

Proyecciones de riesgos potenciales a invasiones biológicas frente a escenarios de cambio climático en México

Responsable

Dr. Julián A. Velasco

Instituto de Ciencias de la Atmósfera y Cambio Climático

Universidad Nacional Autónoma de México

Informe Final

Este proyecto tiene como objetivos establecer los riesgos potenciales de invasiones biológicas bajo escenarios de cambio climático y establecer las condiciones ambientales o fenotípicas que facilitan el éxito de invasión en cualquiera de sus diferentes fases. Para cumplir estos objetivos usamos diferentes conjuntos de datos y enfoques metodológicos que nos permiten tener un mejor entendimiento de la ecología de invasión a gran escala y el riesgo potencial en México.

Patrones de distribución de riqueza de vertebrados invasores en zonas montañosas

En este objetivo se encontró que la velocidad del cambio climático en los últimos 118 años ha facilitado el establecimiento de los vertebrados terrestres ectotermos en regiones montañosas en el mundo.

Artículo publicado:

- García-Rodríguez, A., Lenzner, B., **Velasco, J.A.**, Schertler, A., Omer, A., Seebens, H., Capinha, C., Gallardo, B., Dullinger, S. & Essl, F. 2025. The global status of alien vertebrates in mountains. Nature Communications. 16, 1977
<https://doi.org/10.1038/s41467-025-57214-w>

Macroecología evolutiva de la invasión biológica de aves

Para este objetivo se compiló información geográfica, filogenética y morfológica de las aves del mundo a partir de diferentes fuentes de datos. Esto nos permitió identificar las diferentes fuentes de información acerca de las especies consideradas como no-nativas (exóticas) (Figura 1). La base más completa fue la de GAVIA y a partir de esta base de datos procedimos a compilar la lista de especies. La información geográfica de GAVIA no está disponible para la mayoría las especies y para esto utilizamos la información disponible en GBIF (Figura 2). Se utilizó una filogenia que incluye casi todas las especies de aves del mundo (Jetz et al. 2016), sin embargo, esta filogenia incluye especies sin información molecular disponible, a través del algoritmo BDPR (Kuhn et al., 2011). El uso de árboles con especies ubicadas a través de esta metodología es cuestionado especialmente para estudios sobre evolución de rasgos, debido a que altera la estructura filogenética de los mismos (Rabosky, 2015). Por lo tanto, se eliminaron de los análisis aquellas especies sin información molecular, quedando con un total de 6670 especies incluidas. El manejo de los árboles fue realizado a través de los paquetes *ape* (Paradis et al., 2004) y *geiger* (Harmon et al., 2008, Pennell et al., 2014).

Los datos morfológicos de las aves provienen de la base de datos AVONET (Tobias et al. 2022). Este conjunto de datos comprende 11,009 especies, lo cual corresponde a casi el 100% de las especies de aves descritas en la actualidad. Los datos disponibles en esta base de datos incluyen rasgos funcionales relacionados principalmente con la dieta, la capacidad de dispersión y la forma de locomoción de estos organismos (Pigot et al. 2020). Por lo cual el uso de estos caracteres resulta particularmente útil para investigar acerca de la relación entre las características morfológicas de las aves y la propensión de algunas de estas para establecerse en áreas fuera de su distribución natural.

Debido a que distintos rasgos responden a distintos aspectos de la biología de los organismos, se realizaron los análisis con tres grupos de rasgos morfológicos: medidas del pico; índice mano-ala; y masa corporal. Esta separación resulta útil debido a que las medidas del pico están relacionadas con aspectos de la dieta, el índice mano-ala relacionado con la capacidad de dispersión y la masa corporal con diversos aspectos generales de la ecología de las especies (Pigot et al., 2020).

