
Haniidae	<i>Calimaria</i>	NA	1	1
Haniidae	<i>Dirksia</i>	NA	1	1
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	<i>sp1</i>	1	6
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	<i>sp2</i>	1	6
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	<i>sp3</i>	2	6
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	<i>sp4</i>	8	6
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	<i>sp5</i>	1	6
Linyphiidae	<i>Agyneta</i>	NA	2	6
Linyphiidae	<i>Bathyphantes</i>	NA	1	1
Linyphiidae	<i>Lepthyphantes</i>	<i>sp1</i>	1	1
Linyphiidae	<i>Linyphia</i>	NA	1	1
Linyphiidae	<i>Oreonetides</i>	<i>sp1</i>	2	4
Linyphiidae	<i>Oreonetides</i>	<i>sp2</i>	2	4
Linyphiidae	<i>Oreonetides</i>	<i>sp3</i>	1	4
Linyphiidae	<i>Oreonetides</i>	<i>sp4</i>	2	4
Linyphiidae	<i>Poecilonea</i>	<i>sp1</i>	21	1

A. LISTADO TAXONÓMICO

Linyphiidae	<i>Sciastes</i>	<i>sp1</i>	1	1
Linyphiidae	<i>Scotinotylus</i>	<i>sp1</i>	1	1
Linyphiidae	<i>Semljicola</i>	<i>sp1</i>	2	2
Linyphiidae	<i>Semljicola</i>	<i>sp2</i>	2	2
Linyphiidae	<i>Tenesellum</i>	<i>sp1</i>	1	1
Linyphiidae	<i>Walckenaeriae</i>	<i>sp1</i>	1	2
Linyphiidae	<i>Walckenaeriae</i>	<i>sp2</i>	1	2
Linyphiidae	NA	NA	52	NA
Liocranidae	<i>Agroeca</i>	NA	2	1
Liocranidae	<i>Neoanagraphis</i>	NA	2	1
Lycosidae	<i>Allocosa</i>	<i>sp1</i>	3	4
Lycosidae	<i>Allocosa</i>	<i>sp2</i>	8	4
Lycosidae	<i>Allocosa</i>	<i>sp3</i>	2	4
Lycosidae	<i>Allocosa</i>	NA	5	4
Lycosidae	<i>Alopecosa</i>	NA	4	1
Lycosidae	<i>Arctosa</i>	NA	9	1
Lycosidae	<i>Gladicosa</i>	NA	2	1
Lycosidae	<i>Hesperocosa</i>	<i>sp1</i>	1	1
Lycosidae	<i>Hogna</i>	NA	4	1
Lycosidae	<i>Melocosa</i>	NA	1	1
Lycosidae	<i>Pardosa</i>	<i>sp1</i>	3	4
Lycosidae	<i>Pardosa</i>	<i>sp2</i>	9	4
Lycosidae	<i>Pardosa</i>	<i>sp3</i>	34	4
Lycosidae	<i>Pardosa</i>	NA	67	4
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp1</i>	2	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp2</i>	7	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp3</i>	13	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp4</i>	1	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp5</i>	1	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp6</i>	4	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	<i>sp7</i>	4	8
Lycosidae	<i>Schizocosa</i>	NA	24	8
Lycosidae	<i>Trebacosa</i>	NA	1	1
Lycosidae	<i>Varacosa</i>	<i>sp1</i>	11	4
Lycosidae	<i>Varacosa</i>	<i>sp2</i>	1	4
Lycosidae	<i>Varacosa</i>	<i>sp3</i>	6	4
Lycosidae	<i>Varacosa</i>	NA	2	4
Lycosidae	NA	NA	47	NA
Mimetidae	NA	NA	2	NA
Miturgidae	<i>Strotarchus</i>	<i>sp1</i>	2	1

Miturgidae	<i>Syspira</i>	NA	3	1
Miturgidae	NA	NA	1	NA
Mygalomorphae	NA	NA	1	NA
Mysmenidae	<i>Maymena</i>	<i>sp1</i>	1	2
Mysmenidae	<i>Maymena</i>	NA	4	2
Mysmenidae	NA	NA	3	NA
Nesticidae	<i>Nesticus</i>	NA	9	1
Nesticidae	NA	NA	3	NA
Pimoidae	<i>Nanoa</i>	<i>sp1</i>	1	2
Pimoidae	<i>Nanoa</i>	NA	5	2
Pimoidae	<i>Pimoo</i>	NA	2	1
Salticidae	<i>Chalcoscirtus</i>	NA	1	1
Salticidae	<i>Corythalia</i>	<i>sp1</i>	5	1
Salticidae	<i>Marpissa</i>	<i>sp1</i>	1	1
Salticidae	<i>Mexigonus</i>	<i>sp1</i>	7	5
Salticidae	<i>Mexigonus</i>	<i>sp2</i>	3	5
Salticidae	<i>Mexigonus</i>	<i>sp3</i>	4	5
Salticidae	<i>Mexigonus</i>	<i>sp4</i>	1	5
Salticidae	<i>Mexigonus</i>	NA	6	5
Salticidae	<i>Naphrys</i>	<i>sp1</i>	1	2
Salticidae	<i>Naphrys</i>	NA	2	2
Salticidae	<i>Paramaevia</i>	NA	2	1
Salticidae	<i>Phiddipus</i>	NA	1	1
Salticidae	<i>Salticus</i>	NA	1	1
Salticidae	NA	NA	4	NA
Sparassidae	<i>Curicaberis</i>	<i>bibranchiatus</i>	2	1
Theridiidae	<i>Theridion</i>	<i>sp1</i>	2	2
Theridiidae	<i>Theridion</i>	NA	3	2
Theridiosomatidae	<i>Theridiosoma</i>	NA	1	1
Theridiosomatidae	NA	NA	1	NA
Thomisidae	<i>Bassaniana</i>	NA	1	1
Thomisidae	<i>Xysticus</i>	<i>sp1</i>	1	5
Thomisidae	<i>Xysticus</i>	<i>sp2</i>	1	5
Thomisidae	<i>Xysticus</i>	<i>sp3</i>	1	5
Thomisidae	<i>Xysticus</i>	<i>sp4</i>	1	5
Thomisidae	<i>Xysticus</i>	NA	1	5
Thomisidae	NA	NA	1	NA
Zoropsidae	<i>Anachemmis</i>	<i>sp1</i>	7	1
Zoropsidae	<i>Lauricius</i>	<i>sp1</i>	4	2
Zoropsidae	<i>Lauricius</i>	NA	1	2

A. LISTADO TAXONÓMICO

Zoropsidae	<i>Liocranoides</i>	NA	1	1
------------	---------------------	----	---	---

B. Géneros por sitio

Cuadro B.1: Número de individuos colectados mediante NTP-80

<i>Genero</i>	Bosque de pino-encino			Cultivo de cipreses		
	NTP-80 1	NTP-80 2	NTP-80 3	NTP-80 4	NTP-80 5	NTP-80 6
Agelenidae						
<i>Agelenopsis</i>	4	4	6	1	1	3
<i>Barronopsis</i>	0	1	0	0	1	4
<i>Coras</i>	0	0	1	0	0	0
<i>Eratigena</i>	0	0	1	0	0	0
<i>Hololena</i>	0	1	4	1	0	2
<i>Melpomene</i>	0	0	1	0	1	0
<i>Novalena</i>	1	0	2	0	0	6
<i>Tegenaria</i>	0	0	1	0	0	0
<i>Tortolena</i>	4	6	2	2	1	1
<i>Wadotes</i>	1	2	0	0	0	0
NA	0	2	2	0	0	1
Anyphaenidae						
<i>Anyphaena</i>	3	1	2	4	3	5
<i>Arachosia</i> *	0	0	1	0	0	0
NA	0	0	1	0	0	0
Araneidae						
NA	1	0	0	0	0	0
Corinnidae						
<i>Castianeira</i>	0	13	0	0	3	0
<i>Trachelinae</i> *	0	0	0	0	0	1
Cybaeidae						
<i>Cybaeus</i>	1	0	1	0	0	2

B. GÉNEROS POR SITIO

NA	0	2	0	0	0	0
Dictynidae						
<i>Cicurina</i>	0	0	0	0	1	2
Gnaphosidae						
<i>Cesonia</i>	1	0	0	0	0	0
<i>Gnaphosa</i>	1	2	1	0	0	0
<i>Litopyllus</i>	0	0	0	0	0	1
<i>Nodocion</i> *	0	1	0	0	0	0
<i>Parasyrisca</i> *	0	1	0	0	0	0
<i>Talanites</i>	4	0	0	0	0	1
<i>Trachyzelotes</i>	0	0	0	0	0	1
<i>Zelotes</i>	1	0	0	0	0	2
NA	0	0	0	1	1	0
Linyphiidae						
<i>Agyneta</i>	0	1	3	6	0	1
<i>Oreonetides</i>	0	0	0	0	0	1
<i>Poeciloneta</i>	0	2	2	4	3	1
<i>Scotinotylus</i> *	0	0	1	0	0	0
<i>Semljicola</i>	0	0	2	0	0	0
NA	3	3	4	2	1	1
Liocranidae						
<i>Neoanagraphis</i> *	0	0	2	0	0	0
Lycosidae						
<i>Allocosa</i>	0	0	3	0	0	0
<i>Alopecosa</i>	0	0	1	0	0	0
<i>Arctosa</i>	8	0	0	0	0	0
<i>Gladicosa</i>	1	0	0	0	0	0
<i>Hogna</i>	0	0	0	0	0	1
<i>Pardosa</i>	20	0	1	1	0	0
<i>Schizocosa</i>	3	0	0	0	0	0
<i>Varacosa</i>	1	1	0	0	0	0
NA	0	0	5	0	0	1
Mimetidae						
NA*	2	0	0	0	0	0
Mysmenidae						
<i>Maymena</i>	0	1	1	0	0	0
NA	1	0	1	0	0	0
Nesticidae						

<i>Nesticus</i>	0	0	0	0	0	2
Pimoidae						
<i>Nanoa</i>	0	2	0	0	0	3
<i>Pimoa</i>	0	0	1	0	0	0
Salticidae						
<i>Corythalia</i>	0	3	1	0	0	1
<i>Marpissa</i> *	0	1	0	0	0	0
<i>Mexigonus</i>	0	2	2	1	1	1
NA	0	2	1	0	0	0
Theridiidae						
<i>Theridion</i>	0	0	1	0	0	0
Theridiosomatidae						
<i>Theridiosoma</i> *	0	1	0	0	0	0
Thomisidae						
<i>Xysticus</i>	0	0	2	0	0	0
Zoropsidae						
<i>Anachemmis</i> *	0	7	0	0	0	0

* Géneros únicos

Cuadro B.2: Número de individuos colectados mediante trampas de caída

<i>Genero</i>	TRANSECTO 1-PITFALL	TRANSECTO 2-PITFALL	TRANSECTO 3-PITFALL	TRANSECTO 4-PITFALL
Agelenidae				
<i>Agelenopsis</i>	20	8	0	5
<i>Coras</i>	0	1	0	1
<i>Eratigena</i>	3	0	0	0
<i>Hololena</i>	0	1	3	4
<i>Novalena</i>	1	0	1	3
<i>Rualena</i> *	0	5	0	0
<i>Tegenaria</i>	2	0	1	1
<i>Tortolena</i>	11	3	1	0
<i>Wadotes</i>	3	1	0	0
NA	5	2	1	4
Amaurobiidae				
<i>Callobius</i>	0	1	0	9
Anyphaenidae				
<i>Anyphaena</i>	15	7	2	5

B. GÉNEROS POR SITIO

<i>Hibana</i>	4	3	1	1
<i>Pippuhana</i> *	0	0	0	1
<i>Wulfila</i> *	0	1	0	0
NA	1	3	2	0
Araneidae				
<i>Argiope</i> *	0	0	1	0
<i>Calpheira</i> *	0	0	0	1
<i>Mastophora</i> *	1	0	0	0
<i>Neoscona</i> *	1	0	0	0
<i>Zygiella</i> *	0	0	1	0
NA	7	11	1	5
Clubionidae				
<i>Clubiona</i> *	0	0	0	1
Corinnidae				
<i>Castianeira</i>	6	9	1	6
<i>Creugas</i> *	0	0	0	6
Cybaeidae				
<i>Cybaeota</i>	2	0	0	1
<i>Cybaeus</i>	2	0	0	1
NA	0	0	0	1
Dictynidae				
<i>Blabomma</i> *	0	0	0	7
<i>Calimaria</i> *	0	0	0	2
<i>Yorima</i> *	0	1	0	0
NA	0	1	0	1
Dipluridae				
<i>Euagrus</i> *	1	0	0	0
Gnaphosidae				
<i>Cesonia</i>	0	2	0	0
<i>Drassodes</i>	2	2	0	0
<i>Gnaphosa</i>	4	0	0	1
<i>Herpyllus</i>	0	3	0	2
<i>Litopyllus</i>	0	1	1	0
<i>Scopoides</i> *	0	0	1	0
<i>Synaphosus</i> *	0	1	0	0
<i>Talanites</i>	2	0	0	1
<i>Trachyzelotes</i>	0	0	0	3
<i>Zelotes</i>	0	3	3	14

NA	8	1	1	3
Haniidae				
<i>Calimaria</i> *	1	0	0	0
<i>Dirksia</i> *	1	0	0	0
Linyphiidae				
<i>Agyneta</i>	1	1	1	1
<i>Bathypantes</i> *	0	0	1	0
<i>Oreonetides</i>	0	3	0	3
<i>Poeciloneta</i>	0	0	3	5
<i>Sciastes</i> *	0	0	1	0
<i>Semljicola</i>	0	1	1	0
<i>Tenesellum</i> *	0	0	0	1
<i>Walckenaeriae</i>	0	1	0	1
NA	11	4	4	19
Liocranidae				
<i>Agroeca</i> *	2	0	0	0
Lycosidae				
<i>Allocosa</i>	0	3	1	11
<i>Alopecosa</i>	1	2	0	0
<i>Arctosa</i>	0	0	0	1
<i>Gladicosa</i>	0	0	0	1
<i>Hesperocosa</i> *	1	0	0	0
<i>Hogna</i>	0	2	0	1
<i>Melocosa</i> *	0	1	0	0
<i>Pardosa</i>	0	18	2	71
<i>Schizocosa</i>	0	11	0	42
<i>Trebacosa</i> *	0	0	0	1
<i>Varacosa</i>	4	10	0	4
NA	2	12	1	26
Miturgidae				
<i>Strotarchus</i> *	0	0	0	2
<i>Syspira</i>	0	2	1	0
NA*	1	0	0	0
Mygalomorphae				
NA*	0	1	0	0
Mysmenidae				
<i>Maymena</i>	0	0	2	1
NA	0	0	0	1

B. GÉNEROS POR SITIO

Nesticidae				
<i>Nesticus</i>	1	2	0	4
NA*	3	0	0	0
Pimoidae				
<i>Nanoa</i>	1	0	0	0
<i>Pimoa</i>	1	0	0	0
Salticidae				
<i>Chalcoscirtus</i> *	0	1	0	0
<i>Mexigonus</i>	6	4	3	1
<i>Naphrys</i>	2	1	0	0
<i>Paramaevia</i>	1	1	0	0
<i>Phiddipus</i> *	0	0	0	1
<i>Salticus</i> *	1	0	0	0
NA	1	0	0	0
Sparassidae				
<i>Curicaberis</i> *	0	0	1	0
Theridiidae				
<i>Theridion</i>	0	2	1	0
Theridiosomatidae				
NA*	1	0	0	0
Thomisidae				
<i>Bassaniana</i> *	0	1	0	0
<i>Xysticus</i>	1	0	0	2
NA*	0	1	0	0
Zoropsidae				
<i>Lauricius</i>	2	1	0	2
<i>Liocranoides</i> *	0	0	1	0
* Géneros únicos				

C. Modelo de regresión lineal generalizado

Los modelos de regresión generalizados se utilizan cuando las observaciones no se distribuyen normalmente y se adaptan de manera más realista a los valores escogiendo el modelo adecuado.

Los glm se caracterizan por dos funciones: La función de enlace (*link function*) describe como el promedio de la variable de respuesta depende de los predictores lineales (variables explicativas); la función de varianza refleja como la varianza de la variable de respuesta depende del promedio.

$$\text{función de enlace: } g(\mu) = a + b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 \dots$$

$$\text{función de varianza: } var(y) = \theta \times V(\mu)$$

El modelo de Poisson es el más simple y es apropiado para datos de conteo. Usa una función de enlace logarítmica ($\log(\mu)$) y una varianza de Poisson ($var(y) = \mu$). El modelo de quassi-Poisson usa una función de varianza distinta y asume que la dispersión (θ) es diferente a 1 y ajusta el parámetro de acuerdo a los datos.

