



1859



Universidad
Nacional
de Loja

Universidad Nacional de Loja

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Maestría en Restauración de Paisajes Tropicales

Evaluación de productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador

Trabajo de Titulación previo a la obtención del título de Magister en Restauración de Paisajes Tropicales

AUTOR:

Erick Darío Angamarca Angamarca

DIRECTOR:

Ing. Juan Armando Maita Chamba Mg. Sc.

Loja - Ecuador

2024

Certificación

Loja, 22 de abril de 2024

Ing. Juan Armando Maita Chamba Mg. Sc.

DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

CERTIFICO:

Que he revisado y orientado todo el proceso de elaboración del Trabajo de Titulación denominado: **Evaluación de productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador**, previo a la obtención del título de **Magister en Restauración de Paisajes Tropicales**, de la autoría del estudiante **Erick Darío Angamarca Angamarca**, con cédula de identidad Nro.**1104980311**, una vez que el trabajo cumple con todos los requisitos exigidos por la Universidad Nacional de Loja, para el efecto, autorizo la presentación del mismo para su respectiva sustentación y defensa.

Ing. Juan Armando Maita Chamba Mg. Sc.

DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

Autoría

Yo, **Erick Darío Angamarca Angamarca**, declaro ser autor del presente Trabajo de Titulación y eximo expresamente a la Universidad Nacional de Loja y a sus representantes jurídicos, de posibles reclamos y acciones legales, por el contenido del mismo. Adicionalmente acepto y autorizo a la Universidad Nacional de Loja la publicación de mi Trabajo de Titulación, en el Repositorio Digital Institucional – Biblioteca Virtual.

Firma:

Cédula de identidad: 1104980311

Fecha: 07 de agosto de 2024

Correo electrónico: erick.angamarca@unl.edu.ec

Teléfono: 0983575602

Carta de autorización por parte del autor/a, para consulta, reproducción parcial o total y/o publicación electrónica del texto completo, del Trabajo de Titulación

Yo, **Erick Darío Angamarca Angamarca**, declaro ser autor del Trabajo de Titulación denominado: **Evaluación de productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador**, como requisito para optar por el título de **Magister en Restauración de Paisajes Tropicales**, autorizo al sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja para que, con fines académicos, muestre la producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido en el Repositorio Institucional.

Los usuarios pueden consultar el contenido de este trabajo en el Repositorio Institucional, en las redes de información del país y del exterior con las cuales tenga convenio la Universidad.

La Universidad Nacional de Loja, no se responsabiliza por el plagio o copia del Trabajo de Titulación que realice un tercero.

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Loja, a los siete días del mes de agosto de dos mil veinticuatro.

Firma:

Autor: Erick Darío Angamarca Angamarca

Cédula: 1104980311

Dirección: Urb. Caminos del Sol, La Banda, Loja

Correo electrónico: erick.angamarca@unl.edu.ec

Teléfono: 0983575602

DATOS COMPLEMENTARIOS:

Director del Trabajo de Titulación: Ing. Juan Armando Maita Chamba Mg. Sc.

Dedicatoria

El presente trabajo se lo dedico a mis abuelitos Sra. Julia Angamarca y Sr. Tomás Angamarca personas ejemplares, que por su apoyo y confianza he podido alcanzar esta meta en mi vida profesional. A mis padres Sra. Vilma Angamarca y Sr. Gabriel Angamarca, a mis hermanos Ulises Angamarca y Jean Angamarca por sus consejos y ánimos para seguir adelante en mi vida profesional.

Erick Darío Angamarca Angamarca

Agradecimiento

A la prestigiosa Universidad Nacional de Loja y de manera especial a la maestría en Restauración de Paisajes Tropicales por la oportunidad para el desarrollo de mis estudios de posgrado. Al equipo de investigación del Centro de Investigaciones Tropicales del Ambiente y Biodiversidad – CITIAB, Ing. Paul Eguiguren Ph.D, Ing. Darío Veintimilla Mg. Sc., Ing. Zhofre Aguirre Ph.D y en particular al Ing. Juan Maita Mg. Sc., por el apoyo técnico científico para el desarrollo de la presente investigación.

A mis compañeros de la maestría, amigos y familiares por el apoyo brindado para alcanzar esta meta en mi vida profesional.

Erick Darío Angamarca Angamarca

Índice de contenidos

Portada	i
Certificación	ii
Autoría	iii
Carta de autorización	iv
Dedicatoria	v
Agradecimiento	vi
Índice de contenidos	vii
Índice de figuras:	ix
Índice de tablas:	x
Índice de anexos:	xi
1. Título	1
2. Resumen	2
Abstract	3
3. Introducción	4
4. Marco teórico	6
4.1. Modelos de distribución de especies basados en nichos ecológicos	6
4.1.1. Teoría de nichos ecológicos	6
4.1.2. Modelos de distribución de especies	6
4.1.3. Dualidad de Hutchison	6
4.1.4. Estadísticos de evaluación de modelos de distribución de especies.....	7
4.2. Descripción de variables bioclimáticas	8
4.2.1. Variables bioclimáticas	8
4.2.2. WorldClim.....	8
4.2.3. Chelsa	9
4.2.4. Diferencias entre los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa.....	9
4.3. Descripción botánica de especies seleccionadas	10
4.3.1. <i>Alnus acuminata</i>	10
4.3.2. <i>Morella pubescens</i>	10
4.3.3. <i>Caesalpinia spinosa</i>	11
4.3.4. <i>Piptocoma discolor</i>	11
4.3.5. <i>Vachellia macracantha</i>	12
4.3.6. <i>Vismia baccifera</i>	12

5. Metodología.....	14
5.1. Área de estudio	14
5.2. Cálculo de la distribución de especies forestales prioritarias de restauración forestal.	15
5.2.1. Selección de las especies y determinación de rangos de distribución altitudinal de las especies.....	15
5.2.2. Elaboración de scripts para el modelamiento de distribución de especies.....	16
5.3. Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies.....	18
5.3.1. Determinación del rendimiento de los modelos	18
5.3.2. Determinación de diferencias estadísticas de los modelos.....	19
5.3.3. Determinación de diferencias espaciales de los modelos.....	19
6. Resultados	20
6.1. Modelos de distribución especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador	20
6.1.1. Parámetros de modelos seleccionados.....	20
6.1.2. Modelos de distribución de especies	20
6.2. Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa en el modelamiento de la distribución de especies prioritarias para restauración forestal de Ecuador	24
7. Discusión	29
7.1. Modelos de distribución de especies prioritarias para la restauración	29
7.2. Rendimiento de los productos bioclimáticos en el modelamiento de la distribución de especies prioritarias para restauración forestal	30
8. Conclusiones	32
9. Recomendaciones	33
10. Bibliografía	34
11. Anexos	40

Índice de figuras:

Figura 1. Análisis de las características operativas del receptor tradicional (ROC) versus características operativas del receptor parcial (ROC parcial) en SDM y ENM (Peterson et al., 2008).....	7
Figura 2. <i>Alnus acuminata</i>	10
Figura 3. <i>Morella pubescens</i>	10
Figura 4. <i>Caesalpinia spinosa</i>	11
Figura 5. <i>Piptocoma discolor</i>	11
Figura 6. <i>Vachellia macracantha</i>	12
Figura 7. <i>Vismia baccifera</i>	13
Figura 8. Ubicación de las regiones geográficas en Ecuador continental	14
Figura 9. Flujograma de procesos para la evaluación de productos bioclimáticos aplicados al modelamiento de distribución de especies prioritarias para la restauración. A) Cálculo de la distribución de especies. B) Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos ...	15
Figura 10. Modelos de distribución generados a partir de WorldClim y Chelsa, A) y B) <i>Caesalpinia spinosa</i> , C) y D) <i>Vachellia macracantha</i> , E) y F) <i>Alnus acuminata</i> , G) y H) <i>Morella pubescens</i> , I) y J) <i>Piptocoma discolor</i> , K) y L) <i>Vismia baccifera</i>	23
Figura 11. Distribución de valores de idoneidad de los dos productos bioclimáticos	26
Figura 12. Diferencias espaciales de los modelos A) <i>Alnus acuminata</i> , B) <i>Caesalpinia spinosa</i> , C) <i>Morella pubescens</i> , D) <i>Piptocoma discolor</i> , E) <i>Vachellia macracantha</i> y D) <i>Vismia baccifera</i>	27

Índice de tablas:

Tabla 1. Variables ambientales de los productos bioclimáticos Chelsa y WorldClim	8
Tabla 2. Características de los productos bioclimáticos de WorldClim y Chelsa.....	9
Tabla 3. Rangos altitudinales utilizados para la generación de modelos	16
Tabla 4. Parámetros utilizados en la calibración y construcción de modelos finales	18
Tabla 5. Valores de los parámetros utilizados en la evaluación de los modelos finales	19
Tabla 6. Parámetros de los sets seleccionados para construcción de los modelos finales	20
Tabla 7. Número de modelos seleccionados por especie para cada producto bioclimático.....	24
Tabla 8. Estadísticos para evaluar la significancia estadística de los modelos	25
Tabla 9. Umbrales de idoneidad y tasa de omisión al 5 %	25
Tabla 10. Diferencias estadísticas de los valores promedios de idoneidad.....	26

Índice de anexos:

Anexo 1. Script para descarga de datos para el modelamiento	40
Anexo 2. Script para el filtrado de datos, delimitación del área M y selección de variables ...	46
Anexo 3. Análisis Jackknife y de correlación por especie	51
Anexo 4. Script para la evaluación y construcción de modelos finales	54
Anexo 5. Fórmulas utilizadas para la reclasificación altitudinal de modelos binarios	58
Anexo 6. Script para determinar el rendimiento de los modelos	58
Anexo 7. Número de modelos analizados durante el proceso de calibración	61
Anexo 8. Certificado de traducción del resumen	62

1. Título

Evaluación de productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador

2. Resumen

Los modelos de distribución de especies son una herramienta que permite entre otras cosas la conservación de la biodiversidad y la planificación de proyectos de restauración. Actualmente, existen pocos estudios que comparen el rendimiento de productos bioclimáticos en la determinación de los modelos de distribución de especies. WorldClim y Chelsa son productos bioclimáticos elaborados con diferentes metodologías, el uso de estos pueden provocar cambios en los patrones de distribución de las especies, principalmente en zonas con importantes variaciones climáticas. La presente investigación tiene como objetivo evaluar el rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa, aplicados en el modelamiento de distribución de especies prioritarias para restauración forestal de Ecuador. La modelación y evaluación de ambos productos bioclimáticos, se realizó utilizando 6 especies características de las tres regiones naturales de Ecuador continental, en el programa R, a través del paquete kuenm. Los criterios de evaluación de los modelos fueron ROC parcial y tasa de omisión. WorldClim y Chelsa presentaron similares patrones de distribución, por lo tanto, ambos productos bioclimáticos muestran buena significancia estadística, con un ROC parcial igual a 0, asimismo, la prueba de Wilcoxon demostró que no existen diferencias significativas entre los modelos de ambos productos bioclimáticos. Por otra parte, Chelsa presentó menor tasa de omisión con respecto a WorldClim, con un valor de 0,03, debido a que determinó modelos de mayor amplitud a los puntos de presencia. WorldClim por su parte, presentó una tasa de omisión de 0,06 debido a que los modelos presentaron una distribución más limitada, ajustándose a los patrones topográficos del terreno. Ambos productos bioclimáticos muestran rendimiento similar, no obstante, Chelsa presenta menor tasa de omisión en comparación a WorldClim, en este contexto, además de los estadísticos de evaluación, es necesario considerar factores como la ecología de la especie y el objetivo de la investigación para la selección un producto bioclimático.

Palabras clave

Chelsa, rendimiento, ROC parcial, tasa de omisión, WorldClim

Abstract

Species distribution models are tools that allows, among other things, the conservation of biodiversity and the planning of restoration projects. Currently, there are few studies that compare the performance of bioclimatic products in determining species distribution models. WorldClim and Chelsa are bioclimatic products prepared with different methodologies, the use of these can cause changes in the distribution patterns of species, mainly in areas with significant climatic variations. The objective of this research is to evaluate the performance of the bioclimatic products WorldClim and Chelsa, applied in the distribution modeling of priority species for forest restoration in Ecuador. The modeling and evaluation of both bioclimatic products was carried out using 6 species characteristic of the three natural regions of continental Ecuador, in the R program, through the kuenm package. The evaluation criteria of the models were partial ROC and omission rate. WorldClim and Chelsa presented similar distribution patterns, therefore, both bioclimatic products show good statistical significance, with a partial ROC equal to 0, likewise, the Wilcoxon test showed that there are no significant differences between the models of both bioclimatic products. On the other hand, Chelsa presented a lower omission rate compared to WorldClim, with a value of 0,03, due to the models with greater width to the points of presence. WorldClim, for its part, presented an omission rate of 0,06 because the models had a more limited distribution, adjusting to the topographic patterns of the terrain. Both bioclimatic products show similar performance, however, Chelsa presents a lower omission rate compared to WorldClim. In this context, in addition to the evaluation statistics, it is necessary to consider factors such as the ecology of the species and the objective of the research for the selection of a bioclimatic product.

Keywords

Chelsa, partial ROC, performance, omission rate, WorldClim

3. Introducción

Los modelos de distribución de especies constituyen una herramienta efectiva para múltiples propósitos, entre ellos el desarrollo de estrategias de conservación de la biodiversidad, estudios ecológicos y el mapeo de áreas de interés para la implementación de proyectos de restauración (Sánchez-Cordero et al., 2005; Zhu et al., 2013; Zellmer et al., 2019; Pshegusov et al., 2022). Estos modelos están basados en nichos ecológicos, entendiendo como nicho al conjunto de condiciones ambientales que permiten el desarrollo de una determinada especie (Hutchinson, 1957). En este contexto, los modelos de distribución de especies son la representación en el espacio geográfico de las condiciones ambientales o espacio ambiental en donde se desarrolla una especie (Soberón et al., 2017).

Al momento de determinar áreas de distribución de las especies basados en nichos ecológicos, escasos estudios demuestran el rendimiento de un producto bioclimático con respecto al otro (Bobrowski et al., 2017; Stewart et al., 2022). A nivel global, el uso de Chelsa para modelado de nicho ecológico es bastante limitado. Algunos estudios en ecosistemas templados demuestran que Chelsa muestra mejor rendimiento que WorldClim al determinar áreas de distribución de especies (Bobrowski et al., 2017, 2021). Sin embargo, su uso en ecosistemas tropicales con importantes variaciones climáticas aún es desconocido. En Ecuador, los estudios de distribución de especies se han limitado al uso de WorldClim (Cartaya et al., 2016; Mejía et al., 2018).

Estos productos bioclimáticos están elaborados con diferentes métodos. Por ejemplo, las variables bioclimáticas de WorldClim están generadas a partir de la interpolación de datos climáticos de estaciones meteorológicas, mediante algoritmos *thin-plate smoothing spline* (Hijmans et al., 2005; Fick y Hijmans, 2017). Por otro lado, Chelsa está generado a partir de la reducción de escala estadística mecánica de datos de reanálisis global (Karger et al., 2017).

Tomando en cuenta las diferencias antes expuestas, su implicación en el modelado de distribución de especies a nivel de Ecuador aún es desconocido. El uso de un determinado producto bioclimático pueden provocar variaciones en los patrones de distribución de las especies (Bobrowski et al., 2021). Desde esta perspectiva, la correcta selección de un producto bioclimático permite generar modelos de distribución que se ajustan a la distribución real de la especie y contribuyen con información útil para los tomadores de decisiones al momento de determinar áreas de interés potencial para la restauración (Sánchez-Cordero et al., 2005).

En este contexto, esta investigación tiene el propósito de evaluar el rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa aplicados en el modelamiento de distribución de

especies. La modelación se realiza en el programa R y los criterios para evaluar el rendimiento son ROC parcial y la tasa de omisión. Los resultados de esta investigación aportarán con bases científicas para la correcta selección de un determinado producto bioclimático al momento de diseñar modelos de distribución de especies. A continuación, se detallan los objetivos de la presente investigación:

Objetivo general

Evaluar el rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa aplicados en el modelamiento de distribución de especies prioritarias para restauración forestal de Ecuador.

Objetivos específicos

- Calcular la distribución de especies forestales prioritarias para restauración forestal, utilizando los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa.
- Comparar el rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa en el modelamiento de la distribución de especies prioritarias para restauración forestal de Ecuador.

4. Marco teórico

4.1. Modelos de distribución de especies basados en nichos ecológicos

4.1.1. Teoría de nichos ecológicos

Múltiples estudios durante la segunda mitad del siglo XX definían al nicho como el papel que desempeña determinada especie dentro del ecosistema (Clarke, 1954; Dice, 1952; Odum, 1953). A partir de los estudios de Hutchinson (1957), la definición de nicho toma otro enfoque el cual permite su descripción además de su cuantificación. En este contexto, Hutchinson (1965) define el nicho ecológico como un hipervolumen en un espacio multidimensional, representado por variables ambientales que afectan a una determinada especie. La combinación de valores del espacio multidimensional puede ser representada por puntos dentro del hipervolumen; a la totalidad de estos puntos se le denomina nicho fundamental. Sin embargo, muchas veces una especie no ocupa la totalidad del nicho fundamental (espacio ambiental idóneo), sino una parte de él, a este subconjunto de puntos se lo denomina nicho realizado (espacio ambiental verdaderamente ocupado por la especie).

4.1.2. Modelos de distribución de especies

Los Modelos de Distribución de Especies (SDM, por sus siglas en inglés) son representaciones cartográficas de la idoneidad ambiental de una especie (Mateo et al., 2011). Estas representaciones cartográficas están determinadas por la combinación de múltiples factores y está denotado por el diagrama BAM. La letra B representa el ambiente biótico que permite o limita el desarrollo de la especie (competidores, polinizadores, dispersores de semillas, etc.); la letra A representa una región con condiciones ambientales idóneas para el desarrollo de una especie; la letra M representa zonas accesibles para la especie en un periodo determinado (Soberon y Peterson, 2005). Por otra parte, es común mezclar y confundir los conceptos de SDM con Modelos de Nicho Ecológico (ENM, por sus siglas en inglés). Si bien es cierto que los SDM suelen basarse en ENM, estos presentan ciertas diferencias (Soberón et al., 2017) que pueden ser explicadas a través de la llamada dualidad de Hutchinson.

4.1.3. Dualidad de Hutchison

Este concepto expone la hipótesis propuesta por Hutchinson (1957) sobre la correspondencia entre el espacio geográfico y el espacio ambiental. A cada punto del espacio geográfico le corresponde un solo punto del espacio ambiental, no obstante, a cada punto del espacio ambiental le corresponden uno o más puntos en el espacio geográfico. En conclusión, los SDM son la representación en el espacio geográfico del ENM o espacio ambiental.

4.1.4. Estadísticos de evaluación de modelos de distribución de especies

El área bajo la curva (AUC, por sus siglas en inglés) de características operativas del receptor (ROC, por sus siglas en inglés), es un estadístico muy utilizado para evaluar el rendimiento de los SDM (Fielding y Bell, 1997; Lobo et al., 2007). Sin embargo, el uso del AUC-ROC presenta algunas limitaciones dado que muestra información acerca de la distribución generalista o restringida de la especie en el rango de predicción del área de estudio, pero no muestra información acerca del buen o mal rendimiento del SDM (Peterson et al., 2008). En este contexto, algunos estudios sugieren que el ROC parcial representa un indicador más apropiado para medir la significancia estadística del modelo y sustituye al área completa bajo la curva ROC debido a las limitantes que presenta (Lobo et al., 2007; Peterson et al., 2008; Jiménez-Valverde, 2012; Cobos et al., 2019). El estadístico ROC parcial evalúa el modelo de distribución estableciendo un umbral de tolerancia (E) y descarta el área con valores mínimos de idoneidad de predicción (Figura 1) (Peterson et al., 2008).

