

ForesteCCo Procedimiento metodológico



COORDINACIÓN

Fundación para la Investigación del Clima (FIC)

María del Carre Díaz (Coordinadora)

Jaime Ribalaygua Batalla (apoyo a la coordinación)

ENTIDADES SOCIAS

Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)-CSIC

Universidad Autónoma de Madrid (UAM)

Fundación Internacional para la Restauración de Ecosistemas (FIRE)

Equipo FIC

Emma Gaitán Fernández (escenarios climáticos), Gonzalo Rodríguez Ruíz (modelización y análisis del paisaje), Carlos Prado (escenarios climáticos), Robert Monjo i Agut (escenarios climáticos), Marta Fernández Pastor (modelización y análisis del paisaje), Jaime Ribalaygua Batalla (escenarios climáticos), Eulogio Chacón Moreno (modelización y análisis del paisaje), María del Carre Díaz (modelización y análisis del paisaje), Toni Rubio España (comunicación y divulgación), Ana Sánchez Provencio (administración), Ana Hernández Parada (comunicación y divulgación)

Equipo INIA - CSIC

Ricardo Alía Miranda (genética forestal)

Jose Manuel García el Barrio (genética forestal)

Carlos Guadaño Peyrot (genética forestal)

Equipo UAM

Ruben García Mateo (Modelos de Distribución de Especies)

Jennifer Morales-Barbero (Modelos de Distribución de Especies)

Equipo FIRE

Alba García Pose (conectividad)

Jose María Rey Benayas (conectividad)



Procedimiento metodológico

Introducción

Este visor se enmarca dentro del proyecto “FORTaleciendo la RESTauración Ecológica y la infraestructura verde para la adaptación de especies forestales al Cambio Climático (ForesteCCo)”. Este proyecto cuenta con el apoyo de la Fundación Biodiversidad del Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico (MITECO) en el marco del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia (PRTR), financiado por la Unión Europea - NextGenerationEU, a través de la convocatoria para apoyo a programas y proyectos de investigación en materia de gestión de la biodiversidad del año 2022.

Ha sido desarrollado conjuntamente por la Fundación para la Investigación el Clima (FIC), la Universidad Autónoma de Madrid (UAM) el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC, y la Fundación Internacional para la Restauración de Ecosistemas (FIRE).

Este documento es un resumen del procedimiento metodológico empleado para la generación de información contenida en el visor.

Selección de especies y grupos genéticos

Se modeló la idoneidad climática de 44 especies forestales de importancia ecológica, selvícola y para la restauración en la España peninsular y Baleares. La selección abarcó un rango representativo de tipos funcionales —especies mediterráneas tolerantes a la sequía, especies mesofíticas atlánticas y especies montanas—, así como gradientes altitudinales y biogeográficos. Todas las especies seleccionadas se utilizan ampliamente en programas de restauración ecológica y están incluidas en los catálogos nacionales de Material Forestal de Reproducción (MFR).

Para 12 especies de los géneros *Quercus*, *Pinus* y *Fagus*, los modelos se desarrollaron también para distintos grupos ecológico/genéticos (50), identificados utilizando como base las Regiones de Procedencia de especies forestales de España (Alía et al., 2009) y los estudios con marcadores genéticos de algunas de las principales poblaciones de cada especie. Esto permitió evaluar respuestas climáticas intraespecíficas y aumentar el realismo ecológico de las proyecciones, proporcionando orientaciones prácticas para la planificación de restauración basada en procedencias.

Los datos de presencia de especies y grupos ecológico/genéticos se obtuvieron a partir de los polígonos aportados por el INIA-CSIC en los que se considera el origen autóctono, a partir del mapa de Ceballos (Ceballos, 1966). Es decir, no se consideran aquellas presencias que han sido objeto de repoblaciones con materiales de origen desconocido desde los años 50 del siglo pasado. La información está actualizada usando los polígonos de la Foto Fija del 2015 del Mapa Forestal Español (MFE50) y de las Regiones de Procedencia de especies forestales de España. A estos polígonos se les superpuso una cuadrícula de referencia de 1 km x 1 km, la misma que se utilizó para generar la información climática. Se utilizó un método de asignación basado en centroides para vincular la presencia a las celdas de la cuadrícula, minimizando la sobreestimación en áreas marginales. Un filtrado espacial garantizó la independencia de los puntos de presencia y la coherencia entre las bases de datos de especies, grupos genéticos y variables ambientales. En total se obtuvieron datos de presencia para 44 especies y 50 grupos genéticos (94 taxones *sensu lato*).

Datos climáticos y ambientales

El conjunto de datos ambientales utilizado en este estudio integra variables bioclimáticas y edáficas a alta resolución espacial, armonizadas en una malla ráster de 1×1 km (EPSG:4326 WGS84) empleada a lo largo de todo el proceso de modelización.