C. MODELO DE REGRESIÓN LINEAL GENERALIZADO

Variable dependiente: Familia I (Agelenidae)				
	Familia I/Familia II			
	Agelenidae/Linyphiidae	Agelenidae/Lycosidae	Agelenidae/Gnaphosidae	Agelenidae/Anyphaenidae
	(1)	(2)	(3)	(4)
NTP-Cipreses	-0.164 $t = -0.608$ $p = 0.544$	-0.141 $t = -0.506$ $p = 0.614$	-0.154 $t = -0.557$ $p = 0.578$	-0.106 $t = -0.386$ $p = 0.701$
PITFALL 1	0.892 $t = 3.837$ $p = 0.0002^{***}$	0.878 $t = 3.705$ $p = 0.0003^{***}$	0.871 $t = 3.558$ $p = 0.0005^{***}$	0.957 $t = 3.991$ $p = 0.0001^{***}$
PITFALL 2	-0.037 $t = -0.130$ $p = 0.897$	-0.053 $t = -0.180$ $p = 0.858$	-0.034 $t = -0.116$ $p = 0.909$	0.004 $t = 0.013$ $p = 0.990$
PITFALL 3	-0.431 $t = -0.972$ $p = 0.332$	-0.429 $t = -0.940$ $p = 0.349$	-0.450 $t = -0.991$ $p = 0.323$	-0.426 $t = -0.941$ $p = 0.348$
PITFALL 4	0.020 $t = 0.065$ $p = 0.948$	-0.257 $t = -0.747$ $p = 0.456$	-0.150 $t = -0.456$ $p = 0.650$	-0.138 $t = -0.448$ $p = 0.655$
sexo HJ	-0.573 $t = -1.480$ $p = 0.141$	-0.458 $t = -1.152$ $p = 0.251$	-0.477 $t = -1.198$ $p = 0.233$	-0.463 $t = -1.177$ $p = 0.241$
sexo I	-0.404 $t = -1.117$ $p = 0.266$	-0.372 $t = -1.002$ $p = 0.318$	-0.390 $t = -1.054$ $p = 0.294$	-0.372 $t = -1.012$ $p = 0.313$
sexo M	0.876 $t = 4.067$ $p = 0.0001^{***}$	0.855 $t = 3.865$ $p = 0.0002^{***}$	0.861 $t = 3.895$ $p = 0.0002^{***}$	0.848 $t = 3.864$ $p = 0.0002^{***}$
sexo MJ	-0.132 $t = -0.413$ $p = 0.681$	-0.074 $t = -0.226$ $p = 0.822$	-0.094 $t = -0.286$ $p = 0.776$	-0.170 $t = -0.518$ $p = 0.606$
Familia II	-0.259 $t = -2.198$ $p = 0.029^{**}$	0.019 $t = 0.882$ $p = 0.379$	0.007 $t = 0.071$ $p = 0.944$	-0.220 $t = -1.408$ $p = 0.161$
Temp. promedio	0.217 $t = 2.178$ $p = 0.031^{**}$	0.186 $t = 1.865$ $p = 0.064^*$	0.188 $t = 1.864$ $p = 0.064^*$	0.175 $t = 1.753$ $p = 0.081^*$
Precip. promedio	0.961 $t = 2.361$ $p = 0.020^{**}$	1.008 $t = 2.390$ $p = 0.018^{**}$	0.973 $t = 2.320$ $p = 0.022^{**}$	1.049 $t = 2.505$ $p = 0.013^{**}$
t.prom:p.prom	-0.065 $t = -2.133$ $p = 0.035^{**}$	-0.068 $t = -2.156$ $p = 0.033^{**}$	-0.066 $t = -2.083$ $p = 0.039^{**}$	-0.071 $t = -2.253$ $p = 0.026^{**}$
Constant	-3.713 $t = -2.883$ $p = 0.005^{***}$	-3.409 $t = -2.639$ $p = 0.009^{***}$	-3.422 $t = -2.624$ $p = 0.010^{***}$	-3.227 $t = -2.508$ $p = 0.013^{**}$
Observations	244	244	244	244

Note:

* $p < 0.1$; ** $p < 0.05$; *** $p < 0.01$
Coeficiente, estadístico de prueba, valor-p

Variable dependiente: Familia I (Linyphiidae)				
	Familia I/Familia II			
	Linyphiidae/Agelenidae	Linyphiidae/Lycosidae	Linyphiidae/Gnaphosidae	Linyphiidae/Anyphaenidae
	(1)	(2)	(3)	(4)
NTP-Cipreses	0.342 $t = 0.859$ $p = 0.392$	0.403 $t = 0.965$ $p = 0.336$	0.407 $t = 1.036$ $p = 0.302$	0.371 $t = 0.899$ $p = 0.370$
PITFALL 1	0.457 $t = 0.975$ $p = 0.331$	0.236 $t = 0.490$ $p = 0.625$	-0.256 $t = -0.541$ $p = 0.590$	0.344 $t = 0.709$ $p = 0.480$
PITFALL 2	-0.227 $t = -0.473$ $p = 0.637$	-0.219 $t = -0.437$ $p = 0.663$	-0.377 $t = -0.791$ $p = 0.430$	-0.110 $t = -0.220$ $p = 0.826$
PITFALL 3	0.384 $t = 0.810$ $p = 0.419$	0.486 $t = 0.986$ $p = 0.326$	0.312 $t = 0.666$ $p = 0.507$	0.500 $t = 1.012$ $p = 0.313$
PITFALL 4	0.925 $t = 2.518$ $p = 0.013^{**}$	0.642 $t = 1.574$ $p = 0.117$	0.518 $t = 1.373$ $p = 0.172$	0.968 $t = 2.532$ $p = 0.013^{**}$
sexo HJ	-2.050 $t = -2.269$ $p = 0.025^{**}$	-1.856 $t = -1.961$ $p = 0.052^*$	-1.618 $t = -1.812$ $p = 0.072^*$	-1.975 $t = -2.096$ $p = 0.038^{**}$
sexo I	-0.088 $t = -0.222$ $p = 0.825$	0.017 $t = 0.042$ $p = 0.967$	0.103 $t = 0.263$ $p = 0.794$	-0.095 $t = -0.229$ $p = 0.819$
sexo M	0.123 $t = 0.401$ $p = 0.689$	-0.097 $t = -0.304$ $p = 0.762$	-0.205 $t = -0.680$ $p = 0.498$	-0.092 $t = -0.289$ $p = 0.773$
sexo MJ	-0.319 $t = -0.759$ $p = 0.449$	-0.180 $t = -0.406$ $p = 0.685$	0.032 $t = 0.075$ $p = 0.941$	-0.406 $t = -0.916$ $p = 0.361$
Familia II	-0.417 $t = -2.265$ $p = 0.025^{**}$	0.050 $t = 2.556$ $p = 0.012^{**}$	0.533 $t = 4.313$ $p = 0.00003^{***}$	-0.372 $t = -1.274$ $p = 0.205$
Temp. promedio	0.111 $t = 0.871$ $p = 0.385$	0.046 $t = 0.340$ $p = 0.735$	-0.069 $t = -0.521$ $p = 0.603$	0.061 $t = 0.463$ $p = 0.644$
Precip. promedio	-0.815 $t = -1.225$ $p = 0.222$	-0.894 $t = -1.271$ $p = 0.206$	-1.414 $t = -2.040$ $p = 0.043^{**}$	-0.783 $t = -1.133$ $p = 0.259$
t.prom:p.prom	0.056 $t = 1.156$ $p = 0.249$	0.061 $t = 1.194$ $p = 0.234$	0.098 $t = 1.950$ $p = 0.053^*$	0.053 $t = 1.067$ $p = 0.287$
Constant	-2.084 $t = -1.286$ $p = 0.200$	-1.459 $t = -0.856$ $p = 0.393$	-0.055 $t = -0.033$ $p = 0.974$	-1.536 $t = -0.909$ $p = 0.365$
Observations	244	244	244	244

Note:

* $p < 0.1$; ** $p < 0.05$; *** $p < 0.01$
Coeficiente, estadístico de prueba, valor-p

C. MODELO DE REGRESIÓN LINEAL GENERALIZADO

Variable dependiente: Familia I (Lycosidae)				
	Familia I/Familia II			
	Lycosidae/Agelenidae	Lycosidae/Linyphiidae	Lycosidae/Gnaphosidae	Lycosidae/Anyphaenidae
	(1)	(2)	(3)	(4)
NTP-Cipreses	-2.176 $t = -1.900$ $p = 0.059^*$	-2.186 $t = -1.944$ $p = 0.054^*$	-2.043 $t = -1.832$ $p = 0.069^*$	-2.154 $t = -1.869$ $p = 0.063^*$
PITFALL 1	-0.980 $t = -1.243$ $p = 0.216$	-0.930 $t = -1.255$ $p = 0.211$	-1.166 $t = -1.575$ $p = 0.117$	-0.674 $t = -0.890$ $p = 0.375$
PITFALL 2	1.000 $t = 2.597$ $p = 0.011^{**}$	0.938 $t = 2.477$ $p = 0.014^{**}$	0.856 $t = 2.232$ $p = 0.027^{**}$	1.010 $t = 2.576$ $p = 0.011^{**}$
PITFALL 3	-1.030 $t = -1.021$ $p = 0.309$	-1.209 $t = -1.221$ $p = 0.224$	-1.181 $t = -1.202$ $p = 0.231$	-1.092 $t = -1.076$ $p = 0.284$
PITFALL 4	2.110 $t = 6.126$ $p = 0.000^{***}$	1.786 $t = 5.064$ $p = 0.00000^{***}$	1.625 $t = 4.540$ $p = 0.00001^{***}$	2.084 $t = 6.022$ $p = 0.000^{***}$
sexo HJ	-0.950 $t = -1.963$ $p = 0.051^*$	-0.656 $t = -1.326$ $p = 0.187$	-0.570 $t = -1.170$ $p = 0.244$	-0.989 $t = -2.030$ $p = 0.044^{**}$
sexo I	-0.633 $t = -1.486$ $p = 0.139$	-0.521 $t = -1.234$ $p = 0.219$	-0.362 $t = -0.852$ $p = 0.396$	-0.634 $t = -1.464$ $p = 0.145$
sexo M	0.045 $t = 0.163$ $p = 0.871$	0.235 $t = 0.899$ $p = 0.370$	0.011 $t = 0.043$ $p = 0.966$	0.177 $t = 0.661$ $p = 0.510$
sexo MJ	-1.490 $t = -2.627$ $p = 0.010^{***}$	-1.285 $t = -2.278$ $p = 0.024^{**}$	-1.094 $t = -1.944$ $p = 0.054^*$	-1.471 $t = -2.568$ $p = 0.011^{**}$
Familia II	0.164 $t = 1.712$ $p = 0.089^*$	0.238 $t = 3.241$ $p = 0.002^{***}$	0.450 $t = 4.107$ $p = 0.0001^{***}$	0.015 $t = 0.062$ $p = 0.951$
Temp. promedio	0.253 $t = 1.949$ $p = 0.053^*$	0.150 $t = 1.154$ $p = 0.250$	0.114 $t = 0.855$ $p = 0.394$	0.252 $t = 1.918$ $p = 0.057^*$
Precip. promedio	-0.428 $t = -0.745$ $p = 0.458$	-0.601 $t = -1.026$ $p = 0.307$	-1.446 $t = -2.182$ $p = 0.031^{**}$	-0.369 $t = -0.642$ $p = 0.522$
t.prom:p.prom	0.028 $t = 0.675$ $p = 0.501$	0.042 $t = 1.001$ $p = 0.318$	0.099 $t = 2.099$ $p = 0.037^{**}$	0.025 $t = 0.596$ $p = 0.552$
Constant	-3.515 $t = -2.063$ $p = 0.041^{**}$	-2.270 $t = -1.359$ $p = 0.176$	-1.655 $t = -0.951$ $p = 0.343$	-3.470 $t = -1.997$ $p = 0.048^{**}$
Observations	244	244	244	244

Note:

* $p < 0.1$; ** $p < 0.05$; *** $p < 0.01$
Coeficiente, estadístico de prueba, valor-p

Variable dependiente: Familia I (Gnaphosidae)

	Familia I/Familia II			
	Gnaphosidae/Agelenidae	Gnaphosidae/Linyphiidae	Gnaphosidae/Lycosidae	Gnaphosidae/Anyphaenidae
	(1)	(2)	(3)	(4)
NTP-Cipreses	-0.052 <i>t</i> = -0.109 <i>p</i> = 0.914	-0.071 <i>t</i> = -0.149 <i>p</i> = 0.882	-0.016 <i>t</i> = -0.034 <i>p</i> = 0.973	-0.039 <i>t</i> = -0.083 <i>p</i> = 0.935
PITFALL 1	1.527 <i>t</i> = 3.654 <i>p</i> = 0.0004***	1.343 <i>t</i> = 3.331 <i>p</i> = 0.002***	1.500 <i>t</i> = 3.770 <i>p</i> = 0.0003***	1.550 <i>t</i> = 3.846 <i>p</i> = 0.0002***
PITFALL 2	0.874 <i>t</i> = 2.163 <i>p</i> = 0.032**	0.824 <i>t</i> = 2.063 <i>p</i> = 0.041**	0.833 <i>t</i> = 2.065 <i>p</i> = 0.041**	0.900 <i>t</i> = 2.227 <i>p</i> = 0.027**
PITFALL 3	0.766 <i>t</i> = 1.478 <i>p</i> = 0.141	0.722 <i>t</i> = 1.410 <i>p</i> = 0.160	0.784 <i>t</i> = 1.522 <i>p</i> = 0.130	0.796 <i>t</i> = 1.541 <i>p</i> = 0.125
PITFALL 4	1.705 <i>t</i> = 4.541 <i>p</i> = 0.00001***	1.504 <i>t</i> = 3.936 <i>p</i> = 0.0002***	1.442 <i>t</i> = 3.561 <i>p</i> = 0.0005***	1.701 <i>t</i> = 4.558 <i>p</i> = 0.00001***
sexo HJ	-2.639 <i>t</i> = -2.584 <i>p</i> = 0.011**	-2.476 <i>t</i> = -2.445 <i>p</i> = 0.016**	-2.537 <i>t</i> = -2.483 <i>p</i> = 0.014**	-2.633 <i>t</i> = -2.590 <i>p</i> = 0.011**
sexo I	-0.540 <i>t</i> = -1.329 <i>p</i> = 0.186	-0.456 <i>t</i> = -1.130 <i>p</i> = 0.260	-0.455 <i>t</i> = -1.113 <i>p</i> = 0.267	-0.530 <i>t</i> = -1.310 <i>p</i> = 0.192
sexo M	0.324 <i>t</i> = 1.219 <i>p</i> = 0.224	0.280 <i>t</i> = 1.118 <i>p</i> = 0.265	0.278 <i>t</i> = 1.098 <i>p</i> = 0.274	0.286 <i>t</i> = 1.129 <i>p</i> = 0.261
sexo MJ	-1.647 <i>t</i> = -2.698 <i>p</i> = 0.008***	-1.554 <i>t</i> = -2.564 <i>p</i> = 0.012**	-1.550 <i>t</i> = -2.531 <i>p</i> = 0.013**	-1.683 <i>t</i> = -2.756 <i>p</i> = 0.007***
Familia II	-0.014 <i>t</i> = -0.187 <i>p</i> = 0.852	0.148 <i>t</i> = 2.284 <i>p</i> = 0.024**	0.030 <i>t</i> = 1.900 <i>p</i> = 0.059*	-0.129 <i>t</i> = -0.612 <i>p</i> = 0.541
Temp. promedio	0.575 <i>t</i> = 4.208 <i>p</i> = 0.00004***	0.513 <i>t</i> = 3.763 <i>p</i> = 0.0003***	0.541 <i>t</i> = 3.941 <i>p</i> = 0.0002***	0.562 <i>t</i> = 4.128 <i>p</i> = 0.0001***
Precip. promedio	0.617 <i>t</i> = 1.073 <i>p</i> = 0.285	0.542 <i>t</i> = 0.945 <i>p</i> = 0.346	0.545 <i>t</i> = 0.938 <i>p</i> = 0.350	0.621 <i>t</i> = 1.093 <i>p</i> = 0.276
t.prom:p.prom	-0.045 <i>t</i> = -1.078 <i>p</i> = 0.283	-0.039 <i>t</i> = -0.936 <i>p</i> = 0.351	-0.040 <i>t</i> = -0.944 <i>p</i> = 0.346	-0.045 <i>t</i> = -1.096 <i>p</i> = 0.275
Constant	-9.357 <i>t</i> = -4.962 <i>p</i> = 0.00001***	-8.570 <i>t</i> = -4.604 <i>p</i> = 0.00001***	-8.923 <i>t</i> = -4.737 <i>p</i> = 0.00001***	-9.155 <i>t</i> = -4.869 <i>p</i> = 0.00001***
Observations	244	244	244	244

Note:

p*<0.1; *p*<0.05; ****p*<0.01
Coeficiente, estadístico de prueba, valor-*p*

D. Paquetes utilizados

R Core Team (2018). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.

Venables WN, Ripley BD (2002). *Modern Applied Statistics with S*, Fourth edition. Springer, New York. ISBN 0-387-95457-0, <http://www.stats.ox.ac.uk/pub/MASS4>.

Xie Y (2018). *knitr: A General-Purpose Package for Dynamic Report Generation in R*. R package version 1.20, <https://yihui.name/knitr/>. Xie Y (2015). *Dynamic Documents with R and knitr*, 2nd edition. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton, Florida. ISBN 978-1498716963, <https://yihui.name/knitr/>. Xie Y (2014). “knitr: A Comprehensive Tool for Reproducible Research in R.” In Stodden V, Leisch F, Peng RD (eds.), *Implementing Reproducible Computational Research*. Chapman and Hall/CRC. ISBN 978-1466561595, <http://www.crcpress.com/product/isbn/9781466561595>.

Maechler M, Rousseeuw P, Struyf A, Hubert M, Hornik K (2018). *cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions*. R package version 2.0.7-1 — For new features, see the ‘Changelog’ file (in the package source).

NAbindrcpp: *An ‘Rcpp’ Interface to Active Bindings*. R package version 0.2.2, <https://CRAN.R-project.org/package=bindrcpp>.

Hlavac M (2018). *stargazer: Well-Formatted Regression and Summary Statistics Tables*. Central European Labour Studies Institute (CELSI), Bratislava, Slovakia. R package version 5.2.2, <https://CRAN.R-project.org/package=stargazer>.

Dahl D, Scott D, Roosen C, Magnusson A, Swinton J (2018). *xtable: Export Tables to LaTeX or HTML*. R package version 1.8-3, <https://CRAN.R-project.org/package=xtable>.

Zhu H (2018). *kableExtra: Construct Complex Table with ‘kable’ and Pipe Syntax*. R package version 0.9.0, <https://CRAN.R-project.org/package=kableExtra>.

Chang W (2018). *webshot: Take Screenshots of Web Pages*. R package version 0.5.1, <https://CRAN.R-project.org/package=webshot>.

Grothendieck G (2017). *sqldf: Manipulate R Data Frames Using SQL*. R package version 0.4-11, <https://CRAN.R-project.org/package=sqldf>.