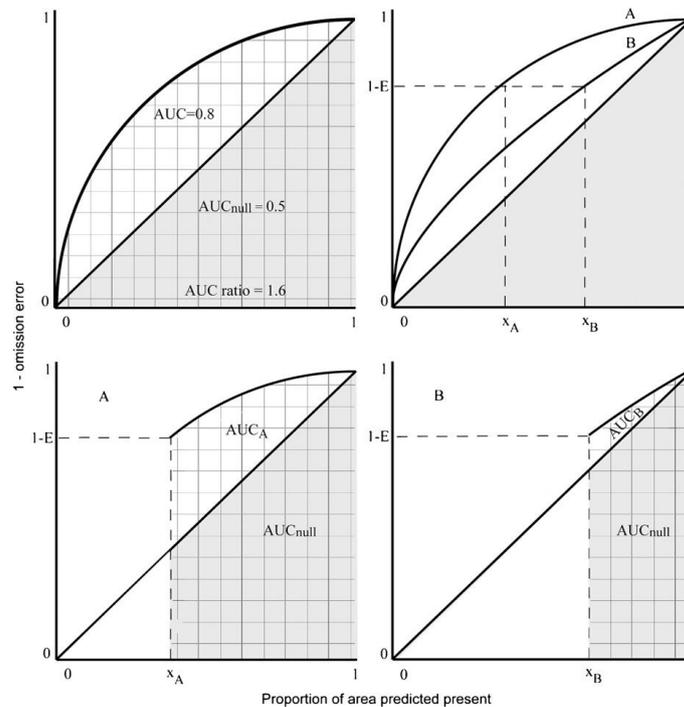


Figura 1. Análisis de las características operativas del receptor tradicional (ROC) versus características operativas del receptor parcial (ROC parcial) en SDM y ENM (Peterson et al., 2008)

Por otro lado, según Cobos et al. (2019) y Osorio-Olvera et al. (2020), la evaluación de los modelos de distribución debe ir más allá y determinar qué tan bien los modelos generados a partir de los datos de entrenamiento se ajustan a los datos de prueba, conocida también como

tasa de omisión. Esta evaluación se basa en el umbral $E = 5\%$ (Anderson et al., 2003) que corresponden al porcentaje de incertidumbre que presentan los datos de presencia.

4.2. Descripción de variables bioclimáticas

4.2.1. Variables bioclimáticas

En términos generales, las variables bioclimáticas son capas ambientales de tipo ráster, generadas a partir de valores mensuales de temperatura y precipitación las cuales representan tendencias anuales y son muy utilizadas en estudios biogeográficos (Fick y Hijmans, 2017). Las variables bioclimáticas son 19, de las cuales 11 capas representan la temperatura y 8 la precipitación (O'Donnel y Ignizio, 2012; Fick y Hijmans, 2017) (Tabla 1). Las principales plataformas que proveen variables bioclimáticas a nivel mundial son WorldClim y Chelsa.

Tabla 1. Variables ambientales de los productos bioclimáticos Chelsa y WorldClim

Abreviatura	Parámetro
Bio1	Temperatura media anual
Bio2	Rango medio diario
Bio3	Isotermalidad
Bio4	Estacionalidad de la temperatura
Bio5	Temperatura máxima del mes más cálido
Bio6	Temperatura mínima del mes más frío
Bio7	Rango anual de temperatura
Bio8	Temperatura media del trimestre más húmedo (<i>Combina temperatura-precipitación</i>)
Bio9	Temperatura media del trimestre más seco (<i>Combina temperatura-precipitación</i>)
Bio10	Temperatura media del trimestre más cálido
Bio11	Temperatura media del trimestre más frío
Bio12	Precipitación anual
Bio13	Precipitación del mes más húmedo
Bio14	Precipitación del mes más seco
Bio15	Estacionalidad de las precipitaciones
Bio16	Precipitación del trimestre más húmedo
Bio17	Precipitación del cuarto más seco
Bio18	Precipitación del trimestre más cálido (<i>Combina precipitación-temperatura</i>)
Bio19	Precipitación del cuarto más frío (<i>Combina precipitación-temperatura</i>)

(Fick y Hijmans, 2017; Karger et al., 2017)

4.2.2. WorldClim

Las variables bioclimáticas de WorldClim están generadas a partir de datos climáticos mensuales, interpolados mediante algoritmos *thin-plate smoothing spline*, utilizando entre 9000 a 60 000 estaciones meteorológicas, incluyendo variables como elevación, distancia de la costa y tres covariables derivadas de satélites (temperatura máxima y mínima de la superficie terrestre

y cobertura de nubes). Cuentan con una resolución espacial aproximada de 1 km² con un rango temporal de 1970-2000 (Fick y Hijmans, 2017).

4.2.3. *Chelsa*

Las variables bioclimáticas de Chelsa están derivadas de la reducción de escala estadística de datos mensuales de precipitación y temperatura. Los valores mensuales están tomados a partir de datos del ERA-Interim, el cual está basado en simulaciones de campos atmosféricos a gran escala desarrollados por el Centro Europeo para el Pronóstico del Tiempo a Medio Plazo (ECMWF, por sus siglas en inglés), a una resolución espacial de 1 km² (Karger et al., 2017).

4.2.4. *Diferencias entre los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa*

La principal diferencia de los productos bioclimáticos de WorldClim y Chelsa radica en el método utilizado para la generación de las capas bioclimáticas. Sin embargo, consideraciones como la resolución temporal, resolución espacial, entre otros (Tabla 2), también son importantes al momento de seleccionar un determinado producto bioclimático.

Tabla 2. Características de los productos bioclimáticos de WorldClim y Chelsa

Descripción	WorldClim	Chelsa
Metodología	Interpolación de datos climáticos	Reducción de escala estadística
Versiones disponibles	1,4 2,1	1,2 2,1
Resolución temporal de bioclimas actuales	1970-2000	1981-2010
Resolución espacial de variables actuales	10 min (18 553,24 m)	0,5 min (927,66 m)
	5 min (9 276,62 m)	
	2,5 min (4 638,31 m)	
	0,5 min (927,66 m)	
Resolución temporal de bioclimas futuras	2021-2040	2011-2040
	2041-2060	2041-2070
	2061-2080	2071-2100
	2081-2100	
Resolución espacial de bioclimas futuros	10 min (18 553,24 m)	0,5 min (927,66 m)
	5 min (9 276,62 m)	
	2,5 min (4 638,31 m)	
	0,5 min (927,66 m)	
Resolución temporal de bioclimas LGM	Hace 21 000 años	Hace 21 000 años
Resolución espacial de bioclimas LGM	10 min (18 553,24 m)	0,5 min (927,66 m)
	5 min (9 276,62 m)	
	2,5 min (4 638,31 m)	

La plataforma [Chelsa](#) (Karger et al., 2017) cuentan con variables bioclimáticas únicamente a una resolución espacial de 30 arco segundos (927,66 m). No obstante, la plataforma [Paleoclim](#) (J. L. Brown et al., 2018) dispone de productos bioclimáticos derivadas de Chelsa a diferentes resoluciones espaciales (10 min, 5 min, 2,5 m y 0,5 min).

4.3. Descripción botánica de especies seleccionadas

4.3.1. *Alnus acuminata*

Alnus acuminata Kunth., es un árbol de la familia Betulaceae, alcanza una altura de hasta 25 m, y diámetros de hasta 70 cm; presenta un fuste recto con pequeñas lenticelas y una corteza interna susceptible a oxidación; sus hojas son simples, alternas de forma oblonga con bordes aserrados; las flores son pequeñas y están agrupadas en amentos de tipo pendulares o espigas colgantes; los frutos se encuentran agrupados en infrutescencias oblongas; las semillas son aplanados, alados y muy pequeños (Figura 2) (MAE y FAO, 2015).



Figura 2. *Alnus acuminata* (MAE y FAO, 2015)

Se distribuye desde Argentina hasta México, en Ecuador se encuentra entre los 1500 a los 4000 m s.n.m (Jorgensen y León-Yáñez, 1999). *Alnus acuminata* una especie pionera, típica de ecosistemas montanos perturbados (Russo, 1994), por estas características es considerada como una especie de interés para la restauración en ecosistemas andinos (MAE y FAO, 2015).

4.3.2. *Morella pubescens*

Morella pubescens Humb. & Bonpl. ex Willd., es un árbol de la familia Myricaceae, alcanza una altura de 5 m, y 30 cm de diámetros; presenta una copa redondeada y follaje denso; sus hojas son simples, alternas, decusadas en forma elíptica con glándulas amarillentas, su margen es aserrado con peciolo pubescente; las flores son pequeñas, agrupadas en inflorescencias de tipo axilar en amentos; el fruto es una drupa globosa cubierto por una capa cerosa (Figura 3) (MAE y FAO, 2015).



Figura 3. *Morella pubescens* (MAE y FAO, 2015)

En Ecuador se distribuye por arriba de los 2100 m s.n.m, en bosques secundarios y zonas perturbadas. Por sus características ecológicas es una especie ideal para restauración de zonas erosionadas en taludes y pendientes abruptas (Parra, 2003; MAE y FAO, 2015).

4.3.3. *Caesalpinia spinosa*

Caesalpinia spinosa (Molina) Kuntze, es un árbol de la familia Fabaceae alcanza alturas de 8 m y hasta 20 cm de diámetro; su fuste es retorcido y ramificado, con corteza de color marrón oscuro y fisurada en sentido longitudinal; las hojas son compuestas, alternas y pinnadas; las flores son hermafroditas y se disponen en inflorescencias de tipo racimo; los frutos son legumbres aplanadas y curvadas (Figura 4) (Aguirre, 2012).



Figura 4. *Caesalpinia spinosa* (Aguirre, 2012)

Es una especie nativa de Ecuador y se distribuye entre los 1000 a 3000 m s.n.m. en los valles secos interandinos (Jorgensen y León-Yáñez, 1999). Es considerada como una especie xerófita, con requerimientos edafológicos no muy exigentes; por su resistencia y adaptabilidad es una especie con potencial para la implementación de actividades de restauración de zonas degradadas en ecosistemas secos (Aguirre, 2012).

4.3.4. *Piptocoma discolor*

Piptocoma discolor (Kunth) Pruski, es un árbol de la familia Asteraceae, alcanza una altura de hasta 25 m y 55 cm de DAP; su corteza es fisurada longitudinalmente; las hojas son helicoidales membranáceas con el haz de color verde y el envés de color pardo; las flores son hermafroditas dispuestas en inflorescencias de tipo cima, compuesta de numerosos capítulos; los frutos son aquenios de alrededor de 2 mm de longitud (Figura 5) (Palacios, 2016).



Figura 5. *Piptocoma discolor* (GBIF, 2023)

Es una especie heliófila de crecimiento rápido y se distribuye en zonas con alta pluviosidad con requerimientos edafológicos mínimos (Palacios, 2016) entre los 0 a 2000 m s.n.m. (Jorgensen y León-Yáñez, 1999). Por sus características ecológicas es una especie potencial para la implementación de actividades de restauración.

4.3.5. *Vachellia macracantha*

Vachellia macracantha Humb. & Bonpl. ex Willd, es un árbol de la familia Fabaceae de entre 0 a 2000 m s.n.m., presenta un fuste delgado muy ramificado de color marrón con manchas blancas, todas sus ramas y ramillas presentan espinas; su copa es horizontal de tipo aparasolada; sus hojas son compuestas, alternas y bipinnadas de 15 cm de longitud; sus flores son de color amarillo a manera de borla dispuestas en capítulos; su fruto es una legumbre aplanada de forma con una longitud de entre 5 a 6 cm; las semillas son numerosas de color café oscuro (Figura 6) (Aguirre, 2012).



Figura 6. *Vachellia macracantha* (Aguirre, 2012)

Es una especie con amplia distribución, desde los 0 a 2000 m s.n.m. (Jorgensen y León-Yáñez, 1999), crece en zonas bajo constante intervención antrópica principalmente en ecosistemas áridos, no presenta altos requerimientos edafológicos, además es considerada una especie pionera sin altos requerimientos edafológicos (Abad et al., 2023), lo cual la permite ser una especie con potencial para procesos de restauración de estos ecosistemas secos.

4.3.6. *Vismia baccifera*

Vismia baccifera es un arbusto de la familia Hypericaceae, alcanza una altura de hasta 5 m; sus hojas son simples dispuestas de manera opuestas de forma ovada a elíptica; las flores son bisexuales y están dispuestas en una panícula terminal; el fruto es de tipo baya (Figura 7) (MAE y FAO, 2015).



Figura 7. *Vismia baccifera* (MAE y FAO, 2015)

En Ecuador se registra entre los 0 a 2000 m s.n.m. (Jorgensen y León-Yáñez, 1999; MAE y FAO, 2015), es una especie nativa, heliófila, de rápido crecimiento con potencial para desarrollar prácticas de restauración (Enríquez, 2017).

5. Metodología

5.1. Área de estudio

El modelamiento de distribución de especies para la restauración forestal se realizó considerando especies características de las tres regiones naturales de Ecuador continental (región litoral, región andina y región amazónica). La Figura 8 muestra la ubicación de las tres regiones naturales de Ecuador continental, determinadas por sus condiciones topográficas y clima.

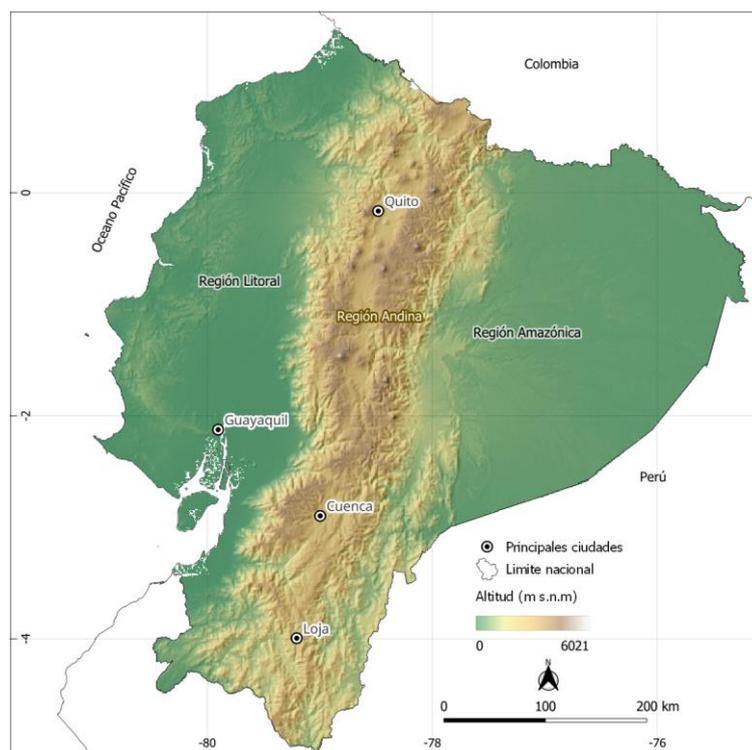


Figura 8. Ubicación de las regiones geográficas en Ecuador continental

La región Litoral se extiende a lo largo de la vertiente occidental de la cordillera de los Andes, desde la provincia de Esmeraldas hasta la provincia de El Oro, con elevaciones que no superan los 800 m s.n.m (Farfán, 2018). La región Sierra está conformada por dos cadenas montañosas que atraviesan Ecuador de norte a sur, desde la provincia de Carchi hasta la provincia de Loja. Se caracteriza por sus altas cumbres, nevados, volcanes, páramos alto andinos, valles y sistemas lacustres (Farfán, 2018). La región amazónica se localiza en la vertiente oriental de la cordillera de los Andes, desde la provincia de Sucumbíos hasta Zamora Chinchipe y está caracterizada por su alta biodiversidad (San Sebastián y Karin, 2004).

En los Andes los valores promedios de temperatura oscilan entre 10 °C y 16 °C. La región amazónica y región litoral presentan temperaturas que en promedio entre 24 °C y 26 °C. En la región Amazónica, así como las zonas húmedas de la provincia de Esmeraldas, presentan

alta pluviosidad, con precipitaciones entre los 3000 y 4000 mm por año. La precipitación en la región litoral oscila entre los 250 mm en zonas secas hasta los 3000 mm en las estribaciones occidentales de la cordillera de los Andes. En la región andina las precipitaciones fluctúan entre los 700 a 1500 mm (Farfán, 2018).

La Figura 9 presenta el esquema utilizado para el modelamiento, análisis estadístico y espacial de los modelos de distribución de especies. En general, la metodología se divide en dos fases: calcular la distribución de especies forestales y comparar del rendimiento de los productos bioclimáticos.

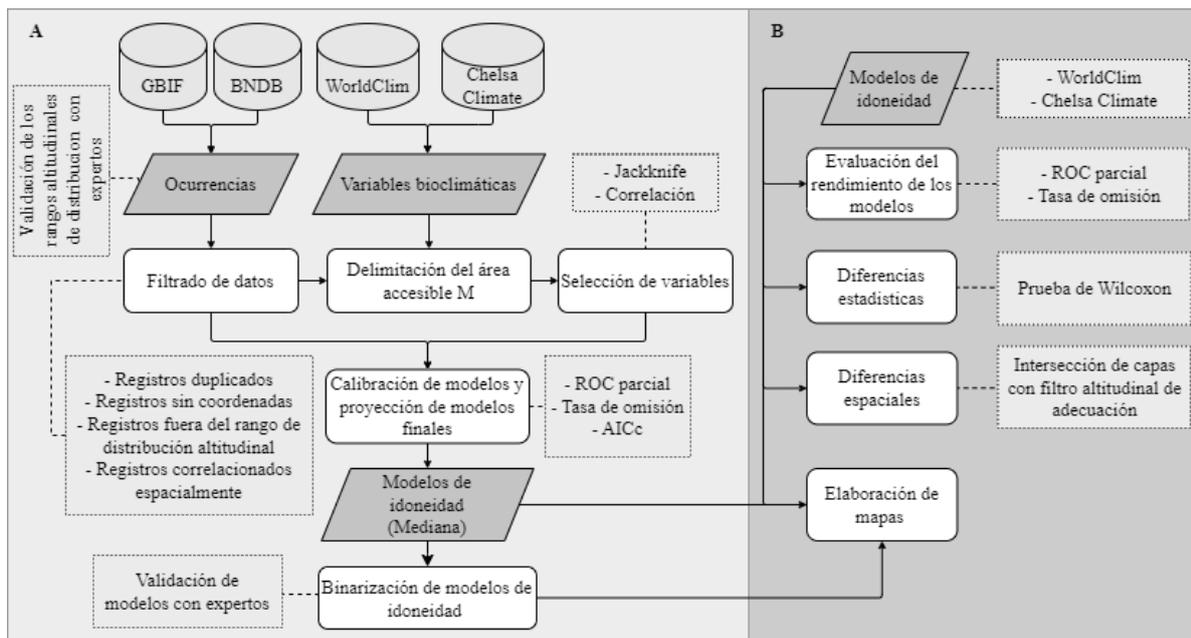


Figura 9. Flujograma de procesos para la evaluación de productos bioclimáticos aplicados al modelamiento de distribución de especies prioritarias para la restauración. A) Cálculo de la distribución de especies. B) Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos

5.2. Cálculo de la distribución de especies forestales prioritarias de restauración forestal

5.2.1. Selección de las especies y determinación de rangos de distribución altitudinal de las especies

Las especies fueron seleccionadas en función de su importancia ecológica para la restauración forestal, basados en el conocimiento y recomendación de los investigadores del Herbario “Reinaldo Espinosa” e investigadores del Centro de Investigaciones Tropicales del Ambiente y Biodiversidad (CITIAB) de la Universidad Nacional de Loja (UNL). Además, se tomó en cuenta la disponibilidad de registros en las bases de datos nacionales y globales.

El rango de distribución altitudinal de cada especie seleccionada fue determinado con base en revisión bibliográfica y validada de acuerdo con el conocimiento y recomendación de los investigadores del Herbario “Reinaldo Espinosa” y del CITIAB de la UNL (Tabla 3).

