



**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA INDOAMÉRICA**

**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**

**CARRERA DE BIODIVERSIDAD Y RECURSOS  
GENÉTICOS**

**TEMA:**

---

PROPUESTA DE MODELAMIENTO PREDICTIVO DE LA DISTRIBUCIÓN  
GEOGRÁFICA DE SALVIA (*Salvia spp.*) EN LAS ISLAS GALÁPAGOS.

---

Trabajo de titulación para la obtención del Título de Ingeniero en Biodiversidad  
y Recursos Genéticos

**Autor**

Mariño Robles Ricardo Daniel

**Tutor**

Oleas Gallo Nora Helena Ph.D

**QUITO – ECUADOR**

**2024**

**AUTORIZACIÓN POR PARTE DEL AUTOR PARA LA CONSULTA,  
REPRODUCCIÓN PARCIAL O TOTAL, Y PUBLICACIÓN  
ELECTRÓNICA DEL TRABAJO DE TÍTULACIÓN**

Yo, Ricardo Daniel Mariño Robles, declaro ser autor del Trabajo de Investigación con el nombre “Propuesta de modelamiento predictivo de la distribución geográfica de *Salvia* (*Salvia* spp.) en las islas Galápagos”, como requisito para optar al grado de Ingeniero en Biodiversidad y Recursos Genéticos y autorizo al Sistema de Bibliotecas de la Universidad Tecnológica Indoamérica, para que con fines netamente académicos divulgue esta obra a través del Repositorio Digital Institucional (RDI-UTI).

Los usuarios del RDI-UTI podrán consultar el contenido de este trabajo en las redes de información del país y del exterior, con las cuales la Universidad tenga convenios. La Universidad Tecnológica Indoamérica no se hace responsable por el plagio o copia del contenido parcial o total de este trabajo.

Del mismo modo, acepto que los Derechos de Autor, Morales y Patrimoniales, sobre esta obra, serán compartidos entre mi persona y la Universidad Tecnológica Indoamérica, y que no tramitaré la publicación de esta obra en ningún otro medio, sin autorización expresa de la misma. En caso de que exista el potencial de generación de beneficios económicos o patentes, producto de este trabajo, acepto que se deberán firmar convenios específicos adicionales, donde se acuerden los términos de adjudicación de dichos beneficios.

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Quito, a un día del mes de marzo de 2024, firmo conforme:

Autor: Ricardo Daniel Mariño Robles



Firma:

Número de cédula: 2000129847

Correo electrónico: rm151859@gmail.com

Teléfono: 0961615169

## APROBACIÓN DEL TUTOR

En mi calidad de Tutor del Trabajo de Titulación “PROPUESTA DE MODELAMIENTO PREDICTIVO DE LA DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE SALVIA (*Salvia spp.*) EN LAS ISLAS GALÁPAGOS” presentado por Ricardo Daniel Mariño Robles, para optar por el Título de Ingeniero en Biodiversidad y Recursos Genéticos,

### CERTIFICO

Que dicho trabajo de investigación ha sido revisado en todas sus partes y considero que reúne los requisitos y méritos suficientes para ser sometido a la presentación pública y evaluación por parte del Tribunal Examinador que se designe.

Quito, 1 de marzo de 2024

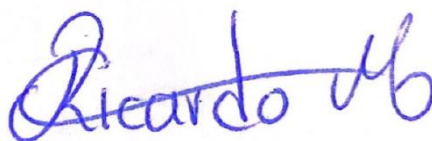
.....

Nora Helena Oleas Gallo, PhD.

## DECLARACIÓN DE AUTENTICIDAD

Quien suscribe, declaro que los contenidos y los resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación, como requerimiento previo para la obtención del Título de Ingeniero en Biodiversidad y Recursos Genéticos, son absolutamente originales, auténticos y personales y de exclusiva responsabilidad legal y académica del autor.

Quito, 1 de marzo de 2024



.....

Ricardo Daniel Mariño Robles

CI: 2000129847

## **APROBACIÓN TRIBUNAL**

El trabajo de Titulación ha sido revisado, aprobado y autorizada su impresión y empastado, sobre el Tema: **PROPUESTA DE MODELAMIENTO PREDICTIVO DE LA DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE SALVIA (*Salvia spp.*) EN LAS ISLAS GALÁPAGOS**, previo a la obtención del Título de Ingeniero en Biodiversidad y Recursos Genéticos, reúne los requisitos de fondo y forma para que el estudiante pueda presentarse a la sustentación del trabajo de titulación.