Todos los datos climáticos, incluyendo la climatología de referencia histórica y las proyecciones futuras, fueron generados por la Fundación para la Investigación del Clima (FIC). Las proyecciones se generaron mediante su metodología de regionalización estadística FICLIMA (Ribalaygua et al., 2013). Este enfoque estadístico en dos etapas combina estratificación por análogos con técnicas de regresión y probabilísticas, generando variables climáticas diarias, para todo el siglo XXI, y para 5.577 observatorios de precipitación y 2.515 observatorios de temperatura distribuídos por toda la Península Ibérica y las Islas Baleares. Con las series diarias, tanto de observaciones como de proyecciones, se han calculado los promedios mensuales de precipitación y temperatura máxima y mínima, para los periodos climáticos analizados (1985 a 2014 para el clima observado, y proyecciones para 2021 a 2050, 2041 a 2070 y 2071 a 2100), y posteriormente se ha realizado una interpolación a la rejilla de 1x1 km utilizando una interpolación multivariable *thin plate spline* (TPS) (Duchon, 1976), teniendo en cuenta la altitud, la distancia al mar, la longitud, la latitud y la orientación de las cadenas montañosas.

Las proyecciones futuras se generaron regionalizando los resultados de diez modelos climáticos de los más actualizados (*Earth System Models*, ESM) participantes en la sexta fase del *Coupled Model Intercomparison Project* (CMIP6):

Modelos CMIP6	Resolución espacial	Centro responsable
ACCESS-CM2	1.258° x 1.8758°	<i>Australian Community Climate and Earth System Simulator</i> (ACCESS), Australia
BCC-CSM2-MR	1.125° x 1.121°	<i>Beijing Climate Center</i> (BCC), <i>China Meteorological Administration</i> , China

Modelos CMIP6	Resolución espacial	Centro responsable
CanESM5	2.812° x 2.790°	<i>Canadian Centre for Climate Modeling and Analysis</i> (CC CMA), Canadá
CMCC-ESM2	1.25° x 0.942°	<i>Centro Euro-mediterráneo sui Cambiamenti Climatici</i> (CMCC), Italia
CNRM-ESM2-1	1.406° x 1.401°	<i>Centre National de Recherches Mereologiques</i> (CN RM), Meteo-France, Francia
EC-EARTH3	0.703° x 0.702°	<i>EC-EARTH Consortium</i> , Europa
MPI-ESM1-2-HR	0.938° x 0.935°	<i>Max-Planck Institute for Meteorology</i> (MPI-M), Alemania
MRI-ESM2-0	1.125° x 1.121°	<i>Meteorological Research Institute</i> (MRI), Japón
NorESM2-MM	1.250° x 0.942°	<i>Norwegian Climate Centre</i> (NCC), Noruega
UKESM1-0-LL	1.875° x 1.250°	<i>UK Met office, Hadley Centre</i> , Reino Unido

Tabla 1. Nombres y descripción de los modelos climáticos utilizados.

Estos modelos fueron seleccionados por su cobertura global, por su desempeño y reconocimiento internacional, y por la disponibilidad de las variables requeridas por FICLIMA. Se emplearon las cuatro trayectorias socioeconómicas compartidas (*Shared Socioeconomic Pathways*, SSP) que recomienda el IPCC en su Sexto Informe de Evaluación: SSP1–2.6 (muy optimista), SSP2–4.5 (optimista), SSP3–7.0 (pesimista) y SSP5–8.5 (muy pesimista) (IPCC, 2021a, 2021b), que abarcan un amplio espectro de escenarios de mitigación y desarrollo. Se consideraron tres horizontes temporales de proyección: corto plazo (2021–2050), mediados de siglo (2041–2070) y finales de siglo (2071–2100). Para cada combinación de modelo, SSP y periodo, se generaron superficies climáticas regionalizadas, resultando en 120 capas climáticas futuras.

Antes de utilizar la información de futuro que ofrece ForesteCCo, debe analizarse cómo funcionan las herramientas utilizadas para generarla. Por ello, todas las herramientas utilizadas para generar estas proyecciones, tanto la metodología de downscaling FICLIMA como los modelos climáticos utilizados, han sido sometidos a exhaustivos procesos de verificación y validación, y los resultados de esos procesos están accesibles en las pestañas verificación y descargas para cada uno de los observatorios. Se recomienda que el primer paso al utilizar ForesteCCo, se analicen los resultados de verificación y validación de los observatorios cercanos a la zona de interés. FICLIMA ha sido verificada en todo el territorio, y los resultados son en general muy buenos. Los modelos climáticos seleccionados están entre los más reputados internacionalmente, y funcionan bien en España, pero en alguna zona algún modelo podría dar peores resultados, lo que podría recomendar no utilizarlo. Viendo estos resultados de validación se pueden identificar los modelos que, si es el caso, no funcionen bien, y el usuario podría decidir no utilizarlo.