Tabla 3. Rangos altitudinales utilizados para la generación de modelos

Ecosistema	Especie	Rango altitudinal (m s.n.m)	
		min	max
Bosque seco	<i>Caesalpinia spinosa</i>	1300	2500
	<i>Vachellia macracantha</i>	0	2500
Bosque andino	<i>Morella pubescens</i>	1100	3500
	<i>Alnus acuminata</i>	1000	3500
Bosque húmedo	<i>Piptocoma discolor</i>	300	2000
	<i>Vismia baccifera</i>	200	1800

5.2.2. Elaboración de scripts para el modelamiento de distribución de especies

Se elaboró scripts en el lenguaje de programación R (versión 4.3.1) de acuerdo con la metodología propuesta por Cobos et al. (2019), la cual se detalla a continuación.

- **Descarga de registros de presencia y variables bioclimáticas.**

Los productos bioclimáticos fueron descargados de la plataforma WorldClim versión 2,1 (Fick y Hijmans, 2017) y de la plataforma Chelsa versión 2,1 (Karger et al., 2017) a una resolución espacial de ~1 km² (Anexo 1). Los registros de presencia de cada una de las especies se obtuvieron de las bases de datos del [Global Biodiversity Information Facility \(GBIF\)](#) (GBIF, 2023) y la [Base Nacional de Datos de Biodiversidad \(BNDB\)](#) (Symbiota INABIO, 2023) (Anexo 2).

- **Filtrado de datos**

Los datos sin coordenadas, coordenadas con valores de cero, coordenadas fuera del rango altitudinal de distribución (Tabla 3), fueron eliminados. Asimismo, registros que mostraban autocorrelación espacial fueron eliminados utilizando la herramienta SDMTools (Brown, 2014) en el software ArcMap, versión 1,8 (ESRI, 2019). Esta herramienta permite eliminar registros de ocurrencia cercanos en una o varias distancias especificadas, dependiendo la heterogeneidad climática del área de estudio (Brown, 2014) (Anexo 2).

- **Delimitación del área accesible de la especie**

Basados en el diagrama BAM (Soberon y Peterson, 2005), se generó un área que ha sido potencialmente accesible para una especie utilizando una simulación de eventos de dispersión determinada por la idoneidad ambiental actual y pasada de la especie (Machado-

Stredel et al., 2021). Para representar las condiciones ambientales actuales y pasadas de los productos bioclimáticos de WorldClim se utilizaron variables bioclimáticas del periodo 1970-2000 y variables bioclimáticas de la última máxima glaciación (LGM) (hace 21 000 años), respectivamente (Hijmans et al., 2005; Fick y Hijmans, 2017). Se utilizó el modelo LGM-CCSM4, disponibles en la versión 1,4 y a una resolución de 2,5' (Hijmans et al., 2005).

Para representar las condiciones ambientales actuales y pasadas de los productos bioclimáticos de Chelsa, se utilizaron variables bioclimáticas del periodo 1981-2010 y variables bioclimáticas LGM, respectivamente (Karger et al., 2018). Se utilizó modelo LGM-CCSM4, en su versión 1,2 a una resolución de 2,5' (Karger et al., 2018), disponibles en la plataforma PaleoClim (Brown et al., 2018). Para ambos productos bioclimáticos se eliminaron cuatro variables (Bio: 8, 9, 18, 19) porque combinan valores de temperatura y precipitación las cuales generan anomalías en los productos bioclimáticos en ciertas regiones del planeta como en el caso de Ecuador (Escobar et al., 2014; Booth, 2022) (Anexo 2).

Se utilizó el modelo CCSM4 debido a que presenta buen rendimiento en la predicción de condiciones climáticas de la región (Palomino et al., 2015), además, se encuentra disponible para las variables LGM de ambos productos bioclimáticos (Hijmans et al., 2005; Karger et al., 2017; J. L. Brown et al., 2018), lo cual permite homogeneizar la metodología utilizada. Asimismo, algunos estudios utilizan este modelo en el proceso de modelamiento de nichos ecológicos y distribución de especies (Machado-Stredel et al., 2021; Calvas et al., 2024).

- ***Selección de variables***

Las variables de los dos productos bioclimáticos fueron recortadas en función del área accesible de cada especie y se seleccionaron a través de un análisis *Jackknife* y correlación $r < 0,8$, es decir, se seleccionaron variables con una correlación menor a 0,8, a través del paquete *kuenm* (Cobos et al., 2021) (Anexo 3).

- ***Calibración y construcción de modelos finales***

El proceso de modelamiento y construcción de modelos finales (proyección del modelo al espacio geográfico) se realizó a través del paquete *kuenm* (Cobos et al., 2021) el cual permite parametrizar algunas funciones del programa *MaxEnt*. Los modelos finales de los dos productos bioclimáticos fueron calibrados en el área accesible de la especie, utilizando parámetros definidos por los autores (Tabla 4). Durante el proceso de calibración, el paquete seleccionó los modelos con el menor valor de ROC parcial (significancia estadística), menor valor de AICc delta (modelos menos complejos) y menor valor de tasa de omisión al 5 %. Cuando la especie presentó más de un modelo seleccionado en el proceso de calibración, se utilizó la mediana de

las réplicas de los modelos seleccionados para consolidar los resultados y crear los modelos finales (Anexo 4).

Tabla 4. Parámetros utilizados en la calibración y construcción de modelos finales

Parámetro	Valor
Número de puntos background	2500, 5000 y 10 000
Parámetros de regularización	0,1-0,25-0,5-0,75-1-2-3
Combinaciones de clase de característica	Configuración "no.t.h" excluye las clases de tipo umbral y bisagra y combina las clases de tipo lineal, producto y cuadrática
Criterio de selección de modelos de kuenm	Tasa de Omisión (OR) Criterio de información de Akaike (AICc delta) ROC parcial
Formato de salida	cloglog
Número de réplicas	10

Utilizando los modelos de idoneidad de los dos productos bioclimáticos, se determinó un modelo binario de presencia-ausencia a través de un umbral de adecuación que descarta el 5 % de los datos mínimos de idoneidad que corresponde al valor E (Anderson et al., 2003).

Con los modelos binarios, se aplicó el filtro *majority* a los modelos binarios de adecuación en el programa SAGA GIS (Conrad et al., 2015) para generalizar píxeles aislados que dan el efecto sal pimienta en la capa ráster. A partir de los modelos con el filtro *majority*, se realizó una reclasificación para determinar áreas de adecuación que se encuentran dentro del rango de distribución altitudinal de la especie, para lo cual se utilizaron los valores de los rangos máximos y mínimos de distribución altitudinal (Tabla 3) y la capa de altitud de Ecuador continental a una resolución espacial de $\sim 1\text{km}^2$ (Fick y Hijmans, 2017). Este proceso fue realizado utilizando la herramienta calculadora ráster del programa QGIS, versión 3,22 (QGIS Development Team, 2023) (Anexo 5).

5.3. Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos aplicados en el modelamiento de distribución de especies

5.3.1. Determinación del rendimiento de los modelos

Para comparar el rendimiento de los modelos para ambos productos bioclimáticos, se utilizó la significancia estadística (ROC parcial $E = 5\%$) (Cobos et al., 2021; Lobo et al., 2007; Osorio-Olvera et al., 2020; Peterson et al., 2008) y la tasa de omisión al 5 % (Osorio-Olvera et al., 2020; Cobos et al., 2021). Las estadísticas fueron calculadas a través de las funciones *kuenm_proc* y *kuenm_omrat* del paquete *kuenm* (Cobos et al., 2021) utilizando parámetros

establecidos por Osorio-Olvera et al. (2020) y Cobos et al. (2021) para la evaluación de modelos de distribución de especies (Tabla 5).

Tabla 5. Valores de los parámetros utilizados en la evaluación de los modelos finales

Estadístico	Parámetro	Valor
	Interacciones	500
ROC parcial	Umbral (%)	5
	Datos para Bootstrap (%)	50
Tasa de omisión	Umbral (%)	5

Los datos independientes para la evaluación de los modelos se obtuvieron de la base de datos de la plataforma [BioWeb](#) de la Pontificia Universidad Católica de Ecuador (PUCE) (Anexo 6).

5.3.2. Determinación de diferencias estadísticas de los modelos

Utilizando los valores de idoneidad determinados en los registros de presencia filtrados para cada una de las especies, se determinó diferencias estadísticamente significativas entre los modelos de distribución generados con los dos productos bioclimáticos. Se aplicó la prueba de Wilcoxon mediante la función *wilcox.test* del paquete *stats* (R Core Team, 2023), con un nivel de confiabilidad de 95 %.

5.3.3. Determinación de diferencias espaciales de los modelos

Para identificar diferencias espaciales entre los modelos de distribución generados a partir de los dos productos bioclimáticos, se realizó una intersección de capas utilizando los modelos binarios con el filtro de rango de distribución altitudinal por cada especie, este proceso permitió determinar áreas de adecuación predichas únicamente por WorldClim, áreas predichas únicamente por Chelsa y áreas predichas por ambos productos bioclimáticos.

6. Resultados

6.1. Modelos de distribución especies forestales prioritarias para restauración forestal de Ecuador

6.1.1. Parámetros de modelos seleccionados

La Tabla 6 muestra los parámetros de los sets seleccionados tales como multiplicadores de regularización, set de bioclimas, clases de característica y número de pseudo-ausencias, para ambos productos bioclimáticos. Los modelos de *Vachellia macracantha* en WorldClim y *Caesalpinia spinosa* en Chelsa presentaron multiplicadores de regularización por encima de uno, el cual determina que la predicción del modelo se ajusta condiciones ambientales con mayor variabilidad de precipitación y temperatura. Por otro lado, *Morella pubescens*, *Alnus acuminata*, *Piptocoma discolor* y *Vismia baccifera* presentaron multiplicadores de regularización por debajo de uno para ambos productos bioclimáticos, el cual determina que el modelo se ajusta a condiciones ambientales muy similares a las registradas en los puntos de presencia de las especies.

La clase de característica que determinó el 75 % de los modelos generados a partir de ambos productos bioclimático, fue lineal-cuadrático (lq). Por otra parte, el 80 % de modelos generados a partir de los productos bioclimáticos de WorldClim mostraron buen ajuste a la distribución actual de las especies con 2500 puntos background de pseudo-ausencias, No obstante, *Piptocoma discolor* mostró buen ajuste con 10 000 puntos background de pseudo-ausencias. Para los modelos generados a partir de los productos bioclimáticos de Chelsa, el 50 % presentaron buen ajuste con 2500, el resto de modelos fueron determinados con 5000 y 10 000 puntos background de pseudo-ausencias (Tabla 6).

Tabla 6. Parámetros de los sets seleccionados para construcción de los modelos finales

Especie	Multiplicadores de regularización		Set de Bioclimas		Clase de característica		Pseudo-ausencias	
	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa
<i>Caesalpinia spinosa</i>	0,25	0,75-1-2-3	2, 6, 12	1, 2, 4, 12, 15	lq	q, qp	2500	2500
<i>Vachellia macracantha</i>	3	0,1-0,25-0,5	6, 14, 15	4, 15, 16	lq	p	2500	2500
<i>Morella pubescens</i>	0,1-0,25-0,5-0,75-1	0,1	3, 4, 6, 7, 17	3, 4, 10, 15, 16	lq, lqp	lq	2500	5000
<i>Alnus acuminata</i>	0,1-0,5-0,75-1	0,1	3, 4, 5, 7	2, 4, 10	lq, lqp	lq	2500	5000
<i>Piptocoma discolor</i>	0,1	0,1	5, 14, 15	4, 6, 13, 15	lq	lq	10 000	10 000
<i>Vismia baccifera</i>	0,1-0,25-0,5-0,75	0,1	2, 3, 4, 6, 12, 15	4, 15, 16, 17	lp, lqp, p, l	lqp	2500	2500

6.1.2. Modelos de distribución de especies

Para *Caesalpinia spinosa*, el modelo de distribución generado a partir de los productos bioclimáticos de Chelsa muestra una distribución más amplia en comparación al modelo de

WorldClim, el cual muestra una distribución focalizada (Figura 10 A). Para ambos productos bioclimáticos, los modelos abarcan la mayoría de puntos de presencia de la especie. Además, algunas áreas predichas por Chelsa se ubican en zonas costeras y en el bosque seco al sur de Ecuador en donde no se registra la especie y corresponden a zonas producto de la extrapolación del modelo debido a que comparten condiciones ambientales similares a las que determinan el nicho ecológico de la especie (Figura 10 B).

Para *Vachellia macracantha*, los modelos de distribución de los dos productos bioclimáticos mostraron buena idoneidad en la región sur de Ecuador, en áreas correspondientes al bosque seco y en los valles interandinos, a lo largo de la región andina (Figura C y D). No obstante, el modelo de WorldClim también encontró idoneidad a lo largo de las estribaciones occidentales de la cordillera de los Andes, áreas que se ajustan en gran medida a los puntos de presencia de la especie (Figura 10 C). Por otra parte, el modelo de Chelsa presentó una distribución más focalizada a los puntos de presencia a lo largo de los valles interandinos de Ecuador, sin embargo, la distribución en la región litoral se limitó a zonas costeras las cuales no se ajustan a los puntos de presencia de la especie y son producto de la extrapolación del modelo (Figura 10 D). A diferencia de Chelsa, WorldClim mostró idoneidad en zonas costeras en donde se registra actualmente la presencia de la especie.

La distribución de *Alnus acuminata* se localizó a lo largo de todo el callejón interandino, en este contexto, el modelo de WorldClim presentó una distribución más limitada a las zonas céntricas de la cordillera de los Andes (Figura 10 E). Por otra parte, el modelo de Chelsa es más amplio y se localiza principalmente en el flanco oeste de la cordillera de los Andes (Figura 10 F). A diferencia de WorldClim, Chelsa encontró alta idoneidad al sur de Ecuador, áreas en donde actualmente no se registra la especie, pero presenta condiciones ambientales similares a las que determinan el nicho ecológico de la especie.

En términos generales, la distribución de *Morella pubescens* muestra patrones similares para ambos productos bioclimáticos. Los modelos predicen idoneidad a lo largo del callejón interandino. Sin embargo, la predicción de WorldClim presentó una distribución más limitada a los puntos de presencia de la especie (Figura 10 G). Por otra parte, la predicción realizada por Chelsa es más generalizada y abarca gran parte del callejón interandino, principalmente en el flanco occidental de la cordillera de los Andes (Figura 10 H).

Para ambos productos bioclimáticos, *Piptocoma discolor* muestra alta idoneidad a lo largo de las estribaciones orientales de la cordillera de los Andes y en la región del Chocó (Figura 10 I y J). El modelo de WorldClim muestra una distribución más restringida a los

patrones topográficos y altitudinales del área de distribución, a diferencia del modelo de Chelsa el cual muestra una distribución más amplia. No obstante, WorldClim determinó que la idoneidad de la especie en la región del Chocó es más amplia a diferencia de Chelsa que limita la distribución de la especie al norte del Chocó.

Los modelos de distribución de los dos productos bioclimáticos para *Vismia baccifera* indican que es una especie con buena adecuación en la vertiente oriental y occidental de cordillera de los Andes (Figura 10 K y L). En la región del Chocó, el modelo de WorldClim muestra una distribución más amplia en comparación al modelo de Chelsa, el cual restringe la distribución de la especie a áreas adyacentes a los puntos de presencia. Las áreas determinadas a lo largo de las estribaciones occidentales de la cordillera de los Andes en el modelo de WorldClim son producto de la extrapolación del modelo, sin embargo, presentan condiciones ambientales similares en donde actualmente se registra la especie (Figura 10 K).

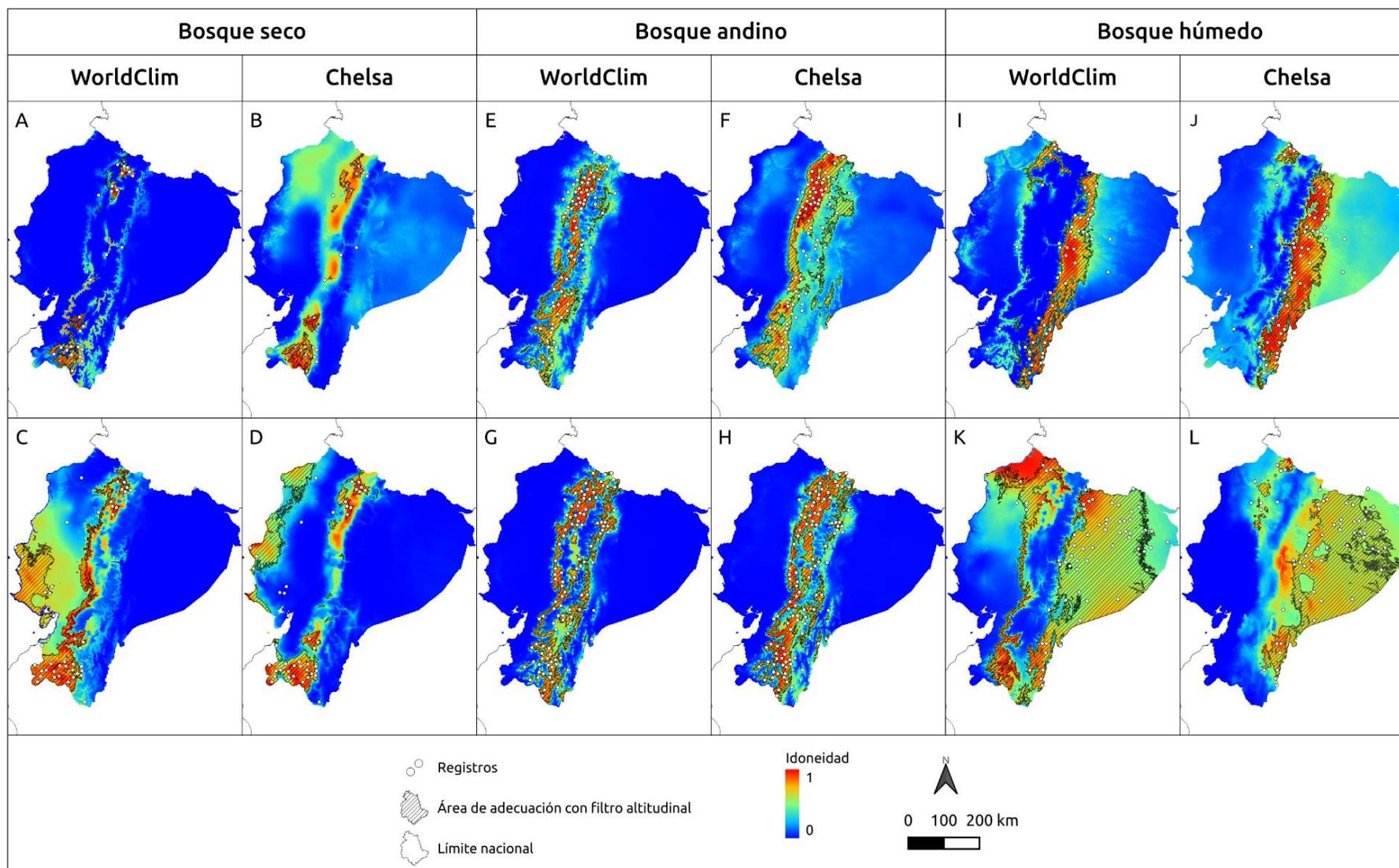


Figura 10. Modelos de distribución generados a partir de WorldClim y Chelsa, A) y B) *Caesalpinia spinosa*, C) y D) *Vachellia macracantha*, E) y F) *Alnus acuminata*, G) y H) *Morella pubescens*, I) y J) *Piptocoma discolor*, K) y L) *Vismia baccifera*

6.2. Comparación del rendimiento de los productos bioclimáticos WorldClim y Chelsa en el modelamiento de la distribución de especies prioritarias para restauración forestal de Ecuador

Vachellia macracantha y *Morella pubescens* presentaron 4851 modelos candidatos para ambos productos bioclimáticos. Asimismo, *Vismia baccifera* presentó 4851 modelos candidatos para Chelsa, sin embargo, WorldClim registró 2058 modelos candidatos para esta especie. *Caesalpinia spinosa*, *Alnus acuminata* y *Piptocoma discolor*, presentaron por debajo de 2058 modelos candidatos para ambos productos bioclimáticos (Tabla 7).

