



Universidad Nacional Experimental del Táchira

Vicerectorado Académico

Decanato de Docencia

Departamento de Ingeniería en Informática

Trabajo de aplicación profesional

Proyecto especial de grado

PAQUETE EN LENGUAJE R, PARA LA SIMULACION DEL MODELO MOMOS

Autor: Ghabriel Villarreal

C.I.:22.676.954

ghabriel.villarreal@unet.edu.ve

Tutor(es): Rossana Timaure

rttg@unet.edu.ve

San Cristóbal, Septiembre de 2019

---

# Capítulo 1

## Preliminares

### 1.1. Planteamiento y formulación del problema

La materia orgánica estable del suelo (MOS) se caracteriza por ser el resultado del proceso de descomposición de los residuos de animales y vegetales, los cuales estos varían en proporción y estado. Estos residuos son sustancias que contribuyen a la fertilidad del suelo, por lo que, la MOS, viene a ser uno de los factores de importancia que determina localización de un suelo.

La descomposición de la materia orgánica es un proceso biológico que ocurre naturalmente, por efecto de diferentes grupos de organismos, entre los cuales destacan los microorganismos del suelo, que permiten transformar los diferentes residuos, en nutrientes básicos y energía. Siendo que una de las funciones MOS es actuar como depósito de carbono, permite que exista en el suelo más del doble del carbono contenido en la atmósfera, por lo que los cambios que experimente está, pueden tener un impacto en el equilibrio global, y por lo tanto un efecto sobre las condiciones climáticas del planeta, al ser considerado el carbono que sale como  $\text{CO}_2$  uno de los gases que contribuyen al efecto invernadero del planeta y al cambio climático (IPCC, 2000).

En la actualidad, se reporta un incremento en el cambio climático por efecto del impacto antropogénico, el cual se observa en el aumento de la temperatura en diferentes regiones, y como efecto de retroalimentación la temperatura influye sobre el proceso de descomposición y por lo tanto en el almacenamiento de carbono en el suelo y en la vegetación (Andriulo, 2006), todo esto muestra que el suelo es un compartimiento complejo debido a todas las interrelaciones que existen en el mismo.

Por lo que la comprensión de los diferentes procesos y transformaciones que ocurren en el sue-

lo, son de gran importancia, sin embargo la cantidad de información que puede ser recolectada, así como la variabilidad en la misma, constituyen un desafío en sí, lo que hace utilizar herramientas tecnológicas que permitan el manejo de la información obtenida, es por ello que existe una gran cantidad de modelos que simulan y describen los procesos de la descomposición de la MOS, y los cuales pueden o están siendo acoplados a modelos de pronósticos a nivel global. de igual manera estos modelos están evolucionando, en la búsqueda de una mejor comprensión de los diversos procesos físico, químicos y biológicos [Larionova et al., 2007; Lomander et al., 1998].

Existen una gran cantidad de modelos que estudian la MOS, muchos de los cuales están desarrollados sobre plataformas propias, lo cual no permite el proceso de enseñanza-aprendizaje, así como, de investigación en el desarrollo de mejoras al mismo por otros investigadores. por otra parte, existen herramientas en donde se han desarrollado de manera práctica modelos, como por ejemplo el modelo MOMOS (Materia Organica y MicroOrganismos del Suelo), el cual ha sido calibrado y validado con datos e información de un estudio en un gradiente altitudinal tropical [Pansu et al., 2010, 2014] mostrando buenos resultados en las diferentes evaluaciones, este mismo modelo ha sido evaluado, encontrando una propuesta de evolución del mismos (Valery, 2018). Sin embargo, las investigaciones antes mencionadas, presenta la desventaja de haber sido desarrolladas en un software de simulación privativo llamado Vensim creado por Ventana Systems, Inc. para la construcción de modelos de sistemas dinámicos, limitado a funciones desarrolladas por dicha empresa, lo que no permite ampliar la investigación en otros aspectos de interés sin la necesidad de acudir a otros softwares externos.