NARSQLite: *‘SQLite’ Interface for R*. R package version 2.1.1, <https://CRAN.R-project.org/package=RSQLite>.

Grothendieck G (2018). *gsubfn: Utilities for Strings and Function Arguments*. R package version 0.7, <https://CRAN.R-project.org/package=gsubfn>.

Grothendieck G, Kates L, Petzoldt T (2016). *proto: Prototype Object-Based Programming*.

D. PAQUETES UTILIZADOS

R package version 1.0.0, <https://CRAN.R-project.org/package=proto>.

Ripley B, Lapsley M (2017). *RODBC: ODBC Database Access*. R package version 1.3-15, <https://CRAN.R-project.org/package=RODBC>.

Kindt R, Coe R (2005). *Tree diversity analysis. A manual and software for common statistical methods for ecological and biodiversity studies*. World Agroforestry Centre (ICRAF), Nairobi (Kenya). ISBN 92-9059-179-X, http://www.worldagroforestry.org/treesandmarkets/tree_diversity_analysis.asp.

Oksanen J, Blanchet FG, Friendly M, Kindt R, Legendre P, McGlinn D, Minchin PR, O'Hara RB, Simpson GL, Solymos P, Stevens MHH, Szoecs E, Wagner H (2018). *vegan: Community Ecology Package*. R package version 2.5-2, <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>.

Sarkar D (2008). *Lattice: Multivariate Data Visualization with R*. Springer, New York. ISBN 978-0-387-75968-5, <http://lmdvr.r-forge.r-project.org>.

Simpson G (2016). *permute: Functions for Generating Restricted Permutations of Data*. R package version 0.9-4, <https://CRAN.R-project.org/package=permute>.

Sievert C (2018). *plotly for R*. <https://plotly-book.cpsievert.me>.

Wickham H (2018). *scales: Scale Functions for Visualization*. R package version 1.0.0, <https://CRAN.R-project.org/package=scales>.

Schloerke B, Crowley J, Cook D, Briatte F, Marbach M, Thoen E, Elberg A, Larmarange J (2018). *GGally: Extension to 'ggplot2'*. R package version 1.4.0, <https://CRAN.R-project.org/package=GGally>.

Grolemund G, Wickham H (2011). "Dates and Times Made Easy with lubridate." *Journal of Statistical Software*, **40**(3), 1–25. <http://www.jstatsoft.org/v40/i03/>.

Wickham H (2018). *forcats: Tools for Working with Categorical Variables (Factors)*. R package version 0.3.0, <https://CRAN.R-project.org/package=forcats>.

Wickham H (2018). *stringr: Simple, Consistent Wrappers for Common String Operations*. R package version 1.3.1, <https://CRAN.R-project.org/package=stringr>.

NA*dplyr: A Grammar of Data Manipulation*. R package version 0.7.6, <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>.

Henry L, Wickham H (2018). *purrr: Functional Programming Tools*. R package version 0.2.5, <https://CRAN.R-project.org/package=purrr>.

Wickham H, Hester J, Francois R (2017). *readr: Read Rectangular Text Data*. R package version 1.1.1, <https://CRAN.R-project.org/package=readr>.

Wickham H, Henry L (2018). *tidyr: Easily Tidy Data with 'spread()' and 'gather()' Functions*. R package version 0.8.1, <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>.

NA*tibble: Simple Data Frames*. R package version 1.4.2, <https://CRAN.R-project.org/package=tibble>.

Wickham H (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York. ISBN 978-3-319-24277-4, <http://ggplot2.org>.

Wickham H (2017). *tidyverse: Easily Install and Load the 'Tidyverse'*. R package version 1.2.1, <https://CRAN.R-project.org/package=tidyverse>.

E. Código fuente

E.1. finaltex.R

```
source('funciones.R')
cargar.libs()

# Cargar datos -----

fgs=c("familia","genero","especie","sexo")
valores="cantidad"
factores=c("Fecha","Metodo")
# # "familia",
# # "genero",
# # "especie",
# # "sexo",
# # "cantidad"
# #val1="familia, genero, especie, sexo, cantidad, Fecha, Metodo"

url_base="http://192.168.155.10/ODKAggregate/view/"
form="odk_chmin2"

datos=list()
datos=obtener_datos(url_base,form)
names(datos)=c("cur","tax")
datos$cur$especimenes=as.integer(datos$cur$especimenes)
```


E. CÓDIGO FUENTE

```
datos$tax$cant=as.integer(datos$tax$cant)
names(datos$tax)[16]="cve_orig"
b=inner_join(datos$tax,datos$cur,by="cve_orig")
b=b[c(4,6,7,8,9,21,22)]
names(b)[5]="cantidad"
names(b)[6]="Fecha"
names(b)[7]="Metodo"
b[1:length(b)][b[1:length(b)]==""]=NA
b$Fecha=ymd(b$Fecha)
for (i in 1:6) {
  pat=paste0("NTP",i)
  rep=paste0("NTP-80_#",i)
  b$Metodo=gsub(pat,rep,b$Metodo)
}
for (j in 1:4) {
  pat=paste0("PITFALL",j)
  rep=paste0("TRANSECTO_",j,"-PITFALL")
  b$Metodo=gsub(pat,rep,b$Metodo)
}

df <- list()
df[[1]]=b
#quitar nas
#consd_compl=consd %>%
consd_compl=df[[1]] %>%
  #filter_at(factoros,all_vars(!is.na(.)))
  filter_at(c(fgs[c(1,4)],valores),all_vars(!is.na(.)))
# filter(!is.na(familia),
#       !is.na(sexo),
#       !is.na(cantidad))
df[[2]]=consd_compl
df[[3]]=consd_compl
# Conteo -----
```

```

#familias con más de 10 especímenes
#sp_cont=consd_compl %>%
fam_cont=agrupar(df[[3]],"familia")
fam_cont10=filter(fam_cont,total>=10)
fam_cont10$pc=fam_cont10$total/sum(fam_cont10$total)

#consd10=consd_compl %>%
consd10=df[[3]] %>%
  filter(familia %in% fam_cont10$familia)
  #dim(consd_compl)
df[[4]]=consd10
#formato fecha
#usando cargar()
#df[[5]]=agrupar(df[[3]],names(df[[3]]),f_fecha = T,metodo = "N")
#usando sql
df[[5]]=df[[4]] %>%
  mutate(fecha=format(as.Date(Fecha, "%Y-%m-%d"), "%Y-%m")) %>%
  select(-Fecha)

fam_tmp=df[[3]]
fam_tmp$familia[!fam_tmp$familia%in%fam_cont10$familia]="Otra"
fam_tcont=agrupar(fam_tmp, "familia")
df[[6]]=fam_tmp

names(df)=c("consd", "consd_compl", "consd_limp", "consd10", "cl_format", "consd_Otr"
)

i.data=3
#total individuos
sum(df[[i.data]]['cantidad'])
#familias únicas
#fam=gsub("[*]", "", consd$familia)

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
fam=gsub("sp[[:digit:]]","X",df[[i.data]]$familia)
fam=unique(fam)
#fam
#géneros únicos
unique(df[[i.data]]$genero)
length(unique(df[["consd_limp"]]$genero))
#especies únicas
#sp_u=df[[3]] %>%

# if("total" %in% names(sp_cont)) rename(sp_cont, cantidad=total)
# mutate_if(sp_cont,("total" %in% names(sp_cont)), total="cantidad")
# factores=c("familia","genero","n_sp")
# sp_cont %>%
#   group_by_at(factores) %>%
#   summarise(total=sum(n_sp,na.rm = T))
#   summarise_if(df_fam,~metodo=="suma",funs(total=sum(cantidad)))
i.data=3
factores_cont=c("familia","genero", "especie")
sp_cont=agrupar(df[[i.data]],factores_cont)
#sp_cont=df[[i.data]] %>%
#   group_by(familia, genero, especie) %>%
#   #tally()
#   summarise(total=sum(cantidad))
#sp_cont$n_sp = suppressWarnings(as.integer( with(sp_cont, ave(especie, familia,
#   genero,
#   #
#   FUN = function(x) n_distinct(x, na.rm = F))))
#   )
#FUN = function(x) length(unique(x)))
sp_cont$n_sp = as.integer( with(sp_cont, ave(especie, familia, genero,
#   FUN = function(x) n_distinct(x
#   , na.rm = F))))
#FUN = function(x) length(unique(x)))
factores_cont=c("familia","genero","n_sp")
```

```
sp_c=agrupar(sp_cont,factores_cont,valores = "total")
fam_sp=aggregate(n_sp~familia,data=sp_c,sum)
# sp_c=sp_cont %>%
#   group_by(familia, genero, n_sp) %>%
#   summarise(total=sum(n_sp))
sp_un=sum(sp_c$n_sp, na.rm = T)

#contar sexo
factores_cont=c("sexo")
#aggregate(cantidad~sexo, data=df[[i.data]],sum)
sex_cont=agrupar(df[[i.data]],factores_cont)
#(as.factor(df[[i.data]]$sexo))
sex_cont$percent=sex_cont$total/sum(sex_cont$total)

#contar sexo-mes
i.data=5
factores_cont=c("sexo","fecha")
sm_cont=agrupar(df[[i.data]],factores_cont)
s_cont=agrupar(df[[i.data]],"fecha")
sm_cont=inner_join(sm_cont,s_cont, by="fecha")
sm_cont$pc=sm_cont$total.x/sm_cont$total.y

#contar fam-sexo
i.data=6
factores_cont=c("familia","sexo")
fs_cont=agrupar(df[[i.data]],factores_cont)
#aggregate(total ~ familia, data=fs_cont,sum)
fam_cont11=agrupar(df[[i.data]],"familia")
fam_cont11$pc=fam_cont11$total/sum(fam_cont11$total)
fs_cont=inner_join(fs_cont,fam_cont11, by="familia")
fs_cont$pc_fam=fs_cont$total.x/fs_cont$total.y
fs_cont$percent=fs_cont$total.x/sum(fs_cont$total.x)
```

E. CÓDIGO FUENTE

```
#contar fam-sex-mes
i.data=4
#convertir fecha
tmp=df[[i.data]] %>%
  mutate(fecha=format(as.Date(Fecha, "%Y-%m-%d"), "%Y-%m")) %>%
  select(-Fecha)
factores_cont=c("familia","sexo","fecha")
fsm_cont=agrupar(tmp, factores_cont)
mes_cont11=agrupar(tmp,factores_cont[c(1,3)])
fsm_cont=inner_join(fsm_cont,mes_cont11, by=c("familia","fecha"))
fsm_cont$pc_fam=fsm_cont$total.x/fsm_cont$total.y

#agrupar familias por sitio
ntp_veg1=c("NTP-80_#1", "NTP-80_#2", "NTP-80_#3")
ntp_veg2=c("NTP-80_#4", "NTP-80_#5", "NTP-80_#6")

gpo.sitio=list(ntp_veg1,ntp_veg2,
              "TRANSECTO_1-PITFALL", "TRANSECTO_2-PITFALL",
              "TRANSECTO_3-PITFALL", "TRANSECTO_4-PITFALL")
#fam.pie=rep(list(data.frame()),length(gpo.sitio))
names(df[[3]])[7]="sitio"

fam.sitio=list()
i.sitio=1
i.data=3
for (i.sitio in 1:length(gpo.sitio)) {
  # i.pie=1
  #fam.pie[[i.pie]]=df %>%
  #filter(Método %in% gpo.sitio[[i.pie]]) %>%
  fam.sitio[[i.sitio]] = df[[i.data]] %>%
    filter(sitio %in% gpo.sitio[[i.sitio]]) %>%
    group_by(familia) %>%
    summarise(total=sum(cantidad))
}
```

```

  fam.sitio[[i.sitio]]$percent=fam.sitio[[i.sitio]]$total/sum(fam.sitio[[i.sitio]]$
    total)
}
sitios.pie=c("NTP-Bosque","NTP-Cipreses",
            "PITFALL_1","PITFALL_2", "PITFALL_3", "PITFALL_4")
names(fam.sitio)=sitios.pie

contar_familia <- function(gpo_u) {
  #resetear lista
  i.sitio=1
  fam_u=list()
  #l.un2=list()
  #recorre cada sitio
  #for (i.sitio in 1:6) {
  for (i.sitio in 1:length(gpo_u)) {
    #i.un=1:6
    #i.un=setdiff(i.un,i.sitio)
    #Todos los sitios del grupo menos el actual
    i.un=gpo_u[-i.sitio]
    l.un=list()
    for (j in 1:length(i.un)) { #agrega a lista uno por uno
      l.un[j]=fam.sitio[[eval(i.un[j])]][1]
    }
    #todas las familias que aparecen en la lista
    un=Reduce(union,l.un)
    #diferencia entre el sitio actual y la lista del resto del grupo
    #fam_u[[i.sitio]]=setdiff(fam.sitio[[i.sitio]]$familia,un)
    fam_u[[i.sitio]]=setdiff(fam.sitio[[gpo_u[i.sitio]]]$familia,un)
  }
  #agrega el sitio faltante
  l.un[[length(gpo_u)]=fam.sitio[[gpo_u[length(gpo_u)]]]$familia
  fam_u[[length(gpo_u)+1]]=Reduce(intersect,l.un) #agrega las familias comunes a todo
    el grupo

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
names(fam_u)=c(gpo_u,"familias_comunes")
return(fam_u)
}

fam_ntp=contar_familia(c("NTP-Bosque","NTP-Cipreses"))
fam_pit=contar_familia(c("PITFALL_1","PITFALL_2", "PITFALL_3", "PITFALL_4"))
fam_tot=contar_familia(sitios.pie)
fntp=Reduce(union,fam_ntp)
fpit=Reduce(union,list(fam.sitio[[3]][[1]],fam.sitio[[4]][[1]],
                      fam.sitio[[5]][[1]],fam.sitio[[6]][[1]]))
#fpit=Reduce(union,fam_pit) #No considera familias que están sólo en dos o tres sitios
dif_ntpit=setdiff(fntp,fpit)
dif_pitnt=setdiff(fpit,fntp)
dif_npcom=setdiff(fam_ntp[["familias_comunes"]],fam_pit[["familias_comunes"]])
dif_pncom=setdiff(fam_pit[["familias_comunes"]],fam_ntp[["familias_comunes"]])

famsit_spread=df[[3]] %>%
  group_by(sitio,familia) %>%
  summarise(total=sum(cantidad)) %>%
  spread(key=sitio, value=total) %>%
  #select(-c(2:4,15)) %>% #borrar intercepción de vuelos y x
  select(c(1:11)) %>%
  replaceNAcomm()

famsit_spreadPC=round((famsit_spread[2:length(famsit_spread)]/fam_cont$total)*100,
  digits=1)
famsit_spreadPC=cbind(fam_cont$familia,famsit_spreadPC)
names(famsit_spreadPC)[1]="familia"

famsit2=df[[3]] %>%
  group_by(sitio,familia,genero) %>%
  summarise(total=sum(cantidad)) %>%
  spread(key = sitio, value=total) %>%
```

```

#select(-c(3:5,16)) %>%
select(c(1:12)) %>%
replaceNAcomm()

# Graficar conteo -----

#graficar familias
graficar_fam <- function(df_fam,i.f1,i.f2,valores="cantidad",faceta="default", p=FALSE
) {
# i.f1="sexo"
# i.f2="sexo"
# valores="cantidad"
#eje=df_fam[[names(df_fam[3])]]
#factor1.graf=df_fam[[var.graf[i.f1]]]
factor1.graf=df_fam[[i.f1]]
#graf=df_fam[["sexo"]]
#factor2.graf=df_fam[[var.graf[i.f2]]]
factor2.graf=df_fam[[i.f2]]
#titulo.graf=paste(var.graf[i.f1], var.graf[i.f2], sep=" - ")
titulo.graf=paste(i.f1, i.f2, sep="_-")
#cant=df_fam[["cantidad"]]
cant=df_fam[[valores]]
frecuencia=cant
lab_y=waiver()
if (p) {frecuencia=cant/sum(cant);lab_y=percent}
#facet.graf=df_fam[[var.graf[i.fc]]]

fam.graf=ggplot(data = df_fam, aes(x=factor1.graf, y=frecuencia)) +
  geom_bar(stat="identity",aes(fill=factor2.graf)) +
  #geom_bar(alpha=0.1,aes(color=familia))
  scale_x_discrete(label=abbreviate) +
  #labs(title=titulo.graf, x=var.graf[i.f1], fill=var.graf[i.f2]) +
  labs(#title=titulo.graf,