De manera general, WorldClim presentó el mayor número de modelos seleccionados durante el proceso de calibración con un total de 38 modelos. *Vismia baccifera* y *Morella pubescens* fueron las especies con el mayor número de modelos seleccionados para este producto bioclimático. Por otra parte, Chelsa presentó un total de 18 modelos seleccionados, *Caesalpinia spinosa* presentó el mayor número de modelos seleccionados para este producto bioclimático (Anexo 7).

Tabla 7. Número de modelos seleccionados por especie para cada producto bioclimático

Especie	Modelos candidatos		Modelos seleccionados	
	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa
<i>Vachellia macracantha</i>	4851	4851	1	3
<i>Vismia baccifera</i>	2058	4851	21	1
<i>Caesalpinia spinosa</i>	2058	784	1	10
<i>Morella pubescens</i>	4851	4851	10	1
<i>Alnus acuminata</i>	2058	784	4	1
<i>Piptocoma discolor</i>	2058	2058	1	2

Todos los modelos finales para ambos productos bioclimáticos presentaron buena significancia estadística, con un valor $p < 0,01$ en el estadístico ROC parcial. El AUC parcial de los modelos demuestra un buen rendimiento para ambos productos bioclimáticos, con valores entre 0,49 a 0,97, valores superiores al AUC parcial de un modelo aleatorio, es decir los modelos predichos por ambos productos bioclimáticos no generan áreas aleatorias de predicción. Por lo tanto, la relación AUC parcial del modelo de la especie y el modelo aleatorio muestra valores diferentes a 1 (Tabla 8).

Los modelos de *Alnus acuminata*, *Caesalpinia spinosa*, *Morella pubescens*, *Piptocoma discolor* y *Vachellia macracantha*, generados a partir de los productos bioclimáticos de WorldClim, mostraron mayor AUC parcial en comparación a los modelos de Chelsa. No obstante, *Vismia baccifera*, mostró mayor AUC con Chelsa con un valor de 0,53 en comparación al modelo de WorldClim con un valor de 0,49.

Tabla 8. Estadísticos para evaluar la significancia estadística de los modelos

Especie	AUC parcial Chelsa	AUC parcial WorldClim	AUC parcial aleatorio Chelsa	AUC parcial aleatorio WorldClim	Relación AUC Chelsa	Relación AUC WorldClim	p valor Chelsa-WorldClim
<i>Alnus acuminata</i>	0,76	0,80	0,47	0,48	1,61	1,66	0,00
<i>Caesalpinia spinosa</i>	0,90	0,97	0,49	0,50	1,83	1,95	0,00
<i>Morella pubescens</i>	0,77	0,80	0,47	0,48	1,62	1,66	0,00
<i>Piptocoma discolor</i>	0,72	0,74	0,46	0,46	1,56	1,60	0,00
<i>Vachellia macracantha</i>	0,79	0,65	0,48	0,44	1,66	1,48	0,00
<i>Vismia baccifera</i>	0,53	0,49	0,39	0,37	1,36	1,32	0,00

El estadístico tasa de omisión al 5 % mostró que el 80 % de modelos generados a partir de Chelsa presentan mejor ajuste a los puntos de presencia de los datos independientes utilizados para la evaluación. Asimismo, Chelsa mostró menores umbrales de idoneidad, por lo tanto, los modelos abarcan zonas más amplias de adecuación lo que significa una menor tasa de omisión de los datos independientes de prueba, a diferencia de WorldClim que presenta un umbral de idoneidad más cercano a uno lo cual limita las áreas de idoneidad y presenta una mayor tasa de omisión.

Asimismo, los modelos de WorldClim mostraron tasas de omisión altas con respecto a Chelsa, *Alnus acuminata* y *Piptocoma discolor* presentaron valores de 0,06 y 0,11, respectivamente (Tabla 9). *Caesalpinia spinosa*, *Morella pubescens*, *Vachellia macracantha* y *Vismia baccifera* presentaron buen rendimiento al predecir áreas de idoneidad, para ambos productos bioclimáticos, con valores por debajo de 0,05. Los modelos de *Morella pubescens* para ambos productos bioclimáticos presentaron una tasa de omisión superior a 0,05.

Tabla 9. Umbrales de idoneidad y tasa de omisión al 5 %

Especie	Umbral de idoneidad E = 5 %		Tasa de omisión E = 5 %	
	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim
<i>Alnus acuminata</i>	0,61	0,60	0,00	0,06
<i>Caesalpinia spinosa</i>	0,70	0,71	0,00	0,03
<i>Morella pubescens</i>	0,58	0,64	0,09	0,06
<i>Piptocoma discolor</i>	0,62	0,54	0,00	0,11
<i>Vachellia macracantha</i>	0,41	0,64	0,05	0,05
<i>Vismia baccifera</i>	0,58	0,60	0,04	0,02
Promedio	0,58	0,62	0,03	0,06

Con valor p de superior a 0,05 en todas las especies, la prueba estadística de Wilcoxon demuestra que no existen diferencias significativas entre los valores promedios de idoneidad registrados en los puntos de presencia para ambos productos bioclimáticos, es decir, los valores de predicción de los modelos son muy similares.

Tabla 10. Diferencias estadísticas de los valores promedios de idoneidad

Especie	Número de registros		Valor promedio de idoneidad		Wilcoxon p valor
	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	
<i>Alnus acuminata</i>	76	76	0,64	0,63	0,69
<i>Caesalpinia spinosa</i>	26	26	0,65	0,65	0,57
<i>Morella pubescens</i>	108	108	0,65	0,65	0,81
<i>Piptocoma discolor</i>	52	52	0,63	0,70	0,08
<i>Vachellia macracantha</i>	45	45	0,69	0,66	0,31
<i>Vismia baccifera</i>	64	63	0,64	0,62	0,81

Los puntos de presencia de las especies se agrupan en zonas con valores de idoneidad cercanos o por encima de 0,5, lo que demuestra un buen ajuste de los valores predichos por el modelo con los puntos de presencia utilizados para su elaboración. Por otra parte, WorldClim presentó mayores valores de idoneidad con respecto a Chelsa, no obstante, Chelsa presentó menor amplitud de valores máximos y mínimos de idoneidad (Figura 11), a excepción de *Vachellia macracantha*.

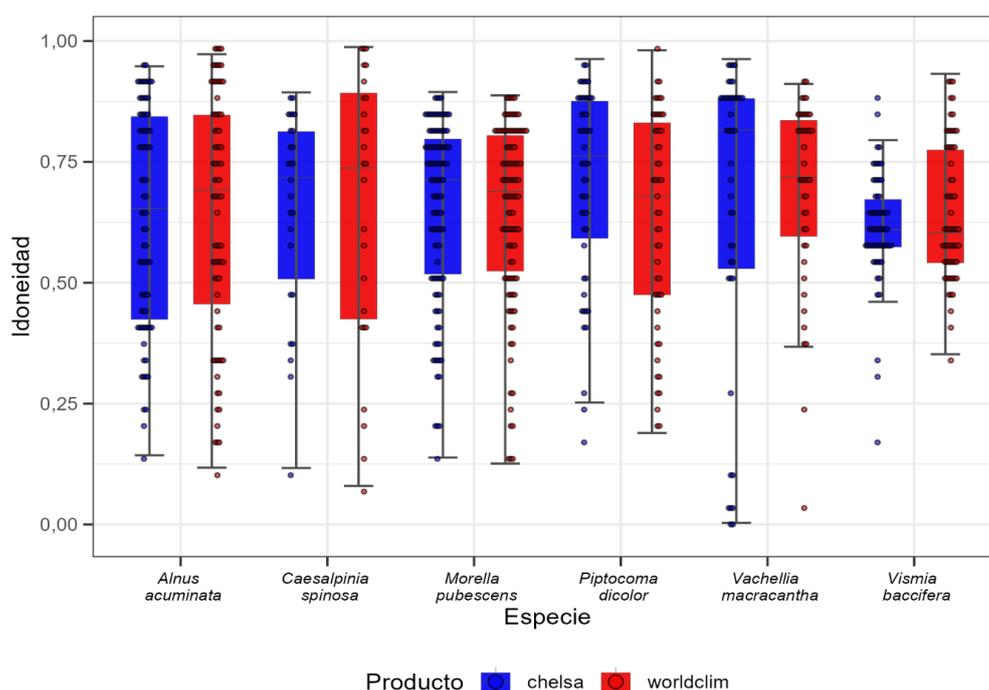


Figura 11. Distribución de valores de idoneidad de los dos productos bioclimáticos

WorldClim y Chelsa presentan patrones similares de distribución para el 70 % de las especies, no obstante, para especies de bosque seco (Figura 12 B y E) los patrones de distribución difieren drásticamente entre los dos productos bioclimáticos.

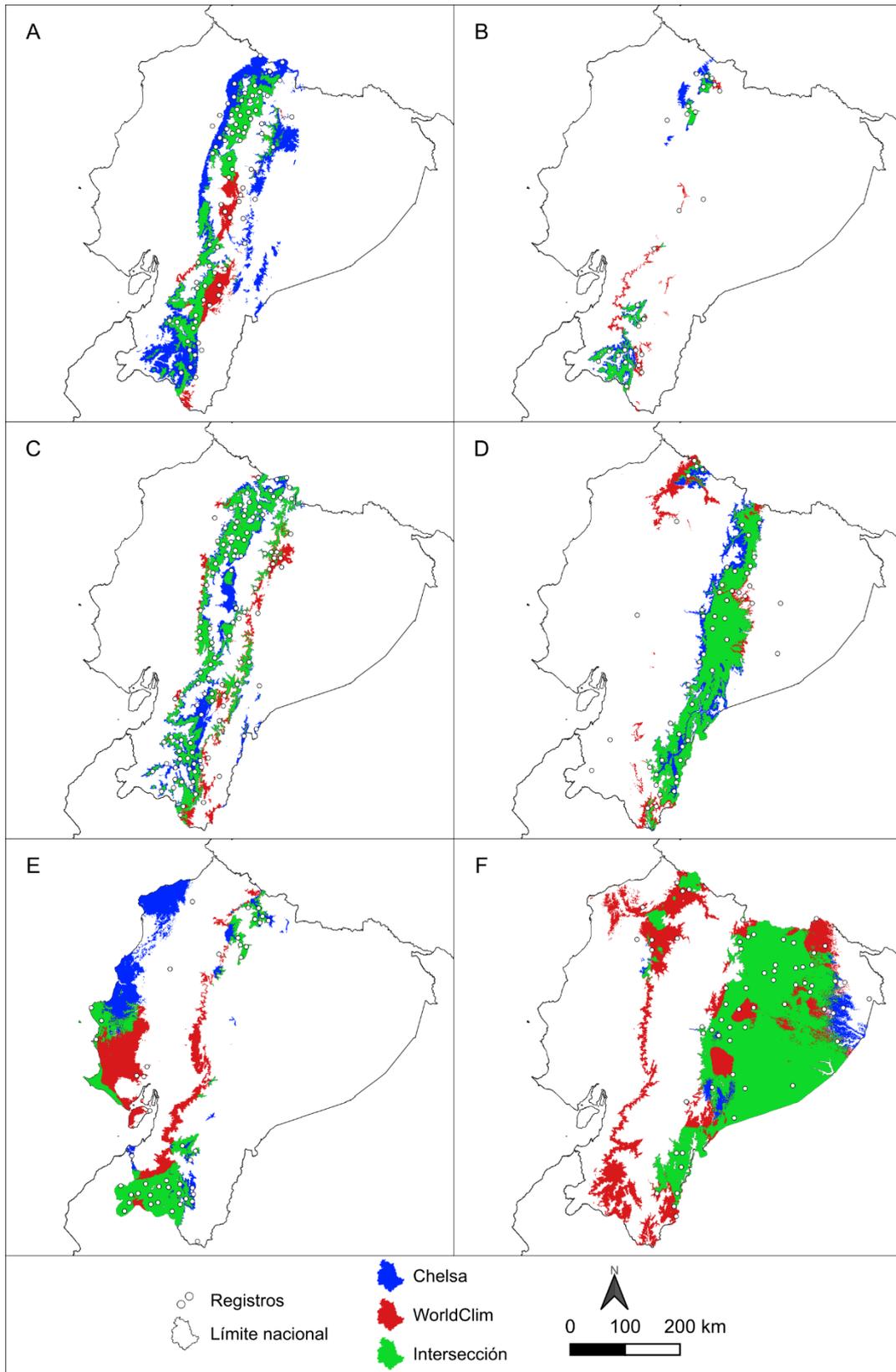


Figura 12. Diferencias espaciales de los modelos A) *Alnus acuminata*, B) *Caesalpinia spinosa*, C) *Morella pubescens*, D) *Piptocoma discolor*, E) *Vachellia macracantha* y D) *Vismia baccifera*

Chelsa a diferencia de WorldClim muestra mayor extrapolación de los modelos a zonas adyacentes a los puntos de presencia de la especie para el 85 % de las especies, zonas en donde actualmente no se registran las especies, sin embargo, estas áreas se encuentran dentro de las áreas accesibles para las especies (Figura 12 A, B, C, D). Para *Vismia baccifera* (Figura 12 F), WorldClim extiende la distribución de la especie a lo largo de las estribaciones occidentales de la cordillera de los Andes, zonas que no se encuentran dentro del área accesible para la especie, lo cual corresponden a zonas productos de la extrapolación del modelo. Las áreas de intersección de los dos productos bioclimáticos abarcan gran parte de los registros para cada una de las especies, motivo por el cual, no se encuentran diferencias significativas en los valores promedios de idoneidad en la prueba de Wilcoxon.

7. Discusión

7.1. Modelos de distribución de especies prioritarias para la restauración

Los modelos de *Vachellia macracantha* y *Caesalpinia spinosa* para ambos productos bioclimáticos mostraron alta idoneidad al sur de Ecuador en el bosque seco, así como en valles secos interandinos a lo largo de la región andina. Los modelos predichos para ambas especies muestran gran ajuste a los puntos de presencia utilizados en la generación de los modelos (GBIF, 2023; Symbiota INABIO, 2023). Algunos estudios realizados en estos ecosistemas indican que *Vachellia macracantha* y *Caesalpinia spinosa* son especies tolerantes a la sequía con una amplia distribución altitudinal, registrándose a partir de los 0 m s.n.m hasta altitudes por arriba de los 2000 m s.n.m para *Vachellia macracantha* (Abad et al., 2023; Cumbal et al., 2023); y, desde los 800 m s.n.m hasta los 3500 m s.n.m para *Caesalpinia spinosa* (Sangay - Tucto y Duponnois, 2018). Ambas especies son utilizadas con múltiples propósitos en comunidades locales (Abad et al., 2023; Sangay - Tucto y Duponnois, 2018), asimismo, *Vachellia macracantha* es una especie pionera en ecosistemas secos (Abad et al., 2023), mientras que *Caesalpinia spinosa* es considerada como una especie xerófita y con gran adaptabilidad en ecosistemas secos (Sangay - Tucto y Duponnois, 2018), características importantes para ser consideradas como especies prioritarias para la restauración forestal en ecosistemas secos (Aguirre, 2012).

Por otra parte, los modelos de adecuación de *Alnus acuminata* y *Morella pubescens* para ambos productos bioclimáticos, muestran alta idoneidad a lo largo de todo el callejón interandino. De acuerdo a los registros reportados en bases de datos nacionales y globales (GBIF, 2023; Symbiota INABIO, 2023) es una especie que limita su distribución en bosques de montaña. Actualmente, ocupan gran parte de su área de adecuación, sin embargo, presentan registros que se encuentran fuera del nicho ecológico de la especie. Los resultados obtenidos coinciden con lo descrito por Russo (1994) y Parra-O (2003), quienes indican que *Alnus acuminata* y *Morella pubescens* son especies características de bosques de montaña por arriba de los 1000 m s.n.m. Asimismo, las señalan como especies pioneras de rápido crecimiento, las cuales se desarrollan en ecosistemas perturbados. Estas características las perfilan como especies de interés para la restauración en ecosistemas andinos.

Para ambos productos bioclimáticos, los modelos de distribución de *Piptocoma discolor* muestran patrones similares de distribución en las estribaciones orientales de la cordillera de los Andes y en la región del Chocó. Por otra parte, *Vismia baccifera* encontró alta idoneidad a lo largo de la región amazónica y el Chocó. De acuerdo los registros utilizados en la generación

de los modelos de distribución, *Piptocoma discolor* y *Vismia baccifera* son especies que actualmente se distribuyen en la vertiente oriental y occidental de la cordillera de los Andes (GBIF, 2023; Symbiota INABIO, 2023) y ocupan gran parte de su área de adecuación de acuerdo al nicho ecológico determinado por los modelos. Existen escasos estudios que indiquen la distribución y ecología de estas especies, sin embargo, algunos estudios florísticos en la Amazonía ecuatoriana reportan estas especies en las provincias de Napo, Sucumbíos, Orellana y Pastaza en altitudes entre los 600 a 700 m s.n.m (Patiño et al., 2015; J. González et al., 2018; J. E. González et al., 2021). Asimismo, estas especies son consideradas como pioneras de rápido crecimiento y por sus características pueden ser consideradas para el desarrollo de actividades de restauración en ecosistemas húmedos tropicales (Enríquez, 2017).

7.2. Rendimiento de los productos bioclimáticos en el modelamiento de la distribución de especies prioritarias para restauración forestal

Con un $p = 0$, el ROC parcial demuestran que ambos productos bioclimáticos presentan buena la significancia estadística, asimismo, la tasa de omisión no demuestra mejor rendimiento de un producto bioclimático con respecto a otro. Algunas especies muestran mejor ajuste a los modelos de Chelsa mientras que otras presentan mejor ajuste con WorldClim. Para *Piptocoma discolor* los datos de prueba no presentaron buen ajuste a los modelos generados para los dos productos bioclimáticos.

Estos resultados difieren con los encontrados por Bobrowski et al. (2017), Colmenero, 2020, Bobrowski et al. (2021), Stewart et al. (2022) y Morales-Barbero y Vega-Álvarez (2019), en donde demuestran que Chelsa presenta mejor rendimiento al momento de predecir áreas de distribución de especies en la zona del Himalaya. No obstante, estos estudios se limitan al uso del estadístico AUC de características de receptor ROC para la evaluación de los modelos. Sin embargo, el uso del AUC presenta algunas limitaciones (Lobo et al., 2007). En su lugar, algunos estudios indican que el ROC parcial representa un indicador más apropiado para medir la significancia estadística del modelo y sustituye al área completa bajo la curva ROC (Cobos et al., 2019; Jiménez-Valverde, 2012; Lobo et al., 2007).

Con valores de 0 en el estadístico ROC parcial, todos los modelos para ambos productos bioclimáticos presentaron buena significancia estadística, lo cual coincide con algunos estudios de modelamiento de áreas de distribución de especies con los productos bioclimáticos de WorldClim (Osorio-Olvera et al., 2020; Cobos et al., 2021). Asimismo, considerando la tasa de omisión, los modelos finales en el presente estudio presentaron valores mayores y menores a 0,05, lo cual difiere con lo encontrado por Osorio-Olvera et al. (2020) y Cobos et al. (2021),

los cuales reportan tasas de omisión por debajo de 0,05 en la evaluación de los modelos finales, utilizando los productos bioclimáticos de WorldClim. Actualmente, no existen estudios que evalúen el rendimiento de modelos de distribución de especies generados a partir de Chelsa, utilizando los estadísticos ROC parcial y tasa de omisión, su evaluación se limita al uso del estadístico AUC (Stewart et al., 2022; Meynard et al., 2023).

