

# Investigación

Lobo, J.M. y Hortal, J. 2003. Modelos predictivos: Un atajo para describir la distribución de la diversidad biológica. *Ecosistemas* 2003/1 (URL: <http://www.aet.org/ecosistemas/031/investigacion3.htm>)

## *Modelos predictivos: Un atajo para describir la distribución de la diversidad biológica.*

**Jorge M. Lobo y Joaquín Hortal.** Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva. Museo Nacional de Ciencias Naturales C/ José Gutiérrez Abascal, 2. 28006. Madrid, España.

*Para conseguir una estrategia de conservación de la diversidad biológica sustentada sobre criterios racionales, es necesario que el diseño de las redes de reservas se realice teniendo en cuenta la distribución de las especies y no, únicamente, buscando maximizar la variabilidad ambiental del territorio. Sin embargo, cuando se recopila la información disponible en las colecciones y publicaciones científicas sobre la distribución de un grupo de especies, suele ocurrir que extensas porciones del territorio se encuentran insuficientemente prospectadas. Ello es mucho más frecuente en el caso de los insectos, el grupo de organismos que contiene la gran mayoría de la diversidad biológica de casi cualquier región terrestre. Para paliar este desconocimiento, la realización de modelos predictivos de distribución utilizando diversas herramientas estadísticas, informáticas y geográficas, resulta una alternativa eficaz que nos permitiría estimar la distribución de la diversidad biológica en ausencia de datos exhaustivos.*

### Santuarios y Biodiversidad

La extinción es el final de un proceso que se inicia con el declive del vigor de ciertas poblaciones. Por ello, su efecto más indeseable e irreparable, es decir, la desaparición de todas las poblaciones de una especie, únicamente se manifiesta cuando el grado de fragmentación y perturbación de los paisajes naturales sobrepasa un umbral decisivo (Pimm y Raven, 2000). Desgraciadamente, la disminución de la variedad de la vida y la extinción de especies es un hecho cierto y demostrado (Pimm *et al.*, 1995; Lawton y May, 1995; Chapin *et al.*, 2000), debiendo ser considerado uno de los grandes problemas ambientales a los que debe enfrentarse actualmente la humanidad (<http://www.biodiv.org/>).

Al afrontar la conservación de la biodiversidad, la alternativa imperante ha sido la creación de santuarios para mantener poblaciones viables de las especies, santuarios que se encuentran protegidos de la influencia humana en diverso grado. Los criterios para definir estos lugares han sido muy variados y, en ocasiones, subjetivos (Margules y Pressey, 2000; Cabeza y Moilanen, 2001). Una estrategia, en principio razonable y ampliamente utilizada, consiste en el diseño de redes de reservas que tienden a maximizar la cobertura de los distintos paisajes, hábitats, ecoregiones o ecosistemas presentes en un territorio (Faith y Walker, 1996). Desde esta visión, los aspectos abióticos de estas grandes unidades ambientales forman también parte de la diversidad biológica. Las especies formarían parte de estos sistemas ecológicos, pero su filiación taxonómica no sería una cuestión fundamental a la hora de decidir el diseño de la red de reservas o evaluar su estado de conservación. Lo fundamental en este caso sería supervisar los procesos que tienen lugar en estos sistemas: vigilar que los flujos de energía y los ciclos de materiales funcionen "correctamente".

