

Lab – Modelos de población integrados (IPM)

Seguimiento de la diversidad biológica

José Jiménez
CSIC-IREC

*“Is anyone gonna tell us what the
fuck an IPM is?”*

-Anonymous (excellent) Waterfowl Biologist

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

Qué es un IPM

Es un método relativamente reciente (Besbeas et al., 2002; Schaub et al. 2007) para modelar la dinámica de una población, optimizando la precisión de las estimas

- La dinámica poblacional es una parte fundamental de la ecología.
- El IPM nos informa de las repercusiones de las acciones de gestión y conservación.

Los IPM consisten en un conjunto de submodelos “integrados”.

Estos submodelos comparten parámetros.

Los submodelos están vinculados por procesos de sistema.

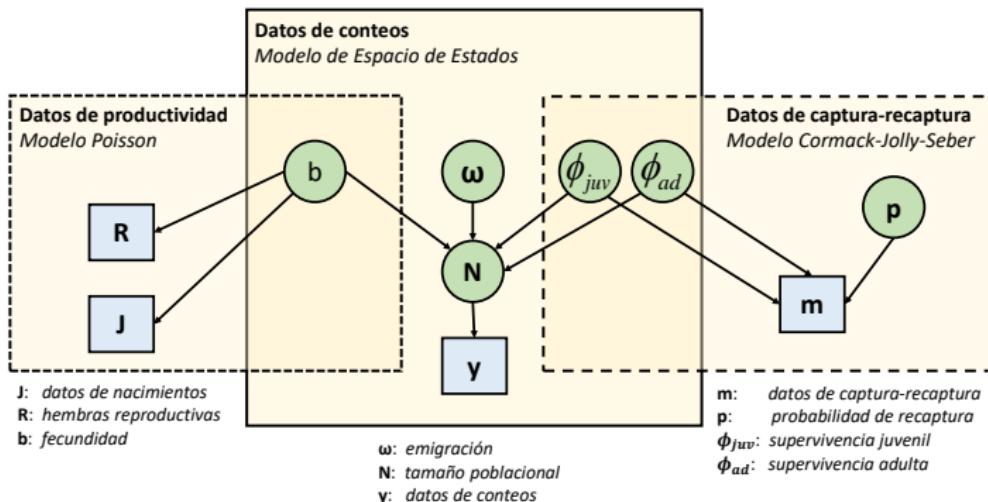
Proceso de sistema

$$N_{t+1} = N_t + B_t + I_t - D_t - E_t$$

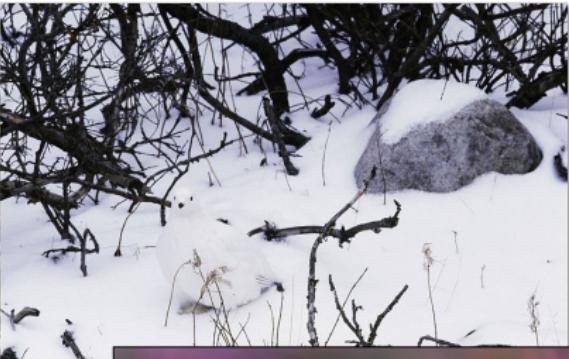
$$N_{t+1} = \lambda \times N_t$$

Seguro que os suena...

Submodelos del IPM



Probabilidad de detección



© Matthew Studebaker
www.studebakerphoto.com

FIGURA: ¿Y lo vemos todo en el campo?

Submodelo 1: Conteos



FIGURA: **Abundancia, Ratios de edad**

Submodelo 2: Captura-recaptura

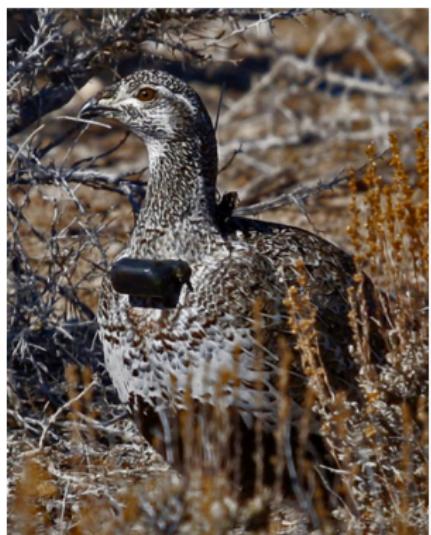


FIGURA: **Supervivencia, Reproducción, Abundancia**

Submodelo 3: Reproducción



FIGURA: Propensidad a la reproducción, Tamaño de puesta, Supervivencia de pollos, Supervivencia de volantones, **Reclutamiento**

Vínculo entre submodelos

El vínculo subyacente o motor que integra los submodelos es el modelo matricial.