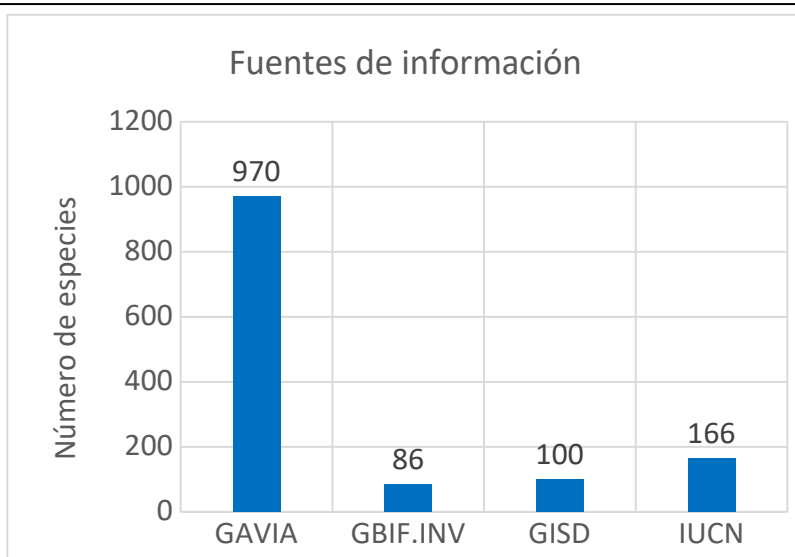


Figura 1. Fuentes de información disponibles de aves no-nativas. GAVIA: Global Avian Invasions Atlas; GBIF.INV: Global Biodiversity Information Facility, Invasion; GISD: Global Invasive Species Database; IUCN: International Union for Conservation of Nature.

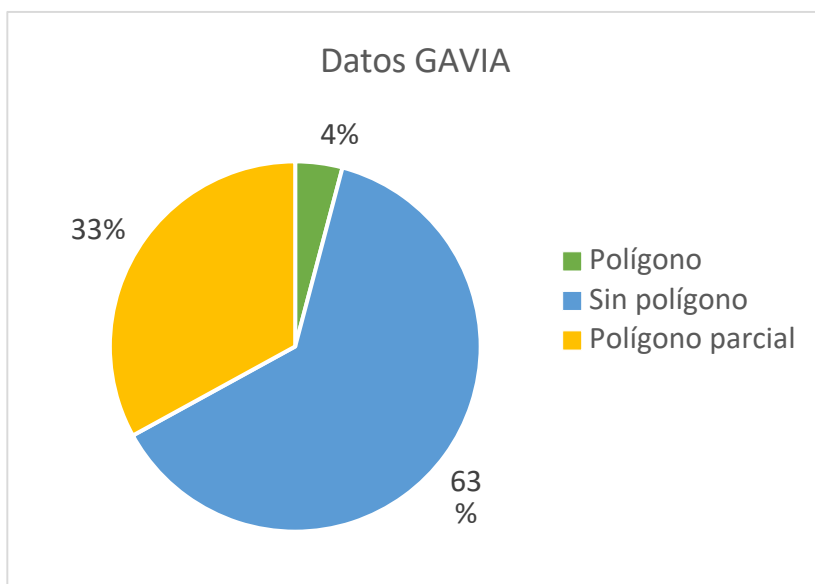


Figura 2. Disponibilidad de información geográfica para las especies de aves no-nativas en la base de datos de GAVIA.

Para identificar si existen diferencias morfológicas entre las especies no nativas (exóticas) y nativas teniendo en cuenta el efecto de la filogenia se realizó una prueba de ANOVA filogenética (Garland et al., 1993) con la función *phyANOVA* del paquete de R *phytools* (Revell, 2014). De acuerdo a los resultados de las ANOVAS filogenéticas solo se encontraron