A partir de estos datos se derivó un conjunto de 25 variables bioclimáticas mediante procedimientos climatológicos estándar adaptados por FIC. Estas incluyeron métricas estacionales y anuales de temperatura y precipitación, y evapotranspiración potencial (ETo). Se desarrolló una variable de ETo ajustada por la reducción en la exposición a la radiación solar que determina el sombreado que produce la topografía circundante con el fin de mejorar la precisión microclimática en paisajes complejos.

Para mejorar la expresión ecológica y el desempeño de los modelos, se incorporaron cuatro variables edáficas: contenido de arena (g/kg), nitrógeno (cg/kg), pH ($\times 10$) y carbono orgánico del suelo (dg/kg), todas procedentes de la base de datos SoilGrids (www.soilgrids.org), referenciadas a una profundidad de 0–5 cm. Los ráster originales de 250 m de resolución fueron reproyectados a EPSG:4326 y remuestreados mediante interpolación bilineal para ajustarlos a la rejilla de trabajo de 1 x 1 km. Las capas edáficas finales se compilaron en ráster multibanda y se integraron con las variables bioclimáticas, dando como resultado un total de 29 predictores para el marco de modelización.

Cod	Descripción	Cod	Descripción
BIO 01	Temperatura media anual	BIO 16	Precipitación del trimestre más húmedo
BIO 02	Rango diario de temperaturas (media mensual (max temp - min temp))	BIO 17	Precipitación del trimestre más seco
BIO 03	Isotermalidad: Relación entre el rango de temperaturas entre el día y la noche y entre el verano e invierno (BIO02/BIO07) (* 100)	BIO 18	Precipitación del trimestre caliente
BIO 04	Estacionalidad en la temperatura (desviación estándar *100)	BIO 19	Precipitación del trimestre más frío
BIO 05	Temperatura máxima del mes más cálido	BIO 41	Evapotranspiración anual
BIO 06	Temperatura mínima del mes más frío	BIO 42	Evapotranspiración del mes más seco
BIO 07	Rango de temperatura anual (BIO05-BIO06)	BIO 43	Evapotranspiración del mes más húmedo o lluvioso
BIO 08	Temperatura media del trimestre húmedo	BIO 44	Evapotranspiración del mes más cálido
BIO 09	Temperatura media del trimestre seco	BIO 45	Evapotranspiración del mes más frío
BIO 10	Temperatura media del trimestre más cálido	BIO 46	Estacionalidad de la evapotranspiración. Diferencia entre la ETo más alta - la ETo mínima
BIO 11	Temperatura media del trimestre más frío	Sand	Arena (g/kg suelo)
BIO 12	Precipitación anual	Nit	Nitrógeno (cg/kg)
BIO 13	Precipitación del mes más húmedo	SOC	Carbono Orgánico del Suelo (dg/kg)
BIO 14	Precipitación del mes más seco	pH	pH (pH*10)
BIO 15	Estacionalidad en la precipitación (Coeficiente de variación)		

Tabla 2. Listado y descripción de variables ambientales.

Metodología de modelización

Los Modelos de Distribución de Especies se desarrollaron en el marco de un enfoque de pronóstico por consenso, con el fin de combinar las capacidades predictivas de múltiples algoritmos y reducir la incertidumbre inherente a los modelos individuales (Araújo & New, 2007; Marmion et al., 2009; Mateo et al., 2019; Mateo et al., 2024).

Esta modelización se realizó conjuntamente entre la Universidad Autónoma de Madrid (UAM) y la Fundación para la Investigación del Clima (FIC).

Todos los análisis se realizaron en R (R Core Team, 2025) utilizando el paquete *covsel* (Adde et al., 2023) para la selección de variables y el paquete *biomod2* (Thuiller et al., 2023; Mateo et al., 2024) para el MDE.

Para cada especie y grupo genético, los modelos se calibraron empleando tres algoritmos con fortalezas complementarias en modelización ecológica: Modelos Lineales Generalizados (*Generalized Linear Models*, GLM), Bosques Aleatorios (*Random Forests*, RF) y Árboles de Regresión Aumentados (*Boosted Regression Trees*, BRT) (Mateo et al., 2024). Estos métodos son ampliamente reconocidos por su capacidad de captar un rango de respuestas ecológicas, desde tendencias lineales simples hasta interacciones no lineales complejas entre clima, suelo y distribución de especies (Elith & Leathwick, 2009; Guisan et al., 2017).