Habitualmente usaremos un modelo estructurado por estados.

Por ejemplo, en nuestro modelo de puma, imaginemos que los individuos subadultos entran a formar parte de la clase “adultos” con una probabilidad p_3 , y siguen siendo subadultos con una probabilidad $(1 - p_3)$ en cada período.



Vínculo entre submodelos

El vínculo subyacente o motor que integra los submodelos es el modelo matricial.

Habitualmente usaremos un modelo estructurado por estados.

Por ejemplo, en nuestro modelo de puma, imaginemos que los individuos subadultos entran a formar parte de la clase “adultos” con una probabilidad p_3 , y siguen siendo subadultos con una probabilidad $(1 - p_3)$ en cada período.

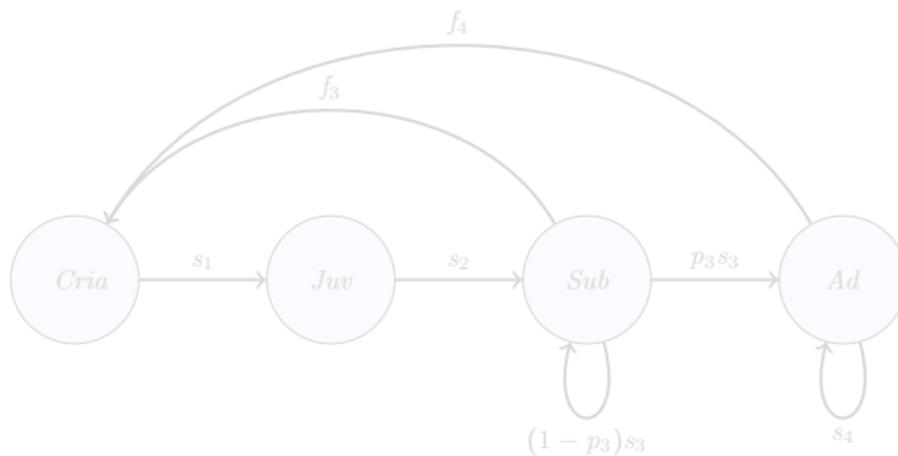


Vínculo entre submodelos

El vínculo subyacente o motor que integra los submodelos es el modelo matricial.

Habitualmente usaremos un modelo estructurado por estados.

Por ejemplo, en nuestro modelo de puma, imaginemos que los individuos subadultos entran a formar parte de la clase “adultos” con una probabilidad p_3 , y siguen siendo subadultos con una probabilidad $(1 - p_3)$ en cada período.

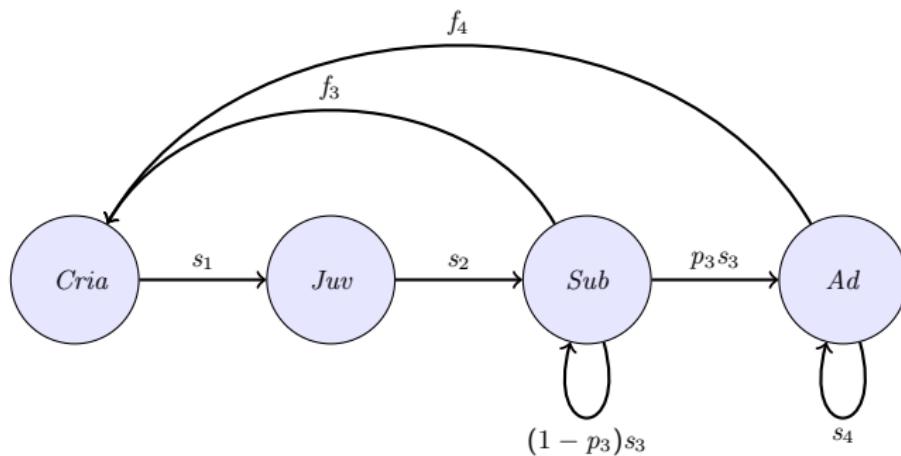


Vínculo entre submodelos

El vínculo subyacente o motor que integra los submodelos es el modelo matricial.