A pesar de que los modelos generados a partir de los productos bioclimáticos de WorldClim y Chelsa no presenten diferencias estadísticamente significativas en los valores de idoneidad, espacialmente se pueden distinguir ciertas diferencias en cuanto a la amplitud de la predicción de idoneidad. Los modelos generados a partir de los productos bioclimáticos de WorldClim presentaron una idoneidad más focalizada a los puntos de presencia de la especie y delimitan de mejor manera las condiciones topográficas del terreno, por otra parte, los modelos de Chelsa, presentaron mayor amplitud en cuanto a su predicción de idoneidad. Estos resultados difieren con los que reporta Bobrowski et al. (2017, 2021) en donde demuestra que Chelsa presenta modelos más focalizados a los puntos de presencia de la especie, a diferencia de WorldClim que muestra mayor amplitud espacial de predicción. No obstante, ambos productos bioclimáticos no presentaron diferencias estadísticamente significativas.

8. Conclusiones

- Los modelos de distribución de ambos productos bioclimáticos presentaron similares patrones de distribución, sin embargo, los modelos de distribución de WorldClim delimitan de mejor manera los patrones topográficos del área de distribución. Por otra parte, Chelsa presenta modelos que amplían su distribución a zonas adyacentes a los puntos de presencia.
- Para *Vachellia macracantha* y *Vismia baccifera*, los modelos de distribución de WorldClim presentaron áreas de extrapolación, es decir, áreas que se encuentran fuera del área accesible de la especie, pero con similares condiciones bioclimáticas. Chelsa no extendió el área de distribución a zonas en donde actualmente no se registra la especie.
- Los modelos generados con ambos productos bioclimáticos presentaron igual significancia estadística, no obstante, Chelsa presentó un mejor rendimiento considerando el estadístico tasa de omisión al 5 %. Por otra parte, espacialmente WorldClim presentó modelos que se ajustan mejor a los patrones topográficos del terreno a diferencia de Chelsa que determinó modelos con mayor amplitud a los puntos de presencia, sin considerar patrones topográficos.
- La prueba de Wilcoxon demuestra que no existen diferencias significativas en cuanto a los valores promedios predichos por ambos productos bioclimáticos, por tanto, la selección de determinado producto, no debe limitarse únicamente a los resultados de los estadísticos de evaluación, también se debería considerar factores como la ubicación del área de estudio, objetivo de la investigación y ecología de la especie.
- El uso generalizado de WorldClim en estudios de modelado de distribución de especies puede estar ligado a la disponibilidad de los productos bioclimáticos en diferentes resoluciones espaciales (10 min, 5 min, 2,5 min y 30 arco segundos). Los productos bioclimáticos de Chelsa por su parte, se encuentran disponibles únicamente a una resolución espacial de $\sim 1 \text{ km}^2$ (30 arco seg) en su plataforma oficial.

9. Recomendaciones

- Para determinar el ajuste de los productos bioclimáticos de WorldClim y Chelsa a las condiciones reales de precipitación y temperatura en la superficie, se recomienda realizar una convalidación de capas utilizando datos de estaciones meteorológicas.
- Se recomienda actualizar y mejorar la resolución espacial y temporal de la información climática para WorldClim y Chelsa. Asimismo, se debería realizar una actualización de los registros de presencia de las especies de las plataformas BNDB y GBIF puesto que aún presentan errores en cuanto a identificación y georreferenciación.
- Para futuras investigaciones se debería considerar el uso del estadístico ROC parcial en lugar del AUC-ROC completo, puesto que algunos estudios demuestran que este no es un estadístico apropiado para la determinación del rendimiento de los modelos de distribución de especies.
- Se recomienda probar otras parametrizaciones en MaxEnt, tales como el número de pseudo-ausencias, clases de características, multiplicadores de regularización y formatos de salida para determinar el rendimiento de los modelos de distribución de especies.
- Se recomienda utilizar modelos de distribución basados en especies virtuales (condiciones ambientales conocidas de una especie) para los tres ecosistemas y con ello verificar el ajuste de un determinado producto bioclimático.

10. Bibliografía

- Abad, K., Guzmán-Montalván, E., Ramón, P., Burneo, J. I., Quichimbo, P., y Jiménez, L. (2023). Edaphic properties under *Vachellia macracantha* in an elevation gradient of dry scrub in southern Ecuador. *Journal of Arid Environments*, 210, 104878. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2022.104878>
- Aguirre, Z. (2012). *Especies forestales de los Bosques Secos de Ecuador: Guía dendrológica para su identificación y caracterización*. MAE/FAO.
- Anderson, R., Lew, D., y Peterson, T. (2003). Evaluating predictive models of species' distributions: Criteria for selecting optimal models. *Ecological Modelling*, 162(3), 211-232. [https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(02\)00349-6](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(02)00349-6)
- Bobrowski, M., Weidinger, J., y Schickhoff, U. (2017). Why input matters: Selection of climate data sets for modelling the potential distribution of a treeline species in the Himalayan region. *Ecological Modelling*, 359, 92-102. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2017.05.021>
- Bobrowski, M., Weidinger, J., y Schickhoff, U. (2021). Is New Always Better? Frontiers in Global Climate Datasets for Modeling Treeline Species in the Himalayas. *Atmosphere*, 12(5), Article 5. <https://doi.org/10.3390/atmos12050543>
- Booth, T. H. (2022). Checking bioclimatic variables that combine temperature and precipitation data before their use in species distribution models. *Austral Ecology*, 47(7), 1506-1514. <https://doi.org/10.1111/aec.13234>
- Brown, J. (2014). SDM toolbox: A python-based GIS toolkit for landscape genetic, biogeographic and species distribution model analyses. *Methods in Ecology and Evolution*, 5(7), 694-700. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12200>
- Brown, J. L., Hill, D. J., Dolan, A. M., Carnaval, A. C., y Haywood, A. M. (2018). PaleoClim, high spatial resolution paleoclimate surfaces for global land areas. *Scientific Data*, 5(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.254>
- Calvas, G., Maita, J., Angamarca, E., Eguiguren, P., y Veintimilla, D. (2024). Impactos del cambio climático en la distribución potencial de especies forestales priorizadas de la Amazonía ecuatoriana. *Bosques Latitud Cero*, 14(1), Article 1. <https://doi.org/10.54753/blc.v14i1.2115>
- Cartaya, S., Betancuort, C., y Mantuano, R. (2016). Distribución geográfica potencial de la especie *Cuniculus paca* en el occidente de Ecuador. *La Granja: Revista de Ciencias de la Vida*, 24(2), 134-149. <https://doi.org/10.17163/lgr.n24.2016.11>

- Clarke, G. (1954). *Elements of Ecology*. Wiley.
- Cobos, M., Peterson, T., Barve, N., y Osorio-Olvera, L. (2019). kuenm: An R package for detailed development of ecological niche models using Maxent. *PeerJ*, 7, e6281. <https://doi.org/10.7717/peerj.6281>
- Cobos, M., Peterson, T., Osorio-Olvera, L., y Barve, N. (2021). *kuenm: An R package for detailed development of Maxent Ecological Niche Models* (R package version 1.1.6) [TeX]. <https://github.com/marloncobos/kuenm>
- Colmenero, D. (2020). *Modelos de distribución de árboles y arbustos de la península Ibérica y Baleares* (Primera edición, 1-1). Editorial Académica Española.
- Conrad, O., Bechtel, B., Bock, M., Dietrich, H., Fischer, E., Gerlitz, L., Wehberg, J., Wichmann, V., y Böhner, J. (2015). System for Automated Geoscientific Analyses (SAGA) v. 2.1.4. *Geoscientific Model Development*, 8(7), 1991-2007. <https://doi.org/10.5194/gmd-8-1991-2015>
- Cumbal, J. C. C., García, J. L. C., Unigarro, C. R. A., y Rodríguez, H. O. P. (2023). Diversidad florística y estructura del bosque seco en el norte del Ecuador. *Revista Cubana de Ciencias Forestales*, 11(2), Article 2.
- Dice, L. R. (1952). *Natural Communities*. University of Michigan Press.
- Enríquez, V. L. (2017). *Grupos funcionales y su papel en la restauración de paisajes en la región sur de Ecuador* [bachelorThesis, Loja]. <https://dspace.unl.edu.ec/handle/123456789/19053>
- Escobar, L., Lira-Noriega, A., Medina-Vogel, G., y Peterson, T. (2014). Potential for spread of the white-nose fungus (*Pseudogymnoascus destructans*) in the Americas: Use of Maxent and NicheA to assure strict model transference. *Geospatial health*, 221-229. <https://doi.org/10.4081/gh.2014.19>
- ESRI. (2019). *ArcGis Desktop: ArcMap* (1.8) [Software]. ESRI. <https://desktop.arcgis.com/es/arcmap/>
- Farfán, F. (2018). *Agroclimatología del Ecuador*. Editorial AbyaYala. <https://doi.org/10.7476/9789978104927>
- Fick, S., y Hijmans, R. (2017). WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International journal of climatology*, 37(12), 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>

- Fielding, A., y Bell, J. (1997). A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental conservation*, 24(1), 38-49. <https://doi.org/10.1017/S0376892997000088>
- GBIF. (2023). *GBIF Home Page*. Global Biodiversity Information Facility: Free and Open Access to Biodiversity Data. <https://www.gbif.org/occurrence/search>
- González, J. E., Coronel Espinoza, B., Quevedo Tumaili, V., Uvidia Cabadiana, H., Oliva M., D., Morón, C. J., y Robles Campo, M. (2021). Biomass Potential and Kinetics of Drying Model of *Piptocoma discolor* (pigüe) as a Source of Renewable Energy Source in Ecuador. *Enfoque UTE*, 12(1), 74-90. <https://doi.org/10.29019/enfoqueute.695>
- González, J., Papue, A., González, V., Borja, A., y Oliva, D. (2018). Crecimiento y conservación de *Piptocoma discolor* (Pigüe) en la Provincia de Pastaza, Ecuador. *Revista Cubana de Ciencias Forestales*, 6(3), 366-379.
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., y Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25(15), 1965-1978. <https://doi.org/10.1002/joc.1276>
- Hutchinson, G. (1957). Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 22(2), 415-427.
- Hutchinson, G. (1965). *The ecological theater and the evolutionary play* (Yale University Press). <https://cir.nii.ac.jp/crid/1130282273230736000>
- Jiménez-Valverde, A. (2012). Insights into the area under the receiver operating characteristic curve (AUC) as a discrimination measure in species distribution modelling. *Global Ecology and Biogeography*, 21(4), 498-507. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2011.00683.x>
- Jorgensen, P., y León-Yáñez, S. (1999). *Catalogue of the vascular plants of Ecuador* (Vol. 75). Missouri Botanical Garden St. Louis.
- Karger, Conrad, O., Böhrner, J., Kawohl, T., Kreft, H., Soria-Auza, R. W., Zimmermann, N. E., Linder, H. P., y Kessler, M. (2017). Climatologies at high resolution for the earth's land surface areas. *Scientific Data*, 4(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/sdata.2017.122>
- Karger, D. N., Conrad, O., Böhrner, J., Kawohl, T., Kreft, H., Soria-Auza, R., Zimmermann, N. E., Linder, H. P., y Kessler, M. (2018). Data from: Climatologies at high resolution for the earth's land surface areas [Dataset]. *Dryad Digital Repository*. <https://doi.org/doi.org/10.5061/dryad.kd1d4>

- Lobo, J., Jiménez-Valverde, A., y Real, R. (2007). AUC: A misleading measure of the performance of predictive distribution models. *Global Ecology and Biogeography*, 17(2), 145-151. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00358.x>
- Machado-Stredel, F., Cobos, M. E., y Peterson, A. T. (2021). A simulation-based method for selecting calibration areas for ecological niche models and species distribution models. *Frontiers of Biogeography*, 13(4). <https://doi.org/10.21425/F5FBG48814>
- MAE, y FAO. (2015). *Especies forestales leñosas arbóreas y Arbustivas de los bosques montaños del Ecuador* (MAE). Programa ONU-REDD. <https://biblio.flacsoandes.edu.ec/libros/142985-opac>
- Mateo, R. G., Felicísimo, Á. M., y Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista chilena de historia natural*, 84(2), 217-240. <https://doi.org/10.4067/S0716-078X2011000200008>
- Mejía, D., Tonón, M., y Abad, L. (2018). Distribución potencial del género *Polylepis* en la Cuenca del río Paute bajo un escenario de cambio climático. *Revista de la Facultad de Ciencias Químicas*, 19, 21-37.
- Meynard, C. N., Piou, C., y Kaplan, D. M. (2023). A theoretical framework for upscaling species distribution models. *Methods in Ecology and Evolution*, 14(11), 2888-2899. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.14207>
- Morales-Barbero, J., y Vega-Álvarez, J. (2019). Input matters matter: Bioclimatic consistency to map more reliable species distribution models. *Methods in Ecology and Evolution*, 10(2), 212-224. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13124>
- O'Donnel, M., y Ignizio, D. (2012). *Bioclimatic predictors for supporting ecological applications in the conterminous United States* (Data Series No. 691). US Geological Survey.
- Odum, E. P. (1953). *Fundamentals of ecology*. Saunders. <http://archive.org/details/fundamentalsofec0000odum>
- Osorio-Olvera, L., Lira-Noriega, A., Soberón, J., Peterson, A. T., Falconi, M., Contreras-Díaz, R. G., Martínez-Meyer, E., Barve, V., y Barve, N. (2020). ntbox: An r package with graphical user interface for modelling and evaluating multidimensional ecological niches. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(10), 1199-1206. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13452>
- Palacios, W. (2016). *Árboles del Ecuador: Especies representativas* (1.^a ed.). Universidad Técnica del Norte.

- Palomino, R., Córdoba-Machado, S., y Esteban-Parra, M. J. (2015). Evaluación de modelos climáticos globales del CMIP5 sobre el noroeste de América del Sur. *Revista Biodiversidad Neotropical*, 5(1), 16-22.
- Parra, C. (2003). Taxonomic revision of Myricaceae from Colombia. *Caldasia*, 25, 23-64.
- Patiño, J., Lozano C., P., Tipán, C., Navarrete, H., López, R., Asanza, M., y Torres, B. (2015). Composición florística y estructura de un bosque siempreverde piemontano de 600 a 700 m s.n.m. En la cuenca del río Piatúa, Napo, Ecuador. *Revista Amazónica Ciencia y Tecnología*, 4(2), 166-214.
- Peterson, A. T., Papeş, M., y Soberón, J. (2008). Rethinking receiver operating characteristic analysis applications in ecological niche modeling. *Ecological Modelling*, 213(1), 63-72. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2007.11.008>
- Pshegusov, R., Tembotova, F., Chadaeva, V., Sablirova, Y., Mollaeva, M., y Akhomgotov, A. (2022). Ecological niche modeling of the main forest-forming species in the Caucasus. *Forest Ecosystems*, 9, 100019. <https://doi.org/10.1016/j.fecs.2022.100019>
- QGIS Development Team. (2023). *QGIS Geographic Information System* (3.28.10) [Software]. Open Source Geospatial Foundation. <https://www.qgis.org>
- R Core Team. (2023). *R: A Language and Environment for Statistical Computing* (4.3.1) [R]. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>
- Russo, R. (1994). *Alnus acuminata*: Valuable Timber Tree for Tropical Highlands. *Nitrogen Fixing Trees Highlights 94-03, April 1994*, 90.
- San Sebastián, M., y Karin, A. (2004). Oil exploitation in the Amazon basin of Ecuador: A public health emergency. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 15, 205-211. <https://doi.org/10.1590/S1020-49892004000300014>
- Sánchez-Cordero, V., Cirelli, V., Munguial, M., y Sarkar, S. (2005). Place prioritization for biodiversity content using species ecological niche modeling. *Biodiversity Informatics*, 2. <https://doi.org/10.17161/bi.v2i0.9>
- Sangay - Tucto, S., y Duponnois, R. (2018). Ecological characteristics of Tara (*Caesalpinia spinosa*), a multipurpose legume tree of high ecological and commercial value. En *Agricultural Research Updates* (pp. 189-208).
- Soberón, J., Osorio-Olvera, L., y Peterson, T. (2017). Diferencias conceptuales entre modelación de nichos y modelación de áreas de distribución. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 88(2), 437-441. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2017.03.011>

- Soberon, J., y Peterson, A. T. (2005). Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas. *Biodiversity Informatics*, 2. <https://doi.org/10.17161/bi.v2i0.4>
- Stewart, S. B., Fedrigo, M., Kasel, S., Roxburgh, S. H., Choden, K., Tenzin, K., Allen, K., y Nitschke, C. R. (2022). Predicting plant species distributions using climate-based model ensembles with corresponding measures of congruence and uncertainty. *Diversity and Distributions*, 28(5), 1105-1122. <https://doi.org/10.1111/ddi.13515>
- Symbiota INABIO. (2023). *Biodiversity occurrence data*. Symbiota INABIO Portal. <https://bndb.sisbioecuador.bio/bndb/collections/index.php>
- Zellmer, A. J., Claisse, J. T., Williams, C. M., Schwab, S., y Pondella, D. J. (2019). Predicting Optimal Sites for Ecosystem Restoration Using Stacked-Species Distribution Modeling. *Frontiers in Marine Science*, 6. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmars.2019.00003>
- Zhu, G., Liu, G., Bu, W., y Gao, Y. (2013). Ecological niche modeling and its applications in biodiversity conservation. *Biodiversity Science*, 21(1), 90. <https://doi.org/10.3724/SP.J.1003.2013.09106>

11. Anexos

Anexo 1. Script para descarga de datos para el modelamiento

```
##### SCRIPT 1 DESCARGAR DATOS MODELAMIENTO #####

#
# UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
# CENTRO DE INVESTIGACIONES TROPICALES DEL AMBIENTE Y BIODIVERSIDAD (CITIAB)

# PROYECTO: BIOMODELOS DE ESPECIES FORESTALES DE ECUADOR
# AUTORES: - ING. ERICK ANGAMARCA (UNL)
#          - M. Sc. JUAN MAITA (UNL)
# ASESORES: - PH. D. (c) MARLON COBOS (UNIVERSIDAD DE KANSAS)
#           - PH. D. TOWNSED PETERSON (UNIVERSIDAD DE KANSAS)

## TEMARIO

#  INSTALAR PAQUETES
#  DESCARGAR SHP
#  DESCARGAR ALTITUD
#  DESCARGAR BIOCLIMAS 30''
#  DESCARGAR BIOCLIMAS 2.5'

## 1. INSTALAR PAQUETES #####

install.packages("devtools")
install.packages("raster", dependencies = TRUE)
install.packages("rmapshaper", dependencies = TRUE)
install.packages("sf", dependencies = TRUE)
install.packages("sp", dependencies = TRUE)
install.packages("terra", dependencies = TRUE)
install.packages("tidyverse", dependencies = TRUE)
install.packages("pacman", dependencies = TRUE)
install.packages("remotes", dependencies = TRUE)
install.packages("devtools", dependencies = TRUE)
install.packages("ngeo", dependencies = TRUE)
install.packages("vegdistmod", dependencies = T)
install.packages("rpaleoclim", dependencies = T)
devtools::install_github("rspatial/geodata", force = T, dependencies = T)
devtools::install_github("marloncobos/kuenm", force = T, dependencies = T)
devtools::install_github("marloncobos/ellipsenm", force = T, dependencies = T)
remotes::install_github("fmachados/grinnell", force = T, dependencies = T)

## 2. CARGAR LIBRERIAS #####

#LIBRERIAS
pacman::p_load(raster, sf, ellipsenm, kuenm, tidyverse, datasets, geodata, ngeo,
              terra, vegdistmod, rpaleoclim)

## 3. VARIABLES #####

#LIMPIAR AREA DE TRABAJO
rm(list = ls(all.names = TRUE))&cat("\014")&graphics.off()&gc()

#VARIABLE DE PAIS
country <- "EC"

## 4. DPA ECUADOR #####

#LINK
link_dpa_prv <- paste0("https://www.ecuadorencifras.gob.ec//documentos/web-inec",
                      "/Cartografia/Clasificador_Geografico/2012/SHP.zip")

#CREAR CARPETA
sapply("2_vector/INEC", function(x)if(!dir.exists(x))
```

```

dir.create(x, recursive = T))

#DESCARGAR SHAPE
{
  options(timeout = max(1000, getOption("timeout")))
  if (!file.exists(file.path("2_vector/INEC", "SHP.zip"))) {
    download.file(link_dpa_prv, destfile = file.path("2_vector/INEC", "SHP.zip"))
    unzip(file.path("2_vector/INEC", "SHP.zip"), exdir = "2_vector/INEC")}
}

#CARGAR DPA PROVINCIAS
ecu <- st_read("2_vector/INEC/SHP/nxprovincias.shp")

#ELIMINAR GALAPAGOS
ecu <- ecu[!(ecu$DPA_DESPRO == "GALAPAGOS"),]

#DISSOLVE
ecu <- st_sf(ecu)
ecu <- ecu %>% group_by() %>% summarize()%>% mutate(ID=0)

#BUFFER
ecu_buffer2 <- st_buffer(ecu, 2000, endCapStyle="ROUND") %>% st_transform(4326)
plot(st_geometry(ecu_buffer2))

#FIX ECU
st_is_valid(ecu, reason = TRUE)
ecu_fix <- st_make_valid(ecu) %>% st_transform(4326)
st_is_valid(ecu_fix, reason = TRUE)

#FIX ECU BUFFER
st_is_valid(ecu_buffer2, reason = TRUE)
ecu_fix_buffer <- st_make_valid(ecu_buffer2)
st_is_valid(ecu_fix_buffer, reason = TRUE)

#PLOT
plot(st_geometry(ecu_fix))
plot(st_geometry(ecu_fix_buffer), add = T)

#GUARDAR CAPAS
st_write(ecu_fix, dsn = "2_vector/", layer = "ecu_diss_4326.shp",
         driver = "ESRI Shapefile", delete_layer = T)
st_write(ecu_buffer2, dsn = "2_vector/", layer = "ecu_buffer2.shp",
         driver = "ESRI Shapefile", delete_layer = T)

## 5. ALTITUD #####

#CREA CARPETA
sapply("3_raster/download/", function(x)if(!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))

#DESCARGAR PAIS
alt_country <- worldclim_country(var = "elev", country = country,
                                path = "3_raster/download/", version = "2.1")

#SPAT A STACK
alt_country <- raster(alt_country)

#RECORTE ALTITUD
#CARGAR SHP PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
alt_crop <- mask(crop(alt_country, ecu_buffer), ecu_buffer)