El conjunto de datos de ocurrencia de cada taxón se dividió aleatoriamente en un 80% para la calibración del modelo y un 20% para su evaluación. Para representar las condiciones ambientales de fondo, se generaron 10,000 puntos de pseudo-ausencia de forma aleatoria en toda la región de estudio (excepto en las celdas de presencia conocidas). Durante la calibración de los modelos estos puntos se ponderaron con una prevalencia de 0,5, de modo que ocurrencias y pseudo-ausencias equilibran su influencia en el ajuste independientemente de su número absoluto (Barbet-Massin et al., 2012). Antes del ajuste de los modelos, las variables fueron evaluadas para detectar colinealidad mediante correlaciones de Pearson por pares ($|r| > 0,7$), reteniendo la covariable más informativa en cada caso. Posteriormente, se aplicaron técnicas de regularización (GLM con elastic-net, GAM con penalización null-space y guided regularized Random Forest), a partir de los cuales las covariables se ordenan por su importancia y se seleccionaron las más relevantes para la calibración final, con el fin de mejorar la interpretabilidad y evitar redundancias y sobreajuste (Dormann et al., 2013; Adde et al., 2023).

Cada algoritmo (GLM, RF y BRT) se ejecutó con diez réplicas de validación cruzada, resultando en 30 ejecuciones de MDE por especie o grupo genético. El desempeño de los modelos se evaluó mediante el Área Bajo la Curva ROC (AUC; Hanley & McNeil, 1982), el *True Skill Statistic* (TSS; Allouche et al., 2006), métricas que en conjunto describen el poder discriminatorio, la exactitud de clasificación y la fiabilidad en la jerarquización de idoneidad. En línea con el marco de pronóstico por consenso descrito por Araújo & New (2007), sólo se retuvieron los modelos con $AUC \geq 0,8$, y a partir de ellos se construyó un modelo consenso para cada taxón, promediando las predicciones de las réplicas retenidas, ponderadas según su valor de AUC, favoreciendo así las réplicas más precisas y reduciendo la influencia de aquellas con menor rendimiento (Marmion et al., 2009).

Este procedimiento generó un mapa de idoneidad de consenso para el periodo climático de referencia. Como resultado de este proceso, se obtuvieron tres tipos de resultados: 1) compendio de datos y resultados estadísticos que sintetizan la validez de los modelos, 2) mapas (geotif) de distribución de la idoneidad de cada taxón y 3) mapas (geotif) de presencia / ausencia de cada taxón usando el punto de corte derivado del análisis estadístico.

Entre los resultados sobre la validez de los MDE, el anexo 1 recoge las gráficas de verificación para cada una de las especies y grupos genéticos. También aquí recomendamos que se analicen estos resultados para las especies o grupos genéticos de interés antes de utilizar las proyecciones de idoneidad futura.

Los modelos por consenso se proyectaron posteriormente sobre el conjunto completo de 120 escenarios climáticos regionalizados (diez modelos climáticos \times cuatro SSP \times tres horizontes temporales). Como resultado se obtienen 120 mapas de idoneidad y 120 mapas de presencia / ausencia por cada taxón.

Análisis de la idoneidad en escenarios de clima futuro

La dinámica temporal de la idoneidad climática se evaluó comparando las proyecciones del periodo de referencia con las correspondientes a cada uno de los tres horizontes de proyección (2021–2050, 2041–2070 y 2071–2100) bajo los cuatro SSP. El análisis se realizó para cada especie y grupo genético en la rejilla de trabajo con una resolución espacial de 1 x 1 km. Para cada combinación de escenario y periodo, se representan los valores de idoneidad para cada uno de los diez modelos climáticos, y también para el valor mediana (o percentil 50), el percentil 25 y el percentil 75 de los 10 modelos climáticos, proporcionando proyecciones menos sensibles a los sesgos de un único modelo climático. Para evaluar la dispersión entre las proyecciones de los 10 modelos climáticos, se representa también el rango intercuartílico, es decir la diferencia de idoneidad entre el percentil 25 y el 75.

Para cada celda de la cuadrícula, y para cada SSP y periodo climático, se calculó el Porcentaje de Modelos Climáticos que Pronostican Idoneidad (MCPI), definido como el porcentaje de modelos climáticos para los que los MDE aplicados al clima simulado por ese modelo climático para el SSP y periodo seleccionados pronostican una idoneidad superior al umbral binario derivado del criterio de maximización sensibilidad–especificidad (punto de corte) (Thuiller et al., 2009; Chacón-Moreno et al., en prensa). Los valores posibles varían entre 0 % (ningún modelo climático predice idoneidad mayor del punto de corte) y 100 % (todos los modelos climáticos predicen idoneidad mayor del punto de corte). Para el periodo histórico (1985-2014), para todos los modelos climáticos se utiliza el clima observado, por lo que los valores son 100% (si en el clima observado la idoneidad supera al punto de corte) o 0% (si no la supera). Esta variable ayuda a evaluar la viabilidad que se espera para una especie/grupo genético (para el periodo y SSP seleccionados), y la incertidumbre asociada a esa evaluación: valores cercanos al 100% (o al 0%) indican un consenso entre todos los modelos climáticos, es decir, menor incertidumbre, sobre la idoneidad (o no idoneidad) para la especie/grupo genético del clima esperado para ese periodo y SSP