De igual manera, el grupo de Investigación en Biotecnología Agrícola y Ambiental (GIBAA) de la UNET, ha desarrollados diversos planteamientos de modelos bajo este software, por lo que se propone el uso de la herramienta para el análisis estadístico y gráfica llamado R, el cual es un ambiente de programación formado por un conjunto de herramientas muy flexibles que pueden ampliarse fácilmente mediante paquetes, librerías o definiendo nuestras propias funciones. Además, es gratuito y de código abierto. Cualquier usuario puede descargar y crear su código de manera gratuita, sin restricciones de uso, la única regla es que la distribución siempre sea libre (GPL). Gracias a que puede accederse libremente a su código, R no tiene limitadas sus funciones, al contrario de lo que sucede con otras herramientas comerciales.

El planteamiento general consiste en utilizar el modelo MOMOS planteado por Valery (2018) e implementarlo en R, permitiendo la comparación de los resultados obtenidos en Vensim (Valery, 2018) y por el paquete a desarrollar. Buscando como resultado la versatilidad a los investigadores

interesados de poder trabajar sobre un ambiente que puedan manejar y modificar en las diferentes necesidades de trabajo.

## 1.2. Objetivos

### 1.2.1. Objetivo General

Desarrollar un paquete en el lenguaje R que implemente el modelo MOMOS

### 1.2.2. Objetivos Específicos

- Estudiar la Estructura del modelo MOMOS
- Crear la funciones primarias en el lenguaje R para implementar el modelo MOMOS
- Realizar las pruebas estándar y funcionales del paquete creado en el lenguaje R

## 1.3. Justificación e Importancia

En las ciencias agronómicas y áreas afines, en la última década, se han utilizado una serie de herramientas que permiten mejorar los procesos de producción, así como del manejo de los recursos, entre las mismas, se encuentran los modelos dinámicos de simulación los cuales logran mostrar una representación lo más cercana a la realidad, generando una mejor entendimiento de los procesos en los ecosistemas y agroecosistemas.

## 1.4. Alcance y Limitaciones

El paquete a desarrollar en el lenguaje R permitirá ajustar y simular el modelo MOMOS, el resultado obtenido se comparara con los obtenidos por Valery (2018) en el cual uso el programa VENSIM para simular el mismo modelo.

---

# Capítulo 2

## Fundamentos Teóricos

### 2.1. Antecedentes

Contreras (2018) construyó: “DimBio, Paquete en lenguaje R para la discriminación de modelos de simulación dinámicos para procesos biológicos.”, en este trabajo se expone de forma detallada la realización de un paquete en lenguaje R, para la discriminación de modelos de simulación dinámicos para procesos biológicos, para unificar los estadísticos que evalúan el desempeño de los modelos dinámicos, mediante el cálculo para discriminación de estadísticos univariantes y multivariantes utilizados para encontrar un modelo adecuado o que mejor se ajustará al proceso de estudio basado en modelos.

La investigación fue de relevancia para este trabajo de grado, ya que en ella crearon un paquete en R, y utilizaron modelos de simulación dinámicos.

Darghan (2018) realizó: “CGR, Paquete en lenguaje R, para el cálculo de índices fisiológicos de crecimiento y componentes del rendimiento en plantas.” trabajo en el cual se empleó el desarrollo del paquete CGR cuyo interés radicó en el cálculo de aquellos índices que dependen de la primera derivada de la forma funcional ajustada al modelo de crecimiento de las plantas, también permite el cálculo de índices instantáneos en cualquier punto de interés por el usuario dentro de la región experimental o dentro del dominio de la función ajustada.

La investigación citada fue tomada como referencia, puesto que realizó cálculos de índices para evaluar el comportamiento de ciertas variables en procesos biológicos, en este caso, el crecimiento. Lo cual está vinculado al contexto biológico de los datos que fueron evaluados por el paquete que

se desarrolló.

Ablan (2011) construyó: “Una librería en R para validación de modelos de simulación”, en este trabajo se manejaron métodos para la validación de modelos de simulación continua para evaluar la calidad del modelo comparando los resultados de series temporales de datos reales con los resultados o salidas obtenidos de una simulación para el mismo lapso temporal, en el cual se utilizaron los criterios o índices de validación que pueden ser usados para la comparación de datos y resultados de un modelo, los cuales fueron: el error cuadrático medio, el estadísticos de Theil, el error absoluto medio, el índice de acuerdo de Willmott, la eficiencia del modelo de Nash Sutcliffe, el coeficiente de correlación de Pearson, el coeficiente de determinación, la prueba F, la prueba t pareada, el estadístico Hotelling T2, el criterio de información de Akaike y la inferencia bayesiana. Con estos criterios o índices se creó una librería del programa estadístico R que permitió el uso de estos índices para la validación de modelos de simulación.