diferencias significativas para la masa corporal (Tabla 1). Por otra parte, se utilizó el índice wheatsheaf (Arbuckle et al., 2014) del paquete *windex* (Arbuckle & Minter, 2014). Este índice es usado para calcular qué tan convergente es la morfología de un grupo focal, en este caso el grupo de aves no-nativas, con respecto al resto de especies del grupo. Los resultados muestran que los valores de IC reportados con sus intervalos de confianza para el pico y el índice ala-mano incluyen al 1 y esto se interpreta como resultado de que no hay evidencia fuerte de convergencia (Tabla 2). En el caso de la masa corporal los valores del índice están por debajo de 1 con sus intervalos de confianza indicando que la convergencia es más débil de lo esperado (Tabla 2). Esto sugiere que las especies no-nativas no han evolucionado hacia estados similares o que la divergencia evolutiva entre ellas ha predominado sobre la convergencia. En otras palabras, parece que no existen rasgos adaptativos o exaptativos en las aves no-nativas como en otros grupos de organismos que han tenido éxito en su proceso de invasión (e.g., especies no-nativas del género *Anolis*).

Con el fin de realizar una búsqueda de regímenes adaptativos en donde se puedan detectar convergencias a lo largo de la filogenia hacia morfologías similares se realizaron dos aproximaciones independientes con el enfoque de SURFACE (Ingram y Mahler, 2013) y el enfoque de I1OU (Kazhabian et al., 2016). A pesar de que estas aproximaciones usan algoritmos diferentes, ambas ajustan los datos a modelos de Ornstein-Uhlenbeck (OU) múltiples. En este sentido, se intenta explorar si la morfología en diferentes partes de la filogenia tiende hacia un valor óptimo para luego evaluar las partes de la filogenia en donde los OU sean convergentes. Estos análisis se encuentran actualmente en proceso debido a que son demandantes desde el punto de vista computacional lo cual hace que la obtención de resultados pueda tardar.

Tabla 1. ANOVAs Filogenéticas.

Medidas del pico

	Sum sq	Mean sq	F-value	p(>F)
	35.45	35.45	182.42	0.06
Residuales	1295.76	0.19		

Índice mano-ala

	Sum sq	Mean sq	F-value	p(>F)
	9335.2	9335.2	40.35	0.46
Residuales	154277.6	231.37		

Masa corporal

	Sum sq	Mean sq	F-value	p(>F)
	1004.06	1004.06	395.95	0.01*
Residuales	16908.85	231.37		

Tabla 2. Índice *wheatsheaf* que mide la magnitud de la convergencia evolutiva considerando tanto la similitud fenotípica como la relación filogenética entre especies.

Character	Index value	lower IC (95%)	Upper IC (95%)
Beak	1.172	1.171	1.172
Wing	1.341	1.340	1.341
Body mass	0.994	0.993	0.994

Detección de sitios potenciales de introducción-establecimiento de especies de aves exóticas en México

Se utilizaron registros depurados de 953 especies de aves exóticas a partir de la base de datos de GAVIA (Dyer et al., 2017) con datos disponibles en GBIF (incluyendo registros en las áreas nativas como las que han invadido) aplicando criterios rigurosos de calidad para seleccionar especies con datos suficientes y modelos con alta precisión. Los datos fueron organizados en cuatro periodos históricos (1950-1970, 1971-1990, 1991-2000 y 2001-2020) con el fin de examinar patrones de invasión a lo largo del tiempo. Se implementó un filtrado espacial con el paquete *spThin* de R y se definieron áreas de calibración con base en los reinos biogeográficos de las especies, optimizando la capacidad predictiva de los modelos. El modelado de nicho ecológico se llevó a cabo mediante algoritmos de aprendizaje automático, en particular Random Forest, con validación cruzada y para evaluar la precisión de los modelos se utilizó la ROC con el criterio de $AUC \geq 0.8$. Se realizaron proyecciones de distribución potencial futura para cada año para el periodo comprendido entre 2025-2100 bajo dos escenarios de cambio climático (SSP126 y SSP370) con el fin de evaluar los posibles impactos del calentamiento global en la expansión de estas especies. En total, se obtuvieron 1,805 modelos de distribución y 98,952 proyecciones futuras bajo dos escenarios de cambio climático (SSP126 y SSP370).

