



# DETECCIÓN DE PATRONES ESPACIALES DE BIODIVERSIDAD DE ÁRBOLES Y MAMÍFEROS EN LA PENÍNSULA IBÉRICA

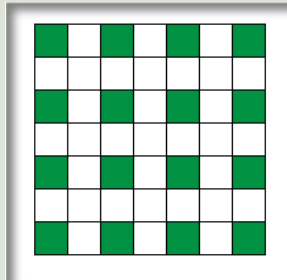
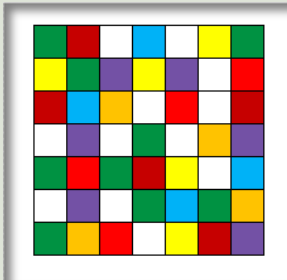
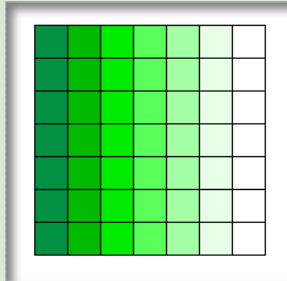
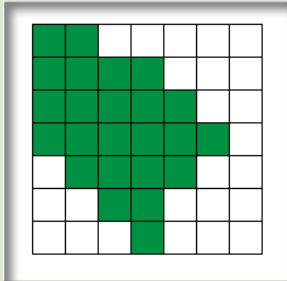
---

Jennifer Morales Barbero  
Rafael Francisco García Vázquez  
*Soloresferrer Castán\**



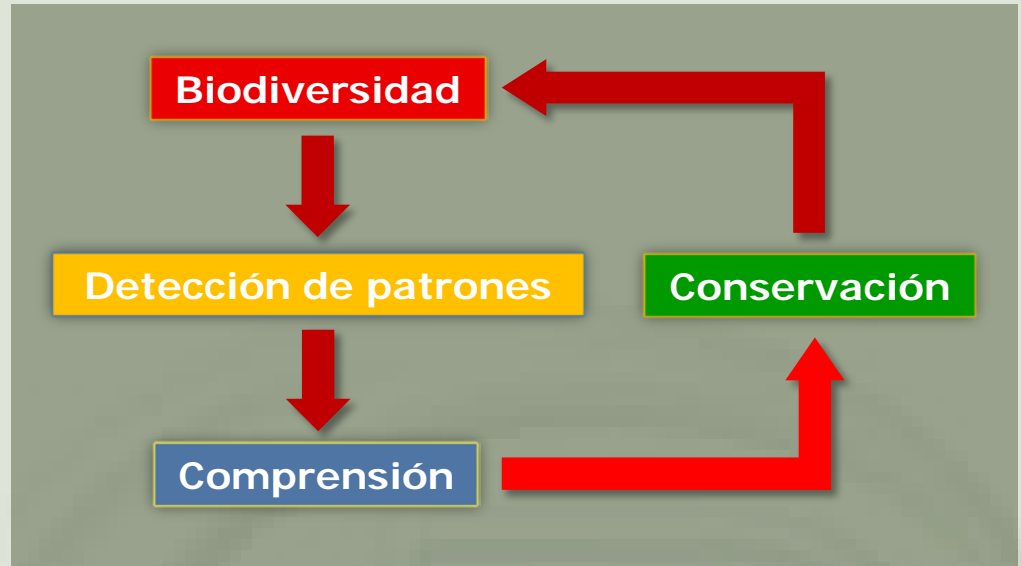
Área de Ecología - Universidad de Salamanca

# PATRONES ESPACIALES DE BIODIVERSIDAD Y R



**Homogéneo**  $\equiv$  uniforme  $\equiv$   
carente de variación  $\equiv$  **con falta  
de patrones**  $\equiv$  bien mezclado  $\equiv$   
constante

**Heterogéneo**  $\equiv$  variable  $\equiv$  fragmentado

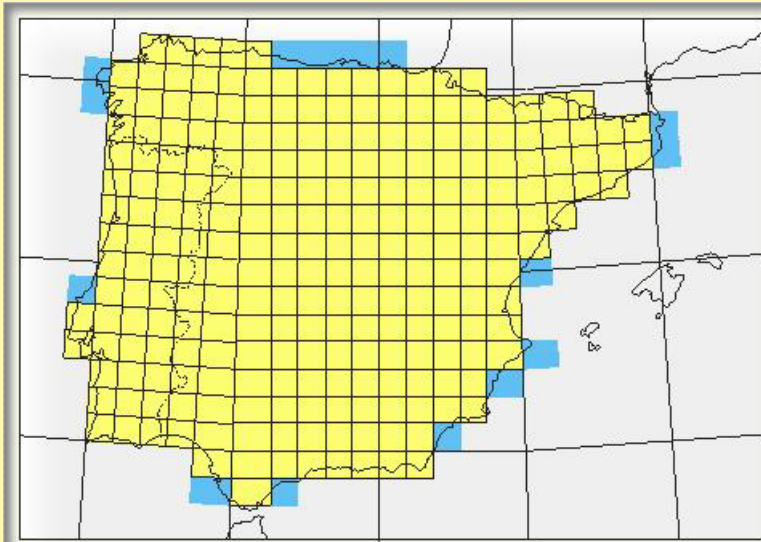


## Procedimientos de análisis y funciones de R utilizadas para:

- describir las **variaciones espaciales** de la **biodiversidad** (**riqueza de especies y familias**) de **árboles** y **mamíferos** en la **Península Ibérica**
- **evaluar la importancia relativa** de distintos **factores ambientales**

