

- Ward, M., C.W. Dick, R. Gribel & A.J. Lowe (2005). To self, or not to self... A review of outcrossing and pollen-mediated gene flow in neotropical trees. *Heredity* 95: 246–254.
- Williams. M. (2000). Dark ages and dark area, global deforestation in the deep past. *Journal of Historical Geography* 26: 28-46.

- Young, A.G., T. Boyle & T. Brown (1996). A metapopulation perspective in plant population biology. *Trends in Ecology and Evolution* 11: 413-418.
- Young, A.G. & G.M. Clarke (2000). *Genetics, demography and viability of fragmented populations*. Cambridge University Press, UK.

J. ABELARDO APARICIO, RAFAEL G. ALBALADEJO & LAURA F. CARRILLO

Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla.
C/ Prof. García González 2,
E-41012 Sevilla.

E-mail: abelardo@us.es

BIOINFORMÁTICA PARA LA CONSERVACIÓN DE LA FLORA

Introducción

La bioinformática es una nueva aproximación que se refiere al conjunto de herramientas de tecnología de la información que pueden ser aplicadas al estudio de la Biología, poniendo especial énfasis en el almacenamiento y acceso a datos digitales (Fig. 1) (Soberón & Peterson, 2004). Hoy en día, esta disciplina se está desarrollando rápidamente, tanto en sus aplicaciones prácticas como en su desarrollo científico, contando ya con revistas especializadas como "Biodiversity Informatics", una publicación en línea que se centra en "la creación, integración, análisis y comprensión de la información desde el punto de vista de la biodiversidad biológica" (<https://journals.ku.edu>). Una de los instrumentos centrales de esta disciplina con aplicación al estudio y seguimiento de la biodiversidad son los modelos de nicho ecológico, que la representación formal de la combinación de variables ambientales óptimas bajo las que se desarrolla una especie, y cuya proyección en el espacio representa la distribución geográfica potencial de ésta.

Desde el punto de vista teórico, estos modelos han supuesto un gran avance en la integración de las perspectivas ecológica y evolutiva en el estudio de la biodiversidad. De esta manera se han usado para testar hipótesis biogeográficas (Leathwick, 1998) y en la comprobación de teorías referentes al conservadurismo del nicho (Martinez-Meyer *et al.*, 2004). Frente a las nuevas demandas de las ciencias ambientales, se están revelando como una herramienta fundamental para el estudio de los efectos del cambio global y en la resolución de cuestiones centrales de la biología de la conservación. Así, son usados para la predicción del impacto del cambio climático sobre la distribución de las especies (Araújo & Rahbek, 2006), para guiar el muestreo de especies raras (Guisan *et al.*, 2006), el diseño de reservas (Papes & Gaubert,

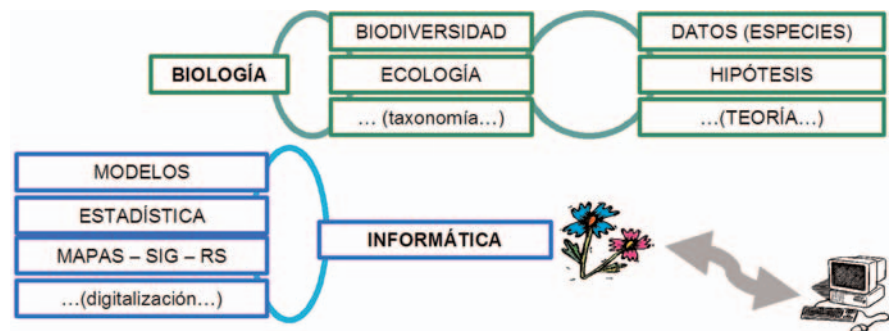


Figura 1. Bioinformática: aplicación de las herramientas informáticas al estudio de la Biología.

