



## Taller Ecología en R

Electiva Ecología de Insectos  
Programa de Biología  
Universidad del Quindío

Este taller tiene como finalidad dar las bases necesarias para el contenido que se verá en la clase del próximo jueves 17 de noviembre de 3 a 6 pm. Previamente los alumnos deben de tener instalado los programa R y RStudio en su computadora, si aún no está instalado por favor de revisar el siguiente enlace para obtener más información sobre su instalación.



Además, los alumnos deben de tener instalado el programa *Rtools*, el cual contiene herramientas de Windows para la compilación de paquetes R desde el código fuente. Algunos paquetes **NO** se instalarán correctamente en Windows por necesitar algunos requisitos adicionales para su compilación, por lo que se recomienda que se instale la última versión.



Una vez descargado el fichero, la instalación será muy parecida a la de R.

### 1. Ejercicio

En un estudio en una zona del departamento del Quindío se realizó el muestreo de escarabajos coprófagos en tres bosques con el fin de establecer cuál era el bosque que requería mayor atención por parte de la gobernación para su intervención, ya que este grupo de insectos *“son altamente sensibles a procesos de disturbios como fragmentación y transformación de los bosques, y de igual manera, pueden servir para monitorear y evaluar el éxito de los procesos de restauración”*.

Así, se establecieron 9 sitios de muestreo por cada bosque para tener un total de 27 muestras. Se colectaron un total de 1492 individuos de escarabajos coprófagos, los cuales fueron



identificados y almacenados en una colección biológica. La base de datos “*Especies.csv*” se compone del listado de especies colectadas en cada uno de los 03 sitios muestreados por cada bosque estudiado. La base de datos puede ser descargada en el siguiente enlace.

**DOWNLOAD**



## a. Análisis

Para empezar con el análisis de nuestros datos, debemos cargar la base en el R. Si no conoces la forma de cargar bases de datos con sus distintos formatos, ingresa en el siguiente enlace para aprender a hacerlo.



Para cargarla vamos a utilizar la función `read.csv()`, teniendo en cuenta de dejar los nombres de nuestras variables y guardando los datos en la variable llamada “*base*”.

```
base <- read.csv(choose.file(), header = TRUE)
```

Para dar un primer vistazo de nuestros datos y ver posibles errores vamos a utilizar la función `View()`, esta función abrirá una nueva pestaña donde podremos observar nuestras variables con sus respectivos registros. Como podemos observar las especies están organizadas en columnas y los lugares de muestreo en las filas.

Ahora conoceremos cuántas especies, cuántos sitios registros en todo el estudio y el tipo de datos de cada variable, para ello utilizaremos la función `str()` para conocer las dimensiones de nuestra base de datos y por tanto el total de muestras y especies registradas.

```
str(base)
```





Ahora reconoceremos que nuestras muestras tengan la misma cantidad de datos, esto para poder hacer comparaciones más eficaces entre los sitios, para ello podemos hacer uso de la función `count()`, para conocer las especies que fueron identificadas en el estudio.

```
base %>% count(Sitio, sort = TRUE)
```

Estos pasos que realizamos anteriormente son cruciales para poder conocer nuestros datos y poder hacer algunas inferencias sobre su comportamiento, ver que datos nos pueden servir o cuales debemos remover. Antes de realizar análisis estadísticos o ecológicos que veremos próximamente, podemos ir viendo todos estos códigos para poder entender el funcionamiento de R y sus códigos.

En la carpeta de R Ecología del repositorio de R Biólogos en GitHub, encontrarás los scripts y bases de datos necesarias para la clase, donde aprenderás los pasos necesarios para ejecutar bien nuestros códigos. El enlace del repositorio lo encuentras en el siguiente enlace



Además, te compartimos algunas lecturas para que puedas entender mejor el funcionamiento del código