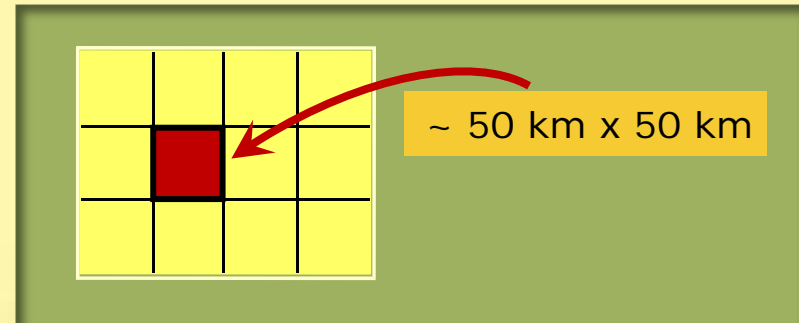


# FUENTES DE DATOS: RIQUEZA DE ÁRBOLES Y DE MAMÍFEROS

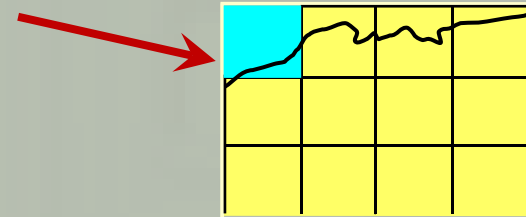


Sistema Militar de Referencia por Cuadrículas (MGRS, *Military grid reference system*)

**240 celdas**



Celdas omitidas si > 50% de su área en el mar



📍 **Riqueza de especies**

📍 **Riqueza de familias**

# FUENTES DE DATOS: RIQUEZA DE ÁRBOLES Y DE MAMÍFEROS

## Riqueza de árboles



◆ Especies (79)

◆ Familias (17)

*Journal of Biogeography (J. Biogeogr.)* (2008) 35, 1863–1878

ORIGINAL  
ARTICLE

Patterns of woody plant species richness  
in the Iberian Peninsula: environmental  
range and spatial scale

Ole R. Vetaas<sup>1\*</sup> and Dolores Ferrer-Castán<sup>2</sup>

Árboles:  $h \geq 7$  m  
Leñosas:  $h \geq 4,5$  m

## Riqueza de mamíferos



◆ Especies (90)

◆ Familias (22)

### THE ATLAS OF EUROPEAN MAMMALS

A J Mitchell-Jones, G Amori,  
W Bogdanowicz, B Kryštufek, P J H Reijnders,  
F Spitzenberger, M Stubbe, J B M Thissen,  
V Vohralik & J Zima



FOYSEK NATURAL HISTORY

Published by T & A D Poyser for the Societas Europaea Mammalogica

ATLAS Y LIBRO ROJO

### DE LOS MAMÍFEROS TERRESTRES DE ESPAÑA

L. SÁENZ PALOMCO, D. GIL GIBERTY Y L. CARLOS RAMCÓ



Tragsa

Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación

Ministerio de Medio Ambiente y Cambio Climático

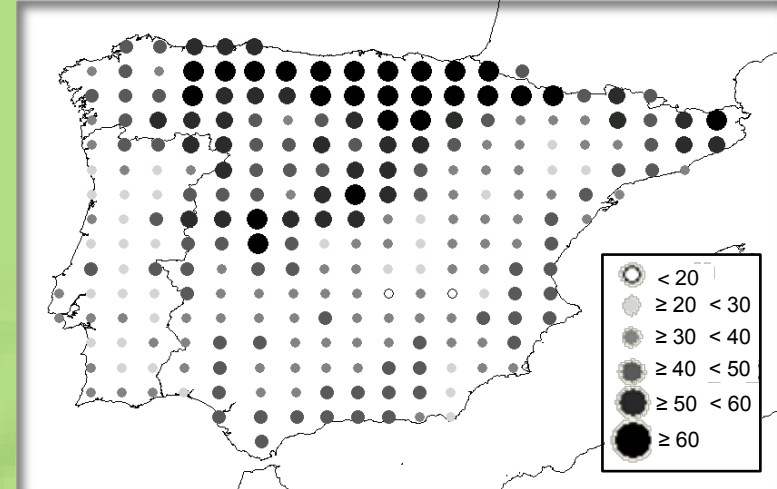
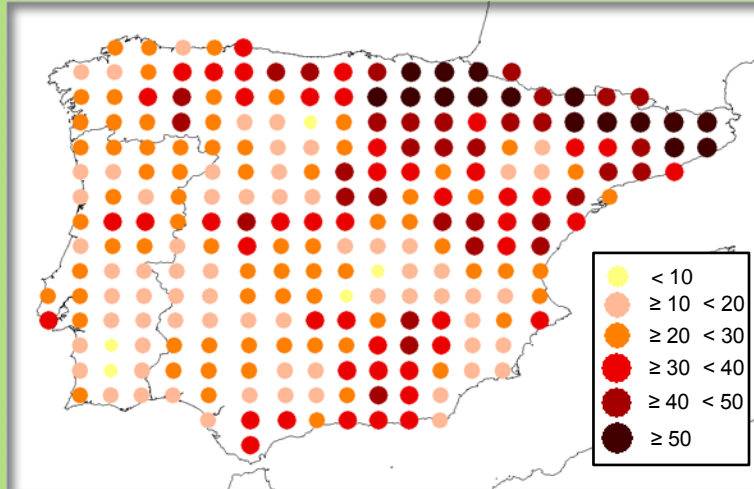


