

Análisis espaciales y multivariantes en R aplicados a estudios de biodiversidad

Modelos Jerárquicos de Comunidades de Especies en R

Diego Nieto Lugilde. Profesor Titular de la Universidad de Córdoba
(España)



UNIVERSIDAD
DE
CÓRDOBA



Co-funded by
the European Union

Análisis multivariantes

- Son muy interesantes para entender y explicar nuestros datos de comunidades
- Su capacidad de predecir en puntos no muestreados es muy limitada

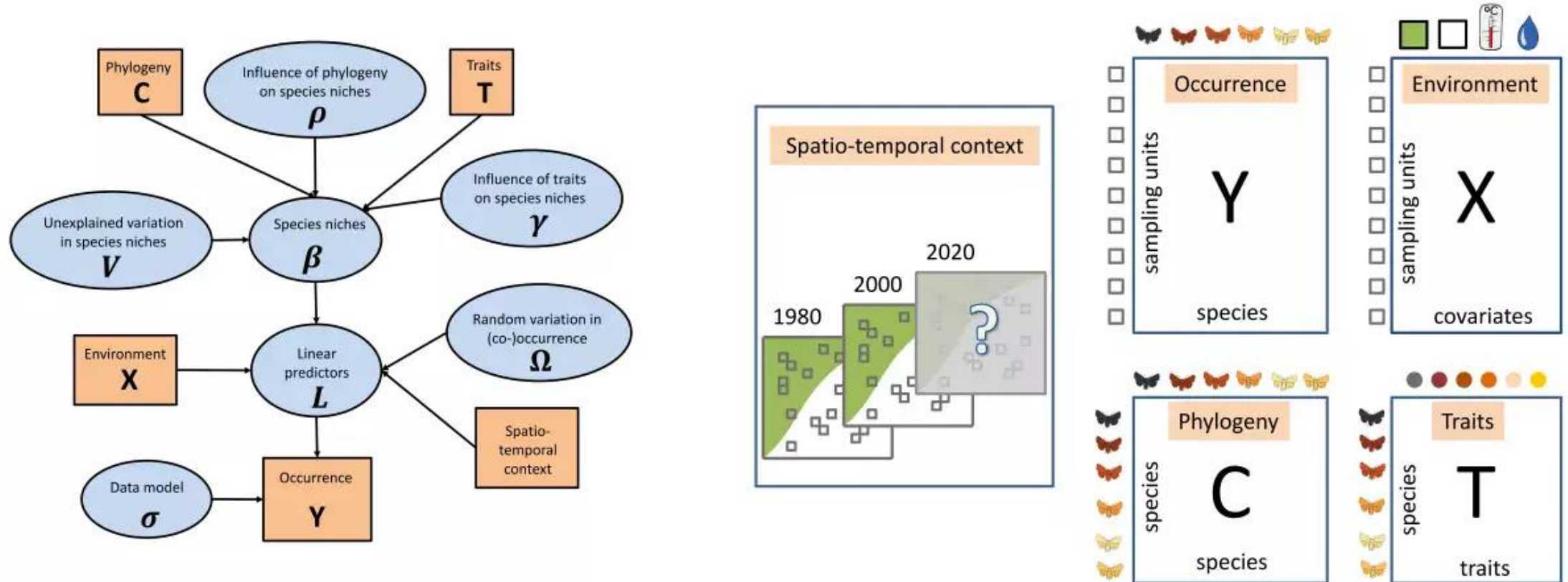
Modelos de distribución de especies (SDMs)