Habitualmente usaremos un modelo estructurado por estados.

Por ejemplo, en nuestro modelo de puma, imaginemos que los individuos subadultos entran a formar parte de la clase “adultos” con una probabilidad p_3 , y siguen siendo subadultos con una probabilidad $(1 - p_3)$ en cada período.



Multiplicación de matrices

$$\begin{bmatrix} Aw + Bx + Cy + Dz \\ Ew + Fx + Gy + Hz \\ Iw + Jx + Ky + Lz \\ Mw + Nx + Oy + Pz \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A & B & C & D \\ E & F & G & H \\ I & J & K & L \\ M & N & O & P \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} w \\ x \\ y \\ z \end{bmatrix}$$

Multiplicación de matrices

$$\begin{bmatrix} Aw + Bx + Cy + Dz \\ Ew + Fx + Gy + Hz \\ Iw + Jx + Ky + Lz \\ Mw + Nx + Oy + Pz \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A & B & C & D \\ E & F & G & H \\ I & J & K & L \\ M & N & O & P \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} w \\ x \\ y \\ z \end{bmatrix}$$

Vínculo entre submodelos

$$Cria_{t+1} = Sub_t \times f_3 + Ad_t \times f_4$$

$$Juv_{t+1} = Cria_t \times s_1$$

$$Sub_{t+1} = Juv_t \times s_2 + Sub_t \times (1 - p_3) \times s_3$$

$$Ad_{t+1} = Sub_t \times p_3 \times s_3 + Ad_t \times s_4$$

$$\begin{bmatrix} Cria_{t+1} \\ Juv_{t+1} \\ Sub_{t+1} \\ Ad_{t+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & f_3 & f_4 \\ s_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_2 & s_3 \times (1 - p_3) & 0 \\ 0 & 0 & s_3 \times p_3 & s_4 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} Cria_t \\ Juv_t \\ Sub_t \\ Ad_t \end{bmatrix}$$

Vínculo entre submodelos

$$Cria_{t+1} = Sub_t \times f_3 + Ad_t \times f_4$$

$$Juv_{t+1} = Cria_t \times s_1$$

$$Sub_{t+1} = Juv_t \times s_2 + Sub_t \times (1 - p_3) \times s_3$$

$$Ad_{t+1} = Sub_t \times p_3 \times s_3 + Ad_t \times s_4$$

$$\begin{bmatrix} Cria_{t+1} \\ Juv_{t+1} \\ Sub_{t+1} \\ Ad_{t+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & f_3 & f_4 \\ s_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_2 & s_3 \times (1 - p_3) & 0 \\ 0 & 0 & s_3 \times p_3 & s_4 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} Cria_t \\ Juv_t \\ Sub_t \\ Ad_t \end{bmatrix}$$

IPM como extensión de los modelos matriciales

Podemos considerar los IPM como la siguiente **etapa evolutiva de los modelos matriciales**: un modelo de proceso (población) integrado en diferentes modelos de observación para los distintos conjuntos de datos.

Los métodos de cálculo basados en cadenas de Markov-Monte Carlo, son una **herramienta unificada** para:

- Análisis de modelos (e.g, sensibilidad, elasticidad, ...)
- Proyecciones y previsiones basadas en simulaciones
- Cómputo de cantidades derivadas (por ejemplo, probabilidades de extinción)
- Estimación de parámetros

IPM como extensión de los modelos matriciales

Podemos considerar los IPM como la siguiente **etapa evolutiva de los modelos matriciales**: un modelo de proceso (población) integrado en diferentes modelos de observación para los distintos conjuntos de datos.

Los métodos de cálculo basados en cadenas de Markov-Monte Carlo, son una **herramienta unificada** para:

- Análisis de modelos (e.g, sensibilidad, elasticidad, ...)
- Proyecciones y previsiones basadas en simulaciones
- Cómputo de cantidades derivadas (por ejemplo, probabilidades de extinción)
- Estimación de parámetros

IPM como extensión de los modelos matriciales

Podemos considerar los IPM como la siguiente **etapa evolutiva de los modelos matriciales**: un modelo de proceso (población) integrado en diferentes modelos de observación para los distintos conjuntos de datos.