# FUENTES DE DATOS: RIQUEZA DE ÁRBOLES Y DE MAMÍFEROS

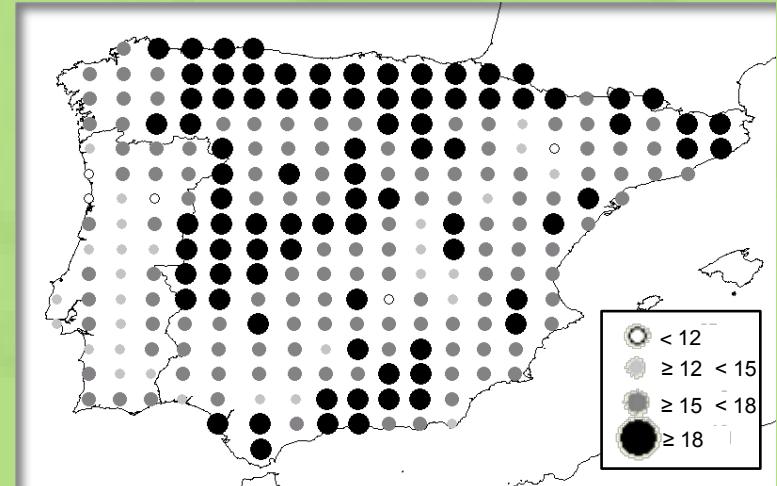
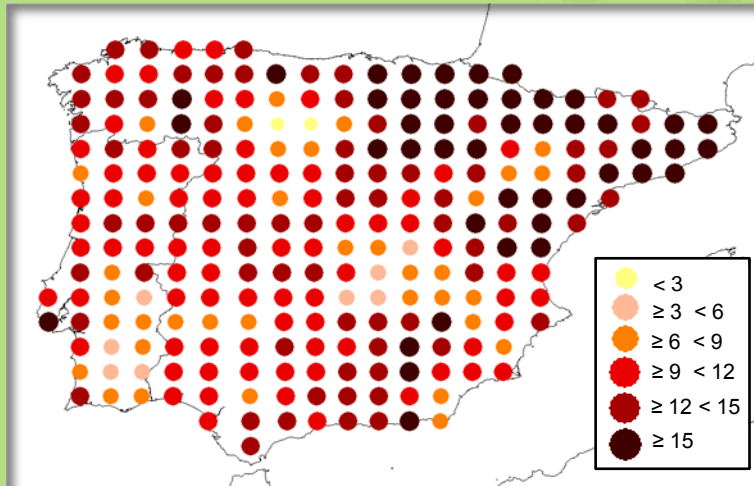
## Árboles

## Mamíferos

Riqueza de especies



Riqueza de familias



# FACTORES AMBIENTALES

## Variables climáticas

- ◆ Precipitación anual media (MAP)
- ◆ Evapotranspiración potencial anual (PET)
- ◆ Temperatura media anual (MAT)
- ◆ Evapotranspiración real anual (AET)
- ◆ Temperatura media diaria de enero (MTE)
- ◆ Temperatura media diaria de julio (MTJ)

Riqueza de árboles

## Heterogeneidad de hábitat

- ◆ Rango altitudinal (ELER)
- ◆ Número de materiales litológicos (BEDRT)
- ◆ Riqueza de plantas leñosas

## Variables geológicas

- ◆ Porcentaje de sustratos carbonatados (CARBP)

## (Variables geográficas)

- ◆ Latitud (LAT)
- ◆ Longitud (LON)

Riqueza de mamíferos

# PROCEDIMIENTOS DE ANÁLISIS Y FUNCIONES DE R

---

- Modelos aditivos generalizados (GAMs)
- Modelos lineales generalizados (GLMs)
  - ❖ ¿Modelos gaussianos o modelos de Poisson?
  - ❖ Procedimientos de selección de variables
- Regresiones parciales



# MODELOS ADITIVOS GENERALIZADOS (GAMs)



Paquete "mgcv" (Wood, 2011)

Paquete "gam" (Hastie, 2011)

```
> fit1.gam <- gam(arbsp ~ s(mat), gaussian)
> f <- fitted(fit1.gam)

> ord1 <- order(mat)
> par(mfcol=c(3,3))

> plot(mat[ord1],f[ord1], type="l", ylim=range(arbsp))
> points(mat,arbsp)

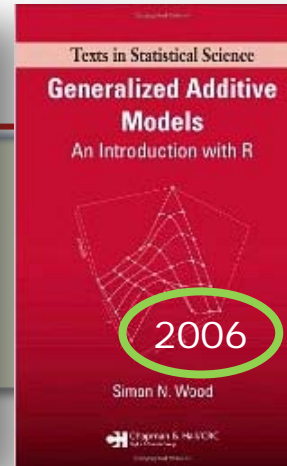
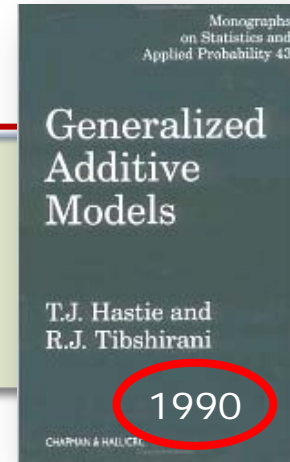
> fit0.gam <- gam(arbsp ~ +1, gaussian)
> fit1.gam <- gam(arbsp ~ s(mat), gaussian)
> anova(fit0.gam, fit1.gam, test="F")
```