```

```

#REPROYECCION
crs(alt_crop) <- "EPSG:4326"

#PLOT RASTER
plot(alt_crop)
plot(ecu_buffer, color = "", border ="black", add = T)

#GUARDAR RASTER
writeRaster(alt_crop, filename = "3_raster/wc_alt_ec.tif",
            format= "GTiff", overwrite=T)

## 6. BIOCLIMAS CURRENT 0.5 WORLDCLIM #####

#NOMBRES BIOCLIMAS
names_bioclim <- c(paste0("bio_0", seq(1, 7)), paste0("bio_", seq(10, 17)))

#DESCARGAR PAIS 1
bioclim_country <- worldclim_country(var = "bio", country = country,
                                   path = "3_raster/download/")[[-c(8, 9, 18,
                                   19)]]

plot(bioclim_country[[1]])

#ACTUALIZAR NOMBRES
names(bioclim_country) = names_bioclim

#SPAT A STACK
bioclim_country <- stack(bioclim_country)

#CARGAR SHP PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bioclim_30s_crop <- mask(crop(bioclim_country, ecu_buffer),ecu_buffer)
names(bioclim_30s_crop) <- names_bioclim

#PLOT
plot(bioclim_30s_crop[[1]])
plot(ecu_buffer, color = "", border ="black", add = T)

#CREAR CARPETA
sapply("3_raster/var_bio_30s_wc", function(x)if(!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
names_30s_wc <- paste0("3_raster/var_bio_30s_wc/", names(bioclim_30s_crop),
                      ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bioclim_30s_crop), function(x) {
  writeRaster(bioclim_30s_crop[[x]], filename = names_30s_wc[x], format = "ascii",
              overwrite=T)
})

## 7. BIOCLIMAS CURRENT 2.5 WORLDCLIM #####

#NOMBRE DE BIOCLIMAS WORLDCLIM
names_bioclim_des <- c("bio_01", paste0("bio_", seq(10, 17)),
                      paste0("bio_0", seq(2, 7)))

#DESCARGAR BIOCLIMAS

{
  if(!file.exists(file.path("3_raster/download/wc1.4_world_cur", "bio1.tif"))){

```

```

suppressWarnings(dir.create("3_raster/download/wc1.4_world_cur", recursive = T))
bio_cur_2.5_wc <- stack(get_worldclim(period = "cur", version = "1_4",
                                varset = "bio", res = 2.5))
names_vars_wc <- paste0("3_raster/download/wc1.4_world_cur/",
                        names(bio_cur_2.5_wc), ".tif")
writeRaster(bio_cur_2.5_wc, filename = names_vars_wc, filetype = "GTiff",
            overwrite=T)}
bio_cur_2.5_wc <- stack(list.files(path = "3_raster/download/wc1.4_world_cur",
                                pattern = ".tif$",
                                full.names = TRUE)))[-c(10, 11, 18, 19)]
}

#CAMBIAR NOMBRES
names(bio_cur_2.5_wc)
names(bio_cur_2.5_wc) <- names_bioclim_des
plot(bio_cur_2.5_wc[[1]])

#CARGAR SHAPE PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bio_cur_2.5_wc_crop <- mask(crop(bio_cur_2.5_wc, ecu_buffer),ecu_buffer)
plot(bio_cur_2.5_wc_crop[[1]])

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
suppressWarnings(dir.create("3_raster/var_cur_2.5_wc", recursive = T))
names_cur_wc <- paste0("3_raster/var_cur_2.5_wc/",
                      names(bio_cur_2.5_wc_crop), ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bio_cur_2.5_wc_crop), function(x) {
  writeRaster(bio_cur_2.5_wc_crop[[x]], filename = names_cur_wc[x], format = "ascii",
              overwrite=T)
})

## 8. BIOCLIMAS LGM 2.5 WORLDCLIM #####

#DESCARGAR BIOCLIMAS
{
  if(!file.exists(file.path("3_raster/download/wc1.4_world_lgm", "cclgmbl1.tif"))){
    suppressWarnings(dir.create("3_raster/download/wc1.4_world_lgm", recursive = T))
    bio_lgm_2.5_wc <- stack(get_worldclim(period = "lgm", model = "ccsm4",
                                        version = "1_4", varset = "bio",
                                        res = 2.5))
    names_vars_wc <- paste0("3_raster/download/wc1.4_world_lgm/",
                          names(bio_lgm_2.5_wc), ".tif")
    writeRaster(bio_lgm_2.5_wc, filename = names_vars_wc, filetype = "GTiff",
                overwrite=T)}
    bio_lgm_2.5_wc <- stack(list.files(path = "3_raster/download/wc1.4_world_lgm",
                                    pattern = ".tif$",
                                    full.names = TRUE)))[-c(10, 11, 18, 19)]
  }

#CAMBIAR NOMBRES
names(bio_lgm_2.5_wc) <- c("bio_01", paste0("bio_", seq(10, 17)),
                          paste0("bio_0", seq(2, 7)))
plot(bio_lgm_2.5_wc[[1]])

#CARGAR SHAPE PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bio_lgm_2.5_wc_crop <- mask(crop(bio_lgm_2.5_wc, ecu_buffer),ecu_buffer)

```

```

plot(bio_lgm_2.5_wc_crop[[1]])

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
suppressWarnings(dir.create("3_raster/var_lgm_2.5_wc", recursive = T))
names_lgm_wc <- paste0("3_raster/var_lgm_2.5_wc/", names(bio_lgm_2.5_wc_crop),
                      ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bio_lgm_2.5_wc_crop), function(x) {
  writeRaster(bio_lgm_2.5_wc_crop[[x]], filename = names_lgm_wc[x], format = "ascii",
             overwrite=T)
})

## 9. BIOCLIMAS CURRENT 0.5 CHELSA #####

#LINKS BIOCLIMAS
link_cc_bio <- paste0("https://os.zhdk.cloud.switch.ch/envicloud/chelsa/chelsa",
                    "_V2/GLOBAL/climatologies/1981-2010/bio/CHELSA_bio",
                    seq(1:19), "_1981-2010_V.2.1.tif")

#NOMBRES BIOCLIMAS CHELSA
name_cc <- substring(link_cc_bio, 95)

#CREACION DE CARPETA
sapply("3_raster/download/cc2.1_world", function(x) if (!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#DESCARGA DE BIOCLIMAS
{
  options(timeout = max(1000, getOption("timeout")))
  if(!file.exists(file.path("3_raster/download/cc2.1_world", name_cc[1]))){
    download.file(link_cc_bio, destfile = file.path("3_raster/download/cc2.1_world/",
                                                  name_cc),
                 method = "libcurl", mode = "wb", quiet = F)}
  bioclim_cc <- stack(list.files(path = "3_raster/download/cc2.1_world/",
                               pattern = ".tif$",
                               full.names = TRUE))[-c(10, 11, 18, 19)]
}

#CAMBIAR NOMBRES
names(bioclim_cc)
names(bioclim_cc) <- c("bio_01", paste0("bio_", seq(10, 17)),
                    paste0("bio_0", seq(2, 7)))
names(bioclim_cc)
plot(bioclim_cc[[4]])

#CARGAR SHAPE PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bioclim_cc_crop <- mask(crop(bioclim_cc, ecu_buffer), ecu_buffer)

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
suppressWarnings(dir.create("3_raster/var_bio_30s_cc", recursive = T))
names_30s_cc <- paste0("3_raster/var_bio_30s_cc/", names(bioclim_cc_crop), ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bioclim_cc_crop), function(x) {
  writeRaster(bioclim_cc_crop[[x]], filename = names_30s_cc[x], format = "ascii",
             overwrite=T)
})

## 10. BIOCLIMAS CURRENT 2.5 CHELSA #####

```

```

#CREACION DE CARPETA
sapply("3_raster/download/cc1.2_world_cur", function(x) if (!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#DESCARGAR BIOCLIMAS
bio_cur_2.5_cc <- paleoclim(period = "cur", resolution = "2_5m", as = "terra",
  cache_path = "3_raster/download/cc1.2_world_cur/",
  quiet = FALSE)
names_cc <- paste0("3_raster/download/cc1.2_world_cur/", names(bio_cur_2.5_cc),
  ".tif")
writeRaster(bio_cur_2.5_cc, filename = names_cc, filetype = "GTiff",
  overwrite=T)
bio_cur_2.5_cc <- stack(list.files(path = "3_raster/download/cc1.2_world_cur/",
  pattern = ".tif$",
  full.names = TRUE)))[-c(10, 11, 18, 19)]

#CAMBIAR NOMBRES
names(bio_cur_2.5_cc)
names(bio_cur_2.5_cc) <- c("bio_01", paste0("bio_", seq(10, 17)),
  paste0("bio_0", seq(2, 7)))
names(bio_cur_2.5_cc)
plot(bio_cur_2.5_cc[[1]])

#CARGAR SHAPE PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bio_cur_2.5_cc_crop <- mask(crop(bio_cur_2.5_cc, ecu_buffer), ecu_buffer)

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
suppressWarnings(dir.create("3_raster/var_cur_2.5_cc", recursive = T))
names_cur_cc <- paste0("3_raster/var_cur_2.5_cc/", names(bio_cur_2.5_cc_crop),
  ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bio_cur_2.5_cc_crop), function(x) {
  writeRaster(bio_cur_2.5_cc_crop[[x]], filename = names_cur_cc[x], format = "ascii",
  overwrite=T)
})

## 11. BIOCLIMAS LGM 2.5 LGM CHELSA #####

#CREACION DE CARPETA
sapply("3_raster/download/cc1.2_world_lgm", function(x) if (!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#DESCARGAR BIOCLIMAS
bio_lgm_2.5_cc <- paleoclim(period = "lgm", resolution = "2_5m", as = "terra",
  cache_path = "3_raster/download/cc1.2_world_lgm/",
  quiet = FALSE)
names_cc <- paste0("3_raster/download/cc1.2_world_lgm/", names(bio_lgm_2.5_cc),
  ".tif")
writeRaster(bio_lgm_2.5_cc, filename = names_cc, filetype = "GTiff",
  overwrite=T)
bio_lgm_2.5_cc <- stack(list.files(path = "3_raster/download/cc1.2_world_lgm/",
  pattern = ".tif$",
  full.names = TRUE)))[-c(10, 11, 18, 19)]

#CAMBIAR NOMBRES
names(bio_lgm_2.5_cc)
names(bio_lgm_2.5_cc) <- c("bio_01", paste0("bio_", seq(10, 17)),
  paste0("bio_0", seq(2, 7)))

```

```

plot(bio_lgm_2.5_cc[[1]])

#CARGAR SHAPE PARA RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#RECORTE
bio_lgm_2.5_cc_crop <- mask(crop(bio_lgm_2.5_cc, ecu_buffer),ecu_buffer)

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
suppressWarnings(dir.create("3_raster/var_lgm_2.5_cc", recursive = T))
names_lgm_cc <- paste0("3_raster/var_lgm_2.5_cc/", names(bio_lgm_2.5_cc_crop),
                      ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bio_lgm_2.5_cc_crop), function(x) {
  writeRaster(bio_lgm_2.5_cc_crop[[x]], filename = names_lgm_cc[x], format = "ascii",
              overwrite=T)
})

```

Anexo 2. Script para el filtrado de datos, delimitación del área M y selección de variables

```

##### SCRIPT 2 MODELAMIENTO #####

#
# UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
# CENTRO DE INVESTIGACIONES TROPICALES DEL AMBIENTE Y BIODIVERSIDAD (CITIAB)

# PROYECTO: BIOMODELOS DE ESPECIES FORESTALES DE ECUADOR
# AUTORES: - ING. ERICK ANGAMARCA (UNL)
#           - M. Sc. JUAN MAITA (UNL)
# ASESORES: - PH. D. (c) MARLON COBOS (UNIVERSIDAD DE KANSAS)
#            - PH. D. TOWNSED PETERSON (UNIVERSIDAD DE KANSAS)

## TEMARIO

#  DESCARGA DE DATOS DE GBIF
#  FILTRADO DE DATOS
#  AREAS DE CALIBRACION
#  RECORTE DE BIOCLIMAS
#  ANALISIS JACKKNIFE
#  ANALISIS DE CORRELACION

## 1. LIBRERIAS #####
pacman::p_load(raster, sf, ellipsenm, kuenm, tidyverse, datasets, sp, geodata,
              data.table, terra, grinnell)

## 2. VARIABLES #####

#LIMPIAR AREA DE TRABAJO
rm(list = ls(all.names = TRUE))&cat("\014")&graphics.off()&gc()

#VARIABLES EDITABLES
genus <- "Vismia" # GENERO
species <- "baccifera" # ESPECIE
pro_bio <- "_wc" # CC = CHELSA WC = WORLDCLIM
umbral_min <- 200 # RANGO ALTITUDINAL MINIMO
umbral_max <- 1800 # RANGO ALTITUDINAL MAXIMO

#NO EDITAR
nm_sp <- paste0(substring(genus, 1, 3), "_", substring(species, 1, 3)) #ABREV
name_sp <- paste0(genus, " ", species) #NOMBRE CIENTIFICO
dis_het <- "_5_1km" #DISTANCIA HETEROGENEIDAD CLIMATICA
mxpath <- "C:/maxent" #UBICACION MAXENT

```

```

## 3. DESCARGA DE DATOS DE GBIF #####

#CARGAR DATOS NECESARIOS PARA DESCARGA
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")
plot(st_geometry(ecu_buffer))

##DESCARGA
occ <- sp_occurrence(genus = genus, species = species, ext = ecu_buffer, geo = T,
                     download = TRUE, fixnames = F, args =
                     c("occurrenceStatus=PRESENT"))

#GUARDAR CSV
sapply("4_data_csv/paso_1", function(x) if (!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))

write.csv(occ, paste0("4_data_csv/paso_1/", nm_sp, "_gbif", ".csv"),
          row.names = F)

## 4. REUBICACION DE DATOS #####

#BNDB
#file.copy(from = paste0(nm_sp, "_bndb", ".csv"),
#          to = paste0("4_data_csv/paso_1/", nm_sp, "_bndb", ".csv"))
#file.remove(paste0(nm_sp, "_bndb", ".csv"))

## 5. UNION DE BASES DE DATOS #####

#CARGAR DATOS
df1 <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_1/", nm_sp, "_gbif", ".csv"))
df2 <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_1/", nm_sp, "_bndb", ".csv"))

#RENOMBRAR COLUMNAS DE DATA FRAME 1
df1 <- setnames(df1, old = c("scientificName", 'decimalLongitude',
                           'decimalLatitude'), new = c('species', 'longitude',
                                                       'latitude'))
df2 <- setnames(df2, old = c("scientificName", 'decimalLongitude',
                           'decimalLatitude'), new = c('species', 'longitude',
                                                       'latitude'))

df1 <- df1[, c('species', 'longitude', 'latitude')]
df2 <- df2[, c('species', 'longitude', 'latitude')]

#UNIR DATASETS
df_merge <- rbind(df1, df2)

#NOMBRE ESPECIE
df_merge$species <- name_sp

#PLOT
plot(st_geometry(ecu_buffer))
points(df_merge[, 2:3])

#GUARDAR CSV
sapply("4_data_csv/paso_2", function(x)if(!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))
write.csv(df_merge, paste0("4_data_csv/paso_2/", nm_sp, "_merge", ".csv"),
          row.names = F)

## 6. FILTRADO DE DATOS #####

#CARGAR DATOS
occ <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_2/", nm_sp, "_merge", ".csv"),

```

```

        header = TRUE, sep = ",", dec = ".")

#EXCLUIR DATOS SIN COORDENADAS
occ_1 <- occ[!is.na(occ$longitud) & !is.na(occ$latitude), ]

#EXCLUIR DUPLICADOS
occ_1$code <- paste(occ_1$species, occ_1$longitud,
                   occ_1$latitude, sep = "_")
occ_2 <- occ_1[!duplicated(occ_1$code), 1:4]

#EXCLUIR VALORES DE CERO
occ_3 <- occ_2[occ_2$longitud != 0 & occ_2$latitude != 0, 1:3]

#CREAR CARPETA
sapply("4_data_csv/paso_3", function(x)if(!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR CSV
write.csv(occ_3, paste0("4_data_csv/paso_3/", nm_sp, "_filt", ".csv"),
          row.names = FALSE)

## 7. ANALISIS DE DATOS ATIPICOS #####

#CARGAR DATOS
occ_filt <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_3/", nm_sp, "_filt", ".csv"),
                    header = TRUE, sep = ",", dec = ".")
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#PUNTOS SHP
spatial_pts <- st_as_sf(occ_filt, coords = c("longitud","latitude"),
                       crs = st_crs(4326))

#RECORTE AREA ESTUDIO
#sf::sf_use_s2(FALSE) #apague el procesamiento s2 para usar version 1.0 de sf
spatial_pts <- suppressWarnings(st_intersection(spatial_pts, ecu_buffer))
spatial_pts$rmpshpr <- NULL
plot(st_geometry(ecu_buffer))
plot(spatial_pts[1], add = T)

#CREAR CARPETA
sapply("2_vector/registros_sp", function(x)if(!dir.exists(x))
      dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR REGISTROS
st_write(spatial_pts, paste0("2_vector/registros_sp/", nm_sp, "_filt.shp"),
          driver = "ESRI Shapefile", delete_layer = T)

#CARGAR PUNTOS SHP
spatial_pts_filt <- st_read(paste0("2_vector/registros_sp/", nm_sp, "_filt.shp"))
alt <- rast("3_raster/wc_alt_ec.tif")

#EXTRACCION ALTITUD
data <- data.frame(spatial_pts_filt$species, st_coordinates(spatial_pts_filt),
                  terra::extract(alt, spatial_pts_filt, ID = F))

#ACTUALIZAR NOMBRES COLUMNAS
names(data) <- c("species", "longitud", "latitude", "alt")
names(data)

#ELIMINAR PUNTOS NA
data <- na.omit(data)

#PLOT