```


E. CÓDIGO FUENTE

```
x=i.f1, fill=i.f2) +
theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust=0.5, vjust = 0.5))+
scale_y_continuous(labels = lab_y)

fam.graf<- switch(faceta,
                 fecha = fam.graf + facet_wrap(~year(Fecha)+month(Fecha)),
                 metodo = fam.graf + facet_wrap(~sitio),
                 default = fam.graf,
                 fam.graf+facet_wrap(~get(faceta)))
#faceta="familia"
#fam.graf+facet_wrap(~get(faceta))

return(fam.graf)
}

#seleccionar tabla
#df_fam=consd10
i.data=3
#df_fam=df[[i.data]]
#familia
fam_ab=graficar_fam(df[[i.data]],"familia","familia")
#Salida
fam_ab=fam_ab + labs(#title="Abundancia",
                    y="No. de individuos", x="Familias")+
#coord_flip()+
theme(legend.position = "bottom",
      legend.title = element_blank()+
#theme(axis.title.x = element_blank()+
theme(legend.text=element_text(size = 8))+
if (i.data==6) {
orden=c(fam_tcont$familia[-grep("Otra",fam_tcont$familia)],"Otra")
fam_ab<-fam_ab +
scale_x_discrete(limits=orden, label=abbreviate)+
```

```

    scale_fill_discrete(breaks=orden)
  }
fs_ab=graficar_fam(df[[6]],"familia","sexo")
fs_ab+labs(title="Abundancia_familias-sexo")

#sexo
i.data=3
ley_s=c("Hembra", "Hembra_juv.", "Inmaduro", "Macho", "Macho_juv.", "Indet.")
sex_ab=graficar_fam(df[[i.data]],"sexo","sexo",p=T)
sex_ab<-sex_ab +
  #labs(title="Frecuencia sexos") +
  theme(legend.position = "bottom",
        axis.title.x = element_blank()+
        scale_fill_discrete(name="Sexo",
                            labels=ley_s)

#sexo x familia
fam10=subset(fs_cont, fs_cont$familia %in% df[[4]]$familia)
fsp_ab=graficar_fam(fam10,"sexo", "sexo",valores="pc_fam",faceta="familia")
i.data=6
fsp_ab=graficar_fam(fs_cont,"sexo", "sexo",valores="pc_fam",faceta="familia")
fsp_ab<-fsp_ab+scale_y_continuous(labels = percent)+
  #labs(title="Porcentaje sexo-familias")+
  theme(legend.position = "none")

#sexo por fecha
sex_fecha.graf=ggplot(sm_cont, aes(fecha,pc,group=sexo))+
  geom_line(aes(colour=sexo), size=1.5)+
  geom_point()+ #aes(shape=sexo), size=2) #linea

#geom_bar(stat="identity",aes(fill=sexo)) #barra homogena

#geom_bar(stat="identity",aes(fill=sexo))+ #barra + cuadrícula

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
facet_wrap(~sexo)+

#sexo x fecha/método
#df_fam=df[[6]]
#sex_fecha.graf=ggplot(data = df_fam, aes(x=sexo, y=cantidad)) +
# geom_bar(stat="identity", aes(fill=sexo)) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust=0.5, vjust = 0.5))#+
#facet_wrap(~year(Fecha)+month(Fecha), scales = "free_y")

sex_fecha.graf<-sex_fecha.graf +
  #labs(title="Sexo por fecha")+
  theme(legend.position = "bottom")+#cambiar scale_fill o scale_colour
  scale_colour_discrete(name="Sexo",
                        labels=ley_s)

fam_sex.graf=ggplot(fsm_cont, aes(fecha,total.x))+
  #geom_line(aes(group=sexo, colour=sexo), size=1.5)+

#df_fam=df[[6]]
##fam.graf=ggplot(data = df_fam, aes(x=familia, y=cantidad)) +
#fam_sex.graf=ggplot(data = df_fam, aes(x=familia, y=cantidad)) +
  geom_bar(stat="identity", aes(fill=sexo)) +
  # #geom_bar(alpha=0.1, aes(color=familia))
  # scale_x_discrete(label=abbreviate) +
  # #labs(title=titulo.graf, x=var.graf[i.f1], fill=var.graf[i.f2]) +
  # #labs(title=titulo.graf, x=i.f1, fill=i.f2) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust=0.5, vjust = 0.5))+
  #labs(title="Familia-sexo")+
  theme(legend.position = "none")+
  # scale_fill_discrete(name="Sexo",
  #                       labels=ley_s)+
```

```

##facet_wrap(~sexo)
#facet_wrap(~year(Fecha)+month(Fecha), scales = "free_y")

facet_wrap(~familia, scales = "free_y")

#num especies
tmp=subset(sp_c, sp_c$familia %in% df[[4]]$familia)
n_sp.graf=graficar_fam(tmp,"familia","genero","n_sp")
#n_sp.graf=graficar_fam(sp_c,"familia","genero","n_sp")
n_sp.graf=n_sp.graf+labs(#title="Morfoespecies por familia",
                        y="Número_de_morfoespecies",
                        x="Familia")+
  theme(#legend.position = "bottom",
        #legend.justification = "top",
        legend.box.background = element_rect(),
        #legend.box.margin = margin(6,26,26,6),
        legend.key=element_blank(), legend.key.size=unit(6,"point"),
        legend.text = element_text(size=8))+
  #scale_fill_discrete(name="Género")+
  guides(fill=guide_legend(title = "Género",
                            ncol=3))

dp=agrupar(sp_c, "familia", valores = "n_sp")

i.data=6
tmp=df[[i.data]]
tmp=mutate_if(df[[i.data]],is.character,f)
tmp_ntp=subset(tmp,
               tmp$Metodo %in% c(ntp_veg1,ntp_veg2))
tmp_pit=subset(tmp,
               tmp$Metodo %in% c(ntp_veg1,ntp_veg2,
                                "TRANSECTO_1-PITFALL", "TRANSECTO_2-PITFALL",
                                "TRANSECTO_3-PITFALL", "TRANSECTO_4-PITFALL"))

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
i.data=4
fms_fecha.graf=graficar_fam(df[[i.data]],"familia","sexo",faceta="fecha")
fms_fecha.graf + theme(legend.position = "none")
fms_metodo.graf=graficar_fam(tmp_pit,"familia","sexo",faceta = "Metodo")
#fms_metodo.graf=graficar_fam(tmp_pit,"Metodo","sexo",faceta = "familia", p=T)

aagl=subset(df[[i.data]],
            df[[i.data]]$familia %in% c("Agelenidae","Anyphaenidae", "Gnaphosidae","
            Lycosidae") &
            df[[i.data]]$sexo %in% c("H","M"))

figs_fam.graf=graficar_fam(aagl,"genero","especie",faceta = "familia")
figs_fam.graf + geom_bar(stat="identity",aes(fill=especie))
# especie-sexo por ""
figs_fam.graf=graficar_fam(aagl,"genero","especie")
figs_fam.graf + facet_wrap(~familia+sexo)

i.data=3
# met/fecha-sexo por fecha/met
#ms.graf=graficar_fam(df[[i.data]],"Metodo","sexo")
ms.graf=graficar_fam(tmp_pit,"Metodo","sexo")
ms.graf<-ms.graf + scale_fill_discrete(name="Sexo",
                                       labels=ley_s)+
  labs(#title="Abundancia de sexos por sitio",
       x="Sitios")

msdf=agrupar(tmp_pit,c("Metodo","sexo"))
msdf$pc_t=msdf$total/sum(msdf$total)
msdf=msdf %>%
  group_by(Metodo) %>%
  mutate(pc_m=total/sum(total))
#graficar_fam(filter(msdf,sexo!="X"),"Metodo","sexo","pc_m")
```

```

#pay familias

sitios.pie=c("NTP-Bosque","NTP-Cipreses",
            "PITFALL_1","PITFALL_2", "PITFALL_3", "PITFALL_4")

dp=fam_cont11
fam_pay=plot_ly(dp, labels= ~familia, values=~total,
               type = 'pie', showlegend=F,
               textposition= 'inside', textinfo='label+percent') %>%
  layout(#title = "Porcentaje de familias",
        autosize=T, #height=750, width=400,
        font=(list(color="white")),
        xaxis=list(showgrid=F,zeroline=F, showticklabels=F),
        yaxis=list(showgrid=F,zeroline=F,showticklabels=F))

#dp=fam.pie[[i.pie]]
i.sitio=6
dp=fam.sitio[[i.sitio]]
dp$familia[dp$total<3]="Otra"
#dp$familia[!dp$familia%in%fam_cont10$familia]="Otra"
dp=agrupar(dp, "familia", valores = "total")
plot_ly(dp, labels= ~familia, values=~total,
       type = 'pie', showlegend=F,
       textposition= 'inside', textinfo='label+percent',
       insidetextfont=list(color='white')) %>%
  layout(title = sitios.pie[i.sitio],
        titlefont = list(size=18),
        xaxis=list(showgrid=F,zeroline=F, showticklabels=F),
        yaxis=list(showgrid=F,zeroline=F,showticklabels=F))

i.data=3
fam_mod=c("Agelenidae","Lycosidae","Linyphiidae", "Gnaphosidae","Anyphaenidae",
          Salticidae")

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
i.fam=6
dp=df[[i.data]][df[[i.data]]$familia==fam_mod[i.fam],]
dp=agrupar(dp,"sitio")
dp$sitio[dp$total<3]="Otra"
#plot_ly(dp, labels= ~Método, values=~total,
plot_ly(dp, labels= ~sitio, values=~total,
        type = 'pie', showlegend=F,
        textposition= 'inside', textinfo='label+percent',
        insidetextfont=list(color='white')) %>%
layout(title = fam_mod[i.fam],
        titlefont = list(size=18),
        xaxis=list(showgrid=F,zeroline=F, showticklabels=F),
        yaxis=list(showgrid=F,zeroline=F,showticklabels=F))

# Ambiental -----

#cargar datos ambientales

#tablas separadas
#Danxho
d.tprom=cargar("danxho_tprom.csv",salto = 7)
d.precip=cargar("danxho_precip.csv",salto = 7)
dias=c(30,27,31,30,30,29,31,31,29,31,30,31,31,28,31,30,31,30,31,31,30,31,30,31)
d.precip$prom=d.precip$Valor/dias
#la cañada
c.tprom=cargar("canada_tprom_mensual.csv", salto = 7)
c.precip=cargar("canada_precip_mensual.csv", salto = 7)
c.precip$prom=c.precip$Valor/dias[1:21]
#promedio danxho-cañada
dc.tprom=inner_join(d.tprom,c.tprom,by="Fecha")
dc.tprom$tprom=rowMeans(dc.tprom[,-1])
dc.pprom=inner_join(d.precip,c.precip,by="Fecha")
# dc.pprom$sprom=rowMeans(p.prom[c("Valor.x", "Valor.y")])
```

```

# dc.pprom$pprom=rowMeans(p.prom[c("prom.x", "prom.y")])
dc.pprom$sprom=rowMeans(dc.pprom[c("Valor.x", "Valor.y")])
dc.pprom$pprom=rowMeans(dc.pprom[c("prom.x", "prom.y")])
#p.prom$pprom2=p.prom$sprom/dias[1:21]

# #agregar meses faltantes
# dc.tprom=merge.data.frame(d.tprom,c.tprom,by="Fecha", all=T)
#rbind(dc.tpd.tprom,setNames(d.tprom,names(dc.tprom[,1:2])))
names(d.tprom)=names(dc.tprom[1:2])
dc.tprom=bind_rows(dc.tprom, d.tprom[24,])
dc.tprom$tprom[22]=dc.tprom$Valor.x[22]
# mapply(c, dc.tprom, d.tprom[24,])
#dc.tprom=data.frame(Map(c, dc.tprom, d.tprom[24,]))
names(d.precip)=names(dc.pprom[1:3])
dc.pprom=bind_rows(dc.pprom, d.precip[24,])
dc.pprom$sprom[22]=dc.pprom$Valor.x[22]
dc.pprom$pprom[22]=dc.pprom$prom.x[22]

dc.tprom$Fecha=mdy(dc.tprom$Fecha)
dc.pprom$Fecha=mdy(dc.pprom$Fecha)
names(dc.tprom)=c("Fecha", "d.temp", "c.temp", "t.prom")
names(dc.pprom)=c("Fecha", "d.sprecip", "d.pprecip", "c.sprecip", "c.pprecip", "p.sprom", "p
.pprom")

dc=inner_join(dc.tprom,dc.pprom,by="Fecha")
dc=dc %>%
  mutate(fecha_m=format(as.Date(Fecha, "%Y-%m-%d"), "%Y-%m")) %>%
  select(-Fecha)

# Correlación ambiente -----

#graficar precip rq
df_env=dc[-c(1:7),]

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
ggplot(df_env, aes(x=t.prom))+
  #geom_point(aes(y=t.prom))+
  geom_point(aes(y=p.pprom))
qplot(c.temp, c.sprecip,
      data = df_env,
      geom = c("point", "smooth"))

fms<-df[[3]] %>%
  #mutate(fecha=format(as.Date(Fecha, "%Y-%m-%d"), "%Y-%m")) %>%
  #group_by(fecha,Método,familia, sexo) %>%
  mutate(fecha_m=format(as.Date(Fecha, "%Y-%m-%d"), "%Y-%m")) %>%
  #group_by(fecha_m,Metodo,familia, sexo) %>%
  group_by(fecha_m,sitio,familia, sexo) %>%
  summarise(total=sum(cantidad))

#fms.dc=inner_join(fms,dc, by="fecha")
fms.dc=inner_join(fms,dc, by="fecha_m")
#fms.dc=select(fms.dc,-c(Fecha))

fms_spread=fms.dc %>%
  spread(key = familia, value = total)
fms_spread=replaceNAcomm(fms_spread)

# BiodiversityR -----

#BiodiversityR
i.data=5
df_mod=df[[i.data]]
env=dc
f_ext="familia"
vals="total"
t_var="fecha_m"
factores_br=c("fecha_m","Metodo","familia","sexo")
```

```

names(df_mod) [7]="fecha_m"

crear_tcom <- function(df_sp,df_amb,facts,f_ext="familia",t_var="fecha_m",vals="total"
) {
#crear_tcom <- function(df_sp,df_amb,facts,f_ext="familia",t_var="Fecha",vals="total")
{

#modx.a=agrupar(df[[i.data]],factores_br,f_fecha=T)
modx.a=agrupar(df_sp,facts,f_fecha=T)

#sin contar sexo
# modx.a2=modx.a %>%
#   group_by(fecha,
#             Método,
#             familia) %>%
#   summarise(total=sum(total))
# modx.a2=agrupar(modx.a,factores_br[1:3],valores = "total")
#modx.a2=agrupar(df[[i.data]],factores_br[1:3],f_fecha = T)

#modx.a=modx.a2

#modx.dc=inner_join(modx.a,dc, by="fecha_m")
modx.dc=inner_join(modx.a,df_amb, by=t_var)
#modx.dc=inner_join(modx.a,dc, by="fecha")
#modx.dc=select(modx.dc, -c(Fecha))

#nombre de última columna
#u_col=names(modx.dc[length(modx.dc)])
modx_spread=modx.dc %>%
  #spread(key=familia,value = total)
  spread(key=f_ext,value = vals,fill = 0)# %>%
#replaceNAcomm()
#modx_spread=replaceNAcomm(modx_spread)

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
#dc_col=grep(u_col, names(modx_spread))
#modx.m2=data.frame(modx_spread[,-c(1:dc_col)])

#número de columnas en modx.dc - "familia" y "total"
dc_col=length(modx.dc)-2

#fdc=names(dc)
#modx.m=data.frame(modx_spread[,-c(1:11)])
modx.m=data.frame(modx_spread[,-c(1:dc_col)])
#modx.env=data.frame(modx_spread[,-c(12:48)])
#modx.env=data.frame(modx_spread[,-c(12:length(modx_spread))])
modx.env=data.frame(modx_spread[,c(1:dc_col)])

modx.env <- agregar_veg(modx.env)
modx=list()
modx[[1]]=modx.a
modx[[2]]=modx.dc
modx[[3]]=modx_spread
modx[[4]]=modx.m
modx[[5]]=modx.env
names(modx)<-c("sp", "amb", "ext", "m.sp", "m.amb")
return(modx)
}

agregar_veg <- function(modx.env){
  modx.env$met="X"
  modx.env$met[grep("NTP", modx.env$Metodo)]= "NTP"
  modx.env$met[grep("PITFALL", modx.env$Metodo)]= "PITFALL"
  # modx.env$met=as.factor(modx.env$met)
  # modx.env[1:2]=lapply(modx.env[1:2], factor)
  #ntp veg
  modx.env$veg="X"
  #ntp_veg1=c("NTP-80 #1", "NTP-80 #2", "NTP-80 #3")
```

```

modx.env$veg[modx.env$Metodo %in% ntp_veg1]="Bosque_pino-encino"
#ntp_veg2=c("NTP-80 #4", "NTP-80 #5", "NTP-80 #6")
modx.env$veg[modx.env$Metodo %in% ntp_veg2]="Cultivo_cipreses"

modx.env$veg[modx.env$Metodo == "TRANSECTO_1-PITFALL"]="PITFALL1"
modx.env$veg[modx.env$Metodo == "TRANSECTO_2-PITFALL"]="PITFALL2"
modx.env$veg[modx.env$Metodo == "TRANSECTO_3-PITFALL"]="PITFALL3"
modx.env$veg[modx.env$Metodo == "TRANSECTO_4-PITFALL"]="PITFALL4"
#modx.env$veg=as.factor(modx.env$veg)
modx.env=mutate_if(modx.env,is.character,as.factor)
return(modx.env)
}

modx=list()
modx=crear_tcom(df_mod,env,factores_br)
tmp1=crear_tcom(df_mod,env,factores_br)
#tmp2=crear_tcom(df_mod,env,
#              facts=c("fecha_m","Metodo","familia","genero","sexo"),f_ext="genero")
tmp3=crear_tcom(df_mod,env,
               facts=c("fecha_m","Metodo","genero","sexo"),f_ext="genero")
modx=tmp3

#NTP y Pitfall
modx_ntp.m=modx$m.sp[modx$m.amb$met=="NTP",]
modx_ntp.env=modx$m.amb[modx$m.amb$met=="NTP",]

modx_pit.m=subset(modx$m.sp, modx$m.amb$met=="PITFALL")
modx_pit.env=subset(modx$m.amb, modx$m.amb$met=="PITFALL")

#riqueza
#modx.m=modx.m.orig
i.data=3
fam=unique(df[[i.data]]$familia)

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
gen=unique(df[[i.data]]$genero)
sp=unique(df[[i.data]]$especie)
r=data.frame(cbind(length(fam),length(gen),length(sp)))
names(r)=c("n_fam","n_gen","n_sp")

mc=modx_ntp.m
menv=modx_ntp.env

riqueza_ntp <- diversityresult(mc, index='richness' ,
                              method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
riqueza_ntp.veg <- diversitycomp(mc, y=menv, factor1='veg',
                                 index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
                                 =6)
riqueza_ntp.fveg <- diversitycomp(mc, y=menv, factor1='veg', factor2='fecha_m',
                                 index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
                                 =6)

abundancia_ntp <- diversityresult(mc, index='abundance' ,
                                 method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
abundancia_ntpf <- diversitycomp(mc, y=menv, factor1='veg',
                                 index='abundance' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
                                 =6)

ind=c("richness","abundance")
mtd=c("pooled","mean")
com.m=modx$m.sp
com.env=modx$m.amb
factres=c("fecha_m","Metodo")
calc.r_a <- function(com.m,com.env,factres,ind=c("richness","abundance"),mtd=c("pooled
    ", "mean"))
{
  fr1=factres
  #setdiff(factres,fr1)
```

```

ltr=substr(factres,1,1) %>%
  paste0(collapse = "")
div1.l=list()
i.l=1
# for (i in 1:length(ind)) {
#   for (j in 1:length(mtd)) {
#     div1.l[i.l] <- diversityresult(com.m, index=ind[i],
#                                   method=mtd[j], sortit=FALSE, digits=6)
#     names(div1.l)[i.l]=paste(ind[i],mtd[j],sep="_")
#     i.l=i.l+1
#   }
# }
for (i in 1:length(fr1)) {
  for (j in 1:length(ind)) {
    if (i==1) {
      for (k in 1:length(mtd)) {
        div1.l[i.l] <- diversityresult(com.m, index=ind[j],
                                      method=mtd[k], sortit=FALSE, digits=6)
        names(div1.l)[i.l]=paste(ind[j],mtd[k],sep="_")
        i.l=i.l+1
      }
      for (k in 1:length(mtd)) {
        div1.l[[i.l]] <- data.frame(diversitycomp(com.m, y=com.env, factor1=fr1[i],
                                                  index=ind[j] , method=mtd[k], sortit=
                                                  FALSE, digits=6))
        names(div1.l)[i.l]=paste(ind[j],fr1[i],mtd[k],sep = "_")
        i.l=i.l+1
      }
      for (k in 1:length(mtd)) {
        div1.l[[i.l]] <- diversitycomp(com.m, y=com.env, factor1=fr1[i], factor2=
          setdiff(fr1,fr1[i]),
          index=ind[j] , method=mtd[k], sortit=FALSE,
          digits=6)

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
names(div1.l)[i.l]=paste(ind[j],ltr,mtd[k],sep="_")
i.l=i.l+1
}
}
else {
  for (k in 1:length(mtd)) {
    div1.l[[i.l]] <- data.frame(diversitycomp(com.m, y=com.env, factor1=fr1[i],
                                             index=ind[j] , method=mtd[k], sortit=
                                             FALSE, digits=6))
    names(div1.l)[i.l]=paste(ind[j],fr1[i],mtd[k],sep = "_")
    i.l=i.l+1
  }
}
}
}
return(div1.l)
}

modx.m=com.m
modx.env=com.env
riqueza <- diversityresult(modx.m, index='richness' ,
                           method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
abundancia <- diversityresult(modx.m, index='abundance' ,
                              method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
# riqueza.fecha <- diversityresult(mes_spread.m, index='richness' ,
#                                 method='each site', sortit=FALSE, digits=6)
# abundancia.fecha <- diversityresult(mes_spread.m, index='abundance' ,
#                                    method='each site', sortit=FALSE, digits=6)

riqueza.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m',
                              index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
                              =6)
riqueza_prom.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m',
```

```
        index='richness' , method='mean', sortit=FALSE, digits
        =6)
riqueza.met <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='Metodo',
        index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
#riqueza sitio y riqueza met
riqueza.MET <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='met',
        index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
riqueza.veg <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='veg',
        index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)

riqueza_prom.met <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='Metodo',
        index='richness' , method='mean', sortit=FALSE, digits
        =6)
riqueza.fm <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m', factor2='Metodo',
        index='richness' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)

abundancia.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m',
        index='abundance' , method='pooled', sortit=FALSE,
        digits=6)
abundancia_prom.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m',
        index='abundance' , method='mean', sortit=FALSE,
        digits=6)
abundancia.met <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='Metodo',
        index='abundance' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
        =6)
abundancia_prom.met <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='Metodo',
        index='abundance' , method='mean', sortit=FALSE,
        digits=6)
abundancia.fm <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m', factor2='Metodo'
        ,
        index='abundance' , method='pooled', sortit=FALSE, digits
        =6)
abundancia_prom.fm <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m', factor2='
```