Analysis of Deviance Table

Model 1: Assp ~ +1

Model 2: Assp ~ s(mat)

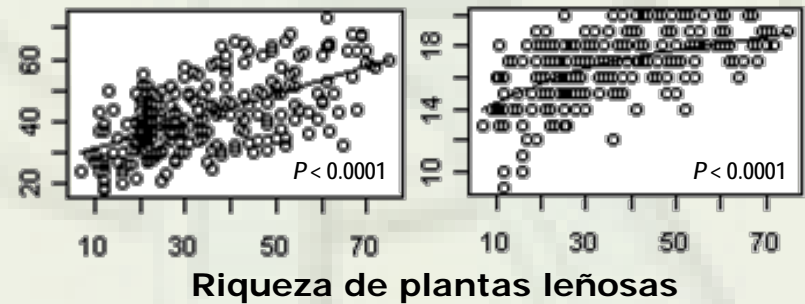
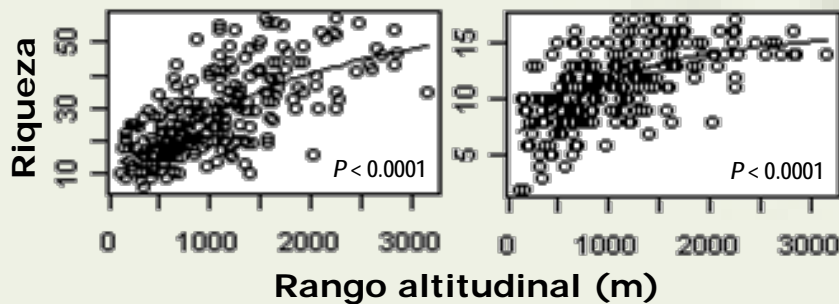
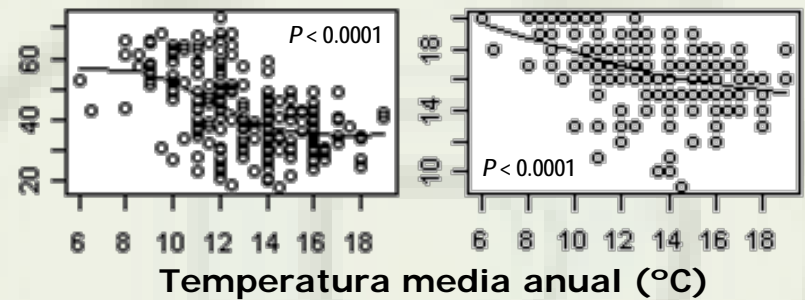
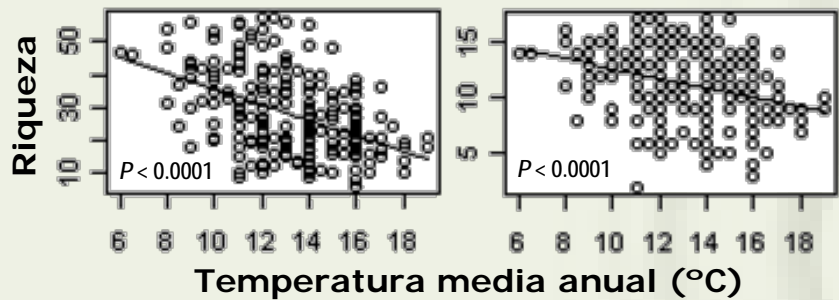
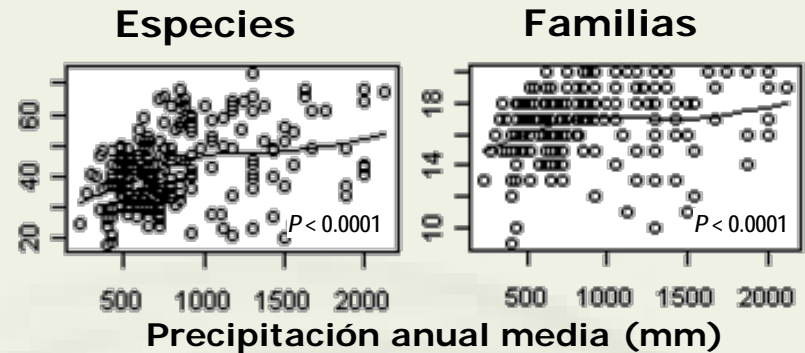
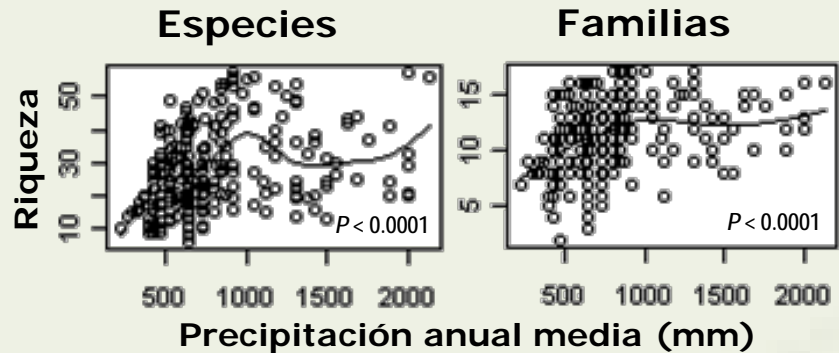
	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	F	Pr(>F)
1	239	36458				
2	238	28280	1	8178.3	68.828	8.015e-15 ***