Quito, 1 de marzo de 2024

.....

Dr. Fabián Santos  
PRESIDENTE DEL TRIBUNAL

.....

Dr. Santiago Bonilla  
VOCAL

**DEDICATORIA**

*Para Edita, Samuel, Marcelo, Catherin, Ibeth, Christian y Mauricio*

## **AGRADECIMIENTOS**

Al mirar hacia atrás en el transcurso de mi carrera académica, no puedo dejar de reflexionar sobre el viaje lleno de desafíos y logros que he experimentado. Este camino no solo ha sido una travesía de conocimiento, sino también un proceso de crecimiento personal y profesional.

Querida mamá, quiero expresar mi profundo agradecimiento a ti, Edita Robles, por ser la fuente inagotable de inspiración y apoyo a lo largo de mi vida y especialmente durante este arduo proceso de tesis. Tu amor incondicional y sabios consejos han sido mi ancla en momentos difíciles, y tu sacrificio y dedicación han sido la luz que ha iluminado mi camino académico.

Quiero expresar mi profundo agradecimiento a Samuel por su apoyo a lo largo de mi trayectoria. Su guía y generosidad han dejado una marca duradera en mi camino. Aprecio especialmente su constante preocupación por mi bienestar, mostrando un interés genuino que va más allá de lo académico.

Querido Marcelo Mariño, gracias por ser mi guía y modelo a seguir. Tu fortaleza y sabiduría han sido pilares fundamentales en mi formación. A mis queridos hermanos, Christian, Catherin, Mauricio e Ibeth, su constante ánimo y compañía han sido fundamentales para superar los desafíos de este viaje académico.

A mis amigos, su apoyo inquebrantable y aliento han sido el combustible que impulsó mi perseverancia. Este logro no solo es mío, sino de todos ustedes que han contribuido de manera significativa en mi vida. Gracias por ser mi red de apoyo incondicional.

En este viaje, me siento profundamente agradecido por el invaluable apoyo y orientación brindados por mi dedicada tutora, Dra. Nora Oleas. Su sabiduría, paciencia y compromiso fueron pilares fundamentales que me permitieron superar obstáculos y alcanzar metas que parecían inalcanzables al principio. Además, quisiera expresar mi gratitud a todas las personas que, de una u otra manera, influyeron en mi desarrollo académico. A cada uno de ustedes, les agradezco sinceramente por contribuir a mi crecimiento y éxito durante esta etapa significativa de mi vida.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

|   |           |
|---|-----------|
| PORTADA.....  | i         |
| AUTORIZACIÓN DEL AUTOR.....   | ii        |
| APROBACIÓN DEL TUTOR.....   | iii       |
| DECLARACIÓN DE AUTENTICIDAD.....  | iv        |
| APROBACIÓN DEL TRIBUNAL.....  | v         |
| DEDICATORIA.....  | vi        |
| AGRADECIMIENTOS.....  | vii       |
| RESUMEN.....  | xi        |
| ABSTRACT.....   | xii       |
| <b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>   | <b>1</b>  |
| 1.1. EL GÉNERO <i>Salvia</i> .....  | 3         |
| 1.2. DISTRIBUCIÓN DE <i>Salvia</i> EN EL ECUADOR.....   | 7         |
| 1.2.1. <i>Salvia</i> en las islas Galápagos.....  | 8         |
| 1.3. MODELAMIENTO PREDICTIVO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES...   | 12        |
| 1.4. MÉTODOS DE MODELAMIENTO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES .  | 17        |
| 1.4.1. Métodos basados en regresión.....  | 17        |
| 1.4.2. Métodos basados en árboles.....  | 19        |
| 1.4.3. Otros métodos.....   | 23        |
| 1.5. POTENCIAL DEL MODELAMIENTO PREDICTIVO DE DISTRIBUCIÓN<br>DE ESPECIES DE <i>Salvia</i> EN EL ARCHIPIÉLAGO DE GALÁPAGOS..... | 24        |
| 1.6. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN.....   | 25        |
| 1.6.1. <i>Objetivo general</i> .....  | 25        |
| 1.6.1. <i>Objetivos específicos</i> .....   | 25        |
| <b>2. METODOLOGÍA.....</b>  | <b>26</b> |
| 2.1. ÁREA DE ESTUDIO.....   | 26        |
| 2.2. REGISTROS DE <i>Salvia</i> spp.....  | 28        |
| 2.3. VARIABLES CLIMÁTICAS.....  | 29        |
| 2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS.....   | 30        |
| <b>3. RESULTADOS ESPERADOS.....</b>   | <b>34</b> |
| <b>4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....</b>   | <b>36</b> |
| <b>5. CRONOGRAMA.....</b>   | <b>40</b> |
| <b>6. LITERATURA CITADA.....</b>  | <b>42</b> |