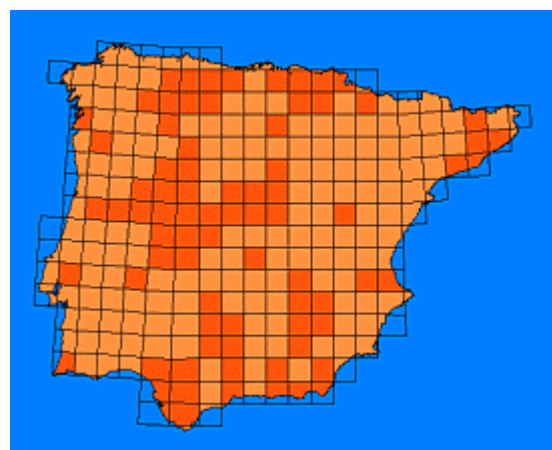
Esta es una percepción discutible (Lawton, 1999), que sigue influenciando excesivamente el diseño actual de nuestras reservas (ver proyecto CORINE en <http://reports.eea.eu.int/COR0-biotopes/en> y EUROPARC-España, 2002 en <http://www.euoparc-es.org/>). Decidir la ubicación de los espacios a proteger teniendo en cuenta la distribución de los sistemas ecológicos o cualquier tipo de regionalización ambiental, así como evaluar la eficacia de las estrategias de conservación estimando el "correcto" funcionamiento de los procesos ecológicos, son estrategias que no tienen en cuenta a los actores de esos procesos cuya protección constituye el verdadero reto de la denominada Crisis de la Biodiversidad: las especies (Wilson, 2002). Necesitamos, por ello, que los diseños de las redes de espacios protegidos sean realizados con el objetivo de garantizar, también, la conservación de la diversidad biológica.

## Las especies y los sistemas ecológicos

Aunque sus fronteras son difusas y el término ambiguo, los componentes de cualquier sistema ecológico pueden ser definidos, aunque entre ellos nunca se encuentran las especies (Eldredge, 1992). Una especie es una unidad evolutiva constituida por poblaciones conectadas entre sí a lo largo del espacio y del tiempo. Desde un punto de vista temporal, las especies forman parte de un sistema genealógico, puesto que sus poblaciones comparten una herencia común. Sin embargo, desde un punto de vista espacial las poblaciones de una especie se encuentran distribuidas de tal modo que, generalmente, forman parte de sistemas ecológicos muy diferentes, pudiendo ejercer distintas especies el mismo papel ecológico en comunidades o ecosistemas similares, y la misma especie diferentes papeles en distintos ecosistemas. Estas consideraciones son suficientes para reconocer que no existe una correspondencia estricta entre las especies y los sistemas ecológicos, de modo que diseñar una red de reservas con criterios ambientales, sin tener en cuenta a los actores, no garantiza una correcta conservación de la diversidad biológica (Araujo *et al.*, 2001). Ello es especialmente cierto en el caso de los insectos, el grupo de organismos que, también en nuestra península, contiene más del 80% de las especies descritas (Ramos *et al.*, 2001). Las diferentes adaptaciones de sus estados larvarios y adultos, junto a su fuerte capacidad de adaptación morfológica y etológica ante las alteraciones ambientales (Thomas *et al.*, 2001), hacen especialmente difícil adscribir cualquier especie de insecto a alguna de las categorías arbitrarias con las que solemos clasificar un territorio.

## Compilando la información sobre las especies

Si las estrategias de conservación de la diversidad biológica deben centrarse en las especies, necesitamos recopilar la ingente información taxonómica y faunística que hemos almacenado durante más de 200 años ([http://reports.eea.eu.int/technical\\_report\\_2001\\_70/en](http://reports.eea.eu.int/technical_report_2001_70/en)), y utilizarla con el fin de diseñar redes de reservas capaces de proteger el mayor número de especies (Peterson *et al.*, 2000; Austin, 1998). Numerosas iniciativas nacionales e internacionales están dedicadas a este propósito (ver <http://www.conabio.gob.mx/>, <http://www.gbif.org/>, <http://www.inbio.ac.cr/>, <http://tolweb.org/tree/> y <http://www.all-species.org/>). Pero, cuando se han establecido listados taxonómicos consensuados y se



**Figura 1.-** Ubicación de las cuadrículas UTM de 50 km<sup>2</sup> de la Península Ibérica con inventarios fiables de Escarabeidos.

ha logrado compilar y georeferenciar una buena parte de la información faunística disponible, la superficie del territorio con inventarios dudosos resulta abrumadora (**Figura 1**), incluso en el caso de países con una prolongada tradición naturalista (Dennis y Hardy, 1999; Soberón *et al.*, 2000; Lobo y Martín-Piera, 2002). ¿Qué hacer ante esta situación?