2007), o para evaluar el riesgo de invasión por especies exóticas (Thuiller *et al.*, 2005) y el efecto de las alteraciones del hábitat sobre la distribución de especies (Benito & Peñas 2007). Desde el punto de vista práctico, pueden tener una gran aplicación en el ámbito de la gestión ambiental. Por ejemplo, pueden ser utilizados para conocer los lugares donde una especie determinada tendría (al menos teóricamente) las condiciones ambientales adecuadas para su supervivencia en ejercicios de translocación y reintroducción, o para mejorar la prospección de nuevas poblaciones de especies amenazadas, ya que permiten reducir considerablemente el área a muestrear.

Todavía estamos lejos de que los modelos de nicho constituyan un instrumento extendido en la práctica de la conservación, pero instituciones internacionales tales como la GBIF (Global Biodiversity Information Facility) han apostado fuertemente por ella, como una de las aplicaciones básicas para mejorar la protección y uso de la biodiversidad en el planeta. Con este artículo pretendemos hacer un ejercicio de divulgación de los fundamentos conceptuales y metodológicos de los modelos de nicho, para de esta manera llamar la atención sobre una herramienta cuyo desarrollo contribuirá a la conservación de la flora frente a la amenaza de los cambios ambientales.

Nicho ecológico fundamental vs. efectivo

A pesar de que el término nicho ecológico resulta científicamente muy intuitivo, llevarlo a la práctica de la modelización es difícil. Como simplificación de la realidad, estos modelos se construyen sólo a partir de variables ambientales, sin tener en cuenta las interacciones bióticas, como la competencia o el mutualismo. Además, tampoco consideran las limitaciones que las especies encuentran para llegar a todos los sitios en los que podrían vivir (no incluyen, por ejemplo, parámetros que describan la capacidad de dispersión). Aun así, constituyen una poderosa herramienta que aporta información sobre la historia natural de las especies y su distribución potencial, y se están revelando como muy útiles en numerosas aplicaciones para la conservación.

Para aplicarlos, la clave inicial está en entender qué es lo que verdaderamente hacen, y de la formulación de dos conceptos diferenciados, nicho fundamental y nicho efectivo (Fig. 2). Así, mientras el nicho fundamental se refiere al espacio ecológico en el que se dan las condiciones bióticas y ambientales para que se desarrolle una especie (Hutchinson, 1957), el nicho efectivo es el espacio ecológico y geográfico en el que la especie vive en efecto (MacArthur, 1972). A modo de ejemplo, si modelizamos el nicho de una especie con baja capacidad de dispersión, el

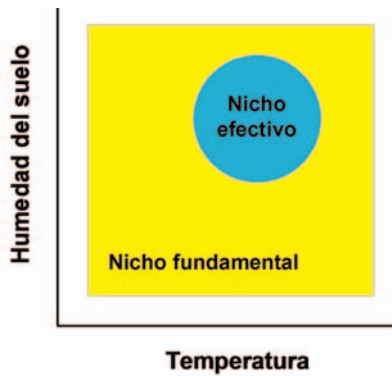


Figura 2. Visión esquemática de los conceptos de nicho fundamental y efectivo de una especie.

resultado será un mapa de distribución que señalará como lugares con una alta probabilidad de presencia a sitios en los que la especie realmente no está, por el simple hecho de no haber sido

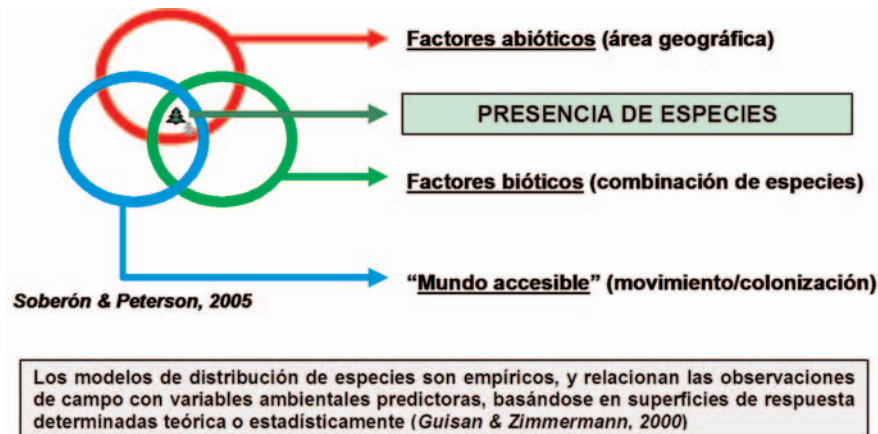


Figura 3. Nicho ecológico de una especie.

