

# Curso R Redbioma - Proyecto final

## Macromicetos asociados al Género *Quercus* en Guatemala

---

Paula Nicolle Zeceña Chenal

### OBJETIVO DEL ANÁLISIS

Determinar la influencia de la estructura y composición de los bosques de *Quercus*, en relación a la abundancia de individuos y riqueza de géneros de macromicetos en Guatemala.

### MÉTODO

Para evaluar la relación entre la abundancia de *Quercus* y la abundancia de individuos y riqueza de géneros de macromicetos, se realizó un Modelo Lineal Generalizado (GLM) con el paquete de datos Ggplot en el programa RStudio. Debido a que los datos no son normales y presentan una distribución de Poisson. Este modelo incorpora efectos fijos y aleatorios. Los efectos fijos son constantes para todos los individuos y en este caso los individuos son representados por la abundancia de individuos o riqueza de géneros de macromicetos y el efecto fijo como la abundancia de individuos de árboles de *Quercus* o No *Quercus*; el efecto aleatorio varía entre individuos y en este caso se tomó la abundancia (número de individuos) de árboles No *Quercus* como este efecto.

### RESULTADOS

La presencia de *Quercus* no influye positivamente en la abundancia de individuos de macromicetos. Cuando la cantidad de individuos de *Quercus* disminuye el número de individuos de macromicetos aumenta. Además, la variabilidad en el número de macromicetos aumenta cuando el número de individuos de *Quercus* disminuye. Y cuando el número de individuos de *Quercus* disminuye la variabilidad de individuos de macromicetos disminuye. Dado el modelo utilizado, la influencia de *Quercus* sobre la abundancia de macromicetos puede llegar a ser nula, ver figura 1.