La investigación fue importante en este trabajo de grado, ya que en ella crearon una librería de R, y utilizaron métodos estadísticos para respuesta univariante que son utilizados para la comparación de datos reales con datos de modelos de simulación.

## 2.2. Bases Teóricas

## 2.3. Modelos

En la actualidad el avance de la tecnología, permite que para el estudio de sistemas biológicos, los modelos de simulación sean una herramienta que ayuda en el manejo de la información, así como la evaluación y planificación de manejos y diseño de experimentos.

Existe una gran cantidad de modelos biológicos, los cuales están relacionados con diversos procesos en los ecosistemas o agroecosistemas. Entre estos se pueden observar modelos teóricos, diagramáticos o matemáticos. “Estos modelos han venido evolucionando desde la última década, buscando entender los procesos que permiten el almacenamiento o la pérdida del del suelo.” (Manzoni, 2009).

El uso de modelos en el área ecológica puede estar enfocado en diversos objetivos, entre los

que se pueden destacar: la representación de diversas variables de estudio y sus tasas de cambio; la descripción de ecosistemas y los procesos temporales y/o espaciales de los mismos; evaluar las condiciones pasadas y predecir el comportamiento futuro de los ecosistemas en estudio; poner a prueba teorías o hipótesis sobre la estructura y el funcionamiento de los ecosistemas (Blanco, 2013).

Dentro del grupo de modelos que estudian las transformaciones de la materia orgánica del suelo (MOS), se presentan características similares entre ellos, tales como, estar conformados por compartimientos, que representan a los diferentes compuestos químicos o biológicos, también se pueden diferenciar, por el número de compartimientos que poseen, que pueden ir desde 2 hasta 200 compartimientos. Sin embargo, "debe tenerse en cuenta un equilibrio entre el detalle y la comprensión de la información, para no perder el sentido de la modelización y poder realizar simulaciones y predicciones acordes a la realidad" (Blagodatsky 1998; Bruun 2003; Kirschbaum 2002; Zhang 2008).

La literatura presenta el interés que existe por los modelos que tienen que ver con las transformaciones de la MOS, muestra de esto es la gran cantidad de modelos que son referenciados en el registro de modelos ecológicos (REM <http://ecobas.org>), donde se presenta la información de cerca de 684 modelos.

Según lo presentado por Haefner (2005), sobre la importancia de los modelos y su potencial para el estudio de sistemas naturales, se tiene que mediante los mismos se puede lograr:

1. Sintetizar, manejar y unificar una gran cantidad de información en forma de ecuaciones y sus relaciones, permitiendo entender y explicar el comportamiento de los sistemas biológicos.
2. Analizar el funcionamiento del sistema para predecir el comportamiento futuro, bajo las condiciones naturales o con intervención de manejo.

"Los modelos de simulación plantean un esquema básico de trabajo, el cual es fundamentado en tres etapas generales" (Haefner, 2005; Liu 2005), las cuales pueden ser descritas de la siguiente manera:

- 1.- Conceptualización. Conocer en gran medida la realidad que se trata de modelizar, ser capaces de representar lógicamente y de manera conceptual el problema.

2.- Formalización. establecer correctamente las relaciones entre los elementos que conforman el sistema en estudio, de forma que sean comprensibles, lo que permite construir un diagrama de estas relaciones y posteriormente representarlo mediante un diagrama de *Forrester*.

3.- Evaluación. Establecer la forma en que debe ser el procedimiento de resolución a emplear, y la manera de interpretarlo correctamente

Las etapas de conceptualización y formalización se basan en toda la información de décadas pasadas, sin embargo, el proceso de evaluación presenta diversos problemas, entre los que destacan la recolección de información con características confiables que sea representativa de los sistemas y validar los resultados obtenidos por el modelo con los obtenidos experimentalmente mediante un análisis estadístico inferencial.

