

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Rutina del análisis estadístico

```
#Modelo GLMM con distribución binomial. Plantas como factor aleatorio (requiere paquete lme4)
modelo <- glmer((cbind(Semillas,Flores_totales-Semillas))~Tratamiento + (1 | Planta), data =
Semillas,family = binomial())
#Validación del modelo-chequeo de residuales (requiere paquete DHARMA)
residual_simulate <- simulateResiduals(modelo, n = 10000)
plotResiduals(residual_simulate)
plotQQunif(residual_simulate)
#Contrastes pareados Tukey (requiere el paquete multcomp)
summary(glht(modelo, mcp(Tratamiento="Tukey")))
```

Tabla A. Detalle del modelo GLMM binomial utilizado para evaluar el efecto de los tratamientos en la producción de semillas de *C. avellanedae*.

| | Estimate | Std. Error | z value | Pr(> z) |
|--------------------------------------|----------|------------|---------|----------|
| (Intercept) | -2.3425 | 0.2296 | -10.201 | < 0.001 |
| Tratamiento Autopolinización forzada | -1.7885 | 0.4943 | -3.619 | 0.000296 |
| Tratamiento Polinización cruzada | 0.3792 | 0.2657 | 1.427 | 0.153468 |
| Tratamiento Polinización por viento | -1.2620 | 0.3933 | -3.209 | 0.001334 |

Tabla B. Detalle de los contrastes de Tukey (a posteriori) para evaluar la variación del efecto entre los tratamientos.

| Tratamientos comparados | Estimate | Std. Error | z value | Pr(> z) |
|---|----------|------------|---------|----------|
| Autopolinización forzada - Control == 0 | -1.7885 | 0.4943 | -3.619 | 0.00157 |
| Polinización cruzada - Control == 0 | 0.3792 | 0.2657 | 1.427 | 0.46741 |
| Polinización por viento - Control == 0 | -1.2620 | 0.3933 | -3.209 | 0.00635 |
| Polinización cruzada - Autopolinización forzada == 0 | 2.1677 | 0.4866 | 4.455 | < 0.001 |
| Polinización por viento - Autopolinización forzada == 0 | 0.5266 | 0.5661 | 0.930 | 0.77927 |
| Polinización por viento - Polinización cruzada == 0 | -1.6412 | 0.3836 | -4.278 | < 0.001 |