capaz de llegar hasta ellos. Lo mismo ocurrirá con aquellos lugares en los que la especie es desplazada por la competencia con otras o, aquéllos en los que las actividades humanas la han desplazado (Fig. 3). Dada esta problemática, las investigaciones más recientes, asumen que la respuesta que ofrecen los modelos son mapas de distribución potencial que deben ser ajustados *a posteriori* al nicho realizado (Soberón *com. pers.*). Lo que se puede hacer fácilmente enmascarando los lugares en los que sabemos que la especie no puede estar.

El proceso de modelización, los datos y las cuestiones científicas

El nicho ecológico se modeliza a partir de registros de especies y datos ambientales. Para ello se siguen una serie de pasos que incluyen desde la formulación del modelo conceptual hasta la evaluación de la credibilidad y aplicación de los resultados. No obstante,

el primer problema al que nos enfrentamos es que no siempre los recuentos o muestreos de campo disponibles tienen el diseño apropiado. En concreto, los modelos de nicho ecológico necesitan como datos de entrada registros biológicos, consistentes en una lista de puntos geográficos (coordenadas x e y , o latitud y longitud), en los que se ha encontrado la especie que queremos modelar (y en algunos casos, datos puntuales de ausencia), y datos ambientales, en forma de mapas de las variables ambientales que el modelo evaluará como potenciales "determinantes" de la localización de la especie.

Los datos biológicos se pueden obtener de varias fuentes, entre las que destacan las bases de datos de biodiversidad, generalmente desarrolladas por instituciones gubernamentales, las cartografías de vegetación y los datos bioge-

ción con los estudios taxonómicos, genéticos y bioquímicos, los pliegos que almacenan son esenciales para conocer los patrones espacio-temporales de la diversidad vegetal (Loiselle *et al.*, 2008) y para recopilar información que permita valorar su conservación, aprovechamiento, y su respuesta potencial ante el cambio climático (Thuiller *et al.*, 2005).

Por su parte, los datos ambientales provienen generalmente de estaciones meteorológicas, cartografías geográficas o imágenes satelitales. En este caso, y al igual que con los registros de especies, existen portales en línea desde los que se pueden descargar datos ambientales en forma de superficies continuas. Ejemplo de ello son la base de datos climatológicos WORLDCLIM (www.worldclim.org), los modelos digitales del terreno proporcionados por la NASA (www.usgs.gov) o las imágenes de satélite y sus productos derivados que distribuye gratuitamente el programa MODIS de la NASA (modis.gsfc.nasa.gov).

Una vez que ya se tienen los datos, el primer aspecto a considerar es su resolución espacial, que debe estar en armonía con la escala espacial de las cuestiones científicas que se pretenden resolver. Por ello, existe una demanda de datos ambientales a escala de detalle, ya que hasta el momento las bases de datos climatológicas globales solo llegan hasta resoluciones espaciales de 10 Km, lo que limita su aplicación en estudios locales.

A partir de los datos de entrada, los modelos de nicho ecológico dan como resultado, según el software elegido, un mapa de probabilidad de presencia de la especie o una serie de mapas binarios (0/1) de presencia de la especie que, teniendo en cuenta la base teórica de los modelos, pueden entenderse como la representación de la distribución potencial de la especie, si ésta sólo está condicionada por las variables ambientales de entrada.