### 2.3.1. Lenguaje R.

R es un conjunto integrado de *software* de código abierto para el almacenamiento, manipulación, cálculo y visualización de datos para computación y graficación estadística, puede ser compilado y ejecutado en Windows, Mac OS X y otras plataformas UNIX (como Linux), se distribuye usualmente en formato binario (<https://www.r-project.org/about.html>, 2018). El proyecto de *software* R fue iniciado por Robert Gentleman y Ross Ihaka. El lenguaje fue influenciado por lenguaje S desarrollado originalmente en Bell Laboratories por John Chambers y sus colegas. Desde entonces ha evolucionado para el cálculo estadístico asociado a diversas disciplinas para contextos académicos y comerciales. En R, la unidad fundamental de código compartible es el paquete, el cual agrupa código, datos, documentación y pruebas, y resulta simple de compartir con otros. Para enero del 2015 ya habían más de 6.000 paquetes disponibles en la Red Integral de Archivos de R, conocido comúnmente por su acrónimo CRAN, el cual es el repositorio de paquetes. Esta gran variedad de paquetes es una de las razones por las cuales R es tan exitoso, pues es probable que algún investigador o académico, ya haya resuelto un problema en su propio campo usando esta herramienta, por lo que otros usuarios simplemente podrán recurrir a ella para su uso directo o para llamarla en un nuevo código (Wickham, 2015).



### 2.3.2. RStudio.

RStudio es un ambiente de desarrollo integrado (*Integrated Development Environment*, IDE) que ofrece herramientas de desarrollo vía consola, editor de sintaxis que apoya la ejecución de código, así como herramientas para el trazado, la depuración y la gestión del espacio de trabajo. RStudio está disponible para Windows, Mac y Linux o para navegadores conectados a RStudio Server o RStudio Server Pro (Debian / Ubuntu, RedHat / CentOS, y SUSE Linux) (<https://www.rstudio.com/about/>, 2018)

### 2.3.3. Estructura de paquetes en R/RStudio.

La estructura de un paquete en R cuenta con al menos los cuatro ítems siguientes:

1. **DESCRIPTION:** En este componente se encuentra la metadata del paquete. La tarea del archivo Description es de gran importancia, ya que es en donde se registra la metadata, las dependencias que utiliza el paquete, la licencia y el soporte en caso de ocurrir errores con el mismo.

La estructura mínima para realizar un DESCRIPTION de un paquete en R es la siguiente:

- Package: mypackage
  - Title: What The Package Does (one line, title case required)
  - Version: 0.1
  - Authors@R: person("First", "Last", email = "first.last@example.com",
  - role = c("aut", "cre"))
  - Description: What the package does (one paragraph)
  - Depends: R (*i*= 3.1.0)
  - License: What license is it under?
  - LazyData: true
2. **R/Directorio:** Dirección del repositorio donde se encuentra el código del paquete, es decir los ".R" archivos. Se exponen las buenas prácticas a la hora de realizar todo el código en R, desde organización de las funciones, estilos de código, comentarios y nombre de variables.

- Organizar funciones en R: Aunque se puede organizar los archivos como se desee, los dos extremos son malos, no colocar todas las funciones en el mismo archivo y no crear un archivo para cada función, aunque si una función es muy grande o tiene mucha documentación se puede dar el caso. Los nombres de los archivos tienen que ser significativo y deben de terminar en R. Se puede recomendar de acuerdo al número de funciones utilizar prefijo.
- Nombres de objetos: Los nombres de las variables y funciones deben de ser en minúsculas, usar el guión bajo ( \_ ) para separar palabras. En lo posible no debe usarse nombres de variables existentes, esto causará confusión.
- Comentarios: Para comentar el código, se comienza con #, los comentarios deben de explicar el porqué, no el que. Se usan los caracteres (-) y (=) para separar líneas.
- Estilos de código: Existe diferencia entre el código utilizado en *scripts* y paquetes: en un *script*, el código se ejecuta cuando se carga, mientras en un paquete el código se ejecuta cuando se genera. Esto significa que el código de paquetes solo debe crear objetos, a continuación se ampliam estas importantes diferencias:
  - Cargando código: Cuando se carga un *script* el código se ejecuta de una vez, el procedimiento es diferente en un paquete, porque es cargado en dos pasos, el primero, cuando se construye el paquete todo el código se ejecuta en R/ y su resultado es guardado, el otro paso es cuando se carga un paquete, con *library()* o *require()*, los resultados almacenados en la caché están dispuestos para su uso.
  - The R landscape: Hay también diferencia en un *script* y un paquete, por lo tanto hay que prestar atención a R *landscape*, incluyendo las funciones, objetos y todas las variables globales.