Los métodos de cálculo basados en cadenas de Markov-Monte Carlo, son una **herramienta unificada** para:

- Análisis de modelos (e.g, sensibilidad, elasticidad, ...)
- Proyecciones y previsiones basadas en simulaciones
- Cómputo de cantidades derivadas (por ejemplo, probabilidades de extinción)
- Estimación de parámetros

IPM como extensión de los modelos matriciales

Podemos considerar los IPM como la siguiente **etapa evolutiva de los modelos matriciales**: un modelo de proceso (población) integrado en diferentes modelos de observación para los distintos conjuntos de datos.

Los métodos de cálculo basados en cadenas de Markov-Monte Carlo, son una **herramienta unificada** para:

- Análisis de modelos (e.g, sensibilidad, elasticidad, ...)
- Proyecciones y previsiones basadas en simulaciones
- Cómputo de cantidades derivadas (por ejemplo, probabilidades de extinción)
- Estimación de parámetros

IPM como extensión de los modelos matriciales

Podemos considerar los IPM como la siguiente **etapa evolutiva de los modelos matriciales**: un modelo de proceso (población) integrado en diferentes modelos de observación para los distintos conjuntos de datos.

Los métodos de cálculo basados en cadenas de Markov-Monte Carlo, son una **herramienta unificada** para:

- Análisis de modelos (e.g, sensibilidad, elasticidad, ...)
- Proyecciones y previsiones basadas en simulaciones
- Cómputo de cantidades derivadas (por ejemplo, probabilidades de extinción)
- Estimación de parámetros

IPM para evaluar la gestión y hacer proyecciones

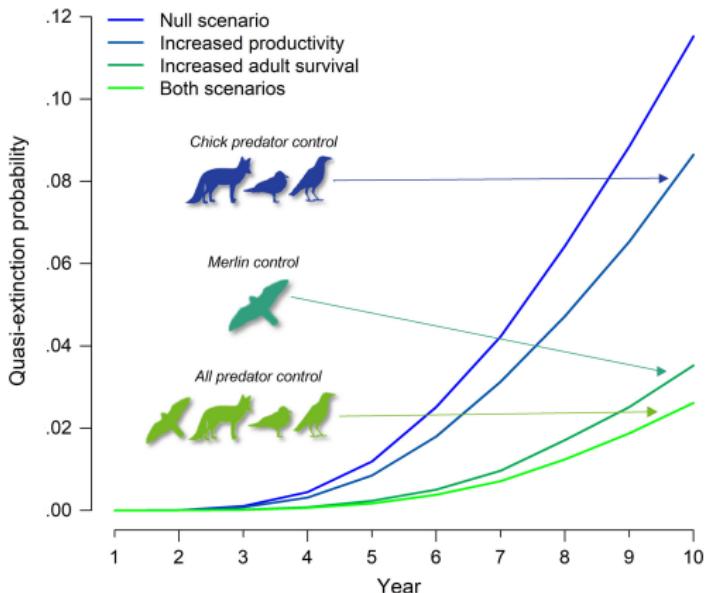


FIGURA: Comparación de las probabilidades acumuladas de cuasi-extinción (población inferior a 15 parejas reproductoras) de los chorlitos de los Grandes Lagos en una proyección a 10 años (2017-2026) en cuatro escenarios de gestión (Saunders et al., 2108)

Referencias I

- Besbeas, P., Freeman, S. N., Morgan, B. J. T., & Catchpole, E. A. (2002). Integrating mark-recapture-recovery and census data to estimate animal abundance and demographic parameters. *Biometrics*, 58(3), 540–7. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12229988>
- Saunders, S. P., Cuthbert, F. J., & Zipkin, E. F. (2018). Evaluating population viability and efficacy of conservation management using integrated population models. *Journal of Applied Ecology*, 55(3), 1380–1392.
doi:10.1111/1365-2664.13080
- Schaub, M., Gimenez, O., Sierro, A., & Arlettaz, R. (2007). Use of integrated modeling to enhance estimates of population dynamics obtained from limited data. *Conservation Biology*, 21(4), 945–955. doi:10.1111/j.1523-1739.2007.00743.x