# MODELOS ADITIVOS GENERALIZADOS (GAMs)

## Árboles

## Mamíferos



# MODELOS LINEALES GENERALIZADOS (GLMs)

## ¿Modelos de Poisson o modelos gaussianos?

GLMs	Variable	Distribución de errores	Vínculo
Regr. ordinaria o Gaussiana	Continua	Normal o Gaussiana	Identidad $y = \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_2$
Modelos de Poisson	Discreta	De Poisson	Logarítmico $\log(y) = \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_2$ $y = \exp(\beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_2)$

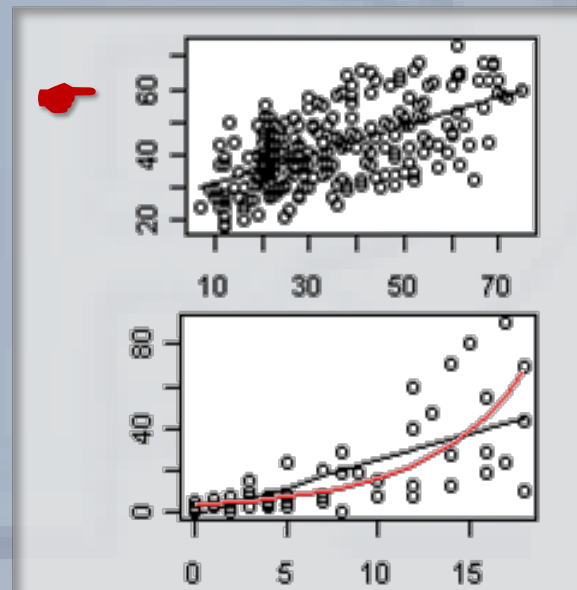
### Q-Q plots

```
> qqnorm(resid(fit1.glm))  
> qqline(resid(fit1.glm))
```

### Test de normalidad de Shapiro-Wilk

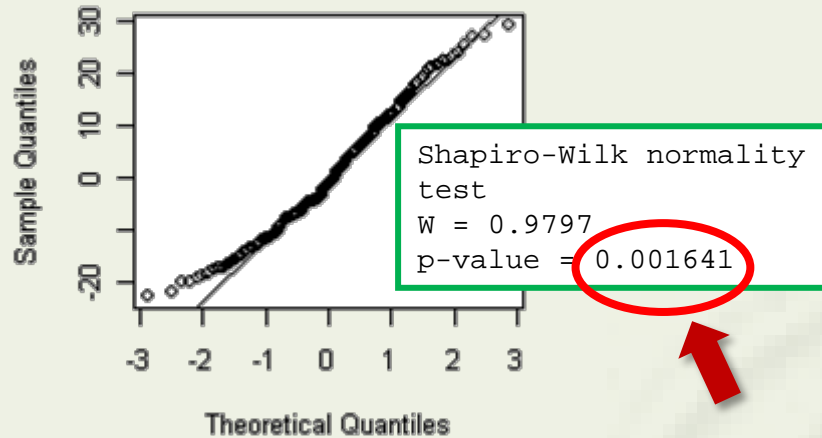
```
> shapiro.test(resid(fit1.glm))
```

### Porcentajes de varianza explicados



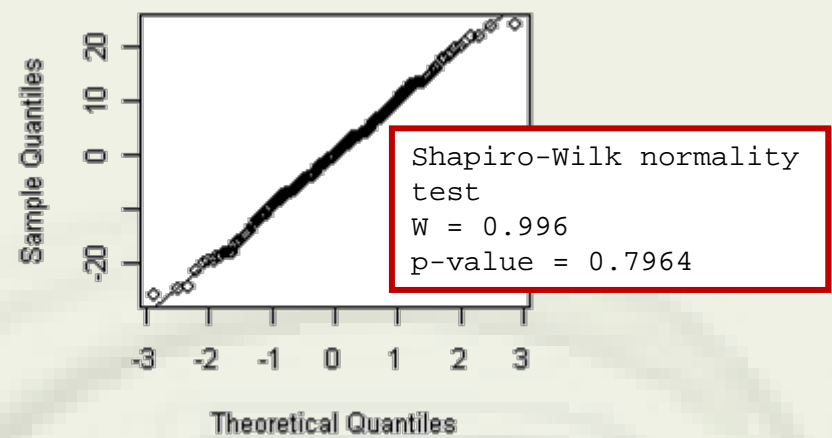
**Árboles (riqueza de especies)**

Evapotranspiración potencial (mm)