A continuación se presenta el flujo de trabajo usado en la modelación de nicho ecológico:

1. Descarga de todos los datos de GBIF para cada especie
2. Separación de los registros por periodos de tiempo:
 - a. 1950-1970
 - b. 1971-1990
 - c. 1991-2000
 - d. 2001-2020
3. Se seleccionaron un máximo de 14,000 registros aleatorios por especie para cada periodo de tiempo y se procedió a hacer un filtrado espacial de los datos con una resolución de 0.25 grados. Esta resolución se escogió para emparejar los datos de distribución con la resolución espacial de los datos climáticos de CRU-TS (Harris et al., 2020).
4. Se definieron las áreas de calibración con base en los polígonos de áreas nativas de BirdLife o información disponible.
5. El área de calibración fue definida en términos de los reinos biogeográficos ocupados (Holt et al., 2013; Ficitola et al., 2017). Se usaron principalmente estos seis reinos: Afrotropical, Australasian, Indomalayan (este combina Oriental, Sino-Japanese y

Oceanian), Nearctic, Neotropical (este combina Panamanian con Neotropical) y Palearctic.

6. Los bioclimáticos para cada periodo de tiempo se generaron a partir de los datos de temperatura y precipitación mensual de CRU-TS.
7. Los modelos de nicho ecológico fueron generados usando el área de calibración para cada especie y se proyectaron a nivel global con el fin de detectar áreas favorables fuera de su área de distribución conocida para el periodo 2001-2020 y a futuro desde 2025 a 2100 usando dos escenarios socioeconómicos (SSP126, SSP370) a partir de un ensamble de GCMs obtenido de ClimateExplorer.
8. Los modelos fueron calibrados usando las siguientes variables bioclimáticas: bio1, bio5, bio6, bio12, bio15 (Velasco et al., 2021; Naimi et al. 2022).

Con esta metodología se pudo generar modelos predictivos calibrados para el periodo 2001-2020 para 651 especies de aves (Figura 1) y estos se proyectaron a futuro para dos escenarios socioeconómicos (SSP126 y SSP370) para cada año desde 2025 a 2100. Con estas proyecciones cada año de 2025 a 2100 se generó un mapa de fechas de exceder un umbral de favorabilidad climática que puede ser definido por el usuario (Figura 2). Esta métrica de riesgo climático nos proporciona información muy valiosa de invasión biológica potencial bajo diferentes escenarios de cambio climático que serán muy útiles para tomadores de decisión y agencias de gobierno encargadas de hacer monitoreo y vigilancia sanitaria. Los mapas de cada especie están disponibles para ser cargados en un sistema de visualización cartográfico y que permitan generar otras métricas de diversidad biológica.