#### Recomendaciones:

- No se suele utilizar *library()* o *require()*. Estos modifican la ruta de búsqueda, lo que afecta las funciones disponibles del entorno global. Es mejor usar la descripción para especificar los requisitos de un paquete.
- Nunca emplear *source()* para cargar el código de un archivo. Ya que *source()* modifica el entorno actual, insertando los resultados de ejecutar el código. En cambio, usando el *devtools::load\_all()* automáticamente se generarán todos los archivos en R.

3. **Man/Documentación:** La documentación es uno de los aspectos más importantes de un buen paquete. Sin ella, los usuarios no sabrán cómo usar un paquete y además ayudan a recordar que realizan sus funciones para el futuro.

R proporciona una forma estándar de documentar los objetos en un paquete: Se escriben archivos .Rd en el directorio “man”. Éstos tilizan LaTeX, y se procesan en HTML, texto plano y pdf para su visualización. En lugar de escribir estos archivos a mano, se emplea “roxygen2”, que convierte los comentarios especialmente formateados en archivos “.Rd”, el objetivo de roxygen2 es hacer que documentar el código sea lo más fácil posible.

Los comentarios roxygen utilizan # si se utilizan para distinguir de los comentarios regulares.

Para documentar funciones se utilizan generalmete 3 etiquetas que son:

- @param: donde se describe los parámetros de entrada de la función
- @examples: donde se muestra un ejemplo funcional de la función ya que R CMD chequea que sea correcto
- @return: especifica lo que retorna la función siempre que sea necesario

Para documentar el paquete se recomienda utilizar roxygen con la etiquetas @docType package y @name (nombre del paquete) también se puede utiliza la etiqueta @section que permite ser específicos al momento de documentar.

Documentación de clases, genéricos y métodos:

- S3: La clase S3 no tiene definición formal así que documenta la función constructora. No se necesita documentar métodos simples pero si el método es complicado o incluye argumentos adicionales se debe de documentar.
- S4: La clase S4 utiliza roxygen para realizar la documentación, los S4 también son funciones así que se deben documentar como tal, la diferencia con S3 es que todos los métodos deben documentarse. A menudo el código S4 necesita ejecutarse en cierto orden, por ejemplo, para definir los métodos “setMethod(“foo”, c(“bar”, “baz”), ...)” se deben haber creado antes el “foo” genérico y las 2 clases.
- RC: Las clases RC de referencia son diferentes a S3 y S4 porque los métodos están asociados con clases, no con genéricos. La “docstring” es una cadena colocada dentro de la definición del método que describe brevemente lo que hace. Esto hace que documentar RC sea más simple que S4 porque solo se necesita un bloque de roxygen por clase.

4. **NAMESPACE:** Especifica que objetos conforman el paquete. Se utiliza para proporcionar espacios a los nombres como su nombre lo indica, es utilizado para interactuar con los paquetes y sus variables del CRAN de R.

### 2.3.4. Glosario

**Crecimiento** : Aumento en un atributo medido,  $x$ , de un órgano u organismo, como una función del tiempo,  $t$ ;  $x = f(t)$ .

**Lenguaje R** : R es un entorno y lenguaje de programación con un enfoque al análisis estadístico.

**R Studio** : R Studio es un entorno de desarrollo integrado, en inglés “integrated development environment” (IDE) para R.

## 2.4. *GNU General Public License v2.0 (GPL-2.0)*

Es una licencia de *software* libre, que garantiza se pueda copiar, distribuir y modificar el *software* siempre que realice un seguimiento de los cambios / fechas en los archivos de origen. Cualquier modificación o software que incluya (a través del compilador) el código con licencia GPL también debe estar disponible bajo la GPL junto con las instrucciones de compilación e instalación.

---

## Capítulo 3

# Fundamentos Metodológicos

A continuación se plantea la estructura a seguir por el presente trabajo, detallando el enfoque, tipo, nivel y diseño de la investigación y la metodología a implementar entre otros.

### 3.1. Enfoque de la investigación

La presente investigación se desarrollará siguiendo un enfoque cuantitativo, puesto que, como lo indican Pallela y Martins (2012) , “la investigación cuantitativa requiere el uso de instrumentos de medición y comparación, que proporcionan datos cuyo estudio necesita la aplicación de modelos matemáticos y estadísticos, el conocimiento está basado en hechos”. Los datos a usar en el desarrollo del paquete y para la comparación de los resultados, provienen de la tesis Doctoral de Valery (2018)

### 3.2. Tipo o nivel de investigación

Este proyecto plantea un tipo de investigación de desarrollo, en donde se integra la programación y evaluación del comportamiento de un paquete de simulación, y que permite indagar los efectos de la interrelación entre los diferentes tipos de variable en lugar de los hechos.