## Modelos predictivos

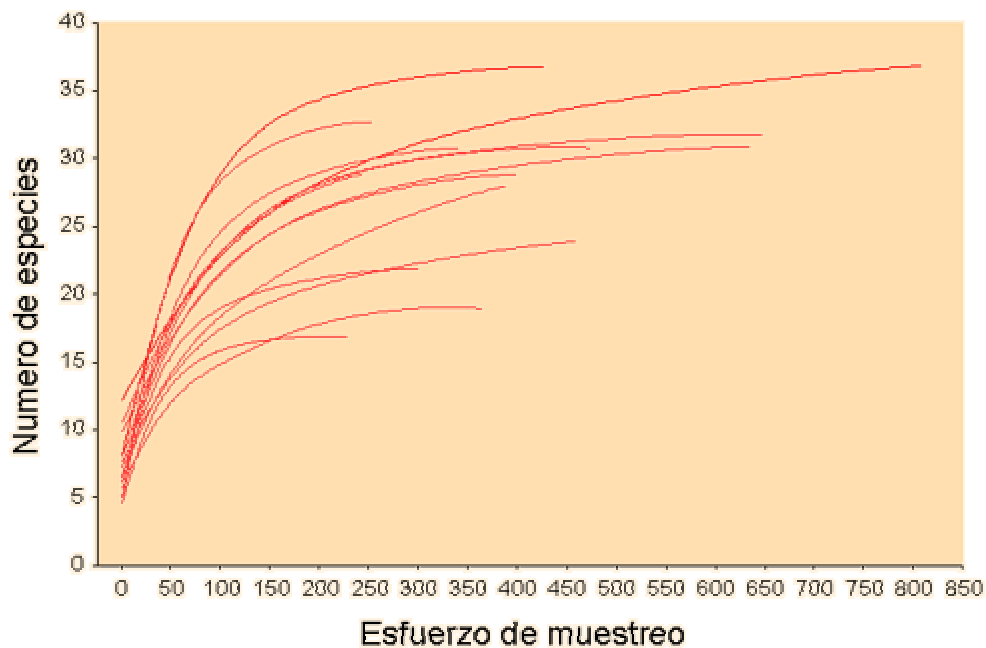
La única alternativa razonable para obtener resultados fiables a medio plazo consiste en aplicar diversas herramientas estadísticas, informáticas y geográficas sobre la información biológica disponible para elaborar predicciones razonables que permitan estimar la distribución de la diversidad biológica en ausencia de datos exhaustivos. Esta opción fue propuesta y realizada hace más de 20 años (Nicholls, 1989) y sus posibilidades quedan patentes en diversos trabajos recientemente aparecidos (Austin, 1998; Lobo y Martín-Piera, 2002; Peterson *et al.*, 2000; Peterson *et al.*, 2002).

Se pueden elaborar modelos predictivos para cada una de las especies individualmente (Manel *et al.*, 1999), a partir de la información biológica sobre la presencia o la ausencia de cada especie en un territorio dado, junto a diversa información ambiental (altitud, clima, geología, etc.) que puede manejarse fácilmente mediante un Sistema de Información Geográfica (Bosque Sendrá, 1997). A la resolución y extensión geográfica que nos permita la calidad de la información disponible, podemos utilizar diversas herramientas estadísticas más o menos complejas. Entre ellas están las regresiones logísticas, el análisis discriminante, los árboles de clasificación y regresión o los algoritmos genéticos (Guisan y Zimmermann, 2000), que permiten elaborar ecuaciones en las que las variables ambientales elegidas actúan como predictores de la presencia de la especie en cuestión, asignando una probabilidad de aparición a cada unidad espacial, obteniéndose de este modo una representación cartográfica fiable para el conjunto del territorio a partir de datos parciales.