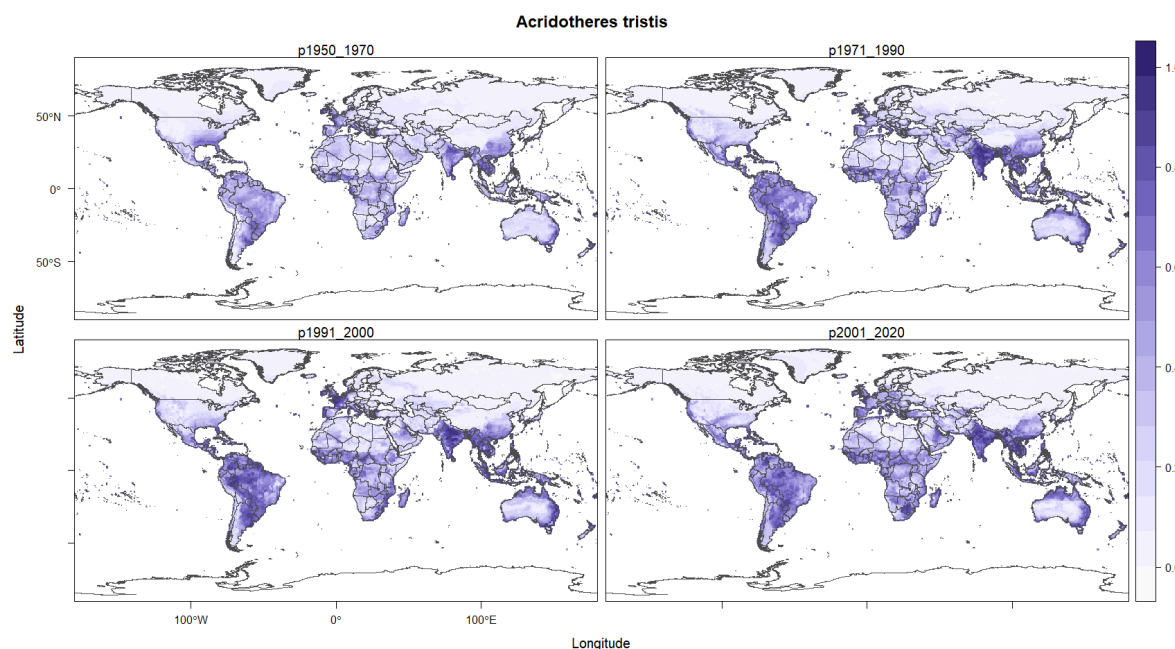


Figura 1. Mapas de distribución potencial de *Acridotheres tristis* (miná común) en diferentes periodos de tiempo. Esta especie de ave es nativa de Asia y se ha introducido y establecido en muchas partes del mundo, principalmente en Australia y Madagascar. En el 2000 fue considerada por la IUCN como una de las 100 peores especies invasoras en el mundo debido a impactos en cultivos y otras especies nativas de aves.