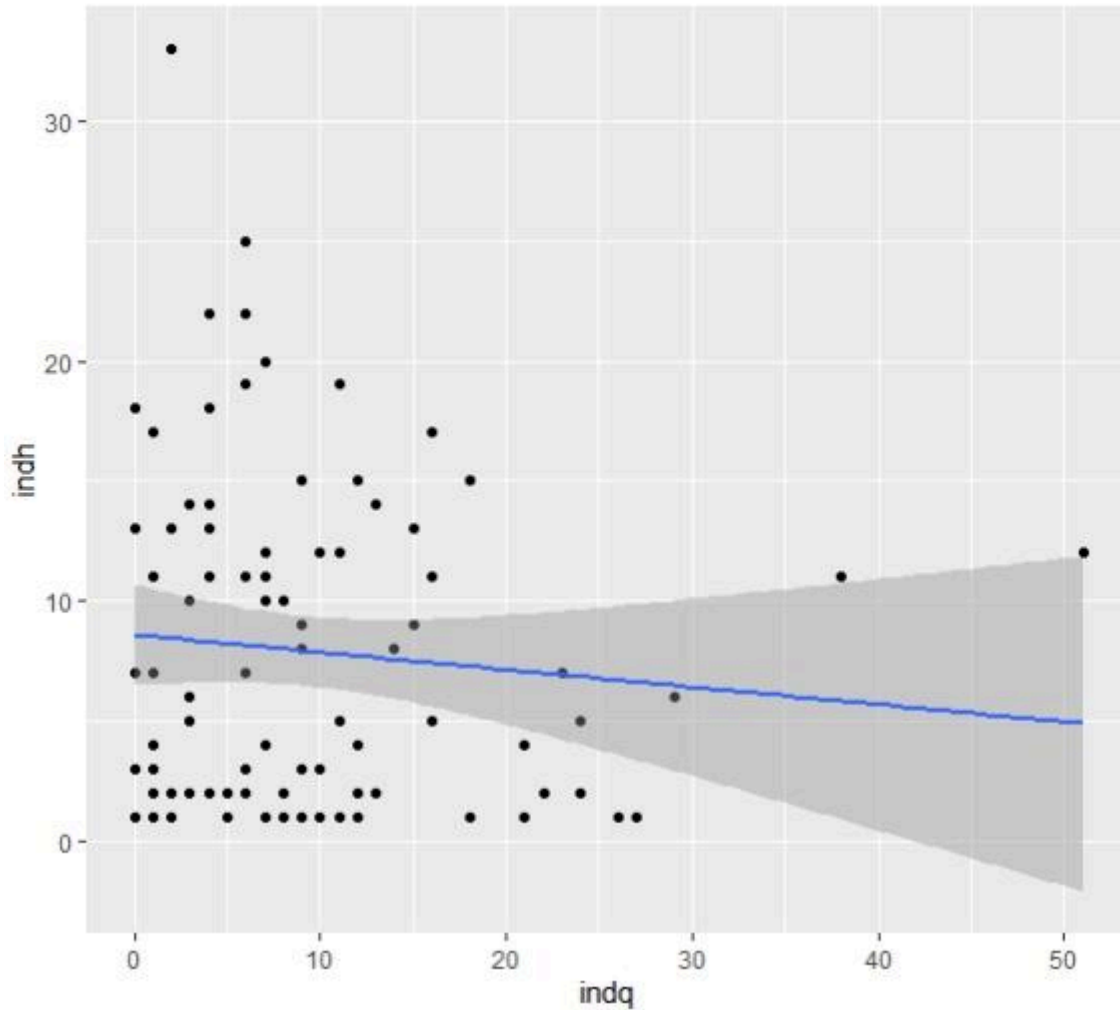


Figura 1. Abundancia de individuos macromicetos y su relación con el número de árboles Quercus.

indq: abundancia de individuos de Quercus; indh: abundancia de individuos de hongos.

La presencia de árboles No Quercus influye positivamente en la abundancia de individuos de macromicetos. A medida que aumenta la cantidad de individuos de árboles no Quercus, también aumenta el número y la variabilidad de individuos de macromicetos. De manera similar, cuando disminuye el número de individuos de árboles no Quercus, disminuye la variabilidad de los macromicetos. Según el modelo utilizado, se interpreta que la influencia de los árboles no Quercus sobre la abundancia de macromicetos es positiva y ascendente, ver figura 2.