Con los resultados del modelo, se comprueba el grado con que se ajustan a la realidad, considerando dos posibles tipos de errores: el error de omisión, que predice la no presencia de la especie donde realmente está (falso negativo), y el error de comisión, que predice la presencia de la especie donde no está (falso positivo). El error de omisión es mucho más importante, y peor, desde el punto de vista científico, ya que no predice lugares de presencia que pueden ser de importancia crucial para la supervivencia de la población, o contener genotipos únicos. El error de

ográficos. Además, la GBIF, ha desarrollado un portal en línea (www.gbif.org) en el que todos los países afiliados comparten sus datos biológicos con calidad científica y estandarizada, de manera gratuita (Fig. 4). La importancia de esta iniciativa es tal que es considerada como el proyecto "Genoma Humano" de la biodiversidad (www.gbif.es). Su estructura responde a una red de bases de datos interconectadas que pretende ser una herramienta básica para el desarrollo científico de los países y contribuir significativamente a una mejor protección y uso de la biodiversidad en el planeta.

Para el caso de la flora, los herbarios son centros de investigación donde se identifican, clasifican y mantienen colecciones de plantas deshidratadas que representan el patrimonio vegetal de un territorio más o menos amplio (región, país, continente, etc.). La importancia de estos centros es crucial, ya que además de garantizar la identidad de las especies vegetales en rela-



Figura 4. Vista principal del portal de datos On-line del GBIF (Global Biodiversity Information Facility).

comisión, por el contrario, puede ser real o aparente, ya que un “falso positivo” puede significar o una sobrepredicción del modelo o una predicción de nicho potencial de la especie. Por tanto, casi todas las técnicas de evaluación de modelos se centran en detectar los errores de omisión (falsos negativos). Concretamente, para determinar el grado de error la mayoría de los software o modelos aplican técnicas de “jackknife”, que consisten en estimar el nicho de la especie a partir de todos los puntos de apariencia menos 1, tantas veces como puntos de presencia tengamos. De este modo se minimiza la posibilidad de que un solo punto influya demasiado en el resultado final.

Finalmente, el modelo hay que validarlo, contrastando el resultado con la realidad. Para ello, lo más común es

del modelo en campo. Para ello se deberá realizar campañas para tratar de identificar nuevas localizaciones de la especie en lugares considerados como aptos para la misma por el modelo. Otra opción, aunque mucho más compleja, implica la realización de introducciones de la especie en los lugares considerados como aptos pero no ocupados por la misma. Esto último tiene especial sentido en el caso de especies amenazadas para cuya gestión estemos tratando de identificar zonas potenciales de reintroducción.

¿Qué modelo elegir?

Actualmente existen del orden de 12 a 15 modelos de nicho ecológico (e.g. Elith *et al.*, 2006), que se diferencian entre sí en la forma en que, matemáticamente, estiman el nicho potencial de

realizar el modelo con, por ejemplo, el 70% de los puntos de aparición de la especie y una vez obtenido el resultado, comprobar si las predicciones de alta probabilidad coinciden con el 30% de presencias restante. Así, un buen modelo nos estimará alta probabilidad de aparición de la especie en los lugares que coincidan con dicho 30%. También resulta altamente recomendable la validación

las especies modeladas (ver Tabla 1). En general, no existe uno mejor o peor, sino que la clave está en entender qué hace cada uno de los software y determinar cuál es más conveniente para nuestra aplicación. Esta gran “inflación” de métodos matemáticos para modelizar el nicho de las especies ha hecho que empiecen a surgir nuevos procedimientos matemáticos que integren de alguna manera los resultados obtenidos por los diferentes algoritmos. En este sentido destacamos la denominada “predicción conjunta” (ensemble forecastig) (Araújo & New 2007).

A modo de resumen, podemos decir que GARP, basado en un algoritmo genético, ha demostrado funcionar muy bien a escalas globales. No obstante, dado que cada vez que se aplica el modelo el resultado es ligeramente diferente, no es muy adecuado para aplicaciones que busquen un entendimiento de la ecología de la especie. Por el contrario, MaxEnt está basado en una distribución de probabilidad, por lo que supliría el déficit explicatorio de GARP, pero no siempre da tan buenos resultados. Finalmente, los algoritmos basados en redes neuronales producen un resultado de difícil comprensión ecológica, pero muy fiables en aplicaciones de predicción.

Agradecimientos

Los autores agradecen a GBIF la financiación de la asistencia de Elisa Liras al taller “4th Ecological Niche Modelling Workshop”, desarrollado en

Tabla 1. Principales software de modelización de nicho ecológico disponibles en la actualidad (basado en Elith *et al.*, 2006).