## ÍNDICE DE FIGURAS

|   |    |
|---|----|
| <b>Fig. 1.</b> Distribución de <i>Salvia</i> en Ecuador.....  | 6  |
| <b>Fig. 2.</b> Especies del género <i>Salvia</i> en las islas Galápagos.....  | 11 |
| <b>Fig. 3.</b> Diagrama de pasos para un modelamiento predictivo de distribución de especies.....                       | 13 |
| <b>Fig. 4.</b> Esquema conceptual del modelamiento de distribución de especies.....                                     | 15 |
| <b>Fig. 5.</b> Esquema de funcionamiento de Random Forest.....  | 22 |
| <b>Fig. 6.</b> Las islas Galápagos y la distribución de las seis especies de <i>Salvia</i> .....                        | 27 |
| <b>Fig. 7.</b> Ejemplificación del funcionamiento del algoritmo de Random Forest.....                                   | 32 |
| <b>Fig. 8.</b> Ejemplo de resultados de modelamiento predictivo de distribución de especies en las islas Galápagos..... | 29 |

## ÍNDICE DE TABLAS

**Tabla 1.** Registros de *Salvia* en Ecuador.....8

**Tabla 2.** Escenarios de las Trayectorias Socioeconómicas Compartidas.....16

**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA INDOAMÉRICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**  
**CARRERA DE INGENIERÍA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS**  
**GENÉTICOS**

**TEMA:** PROPUESTA DE MODELAMIENTO PREDICTIVO DE LA  
DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE SALVIA (*Salvia spp.*) EN LAS ISLAS  
GALÁPAGOS

**AUTOR:** Ricardo Daniel Mariño Robles

**TUTOR:** Nora Helena Oleas Gallo, PhD.

**RESUMEN EJECUTIVO**

Los modelos de distribución de especies han tomado fuerza en la conservación para predecir cómo será la distribución de especies bajo escenarios de cambio climático. Las islas Galápagos comprenden un ecosistema frágil ante el cambio climático y las especies invasoras. Allí se conocen seis especies de *Salvia*: una nativa (*S. occidentalis*), tres introducidas (*S. leucantha*, *S. rosmarinus* y *S. sagittata*), y dos endémicas (*S. pseudoserotina* y *S. prostrata*). Se desconoce el efecto que el clima futuro tendría en estas especies, ya sea que las que son endémicas se vean amenazadas porque ya no existen las condiciones ideales para su supervivencia o que las especies introducidas encuentren favorables las mismas condiciones y colonicen nuevos lugares. Esta propuesta de investigación plantea realizar un modelamiento predictivo de la distribución de las especies de *Salvia* en las islas Galápagos para evaluar su potencial impacto en la biodiversidad. Se plantea usar el algoritmo Random Forest, puesto que funciona mejor para especies con pocos registros de presencia, como es el caso de las especies de *Salvia* en las islas Galápagos. Los registros de presencia de las especies serían obtenidos de GBIF y la Fundación Charles Darwin y las variables climáticas de Worldclim. Todo el modelo se correría utilizando Salford Predictive Modeler. Si se realiza este estudio, se espera obtener una base de datos curada con todos los registros de las especies, un modelo de distribución de especies usando Random Forest ajustado para el estudio de caso y los seis mapas de distribución, uno para cada especie de *Salvia* de Galápagos. Con esta información sería posible generar planes de conservación para las especies endémicas o de erradicación para las introducidas, en caso de ser necesario.