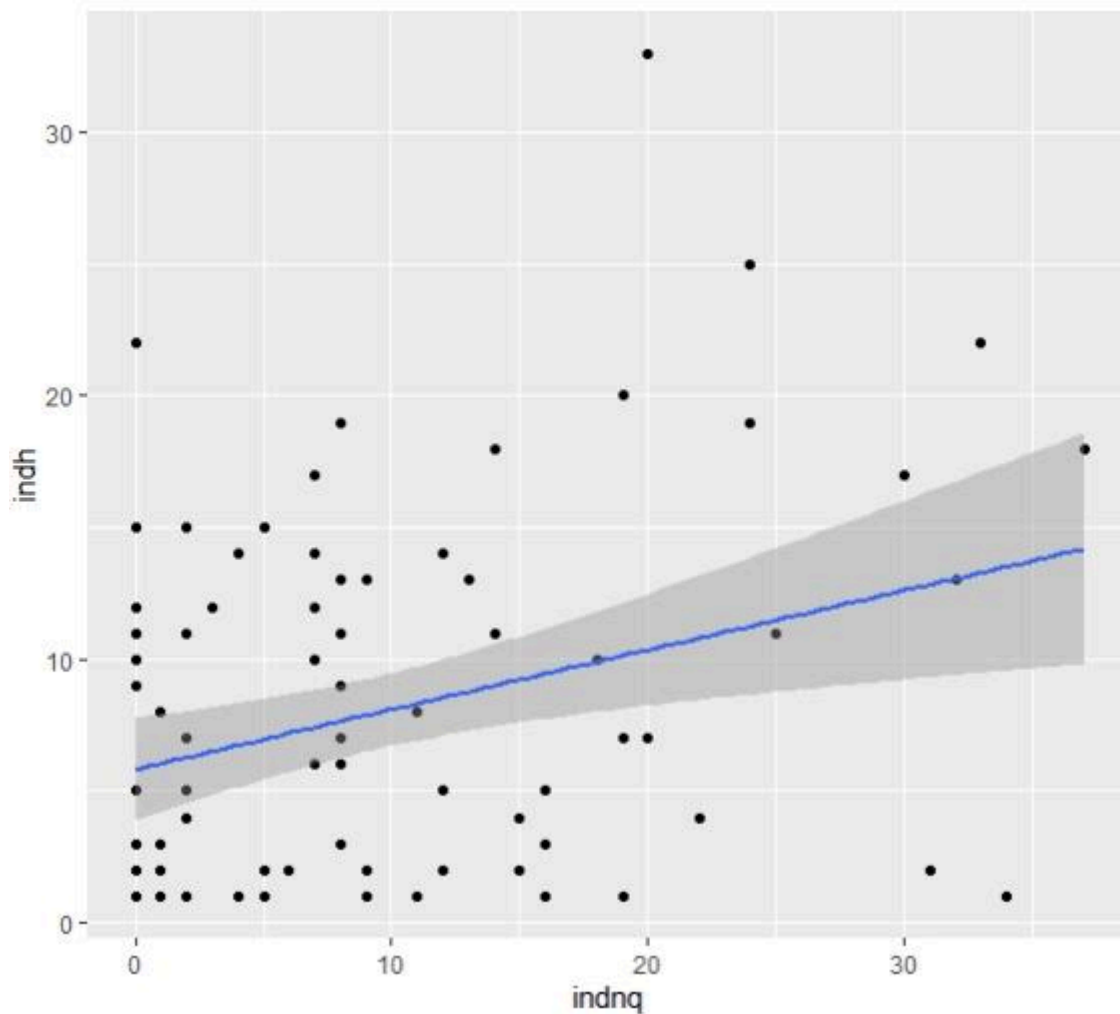


Figura 2. Abundancia de individuos de macromicetos asociados al género Quercus y su relación con el número de árboles No Quercus.

indnq: número de individuos de árboles No Quercus; indh: número de individuos de hongos.

## DISCUSIÓN

Se examinó cómo la abundancia de individuos y riqueza de géneros macromicetos en Guatemala se relacionan con el número de árboles Quercus y No Quercus. La hipótesis postulaba que los bosques de encino (Quercus) crean condiciones ideales para el crecimiento de hongos, favoreciendo así una mayor abundancia y diversidad de individuos y géneros de macromicetos. En contraste, otros tipos de bosques presentan (No Quercus) una menor influencia en el desarrollo de estos organismos. Esperando que la abundancia y diversidad de macromicetos aumente de manera directamente proporcional al número de árboles de Quercus sp. presentes en un área. Por el contrario, en zonas dominadas por otras especies arbóreas, se prevé una disminución en la riqueza y abundancia de estos hongos. Sin embargo, los hallazgos de un Modelo Lineal Generalizado (GLM) no respaldaron esta hipótesis, alineándose con estudios anteriores que proponen que múltiples factores ambientales, no solo una especie arbórea, afectan el desarrollo de los macromicetos. El estudio indicó que factores adicionales, como la cobertura forestal, la presencia de otras especies de árboles y sus microclimas asociados, juegan un papel

importante en el fomento de las condiciones para la presencia y diversidad de macromicetos. Además, las relaciones complejas entre los hongos y las diversas formas de vegetación resaltan la necesidad de un enfoque integral en futuras investigaciones para explorar todos los elementos contribuyentes, como la cobertura arbórea y las condiciones del suelo, al examinar la diversidad de macromicetos en los ecosistemas boscosos. En resumen, si bien la investigación tuvo como objetivo mostrar una relación directa entre los árboles de Quercus y los macromicetos, se encontró que se deben considerar diversos factores ecológicos para una comprensión más completa de la presencia y diversidad de macromicetos.