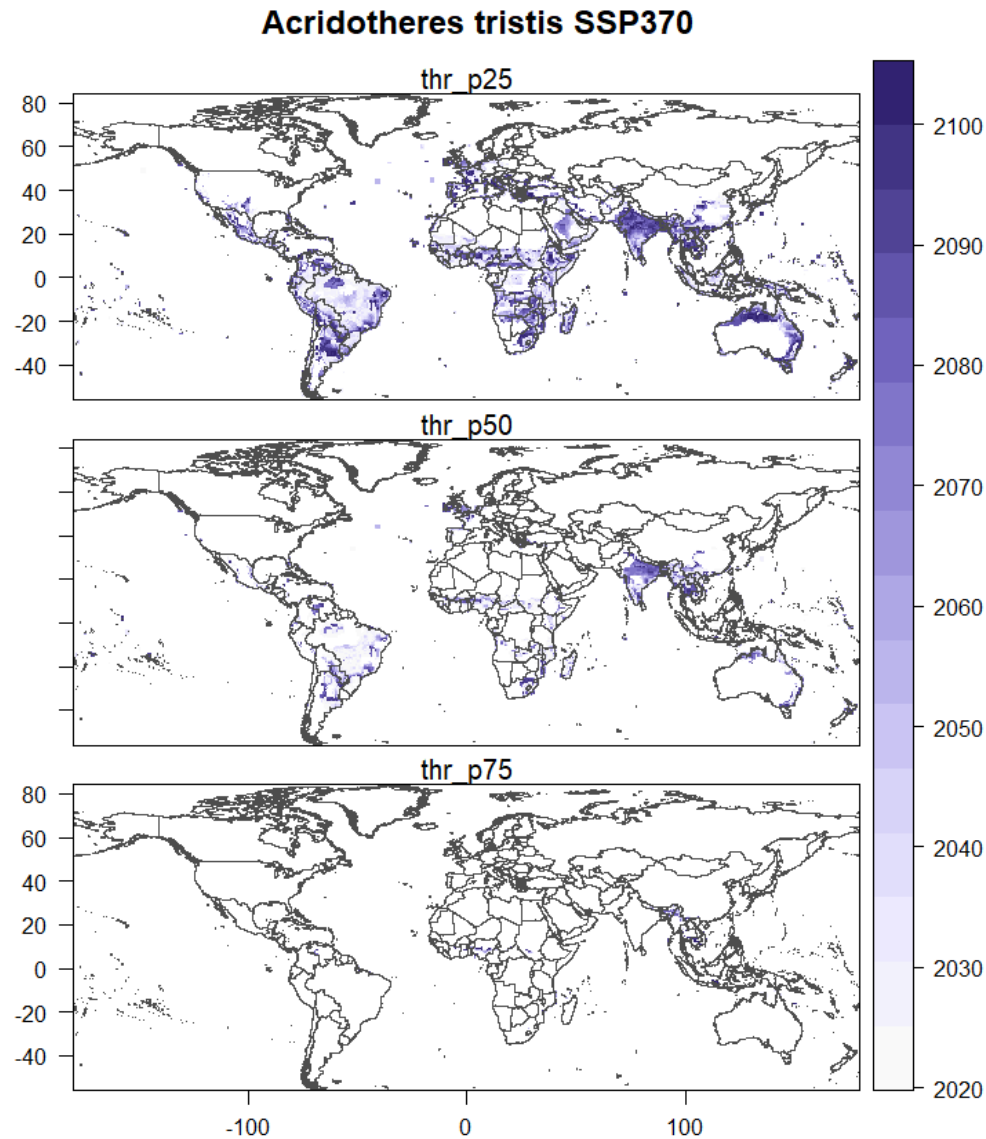


Figura 2. Fechas de exceder diferentes umbrales de riesgo de invasión (colonización y establecimiento) de poblaciones invasoras de *Acridotheres tristis* bajo un escenario socioeconómico SSP370. Los umbrales de riesgo son definidos por el usuario e implican establecer un umbral de corte de favorabilidad climática a futuro. En este caso se usaron tres umbrales (0.25, 0.50 y 0.75) arbitrarios pero hay varias formas de definir umbrales usando criterios más objetivos y cuantitativos (Liu et al. 2005).

Literatura citada

- Dyer, E.E., Redding, D.W. & Blackburn, T.M. (2017) The global avian invasions atlas, a database of alien bird distributions worldwide. *Scientific Data*, 4, 170041.
- Ficetola, G.F., Mazel, F. & Thuiller, W. (2017) Global determinants of zoogeographical boundaries. *Nature Ecology & Evolution*, 1, 0089.

Harris, I., Osborn, T.J., Jones, P. & Lister, D. (2020) Version 4 of the CRU TS monthly high-resolution gridded multivariate climate dataset. *Scientific data*, 7, 1–18.

Holt, B.G., Lessard, J.-P., Borregaard, M.K., Fritz, S.A., Araújo, M.B., Dimitrov, D., Fabre, P.-H., Graham, C.H., Graves, G.R., Jønsson, K.A., Nogués-Bravo, D., Wang, Z., Whittaker, R.J., Fjeldså, J. & Rahbek, C. (2013) An Update of Wallace's Zoogeographic Regions of the World. *Science*, 339, 74–78.

Liu, C., Berry, P. M., Dawson, T. P., & Pearson, R. G. (2005). Selecting thresholds of occurrence in the prediction of species distributions. *Ecography*, 28(3), 385-393.

Naimi, B., Capinha, C., Ribeiro, J., Rahbek, C., Strubbe, D., Reino, L. & Araújo, M.B. (2022) Potential for invasion of traded birds under climate and land-cover change. *Global Change Biology*, 28, 5654–5666.

Velasco, J.A., Estrada, F., Calderón-Bustamante, O., Swingedouw, D., Ureta, C., Gay, C. & Defrance, D. (2021) Synergistic impacts of global warming and thermohaline circulation collapse on amphibians. *Communications biology*, 4, 1–7.