**Descriptores:** clima futuro, distribución, Galápagos, modelamiento, *Salvia*

**UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA INDOAMÉRICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DEL MEDIO AMBIENTE**  
**CARRERA DE INGENIERÍA EN BIODIVERSIDAD Y RECURSOS**  
**GENÉTICOS**

**THEME:** PROPOSAL FOR PREDICTIVE MODELING OF THE GEOGRAPHIC DISTRIBUTION OF SALVIA (*Salvia* spp.) IN THE GALAPAGOS ISLANDS.

**AUTHOR:** Ricardo Daniel Mariño Robles

**TUTOR:** Nora Helena Oleas Gallo, PhD.

**ABSTRACT**

Species distribution models have been widely in conservation to predict species distributions under climate change scenarios. The Galapagos Islands comprise a fragile ecosystem vulnerable to climate change and invasive species. Six *Salvia* species are known there: one native (*S. occidentalis*), three introduced (*S. leucantha*, *S. rosmarinus* and *S. sagittata*), and two endemic (*S. pseudoserotina* and *S. prostrata*). The potential impact of future climate conditions on *Salvia* species remains uncertain, whether the endemic ones are threatened because the ideal survival conditions no longer exist, or the introduced ones find the same conditions favorable and colonize new places. This research proposal presents a predictive distribution modeling of *Salvia* species in the Galapagos Islands to evaluate their potential impact on biodiversity. The Random Forest algorithm is proposed to model the species distribution since it works best for species with few occurrence records, as is the case of *Salvia* species in the Galapagos Islands. Presence records for the six *Salvia* species will be obtained from GBIF and Charles Darwin Foundation, and pseudo-absence records will be generated using Geospatial Modeling Environment. Bio-climatic variables will be obtained from Worldclim. The model will be run in Salford Predictive Modeler. If this study is carried out, we expect to obtain a database with all the species records, a species distribution model using Random Forest adjusted for the case study, and the six distribution maps, one for each species of *Salvia* in Galapagos. With this information it would be possible to elaborate conservation plans for the endemic species or eradication plans for the introduced species.

**Keywords:** distribution, future climate, Galápagos, modeling, *Salvia*

## **1. INTRODUCCIÓN**

Ecuador es considerado un país megadiverso y uno de sus grandes retos es la responsabilidad de su conservación (Bravo Velásquez, 2014). En el país se han identificado aproximadamente 17 548 especies nativas de plantas vasculares (Ulloa-Ulloa et al., 2017). Sin embargo, se calcula que podrían llegar a ser 25 000 especies (Neill, 2012). Se conoce que, de la amplia gama de diversidad de especies que posee el mundo, únicamente el 30% ha sido descubierto o investigado (Mora et al., 2021).

En las islas Galápagos existen 560 especies de plantas nativas, de las cuales 180 son endémicas, y 700 especies han sido introducidas a consecuencia de las actividades humanas (Romoleroux, 2009). Las Islas Galápagos y sus ecosistemas interdependientes son afectados de manera negativa principalmente por cuatro amenazas: la introducción de especies exóticas invasoras, cambio climático, aumento de la población humana y el crecimiento del turismo (Mena et al., 2020). Entre estas amenazas, la invasión biológica representa la mayor y más significativa amenaza para la biodiversidad en las Islas Galápagos (Tye et al., 2002). Además, las especies nativas pueden ser afectadas por las especies invasoras mediante depredación, competencia, entre otras (Golubov et al., 2014).

Las especies invasoras son particularmente peligrosas para los ecosistemas insulares, ya que estos generalmente están alejados del continente, tienen poca diversidad y alto nivel de endemismo, como es el caso de Galápagos (Mauchamp, 1997). En este sentido, las especies endémicas de las islas son más susceptibles a la

llegada de especies invasoras, considerando el alto nivel de especificidad de nichos ecológicos que suelen tener, lo que contrasta con el hábito generalista de las especies invasoras (Mooney y Cleland, 2001). Uno de los casos de plantas invasivas en Galápagos que mejor se ha documentado es el de la guaba común (*Psidium guajava*), que fue introducida en las islas a finales del siglo XIX (Walsh et al., 2018). Ahora es considerada una especie altamente invasiva en Galápagos, puesto que crece tanto en bosques naturales como en áreas intervenidas de las islas con población humana (Tyle et al., 2016; Walsh et al., 2018). Usando el modelamiento de distribución de especies en conjunto con métricas de aptitud poblacional y análisis geoespaciales, se ha encontrado que *P. guajava* está desplazando a la especie endémica guayabillo (*Psidium galapageium*) de las zonas en las que antes habitaba esta especie (Reatini et al., 2022).