## ANEXO

```
> library(lme4)
Cargando paquete requerido: Matrix
> library(ggplot2)
> library(lme4)
> library(ggplot2)
> summary (glmm)
Error en h(simpleError(msg, call)):
  error in evaluating the argument 'object' in selecting a method for
function 'summary': objeto 'glmm' no encontrado
> library(readr)
>
> datosinv <- read.csv("C:/Users/pedro_vkxse10/Desktop/Datos inves
rstudio/GMLMIXTO.csv", header = TRUE, sep = ",")
> View(datosinv)
> View(datos)
> View(datosinv)
> datosinv <- read.csv("C:/Users/pedro_vkxse10/Desktop/Datos inves
rstudio/GMLMIXTO.csv", header = TRUE, sep = ";", dec = ",")
> GLMMINV <- glmer(indh ~ indq + indnq (1 | indnq), data = datosinv, family =
poisson)
Error en indnq(1 + indnq): no se pudo encontrar la función "indnq"
> GLMMINV <- glmer(indh ~ indq + indnq + (1 | indnq), data = datosinv, family
= poisson)
>
> sumary (GLMMINV)
Error en sumary(GLMMINV): no se pudo encontrar la función "sumary"
> summary (GLMMINV)
Generalized linear mixed model fit by maximum likelihood (Laplace
Approximation) [glmerMod]
Family: poisson ( log )
Formula: indh ~ indq + indnq + (1 | indnq)
Data: datosinv

            AIC          BIC    logLik deviance df.resid
        681.7         691.6   -336.8   673.7         85

Scaled residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2.7221 -1.4888 -0.4236  0.8430  5.6790

Random effects:
```

```

Groups Name      Variance Std.Dev.
indnq (Intercept) 0.352    0.5933
Number of obs: 89, groups:  indnq, 28

```

Fixed effects:

```

          Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) 1.649970   0.229948   7.175 7.21e-13 ***
indq         0.002093   0.005609   0.373   0.709
indnq        0.022691   0.011527   1.968   0.049 *
---

```

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Correlation of Fixed Effects:

```

      (Intr) indq
indq  -0.365
indnq -0.817  0.204

```

```

> library(ggplot2)
> ggplot(datos, aes(x = indq, y = indh)) +
+   geom_point() +
+   geom_smooth(method = "lm")
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'

```

Avisos:

1: Removed 990 rows containing non-finite outside the scale range  
(`stat\_smooth()`).

2: Removed 990 rows containing missing values or values outside the scale  
range

(`geom\_point()`).

```

> library(ggplot2)
> ggplot(datos, aes(x = indq, y = indh), xlab = "Densidad arborea de Quercus
(árboles/Ha", ylab = "Abundancia de géneros de macromicetos") +
+   geom_point() +
+   geom_smooth(method = "lm")
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'

```

Avisos:

1: Removed 990 rows containing non-finite outside the scale range  
(`stat\_smooth()`).

2: Removed 990 rows containing missing values or values outside the scale  
range

(`geom\_point()`).

```

> ggplot(datos, aes(x = indnq, y = indh)) +
+   +   geom_point() +
+   +   geom_smooth(method = "lm")

```

**Error in `+.gg`:**

! Cannot use `+` with a single argument.

i Did you accidentally put `+` on a new line?

Run `rlang::last_trace()` to see where the error occurred.

```

> ggplot(datos, aes(x = indnq, y = indh)) + geom_point() + geom_smooth(method
= "lm")
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'

```

Avisos:

1: Removed 990 rows containing non-finite outside the scale range  
(`stat\_smooth()`).

2: Removed 990 rows containing missing values or values outside the scale range  
(`geom\_point()`)