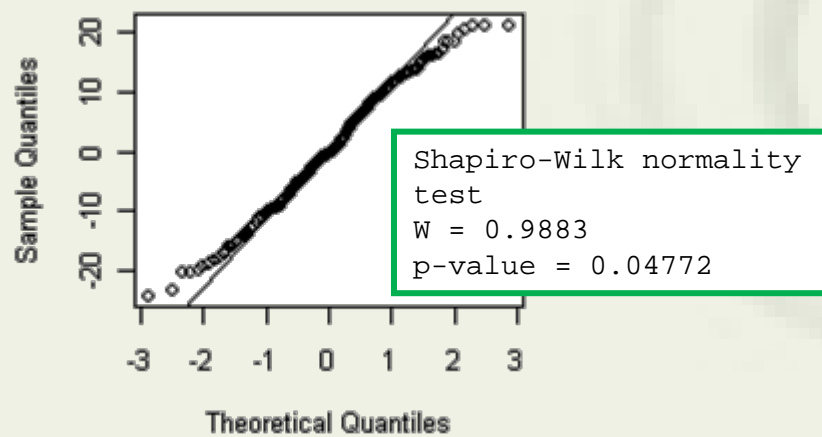


**Mamíferos (riqueza de especies)**

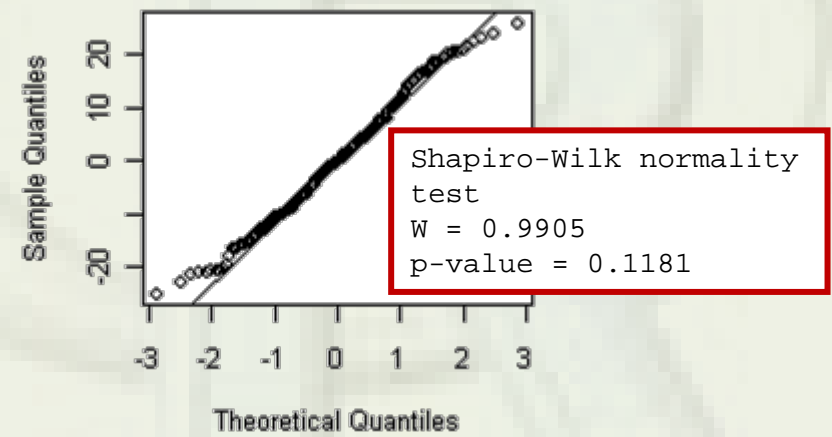
Evapotranspiración potencial (mm)



Evapotranspiración real (mm)



Evapotranspiración real (mm)



## Procedimientos de selección de variables

### Selección paso a paso hacia adelante (*forward selection*)

Significación:  $P < 0,01$

```
> fit0.glm <- glm(arbsp ~ +1, gaussian)
> fit1.glm <- glm(arbsp ~ map, gaussian)
> anova(fit0.glm, fit1.glm, test="F")
```

lm

Analysis of Deviance Table

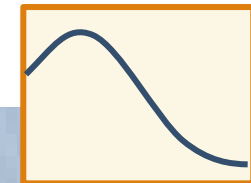
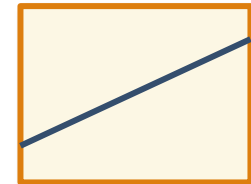
Model 1: Assp ~ +1

Model 2: Assp ~ map

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	F	Pr(>F)
1	239	36458				
2	238	33074	1	3383.9	24.351	1.510e-06

```
> fit2.glm <- glm(arbsp ~ poly(map,2), gaussian)
> anova(fit1.glm, fit2.glm, test="F")
```

```
> fit3.glm <- glm(arbsp ~ poly(map,3), gaussian)
> anova(fit2.glm, fit3.glm, test="F")
```



## MODELOS LINEALES GENERALIZADOS (GLMs)

Resumen de los modelos de regresión considerando las variables espaciales y ambientales individualmente para explicar la riqueza de árboles.

Variable	Especies					Familias				
	Ord.	g.l.	<i>F</i>	<i>P(F)</i>	%Varianza explicada	Ord.	g.l.	<i>F</i>	<i>P(F)</i>	%Varianza explicada
LAT	3	236	9.16	<0,01	21.91	2	237	9.71	<0,01	14.20
LON	1	238	89.52	<0,0001	27.33	1	238	51.18	<0,0001	17.70
ELER	1	238	189.31	<0,0001	44.3	2	237	19.40	<0,0001	42.25
MAP	3	236	9.59	<0,01	17.96	3	236	6.82	<0,01	15.52
MAT	1	238	68.83	<0,0001	22.43	1	238	27.88	<0,0001	10.48
MTJAN	1	238	58.71	<0,0001	19.79	1	238	19.93	<0,0001	7.73
MTJUL	1	238	48.84	<0,0001	17.03	1	238	31.73	<0,0001	11.76
PET	1	238	43.57	<0,0001	15.48	1	238	22.48	<0,0001	8.63
AET	1	238	116.89	<0,0001	32.94	1	238	84.62	<0,0001	26.23
BEDRT	1	238	14.55	<0,01	5.76	1	238	15.95	<0,0001	6.28
CARBP	3	236	5.80	<0,01	15.92	3	236	8.63	<0,01	16.11
MAPxCARBP	1	238	136.48	<0,0001	36.44	1	238	84.96	<0,0001	26.31

## MODELOS LINEALES GENERALIZADOS (GLMs)

### Eliminación paso a paso hacia atrás (*backward elimination*)

```
> fit1.glm <- glm(arbfm ~ map+I(map^2)+I(map^3)+mat+I(mat^2)+(mat^3)+  
mtjan+I(mtjan^2)+I(mtjan^3)+mtjul+I(mtjul^2)+I(mtjul^3)+pet+I(pet^2)+  
I(pet^3)+aet+I(aet^2)+I(aet^3)+eler+I(eler^2)+I(eler^3)+bedrt+  
I(bedrt^2)+I(bedrt^3)+carbp+I(carbp^2)+I(carbp^3)+map:carbp, gaussian)  
  
> fit2.glm <- glm(arbfm ~ I(map^2)+I(map^3)+mat+I(mat^2)+(mat^3)+  
mtjan+I(mtjan^2)+I(mtjan^3)+mtjul+I(mtjul^2)+I(mtjul^3)+pet+I(pet^2)+  
I(pet^3)+aet+I(aet^2)+I(aet^3)+eler+I(eler^2)+I(eler^3)+bedrt+  
I(bedrt^2)+I(bedrt^3)+carbp+I(carbp^2)+I(carbp^3)+map:carbp, gaussian)  
  
> anova(fit1.glm, fit2.glm, test="F")
```

Analysis of Deviance Table

Model 1: arbfm ~ ...