Limitaciones de los SDMs

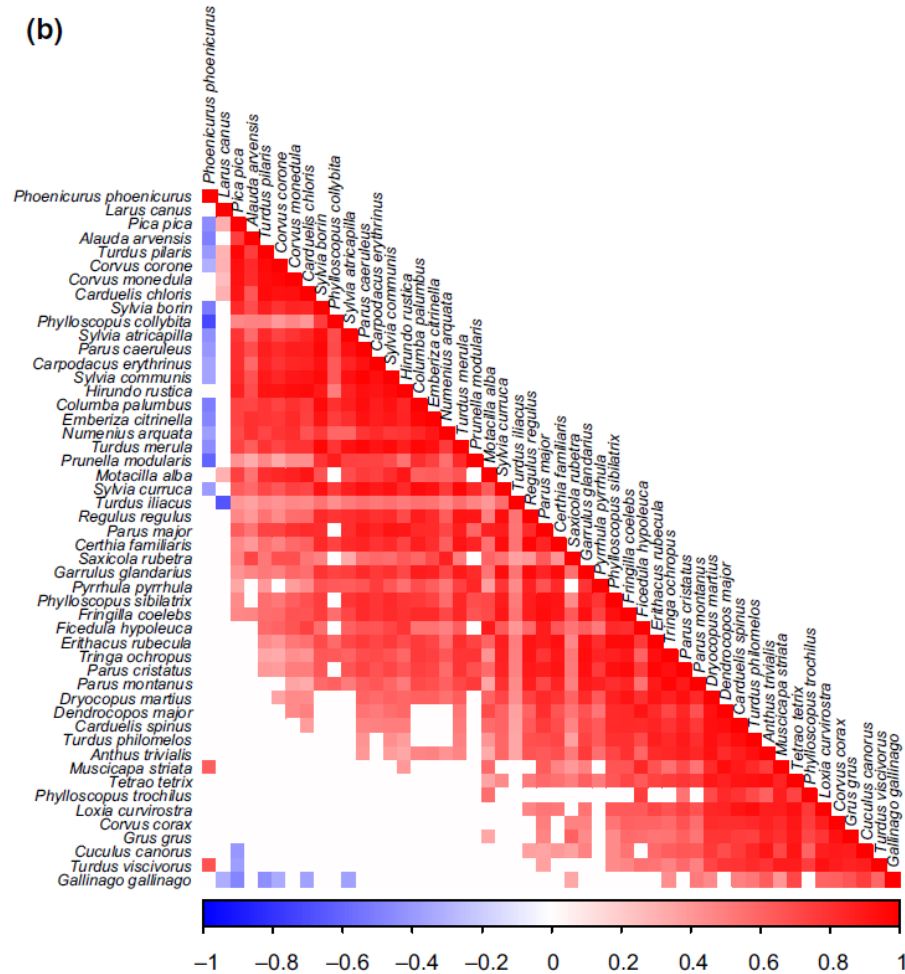
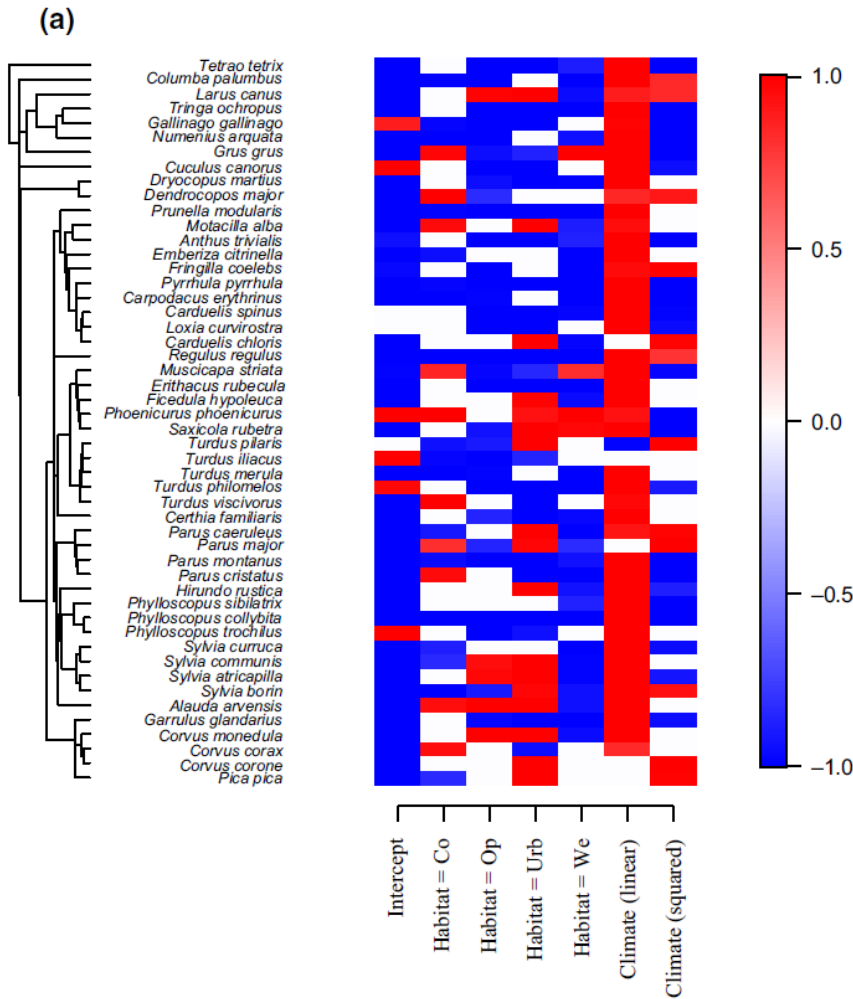
- No co-varianzas entre especies
 - La redundancia de la que hablabamos ayer
 - En la que se incluyen las interacciones bióticas
- No información filogenética
- No variabilidad morfológica (rasgos funcionales)
 - Que sabemos realizan una modulación en la respuesta de las especies al ambiente
- Son espacialmente explícitos, pero no suelen contemplar dependencia espacial
- ≠ teoría de ecología de comunidades