```

```

plot(alt)
points(data[, 2:3])

#VISUALIZAR DATOS
data %>% arrange(desc(alt)) %>% head(30)
data %>% arrange(desc(alt)) %>% tail(30)

#ELIMINAR DATOS ATIPICOS
data_umb_min <- data[data$alt > umbral_min, ]
data_umb_max <- data_umb_min[data_umb_min$alt < umbral_max, ]

png(paste0("4_data_csv/", name_sp, "_boxplot_alt.png"), width = 720, height = 400,
    units = "px")
boxplot(data$alt, horizontal=T)
stripchart(data$alt, method = "jitter", pch = 1, add = TRUE, col = "blue")
stripchart(data_umb_max$alt, method = "jitter", pch = 20, add = TRUE, col = "red")
dev.off()

#CREAR CARPETA
sapply("4_data_csv/paso_4", function(x)if(!dir.exists(x))
    dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR CSV
write.csv(data_umb_max, paste0("4_data_csv/paso_4/", nm_sp, "_alt", ".csv"),
    row.names = F)

## 8. DATOS HETEROGENEIDAD ARCMAP #####

# NOTA: REVISAR SISTEMAS DE PROYECCION DE LOS ARCHIVOS QUE SE VAN A UTILIZAR
# EN EL ANALISIS

# CARGAR DATOS PARA CAMBIAR CSV A SHP
data_alt_csv <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_4/", nm_sp, "_alt", ".csv"),
    header = TRUE, sep = ",", dec = ".")

#PUNTOS SHP
data_alt_sf <- st_as_sf(data_alt_csv, coords = c("longitude", "latitude"),
    crs = st_crs(4326), remove = F)

#GUARDAR REGISTROS SHP
st_write(data_alt_sf, paste0("2_vector/registros_sp/", nm_sp, "_alt", ".shp"),
    driver = "ESRI Shapefile", delete_layer = T)

#CREAR CARPETAS DE TRABAJO
sapply(paste0("5_heterogeneidad/paso_1", pro_bio), function(x)if(!dir.exists(x))
    dir.create(x, recursive = T))
sapply(paste0("5_heterogeneidad/paso_2", pro_bio), function(x)if(!dir.exists(x))
    dir.create(x, recursive = T))
sapply(paste0("5_heterogeneidad/", nm_sp, dis_het, pro_bio), function(x)if
    (!dir.exists(x)) dir.create(x, recursive = T))

## 9. CALCULO DE HETEROGENEIDAD CLIMATICA #####

## REALIZAR EN ARCMAP Y SDMTOLBOX

## 10. AREAS DE CALIBRACION #####

#CARPETAS DE TRABAJO
sapply("4_data_csv/paso_5", function(x)if(!dir.exists(x))
    dir.create(x, recursive = T))
sapply(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het), function(x)if(!dir.exists(x))
    dir.create(x, recursive = T))

```

```

directory <- paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/m_grinnell", pro_bio)

#COPIAR OCCURENCIAS FILTRADAS
occ_het <- read.csv(paste0("5_heterogeneidad/", nm_sp, dis_het, pro_bio, "/",
                          nm_sp, dis_het, pro_bio, "_rarefied_points.csv"),
                  header = T)
occ_het$alt <- NULL

#GUARDAR CSV
write.csv(occ_het, paste0("4_data_csv/paso_5/", nm_sp, dis_het, pro_bio,
                          "_rarefied_points.csv"), row.names = F)

#CARGAR DATOS
bioclim_current <- stack(list.files(path = paste0("3_raster/var_cur_2.5",
                                                pro_bio), pattern = ".asc$",
                                                full.names = T))
bioclim_lgm <- stack(list.files(path = paste0("3_raster/var_lgm_2.5", pro_bio),
                                   pattern = ".asc$", full.names = T))

occ_het <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_5/", nm_sp, dis_het, pro_bio,
                          "_rarefied_points.csv"), header = T)

#REVISAR EXTENT
extent(bioclim_current)
extent(bioclim_lgm)
bioclim_current@extent==bioclim_lgm@extent
extent(bioclim_current) <- extent(bioclim_lgm)
bioclim_current@extent==bioclim_lgm@extent

#SIMULACION
help("M_simulationR")
M_simulationR(occ_het, current_variables = bioclim_current, project = T,
             projection_variables = bioclim_lgm, dispersal_kernel = "normal",
             kernel_spread = 2, max_dispersers = 2, replicates = 10,
             dispersal_events = 10, simulation_period = 70, stable_lgm = 25,
             transition_to_lgm = 10, lgm_to_current = 10, stable_current = 25,
             scenario_span = 1, output_directory = directory, scale = T,
             center = T)

## 11. RECORTE BIOCLIMAS SEGUN M #####

#CARGAR DATOS
bioclim_30s <- stack(list.files(paste0("3_raster/var_bio_30s", pro_bio),
                               pattern = ".asc$", full.names = T))
M_grinnell <- st_read(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/m_grinnell",
                             pro_bio, "/", "accessible_area_M.shp"))

#RECORTE
bioclim_mask <- mask(crop(bioclim_30s, M_grinnell), M_grinnell)

#PLOT
plot(bioclim_mask[[1]])
plot(st_geometry(M_grinnell), add = T)

#CREAR CARPETA
suppressWarnings(dir.create(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/mask_var",
                                   pro_bio), recursive = T))

#COPIAR NOMBRE DE BIOCLIMAS
names_30s <- paste0(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/mask_var",
                           pro_bio, "/"), names(bioclim_mask), ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS

```

```

wr <- lapply(1:nlayers(bioclim_mask), function(x) {
  writeRaster(bioclim_mask[[x]], filename = names_30s[x], format = "ascii",
    overwrite=T)
})

## 12. SELECCION DE BIOCLIMAS #####

#CARGAR DATOS
occ_het <- read.csv(paste0("5_heterogeneidad/", nm_sp, dis_het, pro_bio, "/",
  nm_sp, dis_het, pro_bio, "_rarefied_points.csv"),
  header = T)

bioclim_mask <- stack(list.files(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het,
  "/mask_var", pro_bio), pattern = ".asc$",
  full.names = TRUE))

#ANALISIS JACKKNIFE
bioclim_cont <- explore_var_contrib(occ = occ_het, M_variables = bioclim_mask,
  maxent.path = mxpath, plot = F,
  max.memory = 1200)

#GUARDAR PLOT
png(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/Jackknife_", nm_sp, pro_bio,
  ".png"), width = 560, height = 560, units = "px")
plot <- plot_contribution(bioclim_cont, col.cont = "gray25", col.imp = "gray25",
  col.with = "blue3", col.without = "cyan3",
  col.all = "black")

dev.off()

#ANALISIS CORRELACION
png(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/correlation_", nm_sp, pro_bio,
  ".png"), width = 510, height = 510, units = "px")
cor <- variable_correlation(bioclim_mask, correlation_limit = 0.8, corrplot = T,
  magnify_to = 4, save = F)

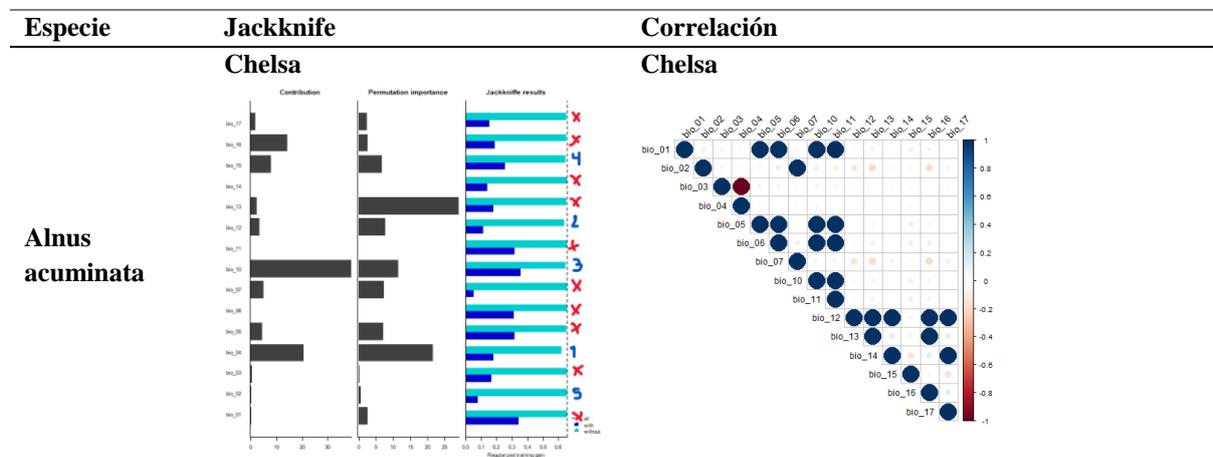
dev.off()

#TABLA DE BIOCLIMAS SELECCIONADAS
vars_select <- data.frame("name_bioclim" = c("bio_02", "bio_03", "bio_04",
  "bio_06", "bio_12", "bio_15"),
  "order_bioclim" = c(2, 3, 4, 6, 12-2, 15-2))

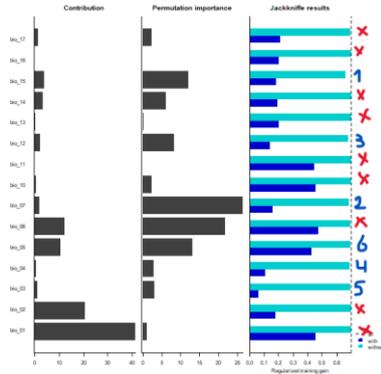
#GUARDAR CSV
write.csv(vars_select, paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/var_select",
  pro_bio, ".csv"), row.names = F)

```

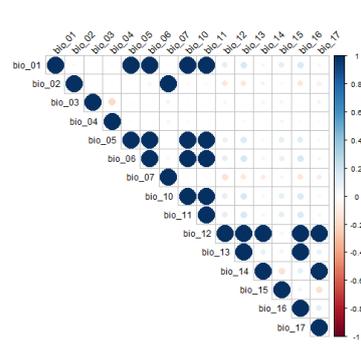
Anexo 3. Análisis Jackknife y de correlación por especie



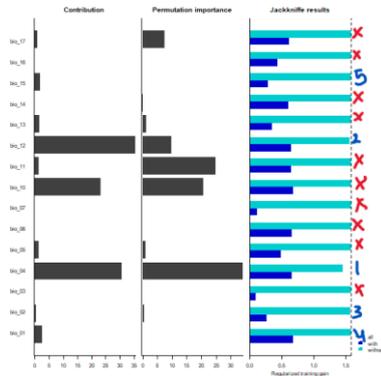
WorldClim



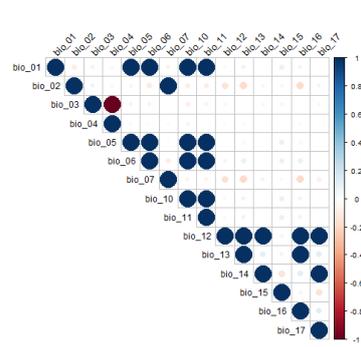
WorldClim



Chelsa

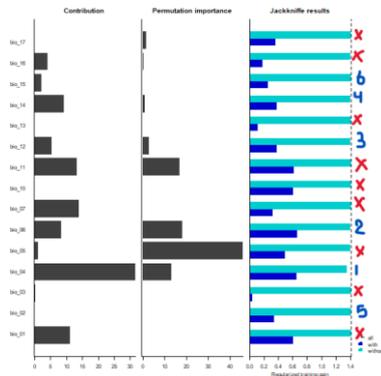


Chelsa

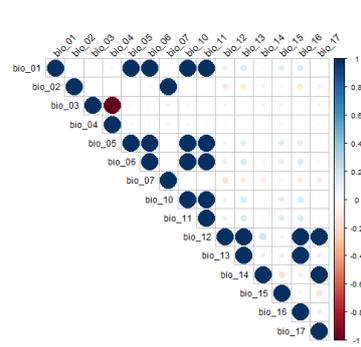


**Caesalpinia
spinosa**

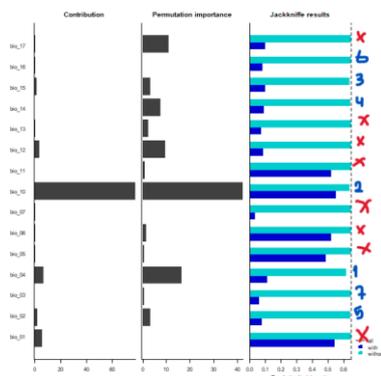
WorldClim



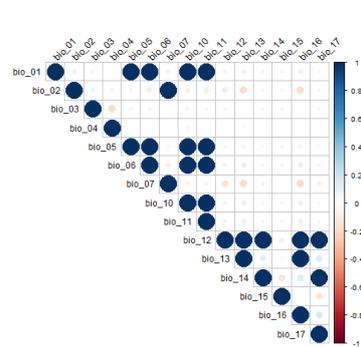
WorldClim



Chelsa



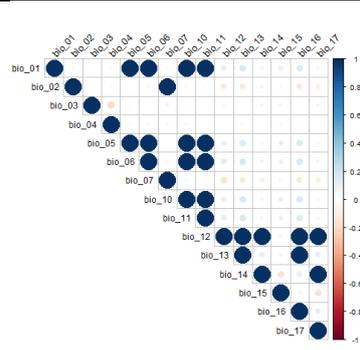
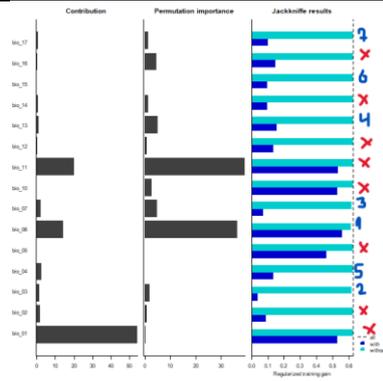
Chelsa