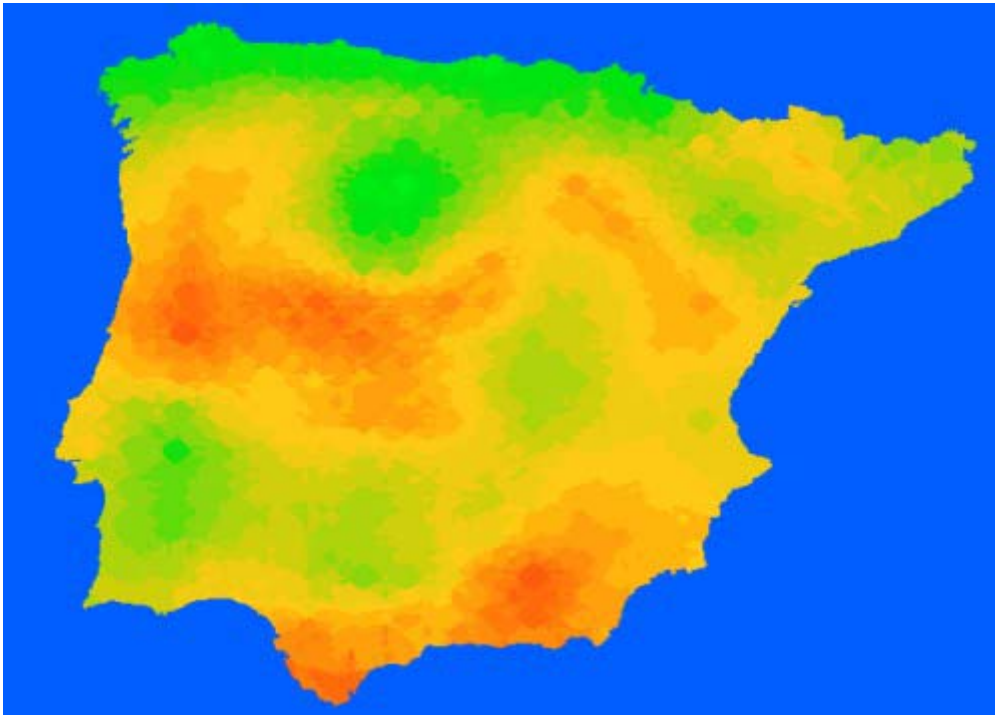
Estos modelos predictivos individuales pueden realizarse fácilmente a partir de los datos de presencia-ausencia, pero en este caso es necesario previamente discriminar entre las verdaderas ausencias y la falta de información. En otras palabras, necesitamos estar razonablemente seguros de que la especie no está realmente presente en las unidades espaciales que consideremos como ausencias (los ceros). Sin embargo, en el caso de no disponer de esta información, podemos echar mano de algunas herramientas estadísticas para estimar su distribución a partir únicamente de la información sobre las presencias (ver <http://www.gap.uidaho.edu/gap>, <http://www.unil.ch/biomapper/>, <http://www.cifor.cgiar.org/domain/>, <http://www.floramap-ciat.org/> o <http://tsadev.speciesanalyst.net/>). Las técnicas más complejas para realizar modelos predictivos utilizando únicamente los datos sobre las presencias tratan de identificar los rangos de determinadas variables ambientales en los que se encuentra la especie, comparando su distribución con una distribución al azar.

Las aproximaciones a partir de datos de presencia o presencia-ausencia tienen el inconveniente de que tan sólo nos permiten inferir estimas de las distribuciones de las especies una a una, de modo que obtener predicciones de atributos como riqueza de especies, rareza, endemidad, etc. solo es posible a partir de la suma de las distribuciones individuales predichas. Desgraciadamente, ello significa excluir todas aquellas especies con escasa o nula información, es decir, las especies raras que, generalmente, son responsables de un porcentaje importante de la diversidad total (Gaston, 1994), siendo los lugares más ricos en especies, los que poseen más especies raras (Ricketts, 2001). Por ello, no es posible elaborar una representación cartográfica de los atributos que representan la biodiversidad a partir de modelos predictivos individuales.

La alternativa es elaborar modelos predictivos sobre variables continuas del tipo número de especies o rareza, seleccionando previamente las unidades espaciales con inventarios bien establecidos. Escogiendo las cuadrículas UTM de 50 Km<sup>2</sup> que cumplen esta condición (**Figura 2**), mediante la realización de curvas de colecta (Soberón y Llorente, 1993), y utilizando diversa información ambiental de la Península Ibérica hemos realizado un modelo que permite predecir la distribución de la riqueza de especies de Scarabaeidae (Coleoptera) en toda la península a partir de la información de una cuarta parte del territorio (Lobo y Martín-Piera, 2002). Dicho modelo posee un error de predicción medio del 16% y demuestra que es posible obtener una imagen relativamente fiable de la distribución de los principales atributos que caracterizan la diversidad biológica con los datos fragmentarios actualmente disponibles (**Figura 3**).



