

Métodos contemporáneos en ecología de comunidades

Ana Inés Borthagaray y Matías Arim

La ecología de comunidades ha experimentado notables avances en las últimas dos décadas. Durante el siglo XX, dominó una visión de mecanismos deterministas operando en comunidades locales en base a un nicho Hutchinsoniano de requerimientos. Actualmente se considera que los mecanismos ecológicos operan en metacomunidades, donde la diversidad del pool regional de especies, la selección local y regional de rasgos, la dispersión y la deriva dan cuenta de los patrones de biodiversidad. La teoría de nicho se sustenta en dos enfoques interrelacionados. Con una concepción fenomenológica, la teoría moderna de coexistencia identifica al nicho de las especies en base a las interacciones intra e inter específicas en un ambiente, las retroalimentaciones que generan y, consecuentemente, los patrones de coexistencia de especies. Con una concepción más mecanicista la teoría contemporánea de nicho se enfoca en el suministro del ambiente, los requerimientos y el efecto de las especies en el mismo. Paralelamente, el foco taxonómico en biodiversidad ha incorporado explícitamente el rol de rasgos y la diversidad funcional, así como la diversidad filogenética. Este nuevo escenario viene siendo acompañado por el desarrollo de nuevas herramientas para el análisis y la simulación de patrones de biodiversidad. El presente curso propone una aproximación a diferentes herramientas, actualmente requeridas para el estudio de los mecanismos ecológicos que determinan la estructura y funcionamiento de los ecosistemas.

Programa del curso.

El curso tiene una duración total de 42 horas, que se dictarán en 6 días. Es intensivo y presencial a dictarse en el CURE-Maldonado. Son 5 módulos que constan de un breve teórico de 2 horas, y 5 horas de práctica. El módulo 6, corresponde a la presentación de los trabajos finales de los estudiantes, y cierre del curso.

La aprobación del curso será con examen oral; y tiene 5.6 créditos.

Módulo 1. Biodiversidad y su cuantificación. Diversidad alfa, beta y gama a nivel taxonómico, funcional y filogenético. Estandarización estadística por esfuerzo de muestreo y cobertura de las muestras (paquete iNEXT3D de R). Modelos nulos. Filtros ambientales, compromisos y su cuantificación.

Módulo 2. Metacomunidades, grafos y conectividad. Estimación de redes espaciales. Métricas de conectividad a nivel de metacomunidad y de comunidades locales. Modularidad, anidamiento, conectividad, centralidades de grado, intermediación, cercanía. Capacidad de carga del paisaje.

Módulo 3. Modelos de lotería en metacomunidades. Modelo neutral de Hubbell. Principio de exclusión competitiva en comunidades abiertas y cerradas. Modelo de lotería en metacomunidades, teoría global de la biodiversidad de Worm y Tittensor. Modelos espacialmente explícitos restringidos por grafos espaciales. Modelos de lotería con selección de rasgos. Inferencia de mecanismos con modelos de lotería.

Módulo 4. Ensamblaje de comunidades por selección de atributos (CATS) y modelos de distribución conjunta de especies (JSDM). Matrices de metacomunidades, rasgos y ambiente, inferencia de la cuarta esquina rasgo-ambiente. Media ponderada de rasgos como descriptor del ensamblaje de comunidades mediado por rasgos. Partición de deviance para estimar contribuciones del pool regional, la selección y deriva en el ensamblaje de comunidades.

Módulo 5. Teoría de nicho en el siglo XXI. Teoría moderna de coexistencia y teoría contemporánea de nicho. Inferencia experimental y a campo de los mecanismos de coexistencia. Métodos de Máxima Entropía. Experimentos de invasibilidad. Gradientes ambientales.

Módulo 6. Presentación de trabajo final por los estudiantes.