En este sentido, el modelamiento de distribución de especies es una herramienta muy versátil para la conservación (Porfirio et al., 2014). Por un lado, nos permite conocer la distribución potencial de especies en peligro y a la vez, puede identificar el área de expansión de especies introducidas (Srivastava et al., 2019). La presente propuesta de investigación se enfoca en plantear un estudio de modelamiento predictivo del género *Salvia* en las islas Galápagos.

### 1.1. EL GÉNERO *Salvia*

El género *Salvia* es el más abundante de la familia Lamiaceae (Cornejo-Tenorio e Ibarra-Manríquez, 2011). La familia Lamiaceae engloba una amplia variedad de hierbas, arbustos y árboles caracterizados por la presencia de tallos de sección cuadrangular y un distintivo aroma a menta (Xu et al., 2017). A pesar de que Lamiaceae se distribuye a nivel global, su punto focal de diversidad se encuentra principalmente en ecosistemas terrestres de clima templado (Martínez-Gordillo et al., 2017). Lamiaceae también es reconocida por su aplicación en la medicina tradicional para tratar enfermedades con síntomas de inflamación y dolor (Hernández-León et al., 2021). En Ecuador se han registrado 27 géneros de la familia Lamiaceae, entre ellos el género *Salvia* (León-Yáñez et al., 2019).

El nombre *Salvia* proviene del latín *salvare*, lo cual quiere decir curar, haciendo referencia a las propiedades medicinales de la planta. El nombre fue acuñado en 1753, por Carl Von Linné, un naturalista sueco que ideó el sistema de nomenclatura binomial para la clasificación de las plantas y animales, incluyendo algunas especies del género *Salvia* (Zaragoza, 2009). La principal característica de este género es la forma de sus estambres, pues tienen una estructura y funcionalidad similares a las de una palanca, lo que confiere una innovación esencial para *Salvia* (Claßen-Bockhoff et al., 2004).

El origen de *Salvia* se remonta al Oligoceno, donde apareció por primera vez en el sudoeste de Asia (Kriebel et al., 2019). Se conoce que la evolución ha llevado a *Salvia* a desarrollar compuestos químicos altamente especializados, como los aceites

esenciales, que le confieren propiedades medicinales y aromáticas únicas (Lubbe y Verpoorte, 2011). La domesticación de *Salvia* tuvo lugar hace 2 000 años, cuando se comenzó a cultivar con la finalidad de aprovechar sus propiedades medicinales y culinarias (Hester, 2021). Los restos de hojas de *Salvia* que se han encontrado en yacimientos neolíticos indican que esta planta ha estado presente en la vida cotidiana de los humanos durante miles de años (Will y Claßen-Bockhoff, 2017). Estos primeros indicios y el origen de *Salvia* han sido fundamentales para comprender su importancia histórica y su relevancia actual en diferentes culturas (Casas et al., 2016).

