

***Applet* 11.2. Modelo neutro unificado de biodiversidad y biogeografía**

Introducción

Este *applet* es una implementación de la teoría neutra unificada de biodiversidad y biogeografía de Hubbell (2001).

En el modelo hay L (900 en nuestro caso, formando una red de 30×30) comunidades locales. El conjunto de todas las comunidades locales constituye la metacomunidad. Cada comunidad local contiene siempre J individuos, por lo que en la metacomunidad hay $J_M = L \cdot J$ individuos. Inicialmente, hay S_0 especies en la metacomunidad; los JM individuos tienen inicialmente la misma probabilidad de pertenecer a cualquiera de las S_0 especies.

El modelo avanza a pasos de tiempo discretos. A cada paso de tiempo mueren D individuos seleccionados de forma aleatoria que inmediatamente son repuestos por nacimientos dentro de la propia comunidad, por inmigrantes o por la aparición de una nueva especie. Este proceso de recolonización sigue las siguientes reglas.

Sea m la tasa de inmigración y ν la tasa de especiación. Cuando hay que reemplazar un individuo se genera un número aleatorio r y se decide de la siguiente forma:

- a) Si $(r < \nu)$ el individuo es de una nueva especie
- b) Si no es cierto lo anterior, se mira si $r < (m + \nu)$, en cuyo caso el individuo es un inmigrante de las comunidades locales vecinas
- c) Si no se cumple lo anterior el nuevo individuo es un descendiente de alguna de las especies presentes en la comunidad local

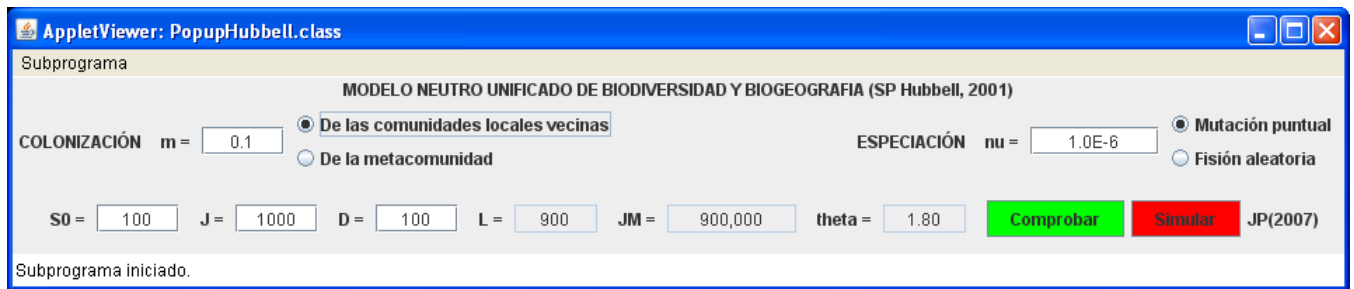
Se puede elegir si la inmigración se produce solamente a partir de las 8 celdas vecinas o si puede proceder del conjunto de la metacomunidad.

También se puede elegir si la aparición de nuevas especies (especiación) se da por la aparición puntual de mutantes o por la división (fisión) de una especie en dos especies hijas.

La simulación se puede realizar paso a paso o por un periodo determinado de años.