**Figura 2.-** Curvas de colecta en las que se relaciona el número de especies de Escarabeidos que se acumula en cada cuadrícula UTM de 50 km<sup>2</sup> según aumenta el esfuerzo de muestreo en esa cuadrícula. Para evitar el sesgo debido al orden de entrada de las especies, dicho orden fue aleatorizado 500 veces. La pendiente de las curvas en cada punto nos informa de la tasa de colecta de especies nuevas para el inventario.



**Figura 3.-** Representación de la distribución del número de especies de Escarabeidos predichas según un modelo realizado utilizando diversas variables ambientales como predictores. La ecuación obtenida es:  $S = \exp [c + \text{Altitud Máxima} + (\text{Superficie de pastos})^2 + \text{Diversidad de usos del suelo} + (\text{Superficie de bosques} \times \text{Diversidad geológica}) + (\text{Área terrestre} \times \text{Altitud máxima}) + (\text{Rocas básicas} \times \text{Diversidad geológica}) + \text{Latitud}^2 + \text{Latitud}^3]$ . Los colores varían desde el verde (0-10 especies) hasta el amarillo (11-20 especies) y el rojo (mas de 21 especies).

Sin embargo, siempre hay inconvenientes. La riqueza o cualquier otro atributo de la biodiversidad (rareza, diversidad filogenética, complementariedad, etc.) puede estar condicionada por factores únicos irrepetibles, como la historia de la región, la historia del grupo taxonómico o las características geográficas del territorio, de modo que una especie puede no estar presente en un área que albergue las condiciones ambientales adecuadas. Incluir esa información contingente en los modelos predictivos es el gran reto. Consideramos que la inclusión del espacio (la latitud y la longitud de las localidades) de forma más o menos compleja puede permitir dar cuenta del efecto de este tipo de variables, siempre y cuando la actuación de estas produzca un patrón espacial remarcable. Los geógrafos han utilizado desde hace tiempo la simple posición espacial de sus observaciones para construir interpolaciones complejas y fiables mediante la geoestadística, siendo capaces de representar cartográficamente variables complejas como las climáticas (Cressie, 1991). Las técnicas de modelización aplicadas a la conservación deben aprovecharse de estas técnicas.

La conclusión es que poseemos las herramientas adecuadas para elaborar cartografías fiables que reproduzcan la distribución de los principales atributos que representan la diversidad biológica. Se requiere, para ello, elaborar bases de datos exhaustivas que recopilen de manera digital la información sobre la distribución de los organismos, actualmente depositada en colecciones y publicaciones. La realización de estos mapas para distintos grupos taxonómicos que representen diferentes modos de obtención de energía y estén bien distribuidos dentro del árbol de la vida, nos puede permitir evaluar la capacidad de los espacios naturales protegidos para conservar la diversidad biológica.



## Agradecimientos

Esta investigación ha sido posible gracias al proyecto "Faunística Predictiva: Análisis comparado de la efectividad de distintas metodologías y su aplicación para la selección de reservas naturales" (REN2001-1136) del MCyT. Joaquín Hortal disfruta de una beca predoctoral Museo Nacional de Ciencias Naturales/CSIC/Comunidad de Madrid.

## Referencias

Araujo, M.B., Humphries, C.J., Densham, P.J., Lampinen, R., Hagemeyer, W.J.M., Mitchell-Jones, A.J. y Gasc, J.P. 2001. Would environmental diversity be a good surrogate for species diversity? *Ecography* 24: 103-110.

Austin, M. P. 1998. An ecological perspective on biodiversity investigations: examples from Australian eucalypt forests. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 85: 2-17.

Bosque Sendra, J. 1997. *Sistemas de Información Geográfica*. Segunda Edición. Editorial Rialp, Madrid.

Cabeza, M. y Moilanen, A. 2001. Design of reserve networks and the persistence of biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution* 16: 242-248.

