

## Tarea 8.2

Juan Soto

09-05-2020

El presente markdown muestra los resultados del análisis ecológico sobre un archivo .biom obtenido por AMPtk. Se procederá a comparar la comunidad de hongos presentes en muestras de suelo rizosférico recolectados en sitios de bosque nativo (N) y mixto (M) de Quercus (Q) y de Juniperus (J).

En primer lugar se cargan las librerías y se importan los datos

```
library(vegan)
```

```
## Loading required package: permute
```

```
## Loading required package: lattice
```

```
## This is vegan 2.5-6
```

```
library(phyloseq)  
library(ggplot2)  
suelo <- import_biom("taxonomy.biom")
```

Luego se procede a cambiar los nombres de las columnas a tabla de taxonomía para indicar nivel taxonómico adecuado, facilitando el análisis e interpretación de los datos

```
colnames(tax_table(suelo)) <- c("Dominio", "Phylum", "Clase", "Orden", "Familia",  
                                "Genero", "Especie")
```

Posteriormente se procedió a transformar la matriz de datos de datos (cantidad de reads por OTU) a matriz de ausencia/presencia

```
otu_table(suelo) <- decostand(otu_table(suelo), method = "pa")
```

Luego, se graficó la abundancia por phylum por tratamiento (nativo/mixto) y hospedero (Juniperus y Quercus)

```
p <- plot_bar(suelo, "Host", fill = "Phylum") + geom_bar(aes(col=Phylum, fill = Phylum),  
  stat = "identity", position = "stack")  
p + facet_wrap("Treatment")
```