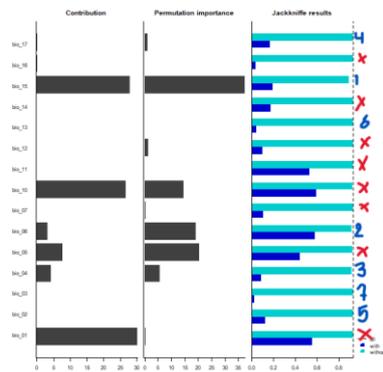
**Morella
pubescens**

WorldClim

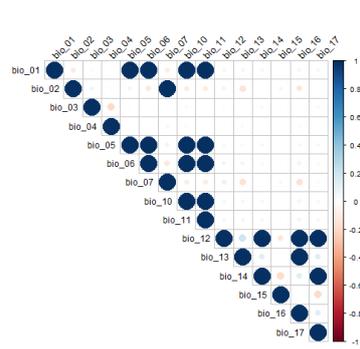
WorldClim



Chelsea

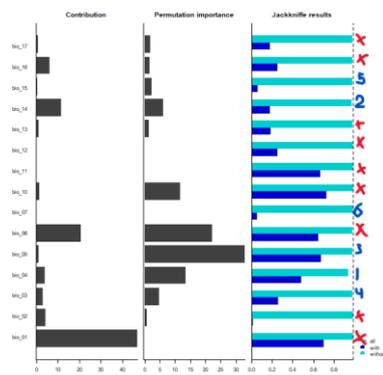


Chelsea

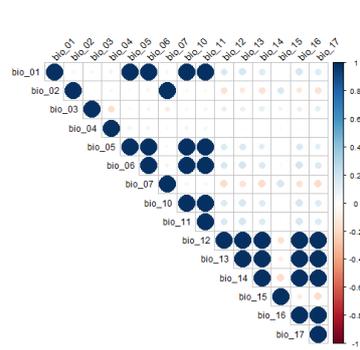


Piptocoma discolor

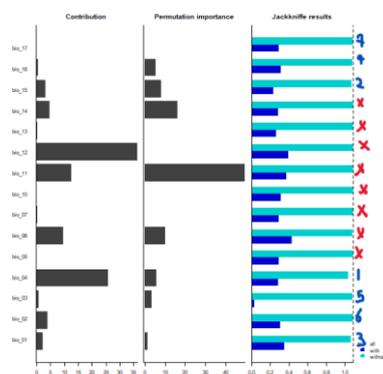
WorldClim



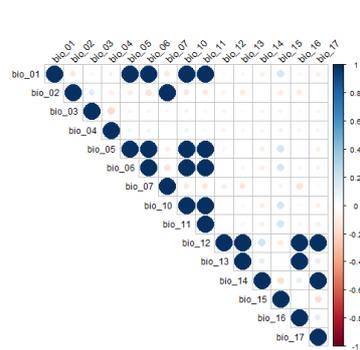
WorldClim



Chelsea



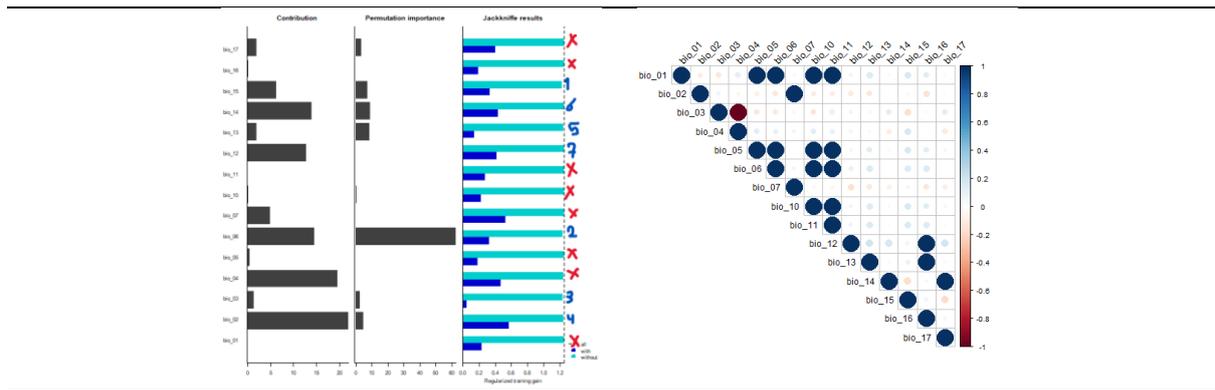
Chelsea



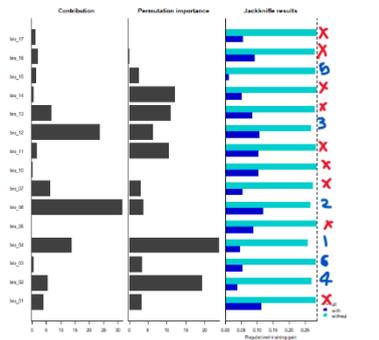
Vachellia macracantha

WorldClim

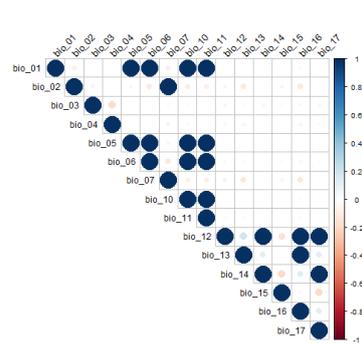
WorldClim



Chelsa

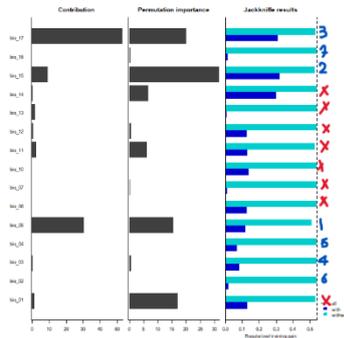


Chelsa

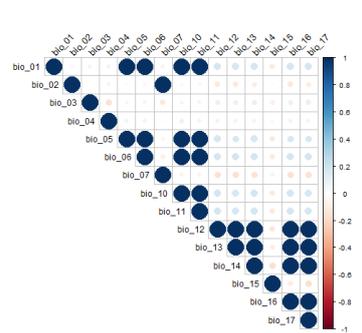


**Vismia
baccifera**

WorldClim



WorldClim



Anexo 4. Script para la evaluación y construcción de modelos finales

```
##### SCRIPT 3 MODELAMIENTO #####

# UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
# CENTRO DE INVESTIGACIONES TROPICALES DEL AMBIENTE Y BIODIVERSIDAD (CITIAB)

# PROYECTO: BIOMODELOS DE ESPECIES FORESTALES DE ECUADOR
# AUTORES: - ING. ERICK ANGAMARCA (UNL)
# - M. Sc. JUAN MAITA (UNL)
# ASESORES: - PH. D. (c) MARLON COBOS (UNIVERSIDAD DE KANSAS)
# - PH. D. TOWNSED PETERSON (UNIVERSIDAD DE KANSAS)

## TEMARIO

# CALIBRACION MODELOS
# PROYECCION MODELO
# ESTADISTICAS MODELO
# BINARIZACION MODELO
```

```

# 1. LIBRERIAS #####

#CARGAR LIBRERIAS
pacman::p_load(raster, kuenm, sf, terra)

# 2. VARIABLES #####

#LIMPIAR ESPACIO DE TRABAJO
rm(list = ls(all.names = TRUE))&cat("\014")&gc()

#VARIABLES EDITABLES
genus <- "Vismia" # GENERO
species <- "baccifera" # ESPECIE
pro_bio <- "_wc" # CC = CHELSA WC = WORLDCLIM

#NO EDITAR
nm_sp <- paste0(substring(genus, 1, 3), "_", substring(species, 1, 3))
name_sp <- paste0(genus, " ", species)
dis_het <- "_5_1km"
mxpath <- "C:/maxent"
back.number <- 2500
back.thresh <- "_2-5k_5"
regm <- c(0.1, 0.25, 0.5, 0.75, 1, 2, 3)
fclas <- "no.t.h"

# 3. DATOS PARA CALIBRACION #####

#CREAR CARPETAS
suppressWarnings(dir.create(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
"/m_variables"), recursive = T))
suppressWarnings(dir.create(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
"/g_variables"), recursive = T))

#COPIAR OCCURENCIAS
file.copy(from = paste0("4_data_csv/paso_5/", nm_sp, dis_het, pro_bio,
"_rarefied_points.csv"),
to = paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/",
nm_sp, ".csv"))

#COPIAR BIOCLIMAS SELECCIONADAS
table_select <- read.csv(paste0("6_calibracion/", nm_sp, dis_het, "/var_select",
pro_bio, ".csv"))
table_select <- as.numeric(table_select$order_bioclim)
bioclim_select <- stack(list.files(path = paste0("6_calibracion/", nm_sp,
dis_het, "/mask_var", pro_bio),
pattern = ".asc$",
full.names = T))[[c(table_select)]]
names(bioclim_select)
names_m_30s <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/m_variables/",
names(bioclim_select), ".asc")
wr <- lapply(1:nlayers(bioclim_select), function(x) {
writeRaster(bioclim_select[[x]], filename = names_m_30s[x], format = "ascii",
overwrite=T)
})

#CARGAR DATOS
occurrences <- read.csv(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
"/", nm_sp, ".csv"))
bioclim_select <- stack(list.files(paste0("7_modelos", pro_bio, "/",
nm_sp, back.thresh,
"/m_variables"),
pattern = ".asc$", full.names = TRUE))

```

```

#DATOS PRUEBA Y ENTRENAMIENTO
help(prepare_swd)
prepare_swd(occ = occurrences, species = "species", longitude = "longitude",
  latitude = "latitude", data.split.method = "random",
  train.proportion = 0.7, raster.layers = bioclim_select,
  sample.size = back.number, var.sets = "all_comb", min.number = 3,
  save = TRUE, name.occ = paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp,
    back.thresh, "/occ"),
  back.folder = paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
    "/Background"), set.seed = 1)

# 4. CALIBRACION DE MODELOS #####

#VARIABLES PARA CALIBRACION

oj <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/occ_joint.csv")
otr <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/occ_train.csv")
ote <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/occ_test.csv")
back <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/Background")
bcal <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/batch_cal")
candir <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/Candidate_models")
cresdir <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/Calibration_results")
gvar <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/g_variables")
prjdir <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/Final_models/")
bproj <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/batch_mod")

#CALIBRACION
help(kuenm_cal_swd)
kuenm_cal_swd(occ.joint = oj, occ.tra = otr, occ.test = ote, back.dir = back,
  batch = bcal, out.dir.models = candir, reg.mult = regm,
  f.clas = fclas, max.memory = 1024, args = NULL,
  mxent.path = mxpath, selection = "OR_AICc",
  threshold = 5, rand.percent = 50, iterations = 500,
  kept = TRUE, out.dir.eval = cresdir)

# 5. RECORTE BIOS SELECCIONADOS PARA LA PROYECCION DEL MODELO FINAL #####

#CREACION DE TABLA Y VARIABLE NECESARIA
set <- "set_35"
table_set_select <- data.frame("name_bioclim" = c("bio_04", "bio_06",
  "bio_12", "bio_15"),
  "order_bioclim" = c(4, 6, 12-2, 15-2))
write.csv(table_set_select, paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/var_set_select.csv"), row.names = F)

#CARGAR DATOS
table_set_select <- read.csv(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/var_set_select.csv"))
table_set_select <- as.numeric(table_set_select$order_bioclim)
bioclim_set_select <- stack(list.files(path = paste0("3_raster/var_bio_30s",
  pro_bio), pattern = ".asc$",
  full.names = T))[[c(table_set_select)]]

bioclim_set_select

#RECORTE
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")
bioclim_mask_proj <- mask(crop(bioclim_set_select,ecu_buffer), ecu_buffer)

#PLOT
plot(st_geometry(ecu_buffer))
plot(bioclim_mask_proj[[2]], add = TRUE)

#CREAR CARPETA

```

```

suppressWarnings(dir.create(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
                                   "/g_variables/", set, "/Ecuador_current"),
                        recursive = T))

#COPIAR NOMBRES DE BIOCLIMAS
names_g_30s <- paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/g_variables/",
                      set, "/Ecuador_current/", names(bioclim_mask_proj), ".asc")

#GUARDAR BIOCLIMAS
wr <- lapply(1:nlayers(bioclim_mask_proj), function(x) {
  writeRaster(bioclim_mask_proj[[x]], filename = names_g_30s[x], format = "ascii",
              overwrite=T)
})

# 6. PROYECCION DEL MODELO #####
help("kuenm_mod_swd")
kuenm_mod_swd(occ.joint = oj, back.dir = back, out.eval = cresdir,
              batch = bproj, rep.n = 10, rep.type = "Bootstrap",
              Jackknife = T, max.memory = 1024, out.format = "cloglog",
              project = T, G.var.dir = gvar,
              ext.type = "ext", write.mess = F, write.clamp = F,
              maxent.path = mxpath, args = NULL,
              out.dir = prjdir, wait = T, run = TRUE)

# 7. ESTADISTICAS DEL MODELO #####
help("kuenm_modstats_swd")
kuenm_modstats_swd(sp.name = name_sp,
                   fmod.dir = paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp,
                                       back.thresh, "/Final_models"),
                   format = "asc", statistics = c("med", "mean", "range"),
                   proj.scenarios = "Ecuador_current", ext.type = "E",
                   out.dir = paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp,
                                       back.thresh, "/Final_Model_Stats"))

# 8. BINARIZACION DEL MODELO #####

#CARGAR DATOS
model <- rast(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
                    "/Final_Model_Stats/Statistics_E/Ecuador_current_med.tif"))

#PLOT
plot(model)

#DETERMINACION DEL UMBRAL
fols <- dir(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/Final_models"),
            full.names = T)
lcsv <- lapply(fols, function(x) {
  vec <- list.files(x, pattern = "\\d_samplePredictions.csv$", full.names = T)
  print(vec)
  sapply(vec, function(y) {
    read.csv(y)[, "Cloglog.prediction"]
  })
})
preds <- do.call(cbind, lcsv)
median_pred <- apply(preds, 1, median)
val <- ceiling(length(median_pred) * 0.05) + 1
values <- sort(median_pred)
thres <- values[val]
print(thres)
threshold <- data.frame("threshold" = thres)
write.csv(threshold, paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
                            "/threshold", pro_bio, ".csv"), row.names = F)

```

```

#PLOT
model_bin <- model >= thres
plot(model_bin)

#PROYECCION
crs(model_bin) <- "EPSG:4326"

#GUARDAR RASTER
writeRaster(model_bin, paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
"/Binario1.tif"), filetype = "GTiff", overwrite=T)

```

Anexo 5. Fórmulas utilizadas para la reclasificación altitudinal de modelos binarios

- *Alnus acuminata*

```

((( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" < 1000 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1"< 1000 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1">= 1000 ) ) * "Binario_maj@1") +
(( ( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 3500 ) ) * "Binario_maj@1"+ ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 3500 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1"<= 3500 ) ) * "Binario_maj@1")

```
- *Caesalpinia spinosa*

```

((( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" < 1300 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1"< 1300 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1">= 1300 ) ) * "Binario_maj@1") +
(( ( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 2500 ) ) * "Binario_maj@1"+ ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 2500 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1"<= 2500 ) ) * "Binario_maj@1")

```
- *Vachellia macracantha*

```

(( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 0 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1" =
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 0 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1" <= 2500 ) ) * "Binario_maj@1"

```
- *Morella pubescens*

```

((( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" < 1100 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1"< 1100 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1">= 1100 ) ) * "Binario_maj@1") +
(( ( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 3500 ) ) * "Binario_maj@1"+ ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 3500 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1"<= 3500 ) ) * "Binario_maj@1")

```
- *Piptocoma discolor*

```

((( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" < 300 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1"< 300 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1">= 300 ) ) * "Binario_maj@1") +
(( ( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 2000 ) ) * "Binario_maj@1"+ ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 2000 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1"<= 2000 ) ) * "Binario_maj@1")

```
- *Vismia baccifera*

```

((( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" < 200 ) ) * "Binario_maj@1" + ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1"< 200 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1">= 200 ) ) * "Binario_maj@1") +
(( ( "Binario_maj@1" != 1 ) AND ( "alt_ec@1" > 1800 ) ) * "Binario_maj@1"+ ( ("Binario_maj@1"=
1 ) AND ( "alt_ec@1" > 1800 ) ) * 0 + ( ( "alt_ec@1"<= 1800 ) ) * "Binario_maj@1")

```

Anexo 6. Script para determinar el rendimiento de los modelos

```

##### SCRIPT 3 EVALUACION #####

#
# UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
# CENTRO DE INVESTIGACIONES TROPICALES DEL AMBIENTE Y BIODIVERSIDAD (CITIAB)

# PROYECTO: BIOMODELOS DE ESPECIES FORESTALES DE ECUADOR
# AUTORES: - ING. ERICK ANGAMARCA (UNL)
#           - M. Sc. JUAN MAITA (UNL)
# ASESORES: - PH. D. (c) MARLON COBOS (UNIVERSIDAD DE KANSAS)
#            - PH. D. TOWNSED PETERSON (UNIVERSIDAD DE KANSAS)

## TEMARIO

# FILTRADO DE DATOS
# PREPARACION DE DATOS
# EVALUACION

```

```

## 1. LIBRERIAS #####

pacman::p_load(raster, sf, kuenm, tidyverse, datasets, sp, data.table, terra)

## 2. VARIABLES #####

#LIMPIAR AREA DE TRABAJO
rm(list = ls(all.names = TRUE))&cat("\014")&graphics.off()&gc()

#CARGAR DATOS ESPECIES
sp_info <- read.csv("spcies_alt.csv", header = T)
print(sp_info)

#VARIABLES EDITABLES
genus <- "Vismia" # GENERO
species <- "baccifera" # ESPECIE
pro_bio <- "_cc" # CC = CHELSA CLIMATE WC = WORLDCLIM
umbral_min <- 200 # RANGO ALTITUDINAL MINIMO
umbral_max <- 1800 # RANGO ALTITUDINAL MAXIMO
back.thresh <- "_2-5k_5" #BACKGROUND Y UMBRAL DE MODELOS ELEGIDOS

#NO EDITAR
nm_sp <- paste0(substring(genus, 1, 3), "_", substring(species, 1, 3)) #ABREV
name_sp <- paste0(genus, " ", species) #NOMBRE CIENTIFICO

## 3. SELECCION COLUMNAS #####

#CARGAR DATOS
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")
occ_puce <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_1/", nm_sp, "_puce", ".csv"))

#SLECCIONAR DATOS
occ_puce <- occ_puce[ , c('genero', 'especie', 'longitude','latitude')]
occ_puce <- unite(occ_puce, species, c(1:2), sep = " ", remove = TRUE)
occ_puce$species <- name_sp

#PLOT
plot(st_geometry(ecu_buffer))
points(occ_puce[, 2:3])

#GUARDAR CSV
sapply("4_data_csv/paso_2", function(x)if(!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))
write.csv(occ_puce, paste0("4_data_csv/paso_2/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  row.names = F)

## 4. FILTRADO DE DATOS #####

#CARGAR DATOS
occ <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_2/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  header = TRUE, sep = ",", dec = ".")

#EXCLUIR DATOS SIN COORDENADAS
occ_1 <- occ[!is.na(occ$longitude) & !is.na(occ$latitude), ]

#EXCLUIR DUPLICADOS
occ_1$code <- paste(occ_1$species, occ_1$longitude,
  occ_1$latitude, sep = "_")
occ_2 <- occ_1[!duplicated(occ_1$code), 1:4]

#EXCLUIR VALORES DE CERO
occ_3 <- occ_2[occ_2$longitude != 0 & occ_2$latitude != 0, 1:3]

```

```

#CREAR CARPETA
sapply("4_data_csv/paso_3", function(x)if(!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR CSV
write.csv(occ_3, paste0("4_data_csv/paso_3/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  row.names = FALSE)

## 5. ANALISIS DE DATOS ATIPICOS #####

#CARGAR DATOS
occ_filt <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_3/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  header = TRUE, sep = ",", dec = ".")
ecu_buffer <- st_read("2_vector/ecu_buffer2.shp")

#PUNTOS SHP
spatial_pts <- st_as_sf(occ_filt, coords = c("longitude","latitude"),
  crs = st_crs(4326))

#RECORTE AREA ESTUDIO
#sf::sf_use_s2(FALSE) #apague el procesamiento s2 para usar version 1.0 de sf
spatial_pts <- suppressWarnings(st_intersection(spatial_pts, ecu_buffer))
spatial_pts$rmpshpr <- NULL
plot(st_geometry(ecu_buffer))
plot(spatial_pts[1], add = T)

#CREAR CARPETA
sapply("2_vector/registros_sp", function(x)if(!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR REGISTROS
st_write(spatial_pts, paste0("2_vector/registros_sp/", nm_sp, "_filt.shp"),
  driver = "ESRI Shapefile", delete_layer = T)

#CARGAR PUNTOS SHP
spatial_pts_filt <- st_read(paste0("2_vector/registros_sp/", nm_sp, "_filt.shp"))
alt <- rast("3_raster/wc_alt_ec.tif")

#EXTRACCION ALTITUD
data <- data.frame(spatial_pts_filt$species, st_coordinates(spatial_pts_filt),
  terra::extract(alt, spatial_pts_filt, ID = F))

#ACTUALIZAR NOMBRES COLUMNAS
names(data) <- c("species", "longitude", "latitude", "alt")
names(data)

#ELIMINAR PUNTOS NA
data <- na.omit(data)

#PLOT
plot(alt)
points(data[, 2:3])

#VISUALIZAR DATOS
data %>% arrange(desc(alt)) %>% head(30)
data %>% arrange(desc(alt)) %>% tail(30)

#ELIMINAR DATOS ATIPICOS
data_umb_min <- data[data$alt > umbral_min, ]
data_umb_max <- data_umb_min[data_umb_min$alt < umbral_max, ]
data_umb_max$alt <- NULL

```

```

#CREAR CARPETA
sapply("4_data_csv/paso_4", function(x)if(!dir.exists(x))
  dir.create(x, recursive = T))

#GUARDAR CSV
write.csv(data_umb_max, paste0("4_data_csv/paso_4/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  row.names = F)

## 6. PREPARACION DE DATOS INDEPENDIENTES #####

#CARGAR DATOS
m_variables <- stack(list.files(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/m_variables"), pattern = ".asc$",
  full.names = T))
occ_ind <- read.csv(paste0("4_data_csv/paso_4/", nm_sp, "_ind", ".csv"),
  header = TRUE, sep = ",", dec = ".")

occ.ind <- prep_independent_swd(
  occ = occ_ind,
  species = "species",
  longitude = "longitude",
  latitude = "latitude",
  raster.layers = m_variables,
  save = F)
occ.ind

#ELIMINAR PUNTOS NA
occ.ind <- na.omit(occ.ind)
write.csv(occ.ind, paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh, "/occ_ind.csv"),
  row.names = F)

## 7. EVALUACION #####

#EVALUACION DEL MODELO FINAL
occ.test <- read.csv(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/occ_ind.csv"))[,2:3]
occ.train <- read.csv(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/occ_train.csv"))[,2:3]
model <- raster::raster(paste0("7_modelos", pro_bio, "/", nm_sp, back.thresh,
  "/Final_Model_Stats/Statistics_E/Ecuador_current_med.tif"))

#PLOT
plot(model)
points(occ.test[, 1:2])

#ROC PARCIAL
partial_roc <- kuenm_proc(occ.test, model, threshold = 5, rand.percent = 50,
  iterations = 500)
pROC_df_results <- data.frame(partial_roc["pROC_results"])
names(pROC_df_results) <- names(partial_roc$pROC_results)
write.csv(pROC_df_results, paste0("8_estadisticas/performance/", nm_sp, "/",
  "pROC_total", pro_bio, ".csv"),
  row.names = FALSE)

#TASA DE OMISION
omrs <- kuenm_omrat(model, threshold = 5, occ.train, occ.test)
omrs_df <- data.frame(omrs)
names(omrs_df) <- names(omrs)
write.csv(omrs_df, paste0("8_estadisticas/performance/", nm_sp, "/",
  "OR_5_percent", pro_bio, ".csv"), row.names = FALSE)

```

Anexo 7. Número de modelos analizados durante el proceso de calibración

Especie	Todos los modelos candidatos		Modelos estadísticamente significativos		Modelos que cumplen la tasa de omisión		Modelos que cumplen el criterio AICc		Modelos estadísticamente significativos y que cumplen la tasa de omisión		Modelos estadísticamente significativos y que cumplen el criterio AICc		Modelos que cumplen todos los criterios	
	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa	WorldClim	Chelsa
<i>V. macracantha</i>	4851	4851	4851	4850	22	182	6	4	22	181	6	4	1	3
<i>V. baccifera</i>	2058	4851	2038	4851	1444	28	26	1	1424	28	26	1	21	1
<i>C. spinosa</i>	2058	784	2058	784	899	73	2	17	899	73	2	17	1	10
<i>M. pubescens</i>	4851	4851	4851	4851	3206	3871	11	4	3206	3871	11	4	10	1
<i>A. acuminata</i>	2058	784	2058	784	790	162	4	2	790	162	4	2	4	1
<i>P. discolor</i>	2058	2058	2044	2058	127	1504	6	2	113	1504	6	2	1	2

Anexo 8. Certificado de traducción del resumen

Lic. Larry Palacio

Con cédula de identidad 1103982987, certificado como traductor e intérprete en la Senescyt con registro **MDT-3104-CCL-279678**,

C E R T I F I C O:

Que tengo el conocimiento y dominio de los idiomas español e inglés y que la traducción del resumen de la tesis, "**EVALUACIÓN DE PRODUCTOS BIOCLIMÁTICOS APLICADOS EN EL MODELAMIENTO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES FORESTALES PRIORITARIAS PARA RESTAURACIÓN FORESTAL DE ECUADOR**", cuya autoría del estudiante Erick Dario Angamarca Angamarca con cédula 1104980311, es verdadero y correcto a mi mejor saber y entender.

Se autoriza al interesado hacer uso de la misma para los trámites que crea convenientes.

Emitida en Loja, el primero de agosto de 2024.

Atentamente,



Lic. Larry Palacio

Licenciado en Ciencias de la Educación mención Idioma Inglés