Modelos Jerárquicos de Comunidades de Especies (HMSC)

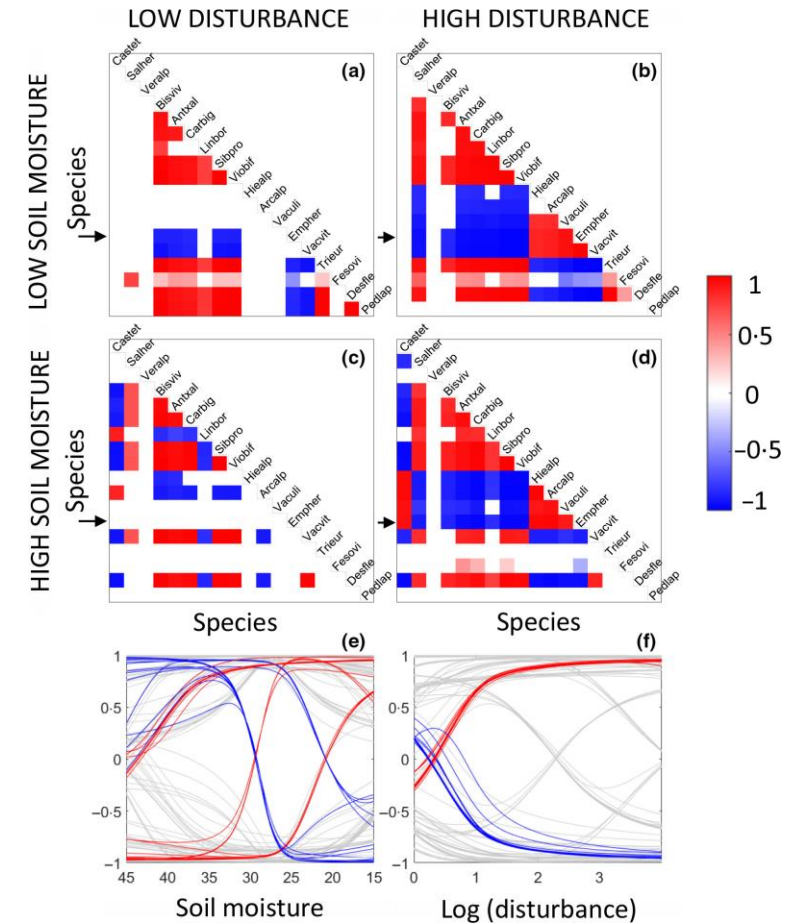
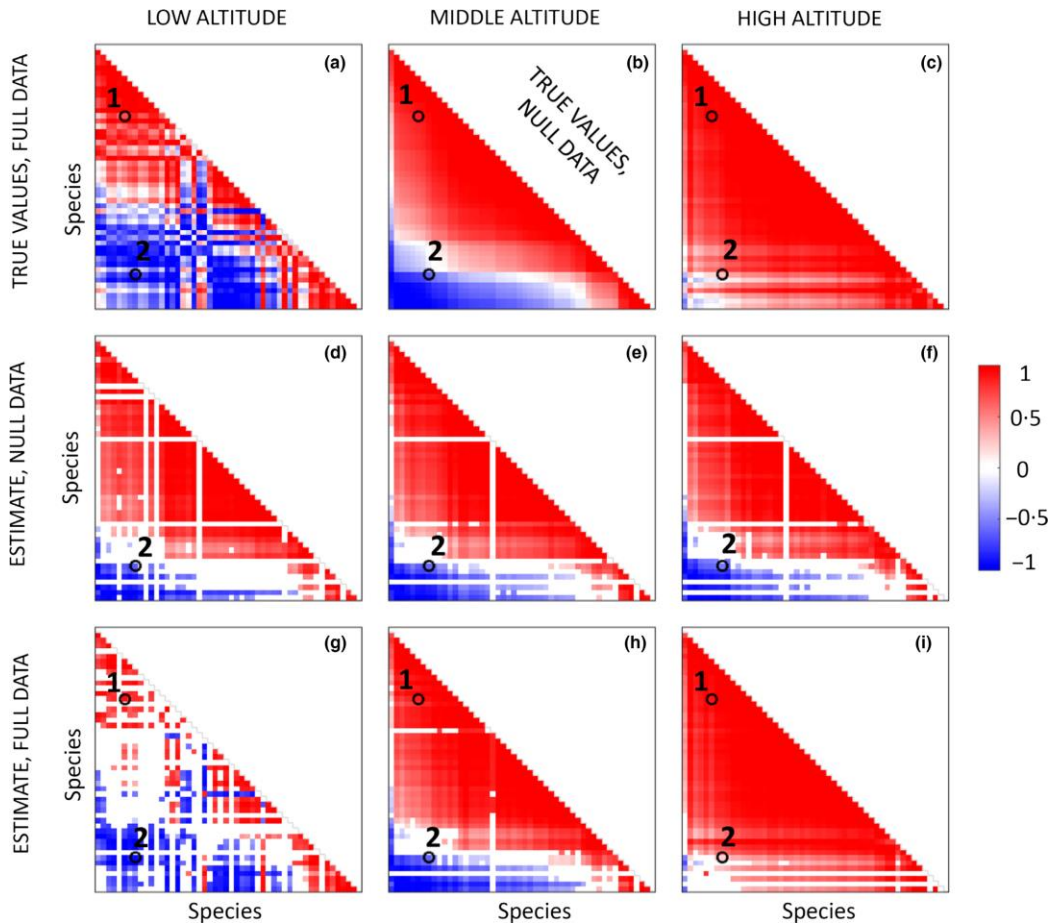