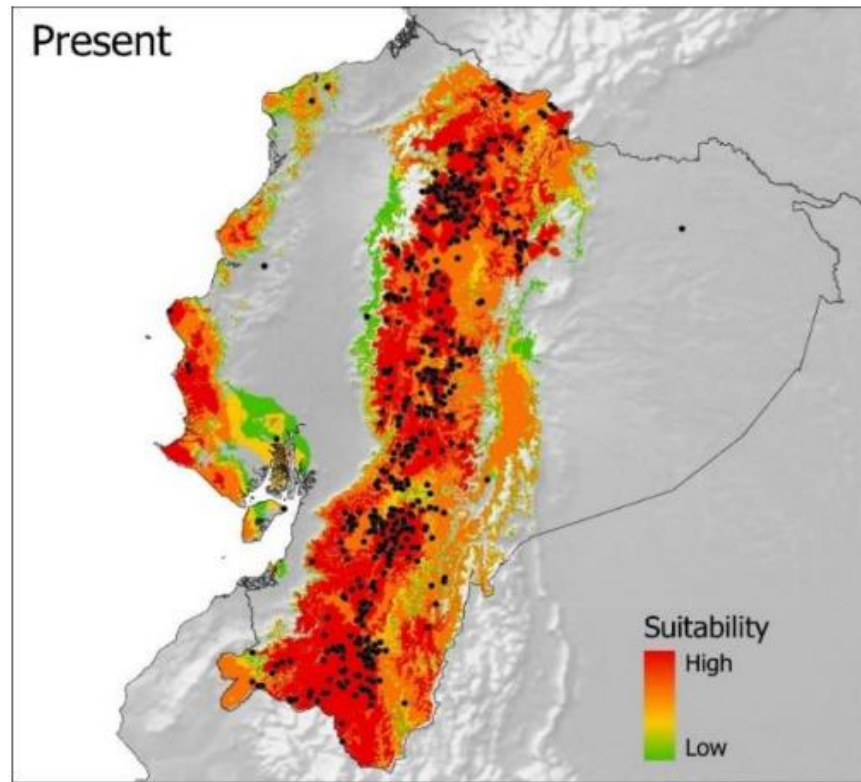
Existen alrededor de 980 especies del género *Salvia* que se encuentran distribuidas en regiones tropicales y templadas (Will y Claßen-Bockhoff, 2017). En América central y del sur se conocen alrededor de 500 especies, en el Mediterráneo y Asia central supera las 250 especies y Asia oriental alrededor de 90 especies (Walker et al., 2004). Sin embargo, *Salvia* no es un género monofilético, ya que las especies que abarca no tienen el mismo origen ancestral. Estudios filogenéticos revelan que *Salvia* es un género polifilético con al menos cuatro clados o linajes evolutivos, que coinciden a la vez con su distribución. En este sentido, el Clado II pertenece al continente americano, el Clado III está presente del sudoeste de Asia al norte de África y el Clado IV al este de Asia. Solamente el Clado I está conformado por varios subclados que incluyen especies del nuevo y antiguo continente (Will y Claßen-Bockhoff, 2017).

En América, el subgénero monofilético *Calosphace*, exclusivo del continente, cuenta con más de la mitad de las especies del género *Salvia* en todo el mundo (Harley et al., 2004; dos Santos, 1995). La expansión de *Salvia* hacia América del sur empezó



a mediados del Mioceno a través del Istmo de Panamá (Kriebel et al., 2019). Evidencia filogenética muestra que el origen de *Calosphace* se encuentra en México y Centroamérica (Jenks et al., 2013; Fragoso-Martínez et al., 2018) y que existieron al menos 12 eventos de distribución, independientes entre sí, hacia América del sur, principalmente hacia los países atravesados por la Cordillera de los Andes (Fragoso-Martínez et al., 2018). Además, se estima que la formación de la cordillera pudo jugar un papel fundamental en la diversificación de especies del subgénero (Fragoso-Martínez et al., 2018).

En Ecuador, el género *Salvia* cuenta con 41 especies (Peñañiel Cevallos, 2022), siendo 17 de ellas endémicas (Gonzales-Gallegos et al., 2020). Se cree que la dispersión del género en Ecuador pudo ocurrir a través de diferentes mecanismos como la migración de aves, la acción de corrientes marinas o incluso la intervención humana, pero no se encontraron estudios específicos para el país. Por su parte, las especies nativas de *Salvia* en Ecuador han demostrado adaptaciones únicas a las condiciones ambientales de esta región, como la tolerancia a altitudes variables y a los diferentes tipos de suelo (Rodríguez y Meza., 2016). Además, se ha encontrado evidencia de su uso en antiguas culturas ecuatorianas y hasta la actualidad (Bussmann y Sharon, 2006). También se han descubierto residuos de plantas del género en sitios precolombinos, lo que sugiere que el género ha sido usado durante mucho tiempo (Casas et al., 2016).