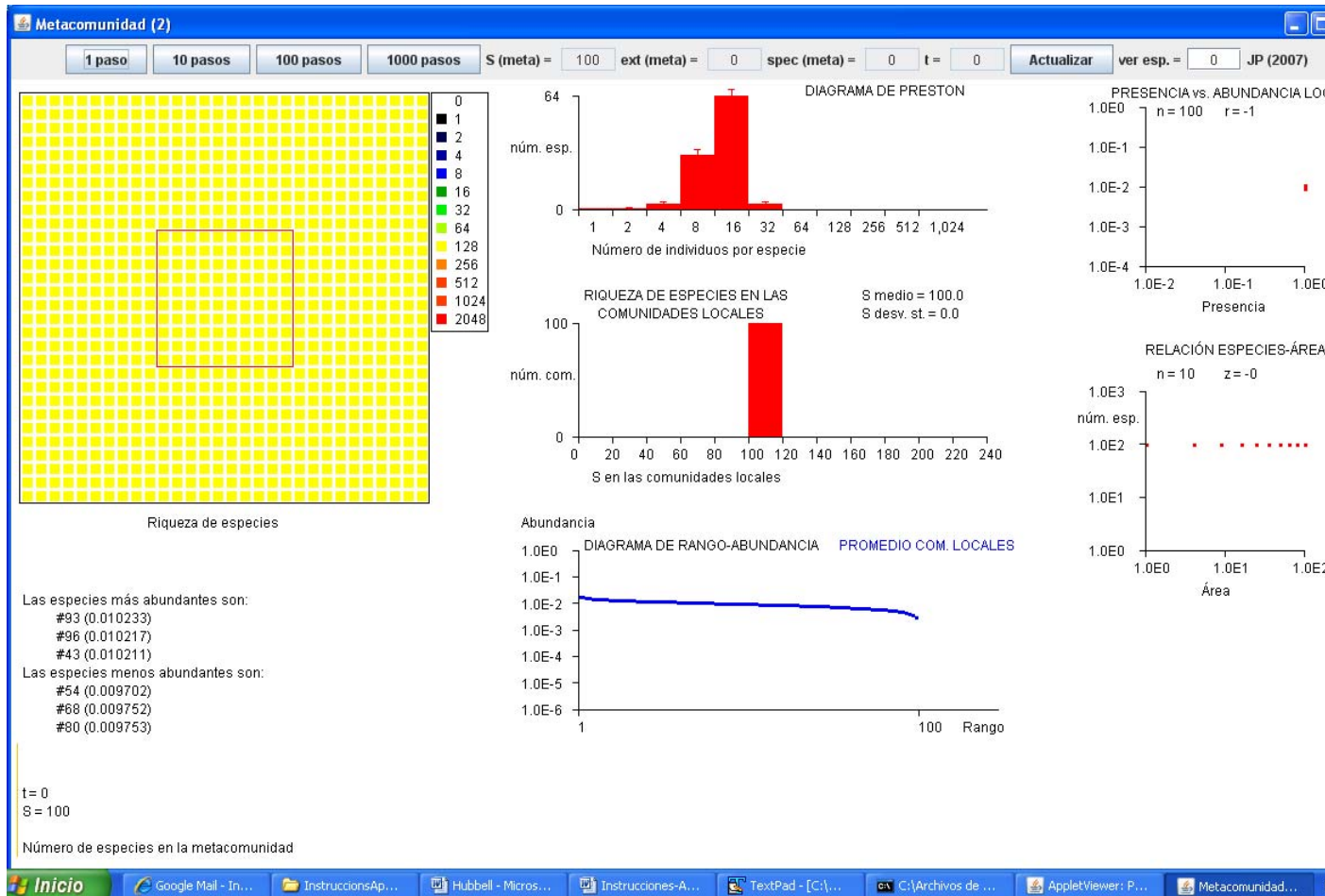
Applet

Si el *applet* se ha cargado correctamente se mostrará una imagen como la siguiente:



Funcionamiento del *applet*

1. Entrar los parámetros S_0 , J , D , m y ν . A partir de ellos se calcula los parámetros derivados J_M i θ . El parámetro L está fijado a un valor de 900 y, aunque se muestra, no se puede modificar
2. Seleccionar el tipo de inmigración
3. Seleccionar el tipo de especiación
4. Pulsar "Comprobar". Si todos los valores de los parámetros son correctos las casillas se colorearán de verde; en caso contrario lo harán de rojo y deberán corregirse los errores antes de proseguir.
5. Pulsar "Simular". Con ello se obtiene lo siguiente:



La parte superior izquierda de la nueva ventana muestra el mapa de las 900 comunidades locales dispuestas en una retícula de 30 x 30. Inicialmente el mapa muestra la riqueza específica (S) de cada comunidad, aunque también se puede visualizar la abundancia de cada una de las especies; para ello basta con entrar el número de la especie que se desea ver en el campo "ver esp." y a continuación pulsar el botón "Actualizar". Si el valor del campo "ver esp." vale 0 se muestra la riqueza específica.

Debajo del mapa se dan algunas estadísticas sobre las especies más y menos abundantes y sobre la especie que se muestra en el mapa.