Por tanto, el conjunto completo de 120 capas de idoneidad (10 modelos climáticos \times 4 SSP \times 3 horizontes) se integró en una única capa de MCPI para cada SSP y horizonte, resultando en 12 mapas de consenso entre modelos climáticos por taxón. Este enfoque permitió una comparación coherente e interpretable de los patrones de idoneidad a través del espacio, los escenarios y los periodos temporales, reduciendo la influencia de sesgos propios de modelos individuales (Mateo et al., 2019; Guisan et al., 2017).

La Figura 1 resume de manera esquemática el flujo metodológico seguido en este trabajo, que abarca desde la selección de especies y grupos genéticos hasta la obtención de métricas de incertidumbre (MCPI). Esta representación gráfica facilita la comprensión del conjunto de procesos y productos generados, ofreciendo una visión integrada del enfoque aplicado.

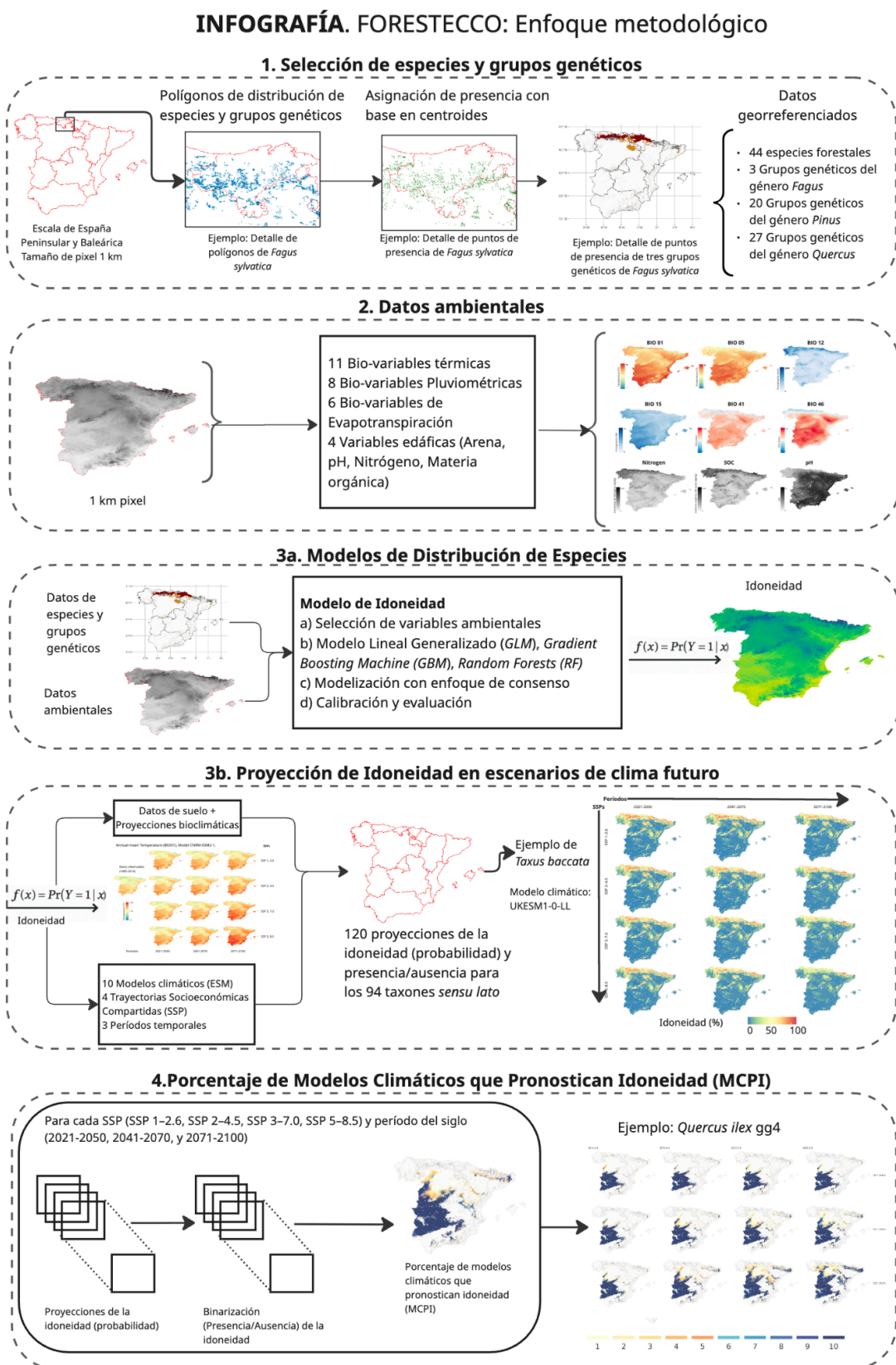


Figura 1. Infografía del flujo metodológico empleado en ForesteCCo

REFERENCIAS

- Alía, R., García del Barrio, J. M., Iglesias, S., Mancha, J. A., de Miguel, J., Nicolás, J. L., Pérez, F., & Sánchez de Ron, D. (2009). Regiones de procedencia de especies forestales en España. Ministerio de Medio Ambiente, y Medio Rural y Marino.
- Adde, A., Rey, P.-L., Fopp, F., Petitpierre, B., Schweiger, A. K., Broennimann, O., Lehmann, A., Zimmermann, N. E., Altermatt, F., Pellissier, L., & Guisan, A. (2023). Too many candidates: Embedded covariate selection procedure for species distribution modelling with the covsel R package. *Ecological Informatics*, 75, 102080. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2023.102080>
- Allouche, O., Tsoar, A., & Kadmon, R. (2006). Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). *Journal of Applied Ecology*, 43(6), 1223–1232. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01214.x>
- Araújo, M. B., & New, M. (2007). Ensemble forecasting of species distributions. *Trends in Ecology & Evolution*, 22(1), 42–47. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.09.010>
- Barbet-Massin, M., Jiguet, F., Albert, C. H., & Thuiller, W. (2012). Selecting pseudo-absences for species distribution models: how, where and how many? *Methods in Ecology and Evolution*, 3(2), 327–338. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2011.00172.x>
- Ceballos, L. (1966). Mapa Forestal de España [Mapa]. Ministerio de Agricultura, Dirección General de Montes, Caza y Pesca Fluvial.
- Chacón-Moreno, E., Gaitán, E., Hernández, A., Rodríguez-Ruiz, G., del Carre, M., Mateo, R.G., Fernández-Pastor, M. & Ribalaygua, J. (*en prensa*). Climate-Resilient Biodiversity Refugia in Biosphere Reserves of the Cantabrian Cornice, Spain. In *National Parks and Protected Areas – Conservation, Biodiversity, and Climate Action*. IntechOpen.