En este punto se debe determinar la profundidad que abarca esta investigación, teniendo en cuenta que de acuerdo con el nivel de la investigación es definido como “grado de profundidad con que se aborda un fenómeno u objeto de estudio” (Arias, 2012).

En este sentido, se tiene que dadas las características del proyecto, se asocia con un nivel descriptivo, tal como lo indican Pallela y Martins (2012), “hace énfasis sobre conclusiones dominantes o sobre como una persona, grupo o cosa se conduce o funciona en el presente” esto debido a que se medirán los datos extraídos sin alterarlos para ser mostrados en el sistema.

### 3.3. Diseño de la investigación

Según Arias(2012), el diseño de la investigación es “la estrategia general que adopta el investigador para responder al problema planteado” (p.21) por lo que es vital establecer una correcta secuencia de pasos para elaborar el prototipo de software que dará solución a la problemática principal de la investigación.

Con este enfoque, se tiene que este trabajo seguirá un diseño no experimental, enfocado en el uso de información existente, de acuerdo con lo dicho por Pallela y Martins (2012) al definir el diseño no experimental como:

Es el que se realiza sin manipular en forma deliberada ninguna variable. El investigador no sustituye intencionalmente las variables independientes. Se observan los hechos tal y como se presentan en su contexto real y en un tiempo determinado o no, para luego analizarlos. Por lo tanto, este diseño no se construye una situación específica sino que se observan las que existen. Las variables independientes ya han ocurrido y no pueden ser manipuladas, lo que impide influir sobre ellas para modificarlas. (p.81)

Esto indica que no hay manipulación de variables. Esta investigación presenta una modalidad de proyecto especial que, como lo indican Pallela y Martins (2012), los proyectos especiales “destinados a la creación de productos que puedan solucionar deficiencias evidenciadas, se caracterizan por su valor innovador y aporte significativo” (p.92), ya que se creará un *software* aplicable al área de estudio.

## 3.4. Metodología

Para el desarrollo del paquete se seguirán las pautas estándar establecidas para la creación de paquetes y extensiones en R.

### Creación del esqueleto del paquete.

En esta etapa se diseñaran y crearan los directorios, ficheros y objetos que conformaran el paquete.

### Registrar el método para el envío y uso de funciones.

Es esta etapa del desarrollo se estableceran las dependencias sobre los paquetes de la base fuente de código R y sus métodos de conexión, considerando el manejo de versiones y los criterios de mantenimiento, además se estableceran los espacios de nombre o las estrategias para la búsqueda y utilización de las variables; unificando estos criterios a las funciones que seran diseñadas.

### Diseño y codificación de las funciones.

Los métodos para el diseño de las funciones primarias en R serán los diagramas de flujo; y para su codificación se seguirán las normas de estilo para codificación en R, sugeridas por Wickham (2015) y por el creador del paquete *formatR* Xie(2017), además se establecerán la dependencia con las funciones de código base y las recomendadas para desarrollo en R.

### Pruebas unitarias de las funciones.

Debido a que los paquetes en R están conformados, entre otros elementos por las funciones primarias, a cada una de ellas se les realizaran pruebas unitarias en dos fases, la primera con datos sintéticos que permitan comprobar cada estado del diagrama de flujo, que esquematiza la solución numérica que permite el cálculo, para entre otra herramientas pueden utilizarse los paquetes de *RUnit* (Zenka, 2015) y *testthat* (Wickham, 2017), y la segunda etapa donde el modelo final ya implementado permitira realizar pruebas con los conjuntos de datos de facilitados que formaran parte integral del paquete y con los cuales se desarrollaran los ejemplos prácticos que conformaran la documentación que acompaña al paquete R.

### Chequear la carga del paquete.

En esta etapa del desarrollo se utilizarán las funciones de chequear el paquete que ofrece el código R; cuya finalidad es verificar cada fichero del árbol de carpetas asociadas a cada elemento de la estructura o esqueleto del paquete, que a su vez creará el archivo de documentación en LaTeX y/o HTML, compilará el código fuente y creará las librerías de enlace dinámico (*dynamic link library* DLL).