Los rectángulos marrones son datos medidos (no es necesario tenerlos todos, solo Y). El resto son parámetros que se estiman durante la fase de calibración del modelo.

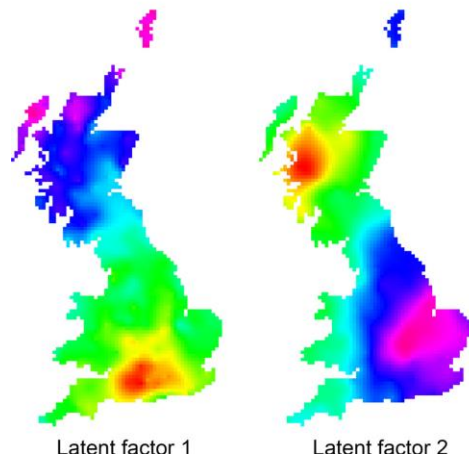
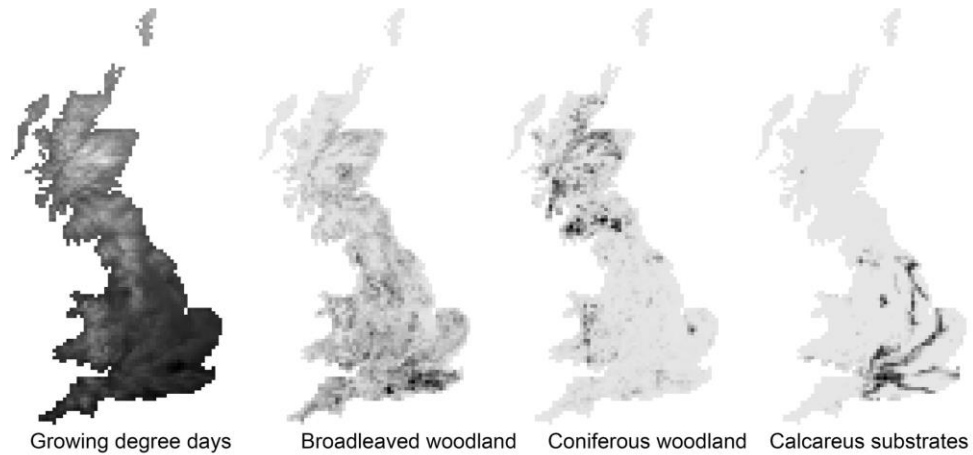
Algunos ejemplos de parámetros que se pueden estimar...