MÉTODO	TIPO DE MODELO	DATOS ¹	SOFTWARE
BIOCLIM	modelo de envuelta	p	DIVA-GIS
BRT	árboles de decisión amplificados	pa	R, gbm package
BRUTO	regresión, implementación rápida de gam	pa	R & Splus, mda package
DKP-GARP	reglas para algoritmos genéticos, versión de escritorio	pa	DesktopGarp
DOMAIN	distancia multivariante	p	DIVA-GIS
GAM	regresión: modelos aditivos de generalización	pa	S-Plus, GRASP
GDM	modelos de disimilaridad generales, utiliza datos de comunidad	pacomm	programa especializado que utiliza ArcView y Splus
GDM-SS	modelos de disimilaridad generales, implementación para especies	pa	igual que GDM
GLM	regresión, modelos lineales generalizados	pa	S-Plus, GRASP
LIVES	distancia multivariante	p	programa especializado
MARS	regresión, regresiones multivariantes adaptativas	pa	R, mda package
MARS-COMM	implementación de MARS para datos de comunidad	pacomm	como MARS
MARS-INT	implementación de MARS para permitir interacciones	pa	como MARS
MAXENT	máxima entropía	pa	Maxent
MAXENT-T	máxima entropía con valores de frontera	pa	Maxent
OM-GARP	versión de código abierto de GARP	pa	nueva versión de GARP

¹ p = solo presencia; pa = datos de presencia y ausencia; comm = datos de comunidad.

Varsovia (Polonia), del 26 al 30 de Noviembre de 2007. Este trabajo se ha desarrollado en el marco del Proyecto de Excelencia de la Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa de la Junta de Andalucía "Efectos del cambio global sobre la biodiversidad y el funcionamiento ecosistémico mediante la identificación de áreas sensibles y de referencia en el SE ibérico" (RNM 1280).

BIBLIOGRAFÍA

- Araujo M.B. & M. New (2007). Ensemble forecasting of species distribution. *Trends in Ecology and Evolution* 22: 43-47
- Araujo, M.B. & C. Rahbek (2006). How does climate change affect biodiversity. *Science* 313:1396-1397.
- Benito, B. & J. and Peñas (2007). Aplicación de modelos de distribución de especies a la conservación de la biodiversidad en el Sureste de la Península Ibérica. *GeoFocus* 7: 100-119.
- Elith, J., H. Graham, P. Anderson, M. Dudik, S. Ferrier, A. Guisan, J. Hijmans, F. Huettmann, R. Leathwick, A. Lehmann, J. Li, G. Lohmann, A. Loiselle, G. Manion, C. Moritz, M. Nakamura, Y. Nakazawa, C.M. Overton, A.T. Peterson, J. Phillips, K. Richardson, R. Scachetti-Pereira, E. Schapire, J. Soberón, S. Williams, S. Wisz & E. Zimmermann (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29:129-151.
- Guisan, A., O. Broennimann, R. Engler, M. Vust, N.G. Yoccoz, A. Lehmann & N.E. Zimmermann (2006). Using Niche-Based Models to Improve the Sampling of Rare Species. *Conservation Biology* 20: 501-511.
- Hutchinson, G.E. (1957). Concluding remarks. in *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology*. 415-420.
- Leathwick, J.R. (1998). Are New Zealand's *Nothofagus* species in equi-

brium with their environment? *Journal of Vegetation Science* 9: 719-732.

- MacArthur R. (1972). *Geographical ecology*. Princeton (NJ): Princeton University Press.
- Martinez-Meyer, E., A.T. Peterson & W. Hargrove (2004). Ecological niches as stable distributional constraints on mammal species, with implications for Pleistocene extinctions and climate change projections for biodiversity. *Global Ecology and Biogeography* 13: 305-314.
- Papes, M. & P. Gaubert (2007). Modelling ecological niches from low numbers of occurrences: Assessment of the conservation status of poorly known viverrids (Mammalia, Carnivora) across two continents. *Diversity and Distributions* 13: 890-902.
- Soberon, J. & A.T. Peterson (2004). Biodiversity informatics: Managing and applying primary biodiversity data. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B Biological Sciences* 359: 689-698.
- Thuiller, W., D.M. Richardson, P. Pyssek, G.F. Midgley, G.O. Hughes & M. Rouget (2005). Niche-based modelling as a tool for predicting the risk of alien plant invasions at a global scale. *Global Change Biology* 11: 2234-2250.