### Construcción del método de distribución del paquete.

Se seleccionará la forma de distribución del paquete desde el repositorio local, creando los ficheros fuentes (en formato *tarball*) y en binario.

## 3.5. Aspectos administrativos

La realización de la investigación será planificada según lo establecido en el siguiente diagrama:

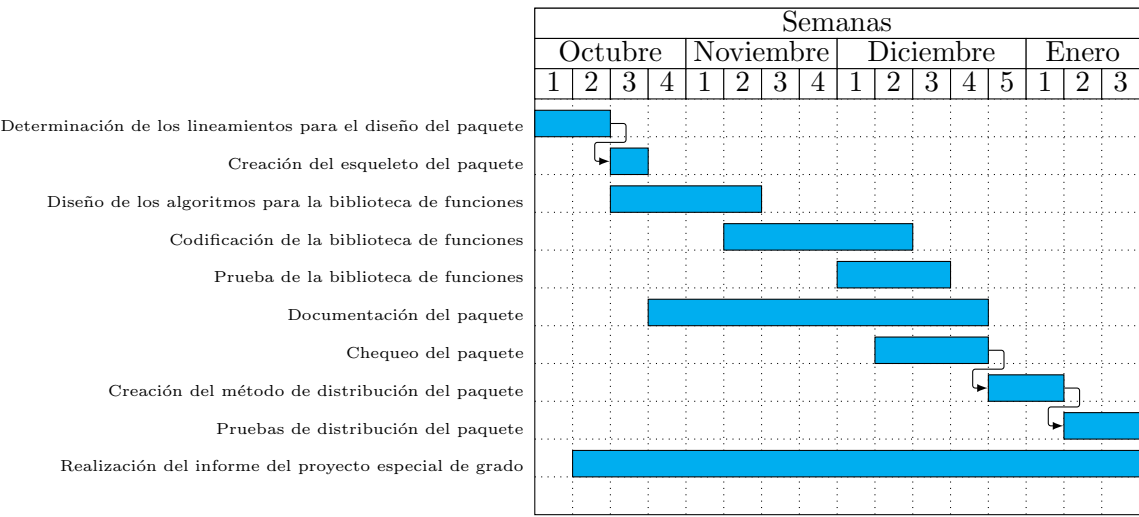


Figura 3.1: Diagrama de Gantt con la planificación del proyecto especial de grado



---

# Referencias Bibliográficas

Martínez Rodríguez, Francisco y Otros: Lombricultura. Manual práctico, Impreso: Unidad de Producciones Gráficas MINREX, La Habana, Cuba, 2003.

Rujano M., Ablan M., Sarmiento L. (2011). Simulación de la respuesta de la materia orgánica del suelo en diferentes ecosistemas ante escenarios de cambio climático en Venezuela. Disponible en: <http://erevistas.saber.ula.ve/index.php/ecodisen/article/view/4372/4149>. Consultado Septiembre 2019.

Universidad Complutense Madrid. Conservación de los recursos naturales para una Agricultura sostenible: Materia orgánica y actividad biológica. Disponible en: <https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pag-104576/1.%20Materia%20org%C3%A1nica%20y%20actividad%20biol%C3%B3gica.pdf>. Consultado Septiembre 2019.

Tuomi, M., Vanhala, P., Karhu, K., Fritze, H., and Liski, J. (2008). Heterotrophic soil respiration-comparison of different models describing its temperature dependence. *Ecol.Model.*, 211:182–190.

Valery A.(20xx). La temperatura y humedad como reguladores de la descomposición de la MOS: desempeño de diversas funciones de respuesta en un gradiente altitudinal tropical.

Ferrero R. (2018). Qué es R Software. Disponible en: <https://www.maximaformacion.es/blog-dat/que-es-r-software/>. Consultado Septiembre 2019.

Darghan K. (2018). CGR Paquete en lenguaje R, para el cálculo de índices fisiológicos de crecimiento y componentes del rendimiento en plantas. (Trabajo Especial de Grado de pregrado). Universidad Nacional Experimental del Táchira. San Cristóbal, Estado Táchira.

Contreras R.(2018). DiMBio, paquete en lenguaje R para la discriminación de modelos de simulación dinámicos para procesos biológicos. (Trabajo Especial de Grado de pregrado). Universidad Nacional Experimental del Táchira. San Cristóbal, Estado Táchira.