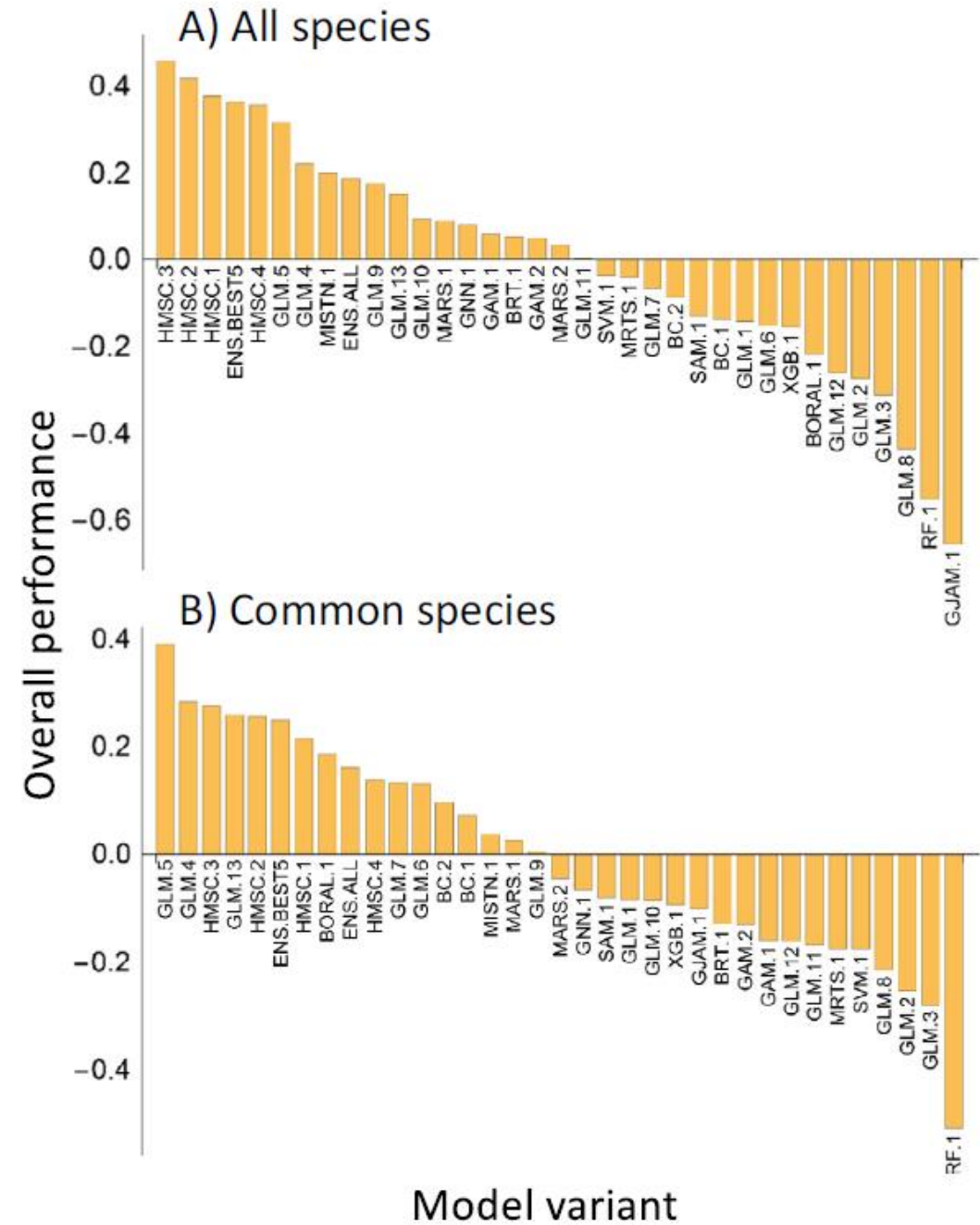
Las co-ocurrencias de especies cambian a lo largo del tiempo



Se puede usar para proyectar en el espacio



HMSC comparado con otros SDMs



¿Se pueden calibrar con datos de observaciones como los SDMs?