ELISA LIRAS¹, JAVIER CABELLO¹ Y FRANCISCO JAVIER BONET²

¹Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Almería, E-04120 Almería.

²Departamento de Ecología, Centro Andaluz de Medio Ambiente, Universidad de Granada-Junta de Andalucía. Avda. del Mediterráneo s.n., E-18006 Granada.
E-mail: eliras@ual.es

BANCOS DE GERMOPLASMA DE HÁBITATS, UNA NUEVA PROPUESTA PARA LA CONSERVACIÓN EX SITU

Introducción

Desde mediados de la década de 1990, el Banco de Semillas Forestales de la Generalitat Valenciana, actualmente integrado en el CIEF (Centro para la Investigación y Experimentación Forestal), almacena a corto, medio y largo plazo semillas de especies autóctonas propias de la Comunidad Valenciana, habiendo centrado su atención tanto en los ecosistemas forestales y preforestales (García Fayos, 2000), como en determinados tipos de hábi-

tats raros o amenazados. Si bien inicialmente se formuló como un centro con capacidades parecidas a los de los servicios nacionales de semillas forestales, aunque orientado primordialmente a la provisión de semillas para la repoblación con especies autóctonas, su evolución en los últimos años se ha ampliado a la recolección de germoplasma y estudio de protocolos de germinación de especies raras, endémicas y amenazadas. Así, en el marco de diversos proyectos en colaboración con bancos de

germoplasma de todo el Mediterráneo, en especial los proyectos Interreg 'Genmedoc' y 'Semclimed' (www.genmedoc.org y www.semclimed.org), ha desarrollado trabajos en los que se combinan progresivamente especies estructurales –dominantes y/o características de los ecosistemas, habitualmente recolectadas en grandes cantidades al servicio de la restauración paisajística o hidrológico-forestal– y singulares –en cantidades más pequeñas, propias de las accesiones más habituales en los bancos de germoplasma de jardines botánicos–.

Como resultado de esta convergencia se viene planteado un nuevo modelo de recolección ordenación y almacenamiento de las muestras, de modo que éstas pudieran servir, incluso a corto y medio plazo, para la restauración de microhábitats o enclaves singulares, lo que exigiría la combinación de germoplasma de los dos tipos de especies antedichos, en cantidades proporcionales a su representatividad en el ecosistema.

El banco de germoplasma de hábitats

Se propone complementar las formas clásicas de bancos de germoplasma de flora silvestre con un nuevo modelo que denominamos 'Banco de Germoplasma de Hábitats', que estaría compuesto por 'Unidades de Germoplasma del Hábitat' (UGH), sinaccesiones formadas por muestras de las principales especies estructurales y singulares, separando convenientemente cada especie en tipos de contenedor adecuados para el tamaño de las muestras individualizadas ('Unidades de Germoplasma de Especie', UGE). Atendiendo a Pérez García *et al.* (2005) y a Gómez Campo (2007), las UGE pueden conservarse satisfactoriamente en el entorno de -4 a +4°C, sin necesidad de acudir a temperaturas inferiores; este rango abarca el que usualmente se utiliza en la cámara principal del Banco de Semillas Forestales, que actualmente alberga muestras de en torno a 200 especies en diversos tipos de contenedores de alta capacidad.

Elección de especies

El proceso de elección de especies está siendo refinado en el marco del proyecto Interreg IIIB 'Semclimed' y una versión provisional del método propuesto puede consultarse "on line" en el trabajo de Ferrer (2007). En síntesis, el método propone un sistema de priorización de las especies en función de tres criterios o fracciones de aportación