E. CÓDIGO FUENTE

```
Metodo',
                                index='abundance' , method='mean', sortit=FALSE,
                                digits=6)

convertir_tabla <- function(x, fila, clave, valor) {

  t_tmp=data.frame(x) %>%
    replaceNAcomm() %>%
    rownames_to_column(var=fila) %>%
    gather(key=clave, value = valor, -fila)
  names(t_tmp)=c(fila,clave,valor)
  return(t_tmp)
}

graficar_riq<- function(x,cve, val,faceta="default") {

  r.graf=ggplot(x, aes(x=get(cve), y=get(val)))+
    geom_point(aes(color=get(val)))+
    #geom_bar(stat="identity", aes(fill=fecha)) +
    #facet_wrap(~ get(faceta), scales = "free_x") +
    labs(x=cve,y=val, color=val)+
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 60, hjust=1, vjust = 1))
  if (faceta == "default") r.graf
  else r.graf + facet_wrap(~ get(faceta), scales = "free_x")
}

riqueza.graf=list()
riqueza.graf[[1]]=data.frame(riqueza.fecha)
#rf.graf=data.frame(riqueza.fecha)
#ggplot(rf.graf, aes(x=row.names(riqueza.fecha), y=richness))+
riqueza_mes.graf=ggplot(riqueza.graf[[1]], aes(x=row.names(riqueza.fecha), y=richness)
  )+
  geom_point(aes(color=richness))+
  #geom_bar(stat="identity", aes(fill=row.names(riqueza.fecha)))
```

```

labs(#title="Riqueza total por mes",
      x="Fecha",y="Número_de_géneros")+
theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust=0.5, vjust = 0.5),
      legend.position = "none")

#riqueza NTP-fecha
#fecha o fecha_m se puede escoger el nombre (rownames_to_column
riqueza.graf[[2]]=convertir_tabla(riqueza_ntp.fveg[, ,2],fila = "sitio",clave = "fecha_
      m",valor = "Riqueza")
r_ntp.graf=graficar_riq(riqueza.graf[[2]],"fecha_m","Riqueza","sitio")
# riqueza.graf[[2]]=data.frame(riqueza_ntp.fveg[, ,2])
# riqueza.graf[[2]]=replaceNAcomm(riqueza.graf[[2]])
# riqueza.graf[[2]]=rownames_to_column(riqueza.graf[[2]], var="sitio")
# riqueza.graf[[2]]=gather(riqueza.graf[[2]], key="fecha", value = "riqueza", -sitio)

#riqueza pitfall-fecha
riqueza.graf[[3]]=convertir_tabla(riqueza_fm[, ,2],"fecha_m","sitio","Riqueza")
# riqueza.graf[[3]]=data.frame(riqueza_fm[, ,2])
# riqueza.graf[[3]]=replaceNAcomm(riqueza.graf[[3]])
# riqueza.graf[[3]]=rownames_to_column(riqueza.graf[[3]], var="fecha")
# riqueza.graf[[3]]=gather(riqueza.graf[[3]], key="sitio", value = "riqueza", -fecha)
riqueza.graf[[3]]=riqueza.graf[[3]][grep("PITFALL",riqueza.graf[[3]]$sitio),]
r_pit.graf=graficar_riq(riqueza.graf[[3]],"fecha_m","Riqueza","sitio")

riqueza.graf[[4]]=data.frame(riqueza.met) %>%
  rownames_to_column(var = "sitio") %>%
  subset(sitio %in% c(ntp_veg1,ntp_veg2,
                    "TRANSECTO_1-PITFALL", "TRANSECTO_2-PITFALL",
                    "TRANSECTO_3-PITFALL", "TRANSECTO_4-PITFALL"))
r_met.graf=graficar_riq(riqueza.graf[[4]],"sitio","richness")
r_met.graf=r_met.graf+scale_x_discrete(label=abbreviate) +
  labs(#title="Riqueza total por sitio",
      x="Sitio", y="Número_de_géneros") +

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust=0.5, vjust = 0.5),
      legend.position = "none")
names(riqueza.graf)=c("Riqueza_fecha", "RNTP_fveg", "RPIT_fecha", "Riqueza_metodo")

# 'ambiental (supra)
# tmp=cbind(riqueza.fecha, abundancia_prom.fecha[,2]) #riqueza
tmp=cbind(riqueza.fecha, abundancia_prom.fecha) #riqueza
tmp=tmp[,c(1,2,4)]
# tmp=abundancia_prom.fecha #abundancia
df_env=data.frame(tmp) %>%
  rownames_to_column(var="fecha_m")
df_env=inner_join(df_env, dc, by="fecha_m")

vals=c("abundance", "richness")
tmp=df_env[[vals[1]]]
# cor(df_env$richness, df_env$t.prom*df_env$p.sprom, method = "kendall")
cor(tmp, df_env$t.prom*df_env$p.sprom, method = "pearson")
cor.test(df_env$t.prom, df_env$p.pprom)
# cor.test(df_env$richness, df_env$t.prom*df_env$p.pprom)
cor.test(tmp, df_env$t.prom*df_env$p.pprom)
# plot(df_env$richness, df_env$t.prom)
# abline(lm(df_env$richness~df_env$t.prom))
ggcorr(df_env)
cor.plot=ggpairs(df_env, columns = c("t.prom", "p.pprom", vals),
  upper = list(continuous=wrap("cor", size=10)),
  lower = list(continuous="smooth"),
  # title = "Correlación ambiente-abundancia-riqueza",
  columnLabels = c("T.prom.(C)", "P.prom.(cm)", "Abund.┐prom.", "Riqueza┐(n)"))

# correlación por sitio
df_fm.graf=data.frame(riqueza_fm[, ,2]) %>%
  rownames_to_column(var="fecha_m")
df_fm.graf=replaceNAcomm(df_fm.graf)
```

```

cor.test(df_fm.graf$TRANSECTO.1.PITFALL,df_fm.graf$TRANSECTO.2.PITFALL)
ggpairs(df_fm.graf,columns = c("TRANSECTO.1.PITFALL", "TRANSECTO.2.PITFALL",
                              "TRANSECTO.3.PITFALL", "TRANSECTO.4.PITFALL"),
        upper = list(continuous=wrap("cor", size=10)),
        lower = list(continuous="smooth"))

df_fm.graf=convertir_tabla(riqueza_fm[,2], "fecha_m", "metodo", "richness")
df_fm.graf=inner_join(df_fm.graf,dc,by="fecha_m")
df_fm.graf=df_fm.graf[grepl("PITFALL",df_fm.graf$metodo),]
#ggcorr(df_fm.graf)
#cor.test(df_fm.graf$riqueza,df_fm.graf$t.prom)

#curvas acumulación
#fecha
i.data=5
modx.m.orig=modx.m
modx.env.orig=modx.env
#factores_br=c("fecha_m", "Método", "familia", "sexo")
factores_br=c("fecha_m", "Metodo", "genero", "sexo")
#modx=crear_tcom(df[[i.data]],dc,factores_br[c(1:4)])
modx=crear_tcom(df_mod,dc,factores_br[c(1:4)],"genero")

#modx.m=modx$m.sp
modx_gen.m=modx$m.sp
#modx.env=modx$m.amb
modx_gen.env=modx$m.amb
lab.y="Número de géneros"
#gráficas en t.rnw

#curva rango-abundancia
tmp1=modx.m
tmp2=modx.env
modx.m=modx.m.orig

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
modx.env=modx.env.orig
RankAbun.1 <- rankabundance(modx.m)
# #gráficas en t.rnw

#tmp=agrupar(fms,c("familia","fecha_m"),valores = "total")
tmp=agrupar(fms,c("familia","sitio"),valores = "total")
#tmp=agrupar(fms,c("familia","sitio","fecha_m"),valores = "total")
tmp=subset(tmp,
            tmp$sitio %in% c(ntp_veg1,
                            ntp_veg2,
                            "TRANSECTO_1-PITFALL","TRANSECTO_2-PITFALL",
                            "TRANSECTO_3-PITFALL", "TRANSECTO_4-PITFALL"))
tmp_spread=tmp %>%
  spread(key="familia", value="total", fill=0) %>%
  mutate_if(is.character,as.factor)

Renyi.1 <- renyiresult(tmp_spread[-1], #evenness = TRUE,
                      scales=c(0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, Inf),
                      method='s')
renyiplot(Renyi.1, legend = F, main="Perfiles de Rényi por sitio")

Renyi.met1 <- renyicomp(modx.m, evenness=TRUE, y=modx.env, factor='met',
                      scales=c(0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, Inf), permutations=100, legend
                      =F)
Renyi.veg1 <- renyicomp(modx.m, evenness=TRUE, y=modx.env, factor='veg',
                      scales=c(0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, Inf), permutations=100, legend
                      =F)
# Renyi.1 <- renyicomp(modx.m, evenness=FALSE, y=modx.env, factor='Método',
#                      scales=c(0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, Inf), permutations=100, legend=
#                      F)
Renyi.MT1 <- renyicomp(modx.m, evenness=TRUE, y=modx.env, factor='Metodo',
                      scales=c(0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, Inf), permutations=100, legend=
                      F)
```

```

#indices
shannon <- diversityresult(modx.m, index='Shannon' ,method='pooled' ,
                           sortit=FALSE, digits=6)
# shannon.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha',
shannon.fecha <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m',
                              index='Shannon' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
shannon.MT <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='Metodo' ,
                            index='Shannon' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
shannon.met <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='met' , index='Shannon' ,
                             method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
shannon.veg <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='veg' , index='Shannon' ,
                             method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
shannon.fm <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m' , factor2='met' ,
                            index='Shannon' , method='pooled', sortit=FALSE, digits=6)
shannon.FM <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m' ,
                            factor2='Metodo' , index='Shannon' , method='pooled', sortit=
                              FALSE, digits=6)

simpson.FM <- diversitycomp(modx.m, y=modx.env, factor1='fecha_m' ,
                            factor2='Metodo' , index='Simpson' , method='pooled', sortit=
                              FALSE, digits=6)
div.ind=calc.r_a(modx.m,modx.env,c("fecha_m" , "Metodo"),ind = c("Shannon","Simpson"))
div.ind2=calc.r_a(modx.m,modx.env,c("fecha_m" , "veg"),ind = c("Shannon","Simpson"))

#modelo quassi
i.data=5
factores_br=c("fecha_m","Metodo","familia","sexo")
modx=crear_tcom(df_mod,dc,factores_br[c(1:4)])
library(MASS)
#por familia
#modx.env$Agelenidae<- modx.m$Agelenidae
fam_mod=c("Agelenidae" , "Linyphiidae" , "Lycosidae" , "Gnaphosidae" , "Anyphaenidae")

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
modx.env=cbind(modx$m.amb,modx$m.sp[fam_mod]) %>%
  dplyr::select(-starts_with("c."))
fam_glm=list()
fam_glmnb=list()
x=1
for (i in 1:length(fam_mod)) {
  #Count.model1 <- glm(Agelenidae ~ Método + (t.prom * p.pprom),
  #fam_glm[[i]] <- glm(get(fam_mod[i]) ~ Metodo + (t.prom * p.pprom),
  #
  #           family=quasipoisson(link=log), data=modx.env, na.action=na.exclude
  #
  # )
  # fam_glm[[i]] <- glm(get(fam_mod[i]) ~ veg + sexo + (t.prom * p.pprom),
  #
  #           family=quasipoisson(link=log), data=modx.env, na.action=na.
  #           exclude)
  # names(fam_glm)[i]=fam_mod[i]}
  #
  fam_dom=fam_mod[-i]
  for (j in 1:length(fam_dom)) { #agrega a lista uno por uno
    fam_glm[[x]] <- glm(get(fam_mod[i]) ~ veg + sexo +
      get(fam_dom[j]) +
      (t.prom * p.pprom),
      family=quasipoisson(link=log), data=modx.env, na.action=na.exclude
    )
    names(fam_glm)[x]=paste(fam_mod[i],fam_dom[j],sep = "_")

    fam_glmnb[[x]] <- glm.nb(get(fam_mod[i]) ~ veg + sexo +
      get(fam_dom[j]) +
      (t.prom*p.sprom), init.theta=1,
      data=modx.env, na.action=na.exclude)
    names(fam_glmnb)[x]=paste(fam_mod[i],fam_dom[j],sep = "_")
  }
  x<-x+1
}

#negative bin
```

```

    # Count.model1 <- glm.nb(Linyphiidae ~ sexo+veg+Agelenidae+
    #                         #dif sprom pprom?
    #                         (t.prom*p.pprom), , init.theta=1,
    #                         #I((t.prom*p.pprom)^12), init.theta=1,
    #                         data=modx.env, na.action=na.exclude)
  }

i=5
names(fam_glm)
Count.model1=fam_glm[[i]]
#negative bin
#Count.model1=fam_glmnb[[i]]

#TO-DO FUNCIÓN
#Count.model1=tmp
summary(Count.model1)
deviancepercentage(Count.model1, na.omit(modx.env), digits=2)
anova(Count.model1,test='F')
#car::vif(lm(Agelenidae ~ Método + (t.prom * p.pprom),
car::vif(lm(get(fam_mod[i]) ~ Metodo + (t.prom * p.pprom),
            data=na.omit(modx.env)))
drop1(Count.model1,test='F')
car::Anova(Count.model1,type='II', test='F', error.estimate='deviance')
car::Anova(Count.model1,type='II', test='Wald')

# #diagnostic plots
# par(mfrow=c(2,2))
# plot(Count.model1)
# #levene test
# par(mfrow=c(1,1))
# #leveneTest(residuals(Count.model1), modx.env$Método)
# plot(residuals(Count.model1) ~ modx.env$Metodo)
# points(modx.env$Metodo,residuals(Count.model1))