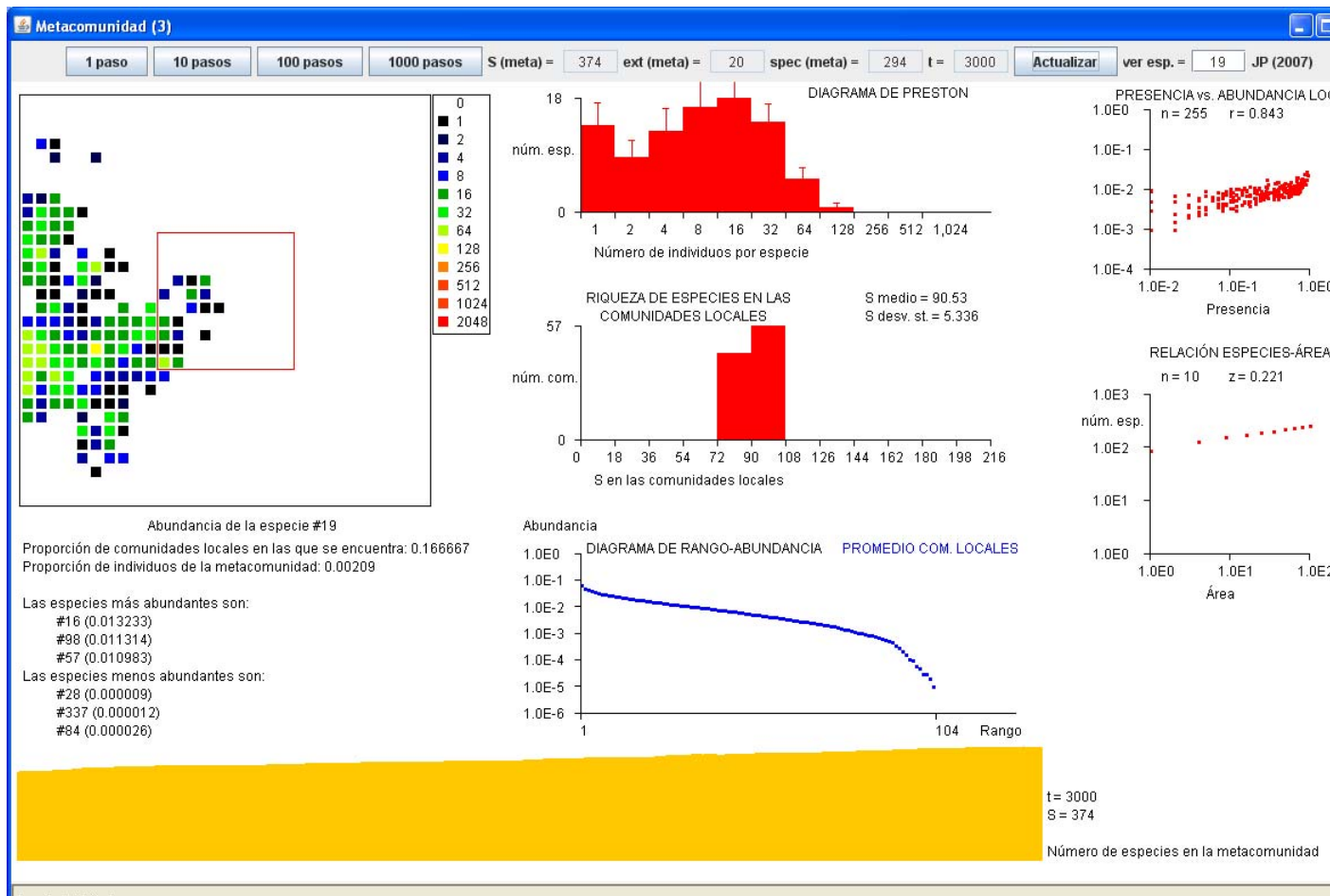
La parte central y derecha de la ventana contiene los siguientes cinco gráficos (cuyos valores se calculan sólo con los datos de las 100 comunidades centrales, inscritas en un cuadrado rojo en el mapa):

- "Diagrama de Preston". Muestra el número de especies que tienen 1, 2, [3, 4], [5, 8], [9, 16], [17, 32], ... individuos. El applet proporciona el valor medio (± 1 desv. st.).
- Histograma de abundancia de especies en las comunidades locales. Se dan también la media y la desviación st. del número de especies por comunidad local.
- Diagrama de rango abundancia promedio.
- La relación entre el promedio de la abundancia local y la proporción de comunidades locales ocupadas por cada una de las especies. Se da el valor numérico del número de especies en las 100 comunidades locales (n , que es el número de puntos del gráfico) y el coeficiente de correlación entre los logaritmos de las dos variables (r).
- La relación especies-área. Se da el número de puntos del gráfico ($n = 10$) y el valor de la pendiente (z) entre los logaritmos de las dos variables.

La parte inferior de la ventana proporciona una barra de progreso del número de especies en la metacomunidad.

En la parte superior de la pantalla se muestran unos campos de texto con el número de especies en la metacomunidad ("S (meta)"), número de extinciones en la metacomunidad hasta ese momento ("ext (meta)"), número de nuevas especies en la metacomunidad hasta ese momento ("esp (meta)") y paso de tiempo en que se encuentra la simulación ("t").

6. Se puede avanzar el *applet* en pasos de 1, 10, 100 o 1000 unidades de tiempo. Al finalizar los cálculos se refresca la pantalla con los nuevos resultados. Cuando los valores de J_M son elevados las simulaciones pueden durar mucho tiempo, por lo que se aconseja estimar su duración realizando primero simulaciones más cortas.



En la simulación anterior se utilizaron los siguientes parámetros: $S_0 = 100$, $J = 1000$, $D = 100$, $m = 0.1$, $nu = 1.0E-6$. La inmigración procede de las 8 celdas vecinas y la especiación es por fisión aleatoria.

El mapa muestra en número de individuos de la especie #19. En conjunto hay 90.53 ± 5.336 especies por comunidad local (histograma central). La relación entre la presencia relativa de las 255 especies que se encuentran en las 100 comunidades locales centrales es claramente significativa ($r = 0.843$). La pendiente de la relación especies-área vale $z = 0.221$.

Durante los 2000 pasos de tiempo de la simulación se han producido 20 extinciones y han aparecido 294 especies nuevas, por lo que se ha pasado de un número inicial de especies de 100 hasta 374. La metacomunidad no parece encontrarse en equilibrio puesto que la barra inferior sigue mostrando un incremento del número de especies de la metacomunidad.