Model 2: arbfm ~ ...

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	F	Pr(>F)
1	211	938.324				
2	212	1000.503	-1	-62.17949	13.98224	0.0002377



# MODELOS LINEALES GENERALIZADOS (GLMs)

$P < 0.0001$

$P < 0.001$

$P < 0.01$

## Riqueza de especies de árboles

### ◆ hacia delante

```
ARBSP ~ ELER + MAP - I(MAP^2) + I(MAP^3) +  
AET - MTE + MAP:CARBP
```

#Porcentaje de varianza explicada: 70.2

### ◆ hacia atrás

```
arbsp ~ ELER + MAP - I(MAP^2) + I(MAP^3) +  
AET - CARBP + MAP:CARBP
```

#Porcentaje de varianza explicada: 70.1

## Riqueza de familias de árboles

### ◆ hacia delante y hacia atrás

```
ARBFM ~ ELER - I(ELER^2) + MAP - I(MAP^2) +  
I(MAP^3) + AET + MAP:CARBP
```

#Porcentaje de varianza explicada: 56.7

# MODELOS LINEALES GENERALIZADOS (GLMs)

$P < 0.0001$

$P < 0.001$

$P < 0.01$

## Riqueza de especies de mamíferos

### ◆ hacia delante

```
MAMSP ~ WOOD - PET + I(PET^2) - CARBP
```

#Porcentaje de varianza explicada: 50.1

### ◆ hacia atrás

```
MAMSP ~ WOOD - I(WOOD^2) + I(WOOD^3) - PET +  
I(PET^2) - I(AET^2) - CARBP + MAP:CARBP
```

#Porcentaje de varianza explicada: 53.9

## Riqueza de familias de mamíferos

### ◆ hacia delante

```
MAMFM ~ WOOD - PET + I(PET^2) - I(PET^3)  
(- MAT)
```

#Porcentaje de varianza explicada: 37.6

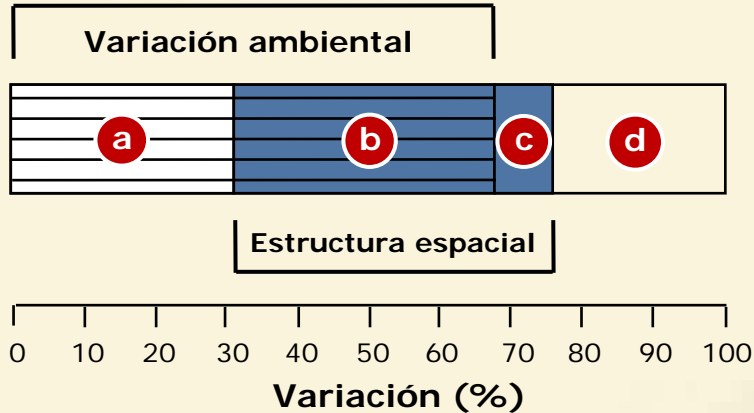
### ◆ hacia atrás

```
MAMFM ~ WOOD - I(WOOD^2) + I(ELER^2) -  
CARBP + I(CARBP^2) - I(MAP^2) + I(MAP^3) +  
MAP:CARBP - PET
```

#Porcentaje de varianza explicada: 41.7

# REGRESIONES PARCIALES

## Riqueza de árboles



- a** Variación puramente ambiental
- b** Variación ambiental espacialmente estructurada
- c** Variación puramente espacial
- d** Variación no explicada

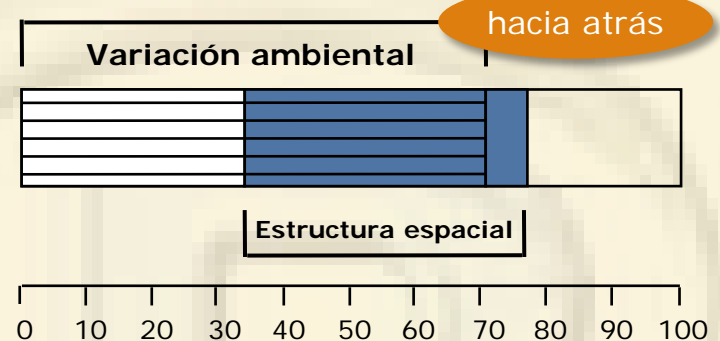
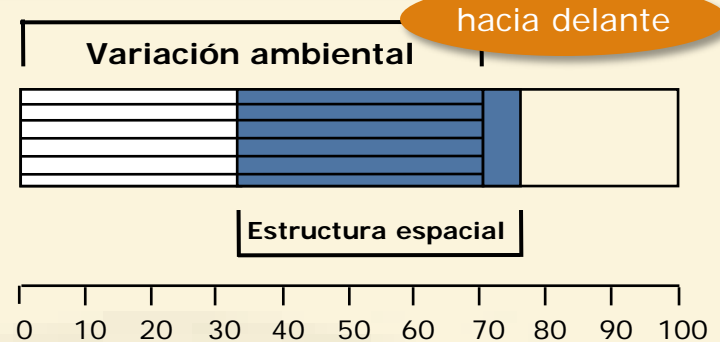
### Variación ambiental

```
> fit1.glm <- glm(ARBFM ~
poly(ELER,2) + poly(MAP,3) + AET +
MAP:CARBP, gaussian)
```