- Dormann, C. F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., ... Lautenbach, S. (2013). Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography*, 36(1), 27–46. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2012.07348.x>
- Duchon, J. (1976). Interpolation des fonctions de deux variables suivant le principe de la flexion des plaques minces. *RAIRO Analyse Numérique*, 10(12), 5–145. <https://doi.org/10.1051/m2an/197610R201051>
- Elith, J., & Leathwick, J. R. (2009). Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40, 677–697. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>
- Guisan, A., Thuiller, W., & Zimmermann, N. E. (2017). *Habitat Suitability and Distribution Models: With Applications in R*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/9781139028271>
- Hanley, J. A., & McNeil, B. J. (1982). The meaning and use of the area under a Receiver Operating Characteristic (ROC) curve. *Radiology*, 143(1), 29–36. <https://doi.org/10.1148/radiology.143.1.7063747>
- IPCC. (2021a). *Climate Change 2021: The Physical Science Basis*. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/9781009157896>

- IPCC. (2021b). Summary for Policymakers. Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Cambridge University Press. <https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg1/>
- Marmion, M., Parviainen, M., Luoto, M., Heikkinen, R. K., & Thuiller, W. (2009). Evaluation of consensus methods in predictive species distribution modelling. *Diversity and Distributions*, 15(1), 59–69. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2008.00491.x>
- Mateo, R. G., Gastón, A., Aroca-Fernández, M. J., Broennimann, O., Guisan, A., Saura, S., & García-Viñas, J. I. (2019). Hierarchical species distribution models in support of vegetation conservation at the landscape scale. *Journal of Vegetation Science*, 30(3), 386–396. <https://doi.org/10.1111/jvs.12727>
- Mateo, R. G., Guisan, A., Broennimann, O., et al. (2024). Advances in ensemble forecasting for species distribution models. *Ecological Modelling*. (en prensa).
- R Core Team. (2025). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
- Ribalaygua, J., Torres, L., Pórtolles, J., Monjo, R., Gaitán, E., & Pino, M. R. (2013). Description and validation of a two-step analogue/regression downscaling method. *Theoretical and Applied Climatology*, 114(1–2), 253–269. <https://doi.org/10.1007/s00704-013-0836-x>
- Thuiller, W., Lafourcade, B., Engler, R., & Araújo, M. B. (2009). BIOMOD – a platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography*, 32(3), 369–373. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2008.05742.x>
- Thuiller, W., Georges, D., Engler, R., & Breiner, F. (2023). biomod2: Ensemble platform for species distribution modeling. R package version 4.3-2. <https://CRAN.R-project.org/package=biomod2>