```


E. CÓDIGO FUENTE

```
#
# termplot(Count.model1, se=T, partial.resid=T, rug=T,
#         terms="veg")
# #plot(effect("sexo", Count.model1))

#explanatory sexo vs sp-sexo
tmp=agregar_veg(modx$amb) %>%
  unite(fs,familia,sexo,sep="_") %>%
  spread(key=fs,value = total,fill=0)

tmp1=glm(Lycosidae_M ~ veg + (t.prom * p.pprom),
         family=quasipoisson(link=log), data=tmp, na.action=na.exclude)

#presencia-ausencia
#crosstabs
#modx.env=modx$m.amb
#modx.env$Agelenidae<- modx.m$Agelenidae
fam_pa=fam_mod
#fr_pa=c('fecha_m','Método','sexo')
fr_pa=c('fecha_m','Metodo','sexo')
#Presabs.model1 <- crosstabanalysis(na.omit(modx.env),'Agelenidae','fecha')
# Presabs.model1
# Presabs.model1$observed
# Presabs.model1$expected
Presabs.model=list()
i.l=1
#length(fr_pa)
for (i in 1:length(fam_pa)) {
  for (j in 1:length(fr_pa)) {
    #Presabs.model2 <- crosstabanalysis(na.omit(modx.env),'Agelenidae','Método')
    Presabs.model[[i.l]] <- crosstabanalysis(na.omit(modx.env),fam_pa[i],fr_pa[j])
    names(Presabs.model)[i.l]=paste(fam_pa[i],fr_pa[j],sep="_")
    Presabs.model[[i.l]]$obs_df=t(Presabs.model[[i.l]]$observed) %>%
```

```

    data.frame()
  fr_pa[j] -> tmp
  Presabs.model[[i.l]]$exp_df=t(Presabs.model[[i.l]]$expected) %>%
    as.data.frame() %>%
    rownames_to_column(fr_pa[j]) %>%
    gather(key="valor", value = "esperado",-tmp)
  names(Presabs.model[[i.l]]$obs_df)=c(fr_pa[j], "valor", "observado")
  Presabs.model[[i.l]]$obs_exp=inner_join(Presabs.model[[i.l]]$obs_df,Presabs.model[[
    i.l]]$exp_df,by=c(fr_pa[j], "valor"))
  Presabs.model[[i.l]]$obs_exp.l=gather(Presabs.model[[i.l]]$obs_exp, "factor", "total"
    , -tmp, -"valor")
  tmp_df=Presabs.model[[i.l]]$obs_exp.l
  #ggplot(tmp, aes(x=fecha_m, y=observado, group=valor))+
  Presabs.model[[i.l]]$plot=ggplot(tmp_df, aes(x=get(tmp), y=total, group=factor))+
    geom_line(aes(color=factor))+
    facet_wrap(~valor)+
    theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 0.5, vjust=0.5))
  i.l=i.l+1
}
}

tc=list()
i.l=1
for(j in 1:length(fr_pa)){
  for(i in 1:length(fam_pa)){
    ind_pa=paste(fam_pa[i], fr_pa[j], sep="_")
    if (i==1)
      tc[[i.l]]=Presabs.model[[ind_pa]]$obs_exp.l else tc[[i.l]]=cbind(tc[[i.l]],
        Presabs.model[[ind_pa]]$obs_exp.l$total)
    names(tc[[i.l]])[length(tc[[i.l]])]=fam_pa[i]
  }
  names(tc)[i.l]=fr_pa[j]
  i.l=i.l+1
}

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
tmp=fr_pa[j]
tc[[i.l]]=gather(tc[[i.l-1]],key = "familia",value = "total", -c(tmp,valor,factor))
names(tc)[i.l]=paste(fr_pa[j],"g",sep = "_")
i.l=i.l+1
}

i=4
j=1
tmp=fr_pa[j]
#Presabs.model[[ind_pa]][["plot"]]
# Presabs.model[["Lycosidae_fecha_m"]][["plot"]]
# Presabs.model[["Lycosidae_Metodo"]][["plot"]]

tmp=fr_pa[3]
tmp_df=tc[[paste(tmp,"g",sep="_")]]
ggplot(tmp_df,aes(x=get(tmp),y=total,group=factor))+
  geom_line(aes(color=factor))+
  facet_wrap(~familia+valor)+
  scale_x_discrete(label=abbreviate)+
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90,
                                     hjust = 0.5,vjust = 0.5))

plot(as.factor(Agelenidae>0) ~Metodo, na.omit(modx.env))
plot(as.factor(Agelenidae>0) ~fecha_m, na.omit(modx.env))
#plot(as.factor(Agelenidae>0) ~met, na.omit(modx.env))

#binomial
#Presabs.binom <- glm(Agelenidae>0 ~ Método + fecha,
Presabs.binom <- glm(Agelenidae>0 ~ Metodo + fecha_m,
                    family=binomial(link=logit), data=modx.env, na.action=na.exclude)
Presabs.binom <- glm(Anyphaenidae>0 ~ fecha_m + veg + sexo,
                    family=binomial(link=logit), data=modx.env, na.action=na.exclude)
summary(Presabs.binom)
```

```

deviancepercentage(Presabs.binom, na.omit(modx.env), test='Chi', digits=2)
anova(Presabs.binom, test='Chi')
#car::vif(lm(Agelenidae>0 ~ Método + fecha, data=na.omit(modx.env)))
car::vif(lm(Agelenidae>0 ~ Metodo + fecha_m, data=na.omit(modx.env)))
drop1(Presabs.binom, test='Chi')
car::Anova(Presabs.binom, type='II', test='F', error.estimate='deviance')
car::Anova(Presabs.binom, type='II', test='Wald')

#quasi
#Presabs.quasi <- glm(Agelenidae>0 ~ Método + fecha,
Presabs.quasi <- glm(Agelenidae>0 ~ Metodo + fecha_m,
                    family=quasibinomial(link=logit), data=modx.env, na.action=na.
                    exclude)
Presabs.quasi <- glm(Lycosidae>0 ~ Metodo + fecha_m,
                    family=quasibinomial(link=logit), data=modx.env, na.action=na.
                    exclude)

summary(Presabs.quasi)
deviancepercentage(Presabs.quasi, na.omit(modx.env), test='F', digits=2)
anova(Presabs.quasi, test='F')
#car::vif(lm(Agelenidae>0 ~ Método + fecha, data=na.omit(modx.env)))
car::vif(lm(Agelenidae>0 ~ Metodo + fecha_m, data=na.omit(modx.env)))
drop1(Presabs.quasi, test='F')
car::Anova(Presabs.quasi, type='II', test='F', error.estimate='deviance')
car::Anova(Presabs.quasi, type='II', test='Wald')

detach("package:MASS", unload=TRUE)

#distancia (transformar datos) usar fm
tmp=agrupar(fms, c("familia", "sitio"), valores = "total")
names(tmp)[2]="Metodo"
# tmp=agrupar(fms, c("fecha_m", "familia", "sitio"), valores = "total")
# names(tmp)[3]="Metodo"
tmp<-data.frame(tmp)

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
tmp<-agregar_veg(tmp)
#tmp=subset(tmp,
#          tmp$fecha_m==unique(tmp$fecha_m[1]))
tmp_spread=tmp %>%
  spread(key="familia", value="total", fill=0) %>%
  mutate_if(is.character,as.factor)

# factores_br=c("fecha_m", "Metodo", "familia")
# modx2=crear_tcom(df_mod,env,factores_br)
#sum de organismos en otras trampas (19)
sum(tmp_spread[tmp_spread$met=="X",4:length(tmp_spread)])
modx.m=tmp_spread[-c(1:3)]
#modx.m=tmp_spread[-c(1:4)]

#transformar matriz
modx.m.orig <- modx.m
#modx.m <- disttransform(modx.m, method='hellinger')
modx.m <- disttransform(modx.m, method='profiles')
#similitud entre 0-1
Distmatrix.1 <- vegdist(modx.m, method='bray', na.rm=T)
dist.eval(modx.m,'bray')
# Distmatrix.1 <- vegdist(modx.m, method='kulczynski', na.rm=T)
# Distmatrix.1
# dist.eval(modx.m,'kulczynski')
# #presencia-ausencia
# Distmatrix.1 <- vegdist(modx.m, method='jaccard', na.rm=T)
# Distmatrix.1
# dist.eval(modx.m,'jaccard')
# Distmatrix.1 <- betadiver(modx.m, method='sor') #bray-curtis trans
# Distmatrix.1
# dist.eval(modx.m,'sor')

Distmatrix.1 <- data.frame(as.matrix(Distmatrix.1))
```

```
names(Distmatrix.1)=tmp_spread$Metodo
#write_excel_csv(Distmatrix.1,"C:/Users/Tita/Documents/Latex/Tesis-FESI-UNAM-master -
  araneae/Tesis-UNAM-master - copia/R/bray.csv")
dm=Distmatrix.1[-c(11:14),-c(11:14)]
#comparar
#modx.m=modx$m.sp
modx.m=tmp_spread[-c(1:3)]
#modx.env=modx$m.amb
modx.env=data.frame(tmp_spread[c(1:3)])
#modx.env=data.frame(tmp_spread[c(2:4)])

#mantel
#check.datasets(modx.m, modx.env)
distmatrix1 <- vegdist(modx.m,method='kulczynski', na.rm=T)
dist.eval(modx.m,'kulczynski')

#anosim
#summary(anosim(distmatrix1, grouping=modx.env$Metodo, permutations=100))
summary(anosim(Distmatrix.1, grouping=modx.env$met, permutations=100))
library(cluster)
distmatrix2 <- as.dist(as.matrix(daisy(modx.env[, 'Metodo', drop=F])))
#REVISAR
# mantel(distmatrix1, distmatrix2, method='kendall', permutations=100)
# plot(distmatrix1~as.factor(distmatrix2),xlab='environmental distance',
#       ylab='ecological distance')

#DESCOMENTAR SI SE USA
# #pca euclidean por metodo
# #scaling none sites species symmetric
# dist.eval(modx.m,'euclidean')
# pca_euclid <- rda(modx.m)
# check.ordiscores(modx.m, pca_euclid, check.species=T)
# summary(pca_euclid, scaling='species')
```

E. CÓDIGO FUENTE

```
# eigenvals(pca_euclid)
# PCAsignificance(pca_euclid)
# goodness(pca_euclid, display='sites', choices=c(1:4), model='CA',
#          statistic='explained')
# inertcomp(pca_euclid, display='sites', #statistic='explained',
#           proportional=F)
# par(cex=1)
# plot1 <- ordiplot(pca_euclid, choices=c(1,2), scaling='species')
# attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordihull(plot1, groups=met, draw='lines', label=T, lwd=3,
#          col=rainbow(length(levels(met))), border=rainbow(length(levels(met))))
# summary(ordihull(plot1, groups=met))
# ordiareatest(plot1, groups=met, area='hull', permutations=1)
# attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordispider(plot1, groups=met, spiders='centroid', label=T,
#            col=rainbow(length(levels(met))))

#pcoa bray met:ordiplot ordicluster label sites, ordhull
distmatrix <- vegdist(modx.m,method='bray', na.rm=T)
dist.eval(modx.m,'bray')
pcoa_bray <- cmdscale(distmatrix, k=2, eig=T, add=F)
rownames(pcoa_bray$points) <- rownames(modx.m)
check.ordiscores(modx.m, pcoa_bray, check.species=F)
pcoa_bray
par(cex=1)
plot1 <- ordiplot(pcoa_bray, choices=c(1,2), type="text",
                 main="Análisis de coordenadas principales (PCoA)")
#ordilabel(plot1, 'sites', col='blue', cex=1)
# #gráficas en t.rnw
attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordihull(plot1, groups=met, draw='lines', label=T, lwd=3,
#          col=rainbow(length(levels(met))), border=rainbow(length(levels(met))))
# ordihull(plot1, groups=veg, draw='lines', label=T, lwd=3,
```

```

#           col=rainbow(length(levels(met))), border=rainbow(length(levels(met))))
# summary(ordihull(plot1, groups=met))
# ordiareatest(plot1, groups=met, area='hull', permutations=1)
#
# attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordiellipse(plot1, groups=veg, conf=0.9, kind='se', draw='lines', label=T,
#           lwd=3, col=rainbow(length(levels(veg))),
#           border=rainbow(length(levels(veg))))
# ordispider(plot1, groups=met, spiders='centroid', label=T,
#           col=rainbow(length(levels(met))))
# # ordispider(plot1, groups=veg, spiders='centroid', label=T,
# #           col=rainbow(length(levels(veg))))
# #agregar especies
pcoa_bray <- add.spec.scores( pcoa_bray, modx.m,
                           method='wa.scores',
                           Rscale=T, scaling=1, multi=1)

par(cex=1)
plot2_pca <- ordiplot(pcoa_bray, choices=c(1,2), type="text",
                    main="Análisis de coordenadas principales (PCoA)")
# ordiellipse(plot2_pca, groups=veg, conf=0.9, kind='se', draw='lines', label=F,
#           lwd=3, col=rainbow(length(levels(veg))),
#           border=rainbow(length(levels(veg))))
# ordispider(plot2_pca, groups=met, spiders='centroid', label=F,
#           col=rainbow(length(levels(met))))
#
# #Calculating the correlation between distance in an ordination graph and total
#           distance
# distdisplayed(modx.m, plot2_pca, distx="bray")

#Plotting clustering results onto an ordination graph
# distmatrix <- vegdist(modx.m, method="bray")
# cluster <- hclust(distmatrix, method="single")
# ordicluster(plot2, cluster)

```


E. CÓDIGO FUENTE

```
# #Plotting quantitative environmental variables onto an ordination graph
# # fitted <- envfit(plot2, t.prom, permutations=100)
# # plot(fitted)
# # fitted <- vectorfit(plot2, t.prom, permutations=100)
# # ordibubble(plot2, t.prom)
# # ordisurf(plot2, t.prom)
#Plotting categorical environmental variables onto an ordination graph
#ordisymbol(plot2, modx.env, "veg", legend=T)
# fitted <- envfit(plot2, met, permutations=100)
# plot(fitted)
# fitted <- factorfit(plot2, met)
# ordihull(plot2, met)
# ordispider(plot2, met)
# ordiellipse(plot4, Management)

# #DESCOMENTAR SI SE USA
# #rda fecha + metodo plothull,spider,ellipse met
# modx.m=modx$m.sp
# modx.env=modx$m.amb
# modx.m <- disttransform(modx.m, method='profiles')
#
# check.datasets(modx.m, modx.env)
# dist.eval(modx.m, 'euclidean')
# rda.fm <- rda(modx.m ~ fecha_m + Metodo, data=modx.env)
# check.ordiscores(modx.m, rda.fm, check.species=T)
# summary(rda.fm, scaling='species')
# eigenvals(rda.fm)
# RsquareAdj(rda.fm)
# deviance(rda.fm)
# vif.cca(rda.fm)
# goodness(rda.fm, display='sites', statistic='explained')
# inertcomp(rda.fm, display='sites', #statistic='explained',
#           proportional=T)
```

```
# permutest(rda.fm, permutations=100)
# anova.cca(rda.fm, step=100, by='terms')
# anova.cca(rda.fm, step=100, by='margin')
# par(ceax=1)
# #comentar las 2 líneas sig
# plot1 <- ordiplot(rda.fm, choices=c(1,2), scaling='species')
# attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordispider(plot1, groups=met, spiders='centroid', label=T,
#           col=rainbow(length(levels(met))))
# attach(modx.env, warn.conflicts=F)
# ordihull(plot1, groups=met, draw='lines', label=F, lwd=3,
#          col=rainbow(length(levels(met))), border=rainbow(length(levels(met))))
# summary(ordihull(plot1, groups=met))
# ordiareatest(plot1, groups=met, area='hull', permutations=100)
#
# #db-rda
# check.datasets(modx.m, modx.env)
# dist.eval(modx.m, 'bray')
# adonis(modx.m ~ fecha_m, data=modx.env, method='bray', permutations=100)
# Ordination.model1 <- dbrda(modx.m ~ veg+sexo+t.prom, data=modx.env, distance='bray',
#                          sqrt.dist=F, add=F)
# #check.ordiscores(modx.m, Ordination.model1, check.species=T)
# summary(Ordination.model1, scaling='species')
# eigenvals(Ordination.model1)
# RsquareAdj(Ordination.model1)
# deviance(Ordination.model1)
# vif.cca(Ordination.model1)
# goodness(Ordination.model1, display='sites', statistic='explained')
# inertcomp(Ordination.model1, display='sites', #statistic='explained',
#           proportional=T)
# permutest(Ordination.model1, permutations=100)
# anova.cca(Ordination.model1, step=100, by='terms')
# anova.cca(Ordination.model1, step=100, by='margin')
```

```
# par(cex=1)
# plot1 <- plot(Ordination.model1, choices=c(1,2), scaling='species')
#
# Ordination.model8 <- capscale(modx.m ~ met+ (t.prom*p.pprom), modx.env)
# summary(Ordination.model8, scaling=1)
# #permutest.cca(Ordination.model8, permutations=1000)
# plot9 <- ordiplot(Ordination.model8, type="text", scaling=1)

#restaurar variables
modx.m=modx$m.sp
modx.env=modx$m.amb
```