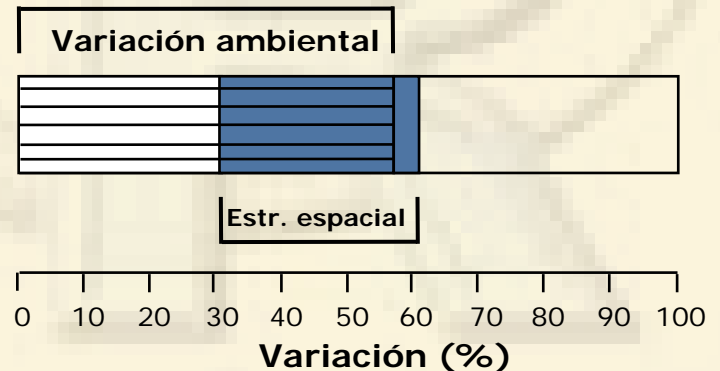
### Estructura espacial

```
> fit1.glm <- glm(ARBFM ~ lon +
poly(lat,2), gaussian)
```

## Especies

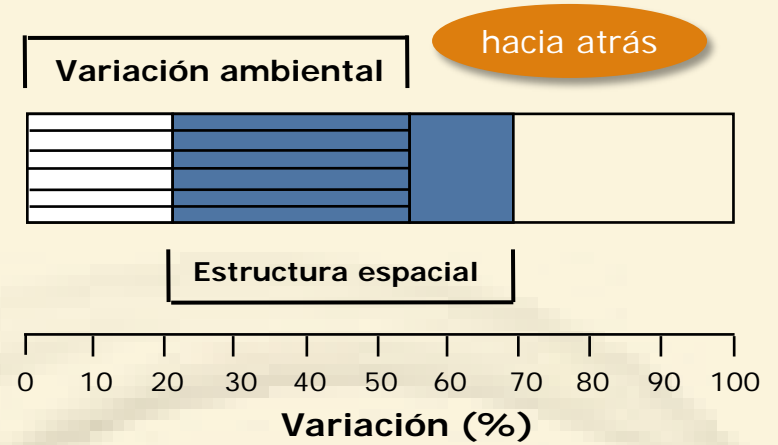
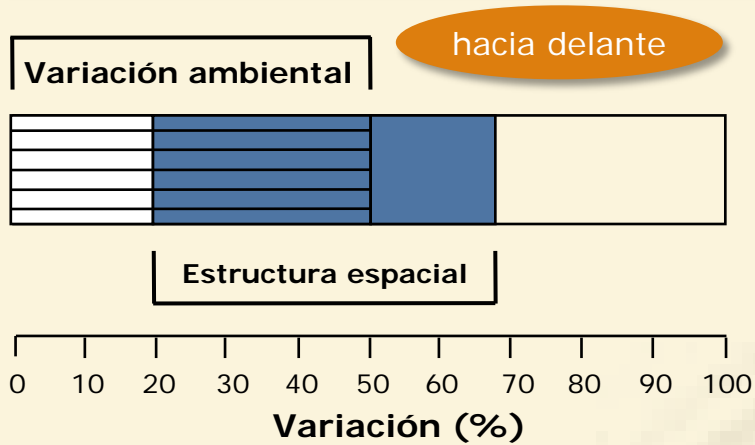


## Familias

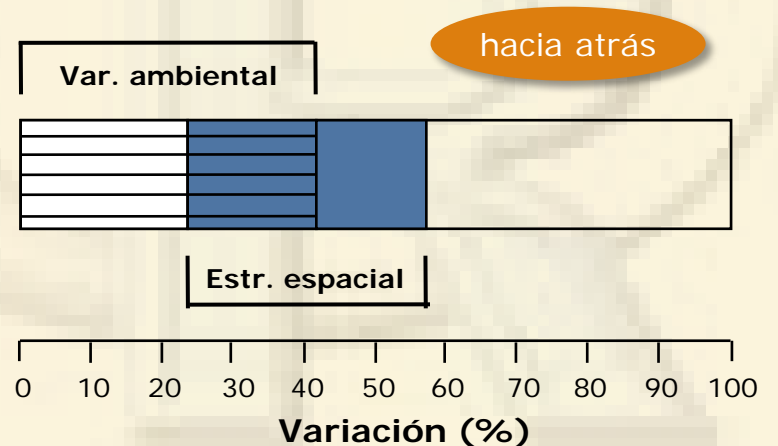
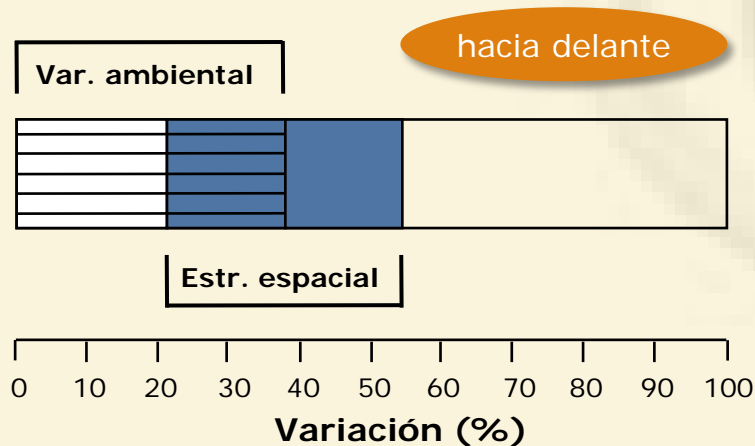


# REGRESIONES PARCIALES

## Riqueza de especies de mamíferos



## Riqueza de familias de mamíferos



**¡¡MUCHAS GRACIAS!!**