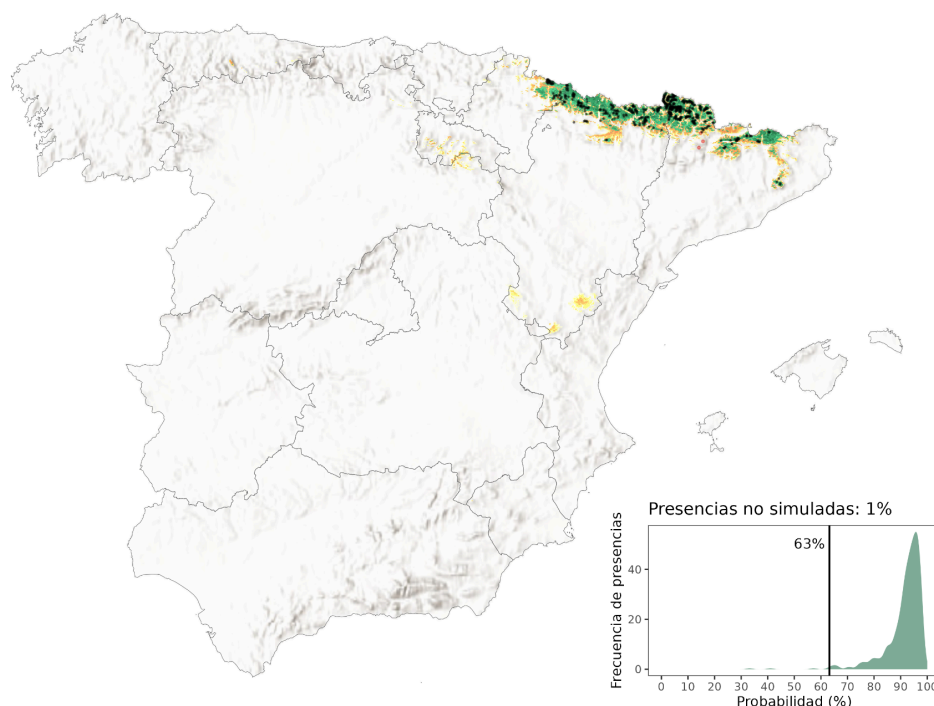
ANEXO: VERIFICACIÓN DE LOS MODELOS DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES

A continuación se incluyen, para cada una de las especies y grupos genéticos, los enlaces a las gráficas de verificación de los MDE, de las que se muestra aquí un ejemplo:

Abies alba

Modelo de probabilidad de idoneidad de hábitat actual y la presencia **coincidente** o **no coincidente** con el modelo

30 40 50 60 70 80 90 100
Probabilidad (%)



En esta gráfica se muestra la idoneidad (de 0 a 100) que pronostican los MDE para el clima de referencia observado (1985 a 2014), junto con las presencias observadas de esa especie o grupo genético, dibujándolas en negro si dicha idoneidad está por encima del punto de corte, y en rojo si está por debajo. También se muestra el histograma de las idoneidades simuladas para todos los píxeles con presencias, el porcentaje de presencias no simuladas (% de puntos rojos), y el punto de corte para esa especie o grupo genético.

Los puntos rojos no implican necesariamente que el MDE está fallando, sino que muchas veces corresponden a zonas en las que la especie está implantada desde hace décadas, pero en las que el clima actual ya no sea adecuado para ella. Uno de los desarrollos futuros previstos para ForesteCCo es integrar en la plataforma información de zonas en las que se están registrando secas y problemas de salud de las masas, para contrastarla con las zonas con puntos rojos.

Del mismo modo que resulta necesario analizar cómo funcionan las herramientas utilizadas para simular el clima en las zonas de interés antes de utilizar las proyecciones futuras, también es necesario analizar estas gráficas para comprobar cómo funcionan en esas zonas los MDE para las especies de interés.