E.2. funciones.R

```
cargar.libs <- function() {
  library("tidyverse")
  library("lubridate")
  library("GGally")
  library("scales")
  library("plotly")
  library("BiodiversityR")
  library("RODBC")
  library("sqldf")
  library("webshot")
  library("kableExtra")
  library("xtable")
  library("stargazer")
  library("knitr")
  library("httr")
  library("tidyverse")
  library("xml2")
  library("XML")
}
```

```

# Funciones -----

#definir funciones
obtener_datos <- function(url_base,form,numEntr=NULL){
  #inicializar tablas
  cur=data_frame() #datos curatoriales
  tax=data_frame() #datos taxonómicos

  urltmp=paste0(url_base,"submissionList")
  rList=GET(urltmp, query=list(formId=form, numEntries=numEntr))
  stop_for_status(rList)
  rcont=content(rList, "parsed")
  sList=xml_children(rcont)[[1]]
  uuid=xml_text(xml_children(sList))

  urltmp=paste0(url_base,"downloadSubmission")
  for (i in 1:length(uuid)) {
    qId=paste0(form,"[@version=null_and_@uiVersion=null]/",form,"[@key=",uuid[i],"]")
    reqDL=GET(urltmp, query=list(formId=qId))
    stop_for_status(reqDL)
    xml=content(reqDL, "parsed") #parsed para xml, text para texto

    # seleccionar nodos por nombres
    #xml_find_all(xml, "//*[contains(name(),'taxonom')]") #equivalente
    espec=xml_find_all(xml, "//*[name()='taxonom']")#[[1]]

    #extraer valores de cada espécimen
    for (j in 1:length(espec)) {
      val=xml_text(xml_children(espec[j]))
      tax=rbind.data.frame(tax,val, stringsAsFactors = FALSE)
    }
  }
}

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
#curatoriales
xmltmp=xmlParse(xml)
xmlr=xmlRoot(xmltmp)
data_node=xmlr[[1]][[1]]#[[11]][[1]]

cur_bar=data_node
cur_bar=cur_bar[2:10]
#cur_bar
#xmlSize(cur_bar)
cur_df=xmlToDataFrame(cur_bar, stringsAsFactors = FALSE)
#coalesce rows
#tmp=cur_df[!is.na(cur_df[1:22])] #equivalente
tmp=cur_df[!is.na(cur_df[1:xmlSize(cur_bar),])]
cur=rbind.data.frame(cur,tmp,stringsAsFactors = FALSE)
}
names(cur)=names(cur_df)
names(tax)=xml_name(xml_children(espec[j]))
datos=list(cur,tax)
return(datos)
}

cargar <- function(archivo=NULL, caracter=",", salto=0, fecha=NULL, f_fecha="ymd") {

  if (is.null(archivo)) archivo=choose.files(caption = "Seleccionar_archivo")
  t_tmp = read_delim(archivo, delim = caracter, skip = salto)

  if (!is.null(fecha)) {
    t_tmp[,fecha]=switch(f_fecha,
                        ymd=ymd(as.matrix(t_tmp[fecha])),
                        ydm=ydm(as.matrix(t_tmp[fecha])),
                        ndy=ndy(as.matrix(t_tmp[fecha])),
                        myd=myd(as.matrix(t_tmp[fecha])),
                        dmy=dmy(as.matrix(t_tmp[fecha])),
```

```

        dym=dym(as.matrix(t_tmp[fecha]))})
# t_tmp$Fecha=dmy(t_tmp$Fecha)
return(t_tmp)
}

agrupar <- function(datos,factores,f_fecha=F,valores="cantidad", metodo="suma") {
  datos =data.frame(datos)
  #datos = df[[3]]
  if (f_fecha)
    if(any(sapply(datos,is.Date))) {
      nom_tmp=names(datos[which(sapply(datos,is.Date))])
      tmp=datos[,which(sapply(datos,is.Date))]
      #datos=mutate_at(datos,tmp,funs(fecha=format(as.Date(tmp,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m"))))
      #datos=mutate(datos,!!nom_tmp:=format(as.Date(!!tmp,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m"))
      datos=mutate(datos,fecha_m=format(as.Date(datos[,which(sapply(datos,is.Date))],"%Y-%m-%d"),"%Y-%m"))
    }
  #if(f_fecha) datos <- mutate(datos, fecha=format(as.Date(Fecha,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m-%d"))
  #if("total" %in% names(datos)) datos <- rename(datos, cantidad=total)
  datos<-group_by_at(datos,factores)
  #datos %>%
  #mutate(!!nom_tmp:=format(as.Date(!!tmp,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m"))
  #mutate_at(tmp,format(as.Date(tmp,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m")) %>%
  #mutate(fecha=format(as.Date(Fecha,"%Y-%m-%d"),"%Y-%m")) %>%
  #group_by_at(factores) %>%
  #summarise_at(valores,sum)
  #summarise_at(valores,funs(total=sum))
  #summarise(total=sum(valores))
  switch (metodo,
    N = datos,
    suma = summarise_at(datos,valores,funs(total=sum),na.rm=TRUE),
    prom = summarise_at(datos,valores,funs(prom=mean))
  )
}

```

E. CÓDIGO FUENTE

```
)
}

f <- function(x) {
  x=gsub("[*]", "", x)
  x=gsub("INTERCEPCIÓN_2", "INTERCEPCIÓN_VUELO_2", x)
  x=gsub("NTP-80_#8", "NTP-80_#3", x)
  x=gsub("PITFALL_2", "TRANSECTO_2-PITFALL", x)
  x=gsub("PITFALL_3", "TRANSECTO_3-PITFALL", x)
}

limpiar <- function(datos) {
  #aplicar f a todas las columnas de tipo caracter
  #t_tmp=
  data.frame(lapply (datos[,sapply(datos,is.character)],
                    f),
            #concatenar columnas convertidas + el resto de columnas
            datos[,sapply(datos,class) != "character"],
            stringsAsFactors=F)
  #return(t_tmp)
}

comparar_df <- function(df1,df2) {
  tmp1=gsub("NA", "NO", df1)
  tmp2=gsub("NA", "NO", df2)
  tmp1==tmp2
}

tabla_odbc <- function(archivo,codif="UTF-8",tbl1,tbl2,
                      fgs=c("familia","genero","especie","sexo"),
                      valores="cantidad",
                      factores=c("Fecha","Metodo"),
                      cve_ori="clave_origen",
```

```
        cve="Clave",
        qry=NULL) {

con<-odbcConnect(archivo,DBMSencoding=codif)
#val1="familia, genero, especie, sexo, cantidad, Fecha, Metodo"
val1=paste(str_flatten(fgs,collapse = ",□"),
          valores,
          str_flatten(factoros,collapse = ",□"),
          sep=",")
if(is.null(qry))
  qry<- paste("SELECT", val1, "FROM", tbl1,
             "LEFT□OUTER□JOIN", tbl2,
             "ON",
             paste(tbl1,".",cve_ori,"=",
                  tbl2, ".",cve,sep=' '), sep="□")
ctest<-sqlQuery(con,qry)
odbcCloseAll()
return(ctest)
}
```


Literatura citada

- Alvarez, F. (1999). *Estudio faunístico de la familia araneidae (Arachnidae:Araneae) en la selva baja caducifolia del municipio de “El Limón”, Jalisco, México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. ENEP Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México. 9
- Avalos, G., Bar, M. E., Oscherov, E. B., y González, A. (2013). Diversidad de Araneae en cultivos de *Citrus sinensis* (Rutaceae) de la Provincia de Corrientes, Argentina. *Revista de Biología Tropical*, 61(3):1243–1260. 50
- Beccaloni, J. (2009). *Arachnids*. University of California Press, Berkeley. 4
- Bizuet-Flores, M. Y., Jiménez-Jiménez, M. L., Zavala-Hurtado, A., y Corcuera, P. (2015). Diversity patterns of ground dwelling spiders (Arachnida: Araneae) in five prevailing plant communities of the Cuatro Ciénegas Basin, Coahuila, Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 86(1):153–163. 9, 50
- Blackledge, T. A., Scharff, N., Coddington, J. A., Szüts, T., Wenzel, J. W., Hayashi, C. Y., y Agnarsson, I. (2009). Reconstructing web evolution and spider diversification in the molecular era. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(13):5229–5234. 4
- Bodner, G. S. S. (2002). *Biodiversity assessment and systematics of neotropical jumping spiders (Araneae: Salticidae)*. Tesis de Doctorado, University of Arizona. 2
- Bojórquez-Tapia, L. A., Balvanera, P., y Cuarón, A. D. (1994). Biological inventories and computer data bases: Their role in environmental assessments. *Environmental Management*, 18(5):775–785. 2
- Bolger, D. T., Suarez, A. V., Crooks, K. R., Morrison, S. A., y Case, T. J. (2000). Arthropods in urban habitat fragments in Southern California: Area, age, and edge effects. *Ecological Applications*, 10(4):19. 5
- Bolivar y Pieltain, C. (1940). Exploración de la caverna de Cacahuamilpa (Guerrero, Mexico). *Ciencia*, 1:125–126. 9
- Bonet, F. (1953). Espeleología mexicana: cuevas de la Sierra Madre Oriental en la región de Xilitla. *Boletín del Instituto de Geología de la UNAM*, 57:1–96. 9

- Bonet, F. (1971). Espeleología de la region de Cacahuamilpa, Gro... *Boletín del Instituto de Geología de la UNAM*, 90:1–98. 9
- Brignoli, P. M. (1972). Some cavernicolous spiders from Mexico (Araneae). *Quaderna Accademia Nazionale dei Lincei*, 171. 9
- Brignoli, P. M. (1977). Spiders of Mexico. III. A new leptonetid from Oaxaca (Araneae, Leptonetidae). *Quaderna Accademia Nazionale dei Lincei*, 171(3):213–218. 9
- Brusca, R. C. y Brusca, G. J. (2003). *Invertebrates*, volumen 2. Sinauer Associates. 4
- Bultman, T. L. y Uetz, G. W. (1982a). Abundance and community structure of forest floor spiders following litter manipulation. *Oecologia*, 55(1):34–41. 50
- Bultman, T. L. y Uetz, G. W. (1982b). A comparison of cursorial spider communities along a successional gradient. *Journal of Arachnology*, 10:23–33. 50
- Castelo, C. J. L. (2000). *Diversidad de Salticidae (Arachnida: Araneae) en una localidad de selva baja caducifolia del sur de Jalisco*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. ENEP Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México. 9
- Ceballos, G., Ehrlich, P. R., y Dirzo, R. (2017). Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by vertebrate population losses and declines. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(30):E6089–E6096. 3
- Churchill, T. B. y Ludwig, J. A. (2004). Changes in spider assemblages along grassland and savanna grazing gradients in northern Australia. *The Rangeland Journal*, 26(1):3. 5, 50, 51
- Coddington, J. A., Giribet, G., Harvey, M. S., Prendini, L., y Walter, D. E. (2004). Arachnida. En Cracraft, J. y Donoghue, M. J., editores, *Assembling the Tree of Life*, pp. 296–318. Oxford University Press, New York. 3
- Coddington, J. A., Griswold, C. E., Davila, D. S., Peftaranda, E., y Larcher, S. F. (1991). Designing and Testing Sampling Protocols to Estimate Biodiversity in Tropical Ecosystems. p. 33. 4, 5
- Colwell, R. K. y Coddington, J. A. (1994). Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. *Philosophical Transactions of the Royal Society*, 345(1311):101–118. 2, 5, 49
- CONABIO (2008). El Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México. Disponible en línea en: <http://www.conabio.gob.mx/institucion/snib/doctos/acerca.html>. Consultado el 2018-10-30. 12
- CONABIO (2015). Acerca de la REMIB. Disponible en línea en: http://www.conabio.gob.mx/remib/doctos/acerca_remib.html Consultado el 2018-10-30. 2
- CONABIO (2017). Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México (SNIB). Disponible en línea en: <https://www.biodiversidad.gob.mx/conabio/pdf/dia07-snib.pdf> Consultado el 2018-10-30. 12

- Corcuera, P., Valverde, P. L., Jiménez, M. L., Ponce-Mendoza, A., De la Rosa, G., y Nieto, G. (2016). Ground Spider Guilds and Functional Diversity in Native Pine Woodlands and Eucalyptus Plantations. *Environmental Entomology*, 45(2):292–300. 50
- Corcuera, P., Valverde, P. L., Zavala-Hurtado, J. A., De la Rosa, G., y Gabriel-Durán, C. (2010). Non weaving spiders on native woodlands and Eucalyptus plantations in Western Mexico: diversity and distribution patterns. *Journal of Insect Conservation*, 14(6):711–719. 10, 50
- Correa, M. M. (2001). *Estudio comparativo de las arañas de la vegetación arbustiva y arbórea de dos comunidades vegetales en Tlancualpican, Puebla y Cerro El Horno, Morelos, México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. ENEP Zaragoza, México. 9
- Cruz-Hernández, D. A. (2013). Las arañas saltarinas (Araneae: Salticidae) de la sierra de Guadalupe en dos municipios del Estado de México. *Entomología Mexicana*, 12:194–198. 11
- Cupul-Magaña, F. G. y Navarrete-Heredia, J. L. (2008). Artropodofauna de las viviendas de puerto Vallarta, Jalisco, México. *Ecología Aplicada*, 7(1-2):187–190. 9
- Daly, M., Herendeen, P. S., Guralnick, R. P., Westneat, M. W., y McDade, L. (2012). Systematics Agenda 2020: The Mission Evolves. *Systematic Biology*, 61(4):549–552. 11
- Del Bosque, F. J. (2015). *Diagnóstico ambiental de un sistema agro-silvo-pastoril en Chapa de Mota, Estado de México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México Facultad de Estudios Superiores Iztacala. 13, 14, 15, 52
- Desales-Lara, M. A. (2009). *Arañas (Arachnida: Araneae) de Malinalco, Estado de México*. Tesis de Licenciatura, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de México., Toluca. 9
- Desales-Lara, M. A. (2012). Descripción de una nueva especie del género *Filistatinella* Gertsch & Ivie, 1936 (Araneae: Filistatidae) de Toluca, México. *Revista Ibérica de Aracnología*, 21:51–55. 11
- Desales-Lara, M. A. (2014). Araneofauna (Arachnida: Araneae) del Estado de México, México. *Acta Zoológica Mexicana*, 30(2):298–320. 11, 50
- Desales-Lara, M. A., Durán-Barrón, C. G., y Mulia-Solano, C. E. (2008). ARANEAE: Nuevos registros de aranéidos y terídidos (Araneae: Araneidae, Theridiidae) del Estado de México. *Dugesiana*, 15(1). 11
- Desales-Lara, M. A., Francke, O. F., y Nava, P. S. (2011). Arañas (arachnida: araneae) asociadas a diferentes grados de urbanización. En *Memorias del XLVI Congreso Nacional de Entomología*, volumen 10, pp. 69–73, Cancún-Riviera Maya, Quintana Roo. Sociedad Mexicana de Entomología. 9
- Desales-Lara, M. A., Francke, O. F., y Sánchez-Nava, P. (2013). Diversidad de arañas (Arachnida: Araneae) en hábitats antropogénicos. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 84(1):291–305. 9

- Drew, L. W. (2011). Are We Losing the Science of Taxonomy? As need grows, numbers and training are failing to keep up. *BioScience*, 61(12):942–946. 3
- Dunlop, J. A. (2018). A summary list of fossil spiders and their relatives. En *World Spider Catalog*, p. 294. Natural History Museum Bern. 4
- Durán-Barrón, C. G. (2000). *Estudio faunístico de la familia Theridiidae (Arachnida: Araneae); en la selva baja caducifolia del sur de Jalisco (Mpio. El Limón), México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. ENEP Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México. 9
- Durán-Barrón, C. G., Francke, O. F., y Pérez-Ortiz, T. M. (2009). Diversidad de arañas (Arachnida: Araneae) asociadas con viviendas de la ciudad de México (Zona Metropolitana). *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 80(1):55–69. 9
- Durán-Barrón, C. G., Pérez, T. M., y Brescovit, A. D. (2016). Two new synanthropic species of Anyphaena Sundevall (Araneae: Anyphaenidae) associated to houses in Mexico City. *Zootaxa*, 4103(2):189–194. 9
- Estrada-Alvarez, J. C. (2014). Nuevos datos de arañas migalomorfas (Araneae: Mygalomorphae) del Estado de México, con comentarios taxonómicos del género Davus O. Pickard-Cambridge, 1892. *Dugesiana*, 21(1):55–66. 11
- Fecher, B. y Friesike, S. (2014). Open Science: One Term, Five Schools of Thought. En Bartling, S. y Friesike, S., editores, *Opening Science: The Evolving Guide on How the Internet is Changing Research, Collaboration and Scholarly Publishing*, pp. 17–47. Springer International Publishing, Cham. 6
- Flores, O. y Vargas-Paradas, L. (2017). SPECIES, una nueva plataforma web para comprender la biodiversidad. *Boletín del Centro de Ciencias de la Complejidad*, (3). 6
- FMVZ-UNAM (2012). Centro de Enseñanza, Investigación y Extensión en Producción Agro Silvo Pastoral CEIEPASP, Chapa de Mota, Estado de México. Disponible en línea en: <http://www.fmvz.unam.mx/fmvz/centros/ceiepasp/acerca.html> Consultado el 2018-10-10. 13, 14
- Foelix, R. (2011). *Biology of spiders*. OUP USA, 3 edición. 4
- Francke, O. F. (2014). Biodiversidad de Arthropoda (Chelicerata: Arachnida ex Acari) en México. *Revista mexicana de biodiversidad*, 85:S408–S418. 3, 4
- García, J. A. (2014). *Recolección móvil de datos de especies introducidas en las islas Galápagos con dispositivos móviles inteligentes*. Tesis de Maestría, Universidad del Azuay, Ecuador. 20
- Gertsch, W. J. (1971). A report on some Mexican cave spiders. *Bulletin Association for Mexican Cave Studies*, 4:47–111. 9
- Gertsch, W. J. (1977). Report on cavernicole and epigeal spiders from the Yucatan peninsula. *Bulletin Association for Mexican Cave Studies*, 6:103–131. 9