Chapin III, F.S., Zavaleta, E.S., Eviner, V.T., Naylor, R.L., Vitousek, P.M., Reynolds, H.L., Hooper, D.U., Lavorel, S., Sala, O.E., Hobbie, S.E., Mack, M.V. y Díaz, S. 2000. Consequences of changing biodiversity. *Nature* 405: 234-242.

Cressie, N.A.C. 1991. *Statistics for spatial data*. Wiley, New York.

Dennis, R.H. y Hardy, P.B. 1999. Targeting squares for survey: predicting species richness and incidence of species for a butterfly atlas. *Global Ecology and Biogeography* 8: 443-454.

Elredge, N. 1992. Where the twain meets: Causal intersections between the genealogical and ecological realms. Págs 1-14. En: *Systematics, Ecology, and the Biodiversity Crisis*. Columbia University Press, New York.

EUROPARC-España. 2002. [Plan de Acción para los espacios naturales protegidos del Estado español](#). Fundación Fernando González Bernáldez. Madrid.

Faith, D. P. y Walker, P. A. 1996. Environmental diversity: on the best-possible use of surrogate data for assessing the relative biodiversity set of areas. *Biodiversity and Conservation* 5: 399-415.

Gaston, K.J. 1994. *Rarity*. Chapman & Hall, London.

Guisan, A. y Zimmermann, N.E. 2000. Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling* 135: 147-186.

Lawton, J.H. 1999. Are there general laws in Ecology?. *Oikos* 84: 177-192.

Lawton, J.H. y May, R.M. 1995. *Extinction Rates*. Oxford University Press, Oxford.

Lobo, J. M. y Martín-Piera, F. 2002. Searching for a predictive model for Iberian dung beetle species richness based on spatial and environmental variables. *Conservation Biology* 16: 158-173.

Manel, S., Dias, & Ormerod, S.J. 1999. Comparing discriminant analysis, neural networks and logistic regression for predicting species distributions: a case study with a Himalayan river bird. *Ecological Modelling* 120: 337-347.

Margules, C.R. y Pressey, R.L. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.

Nicholls, A. O. 1989. How to make biological surveys go further with generalised linear models. *Biological Conservation* 50: 51-75.

Peterson, A.T., Egbert, S.L., Sánchez-Cordero, V. y Price, K.P. 2000. Geographic analysis of conservation priority: endemic birds and mammals in Veracruz, Mexico. *Biological Conservation* 93: 85-94.

Peterson, A.T., Ortega-Huerta, M.A., Bartley, J., Sánchez-Cordero, V., Soberón, J.M., Buddemeier, R.H. y Stockwell, R.B. 2002. Future projections for Mexican faunas under global climate change scenarios. *Nature* 416: 626-629.

Pimm, S.L. y Raven, P. 2000. Extinction by numbers. *Nature* 403: 843-845.

Pimm, S.L., Russell, G.J., Gittleman, J.L. y Brooks, T.M. 1995. The future of biodiversity. *Science* 269: 347-350.

Ramos, M.A., Lobo, J.M. y Esteban, M. 2001. Ten years inventorying the Iberian fauna: results and perspectives. *Biodiversity and Conservation* 10: 19-28.

Ricketts, T.H. 2001. Aligning conservation goals: are patterns of species richness and endemism concordant at regional scales? *Animal Biodiversity and Conservation* 24: 91-99.

Soberón, J. y Llorente, J. 1993. The use of species accumulation functions for the prediction of species richness. *Conservation Biology* 7: 480-488.

Soberón, J.M., Llorente, J.B. y Oñate, L. 2000. The use of specimen-label databases for conservation purposes: an example using Mexican Papilionid and Pierid butterflies. *Biodiversity and Conservation* 9: 1441-1446.

Thomas, C.D., Bodsworth, E.J., Wilson, R.J., Simmons, A.D., Davies, Z.G., Musche, M. y Conradt, K. 2001. Ecological and evolutionary processes at expanding margins. *Nature* 411: 577-581.

Wilson, E.O. 2002. *The Future of Life*. Alfred A. Knopf (ed.), New York.