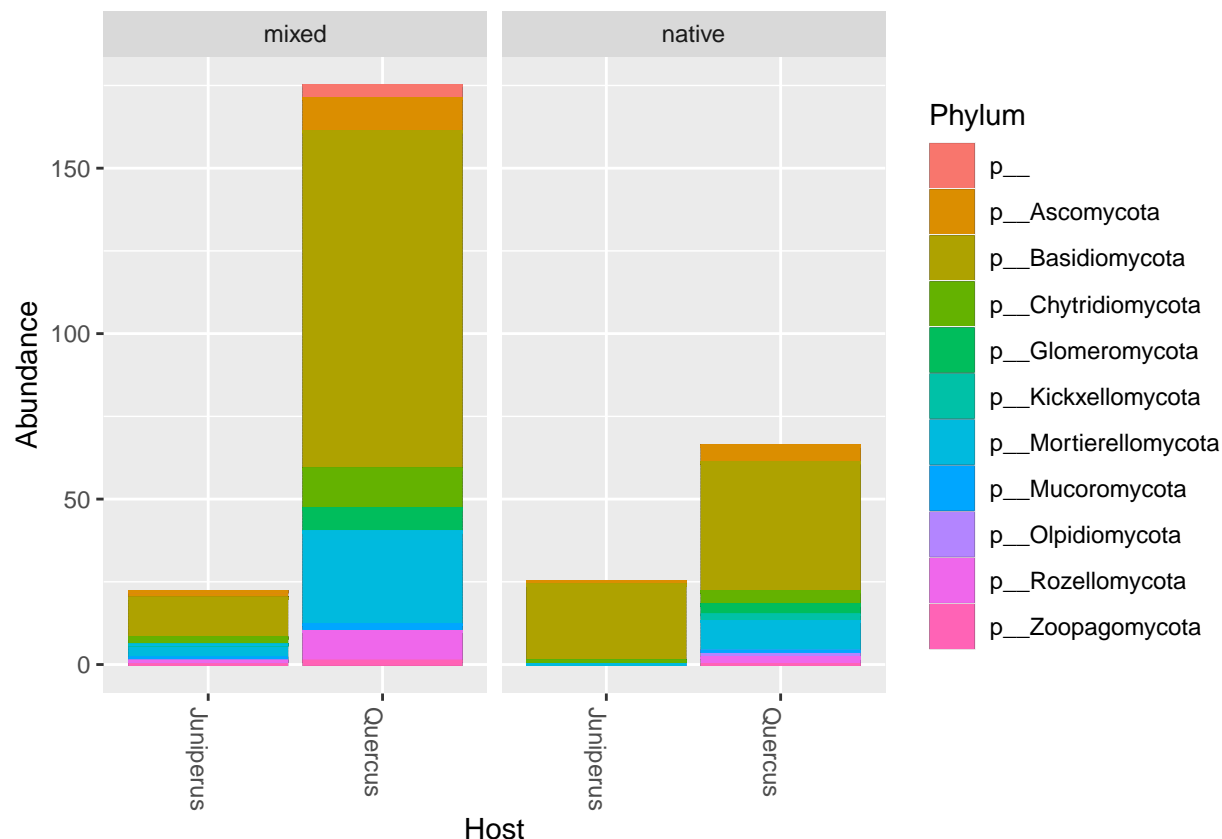


Figura 1. Gráfico de Barras de la abundancia a nivel de Phylum en los hospederos y tratamientos.

Posteriormente se calculó la diversidad alfa por muestra utilizando los índices de diversidad Observed y Fisher por muestra y fueron añadidos a la tabla de datos.

```
diversidad <- estimate_richness(suelo, measures = c("Observed", "Fisher"))
data <- cbind(sample_data(suelo), diversidad)
```

Para observar si hay diferencias significativas de diversidad Observed entre tratamientos y entre hospederos se realizó un análisis de varianza anova a dos vías.

```
anovadata <- aov(Observed ~ Host * Treatment, data = data)
summary(anovadata)
```

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value  Pr(>F)
## Host       1 1984.5   1984.5   33.755 0.00437 **
## Treatment  1   722.9    722.9   12.295 0.02475 *
## Host:Treatment 1   107.4    107.4    1.827 0.24781
## Residuals  4    235.2     58.8
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Se observa que no se detectaron diferencias significativas de diversidad alfa entre hospederos ni tratamiento.

Finalmente se analiza la diversidad beta de las muestras, para poder comparar la composición comunitaria entre hospederos y tratamientos, primero se realiza una matriz de distancia utilizando la distancia de Raup-Crick, distancia que se muestra gráficamente en un NMDS.

```

raup <- distance(suelo, method = "raup")
NMDS <- ordinate(suelo, method = "NMDS", color = "Host", shape = "Treatment", distance = raup)

```

```

## Run 0 stress 0.1091064
## Run 1 stress 0.1091216
## ... Procrustes: rmse 0.003740072  max resid 0.007043595
## ... Similar to previous best
## Run 2 stress 0.1896128
## Run 3 stress 0.2622145
## Run 4 stress 0.2854343
## Run 5 stress 0.2067712
## Run 6 stress 0.1016528
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.09024654  max resid 0.1576564
## Run 7 stress 0.1450053
## Run 8 stress 0.154154
## Run 9 stress 0.1519902
## Run 10 stress 0.1838816
## Run 11 stress 0.1614851
## Run 12 stress 0.1519902
## Run 13 stress 0.1450053
## Run 14 stress 0.2401516
## Run 15 stress 0.1016523
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.0002317289  max resid 0.0004034549
## ... Similar to previous best
## Run 16 stress 0.1016524
## ... Procrustes: rmse 0.0001290256  max resid 0.0001821924
## ... Similar to previous best
## Run 17 stress 0.2165932
## Run 18 stress 0.1541324
## Run 19 stress 0.1016523
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.0002829689  max resid 0.0004047364
## ... Similar to previous best
## Run 20 stress 0.1016522
## ... New best solution
## ... Procrustes: rmse 0.000139819  max resid 0.0002107293
## ... Similar to previous best
## *** Solution reached

```

```

plot_ordination(suelo, NMDS, color = "Host") + geom_point(size = 3) +
  facet_wrap(~Treatment) + theme_bw()