- Gold, E. R. (2016). Accelerating Translational Research through Open Science: The Neuro Experiment. *PLoS Biology*, 14(12):e2001259. 6
- González-Salazar, C., Stephens, C. R., Sierra-Alcocer, R., Salazar-Carrillo, J. C., Barrios-Vargas, J., Robredo, E., y del Callejo-Canal, E. (2017). Species 1.0. Disponible en línea en: <http://species.conabio.gob.mx/docs/tutorial.pdf> Consultado el 2018-10-30. 12
- Gotelli, N. J. y Colwell, R. K. (2011). Estimating species richness. En *Biological diversity: frontiers in measurement and assessment*, pp. 39–54. Oxford University Press, Oxford, UK. 5
- Griswold, C. E. y Ramirez, M. J. (2017). Phylogeny of spiders. En *Spiders of North America: An identification manual*. American Arachnological Society, 2 edición. 3
- Guerrero, M. C. (1992). *Contribución al estudio de los arácnidos cavernícolas de México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Ciencias, México, D.F. 9
- Hallmann, C. A., Sorg, M., Jongejans, E., Siepel, H., Hofland, N., Schwan, H., Stenmans, W., Müller, A., Sumser, H., y Hörren, T. (2017). More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. *PloS one*, 12(10):e0185809. 1
- Hartung, C., Lerer, A., Anokwa, Y., Tseng, C., Brunette, W., y Borriello, G. (2010). Open data kit: tools to build information services for developing regions. pp. 1–12. ACM Press. 20
- Hatley, C. L. y Macmahon, J. A. (1980). Spider Community Organization: Seasonal Variation and the Role of Vegetation Architecture. *Environmental Entomology*, 9(5):632–639. 5
- Henaut, Y., Pablo, J., Ibarra-Núñez, G., y Williams, T. (2001). Retention, capture and consumption of experimental prey by orb-web weaving spiders in coffee plantations of Southern Mexico. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 98(1):1–8. 9
- Hoffman, A. (1976). Relación bibliográfica preliminar de las arañas de México (Arachnida: Araneae). *Publicación especial del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México*, 3:1–117. 9
- Hoffmann, A. (2003). Arañas Cavernícolas de México. *Entomología Mexicana*, 2:78–84. 9
- Hurtado-Félix, D., Retamoza-González, E., Meling-López, A., y Figueroa-Pizano, M. (2007). Diversidad de familias de arañas en la ciudad de Hermosillo, Sonora. En *Memorias del XLII Congreso Nacional de Entomología*, volumen 6, pp. 14–18. 9
- Ibarra, G. (1979). *Las arañas Labidognatha de la parte norte del Pedregal de San Ángel*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Ciencias, México, D.F. 9
- Ibarra-Núñez, G., Maya-Morales, J., y Chamé-Vázquez, D. (2011). Las arañas del bosque mesófilo de montaña de la Reserva de la Biosfera Volcán Tacaná, Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82:1183–1193. 10

- INEGI (2018a). Mapas. Climatológicos. Disponible en línea en: <http://www.beta.inegi.org.mx/temas/mapas/climatologia> Consultado el 2018-10-10. 13
- INEGI (2018b). Mapas. Edafológicos. Disponible en línea en: <http://www.beta.inegi.org.mx/temas/mapas/edafologia/> Consultado el 2018-10-10. 13, 14
- INEGI (2018c). Mapas. Uso de suelo y vegetación. Disponible en línea en: <http://www.beta.inegi.org.mx/temas/mapas/usosuelo/> Consultado el 2018-10-10. 15
- Jiménez, M. L. (1991). Araneofauna de las islas Revillagigedo, México. 9
- Jiménez, M. L. (1996). Araneae. En *Biodiversidad, Taxonomía y Biogeografía de Artrópodos de México: Hacia una síntesis de su conocimiento.*, pp. 83–101. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 3, 4, 9
- Jiménez, M. L. (1998). Aracnofauna asociada a las viviendas de la ciudad de la Paz, BCS, Mexico. Technical report, Sociedad Mexicana de Entomología, Veracruz (Mexico). 9
- Jiménez, M. L. e Ibarra, G. (2008). Catálogo taxonómico de especies de México. Arañas (Arácnidos). En *Capital natural de México*, volumen 1. CONABIO, México. 9
- Jiménez, M. L. y Navarrete, J. G. (2010). Fauna de arañas del suelo de una comunidad árida-tropical en Baja California Sur, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 81(2):417–426. 10
- Jiménez, R. y Koleff, P. (2016). La informática de la biodiversidad: una herramienta para la toma de decisiones. En *Capital natural de México. Vol. IV. Capacidades humanas e institucionales*, volumen IV. CONABIO, México. 52
- Kidwell, M. C., Lazarević, L. B., Baranski, E., Hardwicke, T. E., Piechowski, S., Falkenberg, L.-S., Kennett, C., Slowik, A., Sonnleitner, C., Hess-Holden, C., Errington, T. M., Fiedler, S., y Nosek, B. A. (2016). Badges to Acknowledge Open Practices: A Simple, Low-Cost, Effective Method for Increasing Transparency. *PLOS Biology*, 14(5):e1002456. 6
- Kindt, R. y Coe, R. (2005). *Tree diversity analysis: a manual and software for common statistical methods for ecological and biodiversity studies*. World Agroforestry Centre, Nairobi, Kenya. 19, 20, 52
- Lister, B. C. y Garcia, A. (2018). Climate-driven declines in arthropod abundance restructure a rainforest food web. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(44):E10397–E10406. 2
- Llorente-Bousquets, J., Michán, L., González, J., y Sosa, V. (2008). Desarrollo y situación del conocimiento de las especies. En *Capital natural de México, vol I: Conocimiento actual de la biodiversidad.*, volumen I, pp. 193–216. CONABIO, México. 2
- MacLeod, N. (2007). *Automated Taxon Identification in Systematics: Theory, Approaches and Applications*. CRC Press. 3

- Magurran, A. E. (2004). *Measuring Biological Diversity*. 19
- Maurer, S. M. (2003). New Institutions for Doing Science: From Databases to Open Source Biology. En *Copyright and database protection, patents and research tools, and other challenges to the intellectual property system*, p. 16, Maastrich, The Netherlands. 6
- Maya-Morales, J., Ibarra-Núñez, G., León-Cortés, J. L., e Infante, F. (2012). Understory spider diversity in two remnants of tropical montane cloud forest in Chiapas, Mexico. *Journal of Insect Conservation*, 16(1):25–38. 10
- Medina, F. J. (2002). *Las arañas y su distribución temporal en un bosque de San Martín Cacahuapan, Municipio de Villa del Carbón, Estado de México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. ENEP Iztacala, Tlalnepantla de Baz, Estado de México. 9, 11
- Meehan, C. J., Olson, E. J., Reudink, M. W., Kyser, T. K., y Curry, R. L. (2009). Herbivory in a spider through exploitation of an ant–plant mutualism. *Current Biology*, 19(19):R892–R893. 4
- Merrett, P. (1967). The Phenology of Spiders on Heathland in Dorset. *Journal of Animal Ecology*, 36(2):363–374. 49
- Merrett, P. (1968). The phenology of spiders on heathland in Dorset. Families Lycosidae, Pisauridae, Agelenidae, Mimetidae, Theridiidae, Tetragnathidae, Argiopidae. *Journal of Zoology*, 156(2):239–256. 49
- Merrett, P. (1969). The phenology of linyphiid spiders on heathland in Dorset. *Journal of Zoology*, 157(3):289–307. 49
- Miller, J., Dikow, T., Agosti, D., Sautter, G., Catapano, T., Penev, L., Zhang, Z., Pentcheff, D., Pyle, R., Blum, S., Parr, C., Freeland, C., Garnett, T., Ford, L. S., Muller, B., Smith, L., Strader, G., Georgiev, T., y Bénichou, L. (2012). From taxonomic literature to cybertaxonomic content. *BMC Biology*, 10(1):87. 5
- Miller, J. A., Miller, J. H., Pham, D.-S., y Beentjes, K. K. (2014). Cyberdiversity: Improving the Informatic Value of Diverse Tropical Arthropod Inventories. *PLOS ONE*, 9(12):e115750. 3, 5
- Miyashita, T., Shinkai, A., y Chida, T. (1998). The effects of forest fragmentation on web spider communities in urban areas. *Biological conservation*, 86(3):357–364. 5
- Moreno, C. E. (2001). *Métodos para medir la biodiversidad*, volumen 1 de *M&E T - Manuales y Tesis SEA*. CYTED; ORCYT-UNESCO; Sociedad Entomológica Aragonesa (SEA), Zaragoza, 1 edición. 19
- Moreno-Mendoza, S. D., Ibarra-Núñez, G., Chamé-Vázquez, E. R., y Valle-Mora, F. J. (2012). Gama de presas capturadas por cuatro especies de arañas tejedoras (arachnida: araneae) en un agroecosistema de cacao en Chiapas, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 15:14. 9

- Morón, M. A. y Terrón, R. A. (1984). Distribución altitudinal y estacional de los insectos necrófilos en la Sierra Norte de Hidalgo, México. *Acta zoológica mexicana*, 3. 17, 49
- Nieto, C. I. G. (2000). *Inventario de arañas de algunas localidades de los estados de Puebla y Morelos en la parte alta del Balsas*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. FES Zaragoza, México. 9
- Onesto, I. (2017). *Coleópteros Necrófilos (Scarabaeidae, Silphidae, Staphylinidae, Histeridae y Trogidae) de una región de Chapa de Mota, Estado de México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México Facultad de Estudios Superiores Iztacala. 17
- Pastrana, L. G. (2006). *Diversidad y distribución de arañas (Arachnida: Araneae) en la cueva de las Sardinias, Tabasco, México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Ciencias, México, D.F. 9
- Penev, L., Erwin, T., Miller, J., Chavan, V., Moritz, T., y Griswold, C. (2009). Publication and dissemination of datasets in taxonomy: ZooKeys working example. *ZooKeys*, 11:1–8. 5
- Piña-Rodríguez, O. P., García-Cano, A. A., y Espinosa-Organista, D. N. (2015). Inventario de arañas (Arachnida: Araneae) de la zona noroeste de Guerrero, México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Entomología*, pp. 26–32. 50
- Pineda-Jaimes, N., Bosque-Sendra, J., Delgado, M., y Plata-Rocha, W. (2009). Análisis de cambio del uso del suelo en el Estado de México mediante sistemas de información geográfica y técnicas de regresión multivariantes. Una aproximación a los procesos de deforestación. *Investigaciones Geográficas*, 69. 2
- Pinkus Rendón, M. A., Ibarra-Núñez, G., Parra-Tabla, V., García-Ballinas, J. A., y Hénaut, Y. (2006). Spider diversity in coffee plantations with different management in southeast Mexico. *Journal of Arachnology*, 34(1):104–112. 9, 10
- Platnick, N. I. y Raven, R. J. (2013). Spider Systematics: Past and Future. *Zootaxa*, 3683(5):595–600. 3
- Pérez-de La Cruz, M., Sánchez-Soto, S., Ortíz-García, C. F., Zapata-Mata, R., y Cruz-Pérez, A. d. I. (2007). Diversidad de insectos capturados por arañas tejedoras (Arachnida: Araneae) en el agroecosistema cacao en Tabasco, México. *Neotropical Entomology*, 36(1):90–101. 9
- R Core Team (2018). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 20
- Reddell, J. R. y Elliott, W. R. (1973). A Checklist of the Cave Fauna of Mexico. IV. Additional Records from the Sierra de el Abra, Tamaulipas and San Luis Potosí. *Bulletin of the Association for Mexican Cave Studies*, 5:171–180. 9
- Rivera-Quiroz, A. y Alvarez-Padilla, F. (2015). Three new species of the genus *Trachelas* (Araneae: Trachelidae) from an oak forest inside the Mesoamerican biodiversity hotspot in Mexico. *Zootaxa*, 3999:95–110. 5

- Rivera-Quiroz, F. A., Garcilazo-Cruz, U., y Álvarez Padilla, F. (2016). Spider cyberdiversity (Araneae: Araneomorphae) in an ecotouristic tropical forest fragment in Xilitla, Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 87(3):1023–1032. 12
- Rodríguez-Rodríguez, S. E., Solís-Catalán, K. P., y Valdez-Mondragón, A. (2015). Diversity and seasonal abundance of anthropogenic spiders (Arachnida: Araneae) in different urban zones of the city of Chilpancingo, Guerrero, Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 86(4):962–971. 9
- Ruiz-Noguez, F. A., del Pilar Villeda-Callejas, M., y Barrera-Escorcia, H. (2016). Orden Araneae de la zona noreste de la sierra de Guadalupe, Estado de México. *Entomología Mexicana*, 3:91–95. 11, 50
- Rypstra, A. L., Carter, P. E., Balfour, R. A., y Marshall, S. D. (1999). Architectural features of agricultural habitats and their impact on the spider inhabitants. *Journal of Arachnology*, 27:371–377. 5, 52
- Salazar-Olivo, C. y Solís-Rojas, C. (2015). Araneofauna urbana (Arachnida: Araneae) de Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. *Acta Zoológica Mexicana*, 31(1). 9
- Salgueiro Sepúlveda, F. J. (2013). *Taxonomía y diversidad de la familia theridiidae en encinares del Pico de Orizaba (Araneae: araneoidea)*. Tesis de Maestría, Universidad Nacional Autónoma de México., México, D.F. 12
- Scharff, N., Coddington, J. A., Griswold, C. E., Hormiga, G., y Bjørn, P. d. P. (2003). When to quit? Estimating spider species richness in a northern european deciduous forest. *Journal of Arachnology*, 31(2):246–273. 5
- Schmidt, M. H., Clough, Y., Schulz, W., Westphalen, A., y Tschardt, T. (2006). Capture efficiency and preservation attributes of different fluids in pitfall traps. *Journal of Arachnology*, 34(1):159–162. 49
- Secretaría de Salud (2011). *Diagnóstico y tratamiento de mordeduras por arañas venenosas*. CENETEC, México. 4
- SEGOB (2010). Enciclopedia de los Municipios de México, Estado de México, Chapa de Mota. Disponible en línea en: <http://inafed.gob.mx/work/enciclopedia/EMM15mexico/municipios/15026a.html> Consultado el 10-10-2018. 13
- Selden, P. A. y Penney, D. (2010). Fossil spiders. *Biological Reviews*, 85(1):171–206. 4
- SEMARNAT (2015). Ecosistemas terrestres. En *Informe de la Situación del Medio Ambiente en México*. México. 2
- Shochat, E., Stefanov, W., Whitehouse, M., y Faeth, S. (2004). Urbanization and spider diversity: Influences of human modification of habitat structure and productivity. *Ecological Applications*, 14(1):268–280. 5, 49

- SMN-CONAGUA (2016). Información Climatológica. Disponible en línea en: <http://smn.conagua.gob.mx/es/climatologia/informacion-climatologica> Consultado el 15-09-18. 13
- Swaay, van, C., Strien, van, A., Harpke, A., Fontaine, B., Stefanescu, C., Roy, D., Kühn, E., Ōunap, E., Regan, E., Švitra, G., Prokofev, I., Heliölä, J., Settele, J., Pettersson, L., Botham, M., Musche, M., Titeux, N., Cornish, N., Leopold, P., Goloshchapova, S., Julliard, R., Verovnik, R., Öberg, S., Popov, S., Collins, S., Roth, T., Brereton, T., Warren, M., y European Environment Agency (2013). *The European grassland butterfly indicator: 1990-2011*. Publications Office, Luxembourg. OCLC: 870622663. 1
- Tay Zavala, J., Díaz Sánchez, J. G., Sánchez Vega, J., Castillo Alarcón, L., Ruíz Sánchez, D., y Calderón Romero, L. (2009). Picaduras por alacranes y arañas ponzoñosas de México. *Revista de la Facultad de Medicina*, 47(001). 4
- Topping, C. y Luff, M. (1995). Three factors affecting the pitfall trap catch of Linyphiid spiders (Araneae: Linyphiidae). *Bulletin of the British arachnological Society*, 10(1):35–38. 49
- Topping, C. J. y Sunderland, K. D. (1992). Limitations to the Use of Pitfall Traps in Ecological Studies Exemplified by a Study of Spiders in a Field of Winter Wheat. *The Journal of Applied Ecology*, 29(2):485. 49
- Ubick, D., Paquin, P., Cushing, P., y Roth, V., editores (2005). *Spiders of North America: An Identification Manual*. American Arachnological Society, New York, 1 edición. 7, 21
- Ubick, D., Paquin, P., Cushing, P. E., y Roth, V. D., editores (2017). *Spiders of North America: An identification manual*. American Arachnological Society, Keene, New Hampshire, 2nd ed edición. 17
- Udvardy, M. D. y Papp, C. S. (1969). Dynamic zoogeography. 4
- Uetz, G. W. (1979). The influence of variation in litter habitats on spider communities. *Oecologia*, 40(1):29–42. 50
- Valdez, M. (2017). *Coleópteros epigeos de un sistema agrosilvopastoril establecido en un bosque de encino, en el Estado de México, México*. Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México Facultad de Estudios Superiores Iztacala. 17, 18, 19, 50
- Wheater, C. P., Cullen, W. R., y Bell, J. R. (2000). Spider communities as tools in monitoring reclaimed limestone quarry landforms. *Landscape Ecology*, 15(5):401–406. 5
- Wheeler, Q. D. (2004). Taxonomic triage and the poverty of phylogeny. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 359(1444):571–583. 3, 5
- Wheeler, Q. D. (2008). *The New Taxonomy*. CRC Press. 3, 5
- Whitehouse, M. E. A., Shochat, E., Shachak, M., y Lubin, Y. (2002). The influence of scale and patchiness on spider diversity in a semi-arid environment. *Ecography*, 25(4):395–404. 4

- Willinsky, J. (2005). The unacknowledged convergence of open source, open access, and open science. *First Monday*, 10(8). 6
- Wilson, E. O. (2004). Taxonomy as a fundamental discipline. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 359(1444):739–739. 5
- Wilson, E. O. (2005). Systematics and the future of biology. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(Suppl 1):6520–6521. 3
- Wise, D. H. (1995). *Spiders in ecological webs*. Cambridge University Press. 4
- World Spider Catalog (2019). World Spider Catalog. Version 19.5. Natural History Museum Bern. Disponible en línea en: <https://wsc.nmbe.ch/> Consultado el 26-01-19. 3
- WWF (2018). Living Planet Report - 2018: Aiming Higher. Technical report, WWF, Gland, Switzerland. 1
- Young, O. P. y Edwards, G. B. (1990). Spiders in United States field crops and their potential effect on crop pests. *The Journal of Arachnology*, 18:1–27. 4, 50
- Zuboff, S. (2015). Big other: surveillance capitalism and the prospects of an information civilization. *Journal of Information Technology*, 30(1):75–89. 6