Especies

[*Abies alba*](#)

[*Abies pinsapo*](#)

[*Acer platanoides*](#)

[*Acer pseudoplatanus*](#)

[*Alnus glutinosa*](#)

[*Arbutus unedo*](#)

[*Betula pendula*](#)

[*Betula pubescens*](#)

[*Castanea sativa*](#)

[*Fraxinus angustifolia*](#)

[*Fraxinus excelsior*](#)

[*Ilex aquifolium*](#)

[*Juglans regia*](#)

[*Juniperus communis*](#)

[*Juniperus oxycedrus*](#)

[*Juniperus thurifera*](#)

[*Pinus uncinata*](#)

[*Populus alba*](#)

[*Populus nigra*](#)

[*Populus tremula*](#)

[*Prunus avium*](#)

[*Quercus canariensis*](#)

[*Quercus coccifera*](#)

[*Quercus pubescens*](#)

[*Sorbus aria*](#)

[*Sorbus aucuparia*](#)

[*Tamarix gallica*](#)

[*Taxus baccata*](#)

[*Tilia cordata*](#)

[*Tilia platyphyllos*](#)

[*Ulmus glabra*](#)

[*Ulmus minor*](#)

Especies con Grupos Genéticos

[*Fagus sylvatica* - Grupo genético 1 \(Galicia\)](#)

[*Fagus sylvatica* - Grupo genético 2 \(Pirineos\)](#)

[*Fagus sylvatica* - Grupo genético 3 \(España central\)](#)

[*Pinus halepensis* - Grupo genético 1 \(España central y sur\)](#)

[*Pinus halepensis* - Grupo genético 2 \(Islas Baleares\)](#)

[*Pinus halepensis* - Grupo genético 3 \(sur España y Marruecos\)](#)

[*Pinus halepensis* - Grupo genético 4 \(España central y norte\)](#)

[*Pinus halepensis* - Grupo genético 5 \(norte de España, Francia\)](#)

[*Pinus nigra* - Grupo genético 1 \(nororiental\)](#)

[*Pinus nigra* - Grupo genético 2 \(centro\)](#)

[*Pinus nigra* - Grupo genético 3 \(suroriental\)](#)

[*Pinus pinaster* - Grupo genético 1 \(ibérico atlántico\)](#)

[*Pinus pinaster* - Grupo genético 2 \(España central\)](#)

[*Pinus pinaster* - Grupo genético 3 \(España oriental\)](#)

[*Pinus pinaster* - Grupo genético 4 \(sur de España\)](#)

[*Pinus pinea* - Grupo genético 1 \(Meseta norte\)](#)

[*Pinus pinea* - Grupo genético 2 \(oriental\)](#)

[*Pinus pinea* - Grupo genético 3 \(Andalucía\)](#)

[*Pinus pinea* - Grupo genético 4 \(Cataluña\)](#)

[*Pinus sylvestris* - Grupo genético 1 \(occidental\)](#)

[*Pinus sylvestris* - Grupo genético 2 \(pirenaico\)](#)

[*Pinus sylvestris* - Grupo genético 3 \(Oriental\)](#)

[*Quercus faginea* - Grupo genético 1 \(cantabro-pirenaicas\)](#)

[*Quercus faginea* - Grupo genético 2 \(mediterráneas templadas\)](#)

[*Quercus faginea* - Grupo genético 3 \(continentales frescas\)](#)

[*Quercus faginea* - Grupo genético 4 \(continentales subhúmedas\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 1 \(Andalucía\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 2 \(Sierra Morena oriental-Alicante\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 3 \(Sistema central y ambas mesetas\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 4 \(occidental\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 5 \(Teruel\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 6 \(Cataluña-Valencia\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 7 \(Cantábrico-Rioja\)](#)

[*Quercus ilex* - Grupo genético 8 \(Islas Baleares\)](#)

[*Quercus petraea* - Grupo genético 1 \(occidental\)](#)

[*Quercus petraea* - Grupo genético 2 \(vasco-navarro/sierras interiores\)](#)

[*Quercus petraea* - Grupo genético 3 \(pirenaico oriental\)](#)

[*Quercus pyrenaica* - Grupo genético 1 \(atlánticas\)](#)

[*Quercus pyrenaica* - Grupo genético 2 \(continentales submediterráneas\)](#)

[*Quercus pyrenaica* - Grupo genético 3 \(submediterráneas templado-húmedas\)](#)

[*Quercus pyrenaica* - Grupo genético 4 \(continentales cálidas\)](#)

[*Quercus robur* - Grupo genético 1 \(cantábricas\)](#)

[*Quercus robur* - Grupo genético 2 \(pirenaico occidental/ibéricas\)](#)

[*Quercus robur* - Grupo genético 3 \(pirenaico oriental\)](#)

[*Quercus suber* - Grupo genético 1 \(nor-occidental\)](#)

[*Quercus suber* - Grupo genético 2 \(núcleo occidental\)](#)

[*Quercus suber* - Grupo genético 3 \(núcleo sur-occidental\)](#)

[*Quercus suber* - Grupo genético 4 \(sur de España\)](#)

[*Quercus suber* - Grupo genético 5 \(oriental\)](#)