```

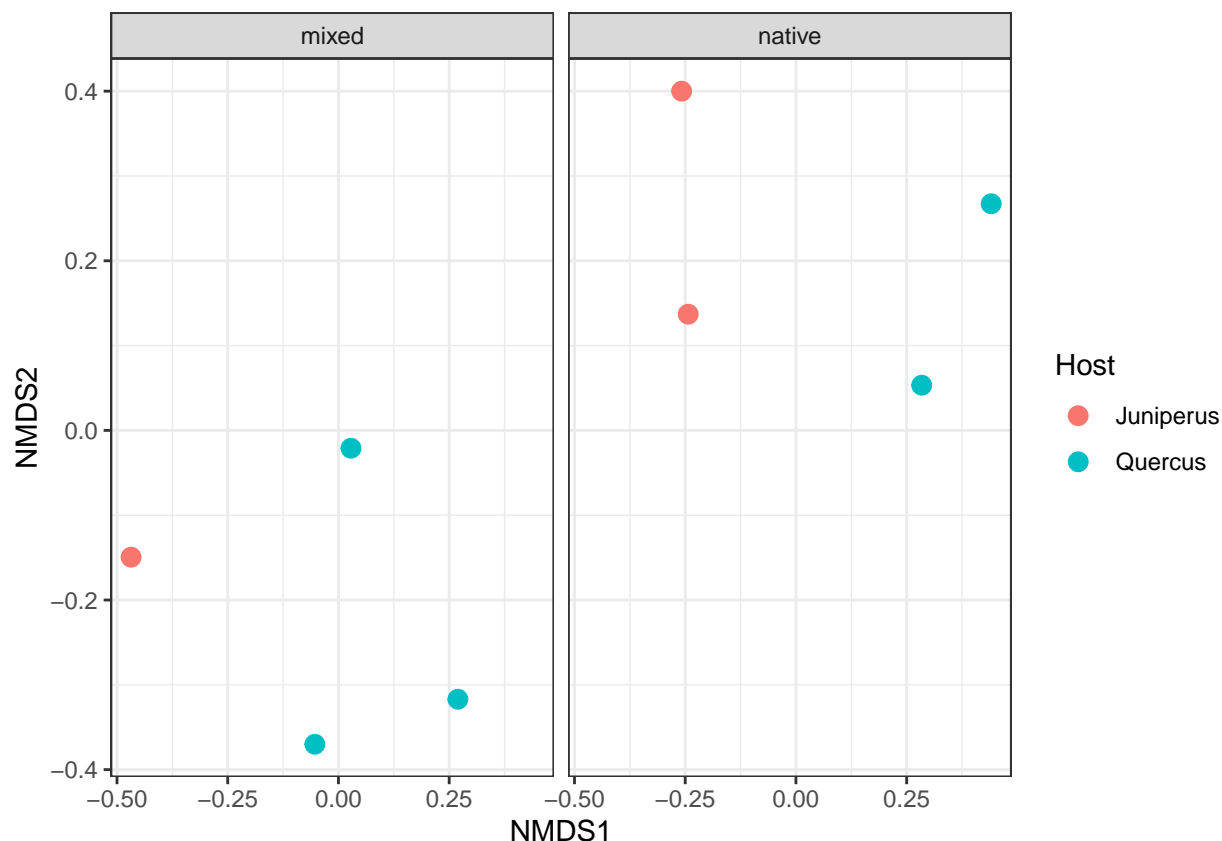


Figura 2. Análisis NMDS de la composición comunitaria de hongos entre los hospederos y los tratamientos.

En el gráfico NMDS se observa que para cada tratamiento los tipos de hospedero forman grupos discretos, separando claramente ambos tipos de hospederos en función de su diversidad beta o en su composición comunitaria. Esto se puede corroborar realizando un test de adonis de la composición por hospedero y tratamiento. En el análisis Adonis se observa que efectivamente hay diferencias significativas de la composición comunitaria entre hospederos ( $p\text{-value} = 0,029$ ) y además entre los tratamientos ( $p\text{-value} = 0,017$ ) con un nivel de significancia de 0,05.

```
adonis(raup~Host*Treatment, data=data)
```

```
##
## Call:
## adonis(formula = raup ~ Host * Treatment, data = data)
##
## Permutation: free
## Number of permutations: 999
##
## Terms added sequentially (first to last)
##
##          Df SumsOfSqs MeanSqs F.Model    R2 Pr(>F)
## Host      1  0.88377 0.88377  5.2444 0.35184 0.007 **
## Treatment 1  0.56001 0.56001  3.3232 0.22295 0.016 *
## Host:Treatment 1 0.39403 0.39403  2.3382 0.15687 0.066 .
## Residuals  4  0.67406 0.16852          0.26835
## Total      7  2.51187          1.00000
```

```
## ---  
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```