**Figura 1.** Distribución geográfica de *Salvia* en Ecuador. Fuente: Peñafiel Cevallos (2022).

Las especies de *Salvia* no solo enriquecen los paisajes con sus hermosas flores y follaje, sino que también funcionan como nodos clave en las redes de polinización, aportando néctar a una diversidad de polinizadores, desde colibríes hasta abejas nativas (Celep et al., 2020, Wester et al., 2020). Además, tiene varios usos para los ecuatorianos. Varias especies son cultivadas para forraje (Cerón y Quevedo, 2002), otras especies son usadas como condimento o para crear cercas vivas (i.e. *Salvia quitensis*), para curar males gastrointestinales o aliviar dolores menstruales (i.e. *Salvia coccinea*; De la Torre et al., 2008). Son parte importante también de rituales

medicinales (i.e. limpiar mal aire, baños de suerte) de culturas indígenas en nuestro país, como la Kichwa y Tsa'chi (De la Torre et al., 2008). Considerando el uso medicinal de *Salvia*, el género se ha convertido en objeto de estudio para la búsqueda de compuestos con propiedades medicinales (Uysal et al., 2023). En resumen, *Salvia* en Ecuador ejemplifica la interconexión entre la diversidad botánica, la ecología y el conocimiento ancestral, desempeñando un papel trascendental en la comprensión y preservación de la riqueza natural de este país.

## 1.2. DISTRIBUCIÓN DE *Salvia* EN EL ECUADOR

El género *Salvia* se encuentra distribuido en todas las provincias del Ecuador (GBIFa, 2023). La base de datos de *Salvia* en Ecuador, generada por Peñafiel Cevallos (2022), cuenta con 1 015 registros. La región con más registros del género es la zona Interandina con 906 registros (Peñafiel Cevallos, 2022; Fig. 1; Tabla 1). En el caso de las Galápagos, se encontraron 91 registros del género (GBIFb, 2023). En ciertos casos, la información tiene limitaciones o restricciones, debido a que algunas especies se encuentran en peligro y están protegidas. Por ejemplo, *Salvia prostatus* se encuentra catalogada como especie en peligro según la lista roja de la UICN (Peñafiel Cevallos, 2022).

**Tabla 1.** Registros de *Salvia* en Ecuador. Se mencionan las provincias con más registros por región. Fuente: Peñafiel Cevallos (2022).

| REGIÓN          | PROVINCIA            | NÚMERO DE REGISTROS |
|-----------------|----------------------|---------------------|
| Sierra (87.5%)  | Loja                 | 189                 |
|                 | Pichincha            | 185                 |
|                 | Chimborazo           | 149                 |
|                 | Azuay                | 141                 |
| Amazonía (9.7%) | Napo                 | 57                  |
|                 | Zamora Chinchipe     | 19                  |
| Costa (2.5%)    | Todas las provincias | 26                  |

### 1.2.1. *Salvia en las islas Galápagos*

Las especies de *Salvia* que se encuentran presentes en las islas Galápagos pudieron haber llegado a través de diferentes factores. Se postula que las semillas de este género pudieron haber sido transportadas a las islas por medio de aves migratorias o también mediante acción de las corrientes marinas y fuertes vientos desde regiones cercanas del Ecuador continental (García, 1991). Se estima que las semillas de *Salvia* tienen la capacidad de resistir a condiciones adversas y a flotar, lo que pudo facilitar su llegada a las Galápagos. Asimismo, la ausencia de herbívoros terrestres en las islas y la poca competencia que existe con otras especies de fauna nativa podrían haber contribuido al éxito de su colonización. Por ende, la aparición de *Salvia* en el archipiélago se debería a la dispersión de sus semillas y a las condiciones favorables

encontradas en el ecosistema lo que ha permitido la adaptación y supervivencia durante los años (Anzolín, 2021).

Se conocen seis especies de *Salvia* en Galápagos (Fig. 2 y Fig. 3). De estas, una es nativa (*S. occidentalis*), dos son endémicas (*S. prostrata* y *S. pseudoserotina*) y tres son introducidas (*S. leucantha*, *S. rosmarinus* y *S. sagittata*). Las dos especies endémicas de *Salvia* en Galápagos están catalogadas como En Peligro (León Yáñez *et al.*, 2011).

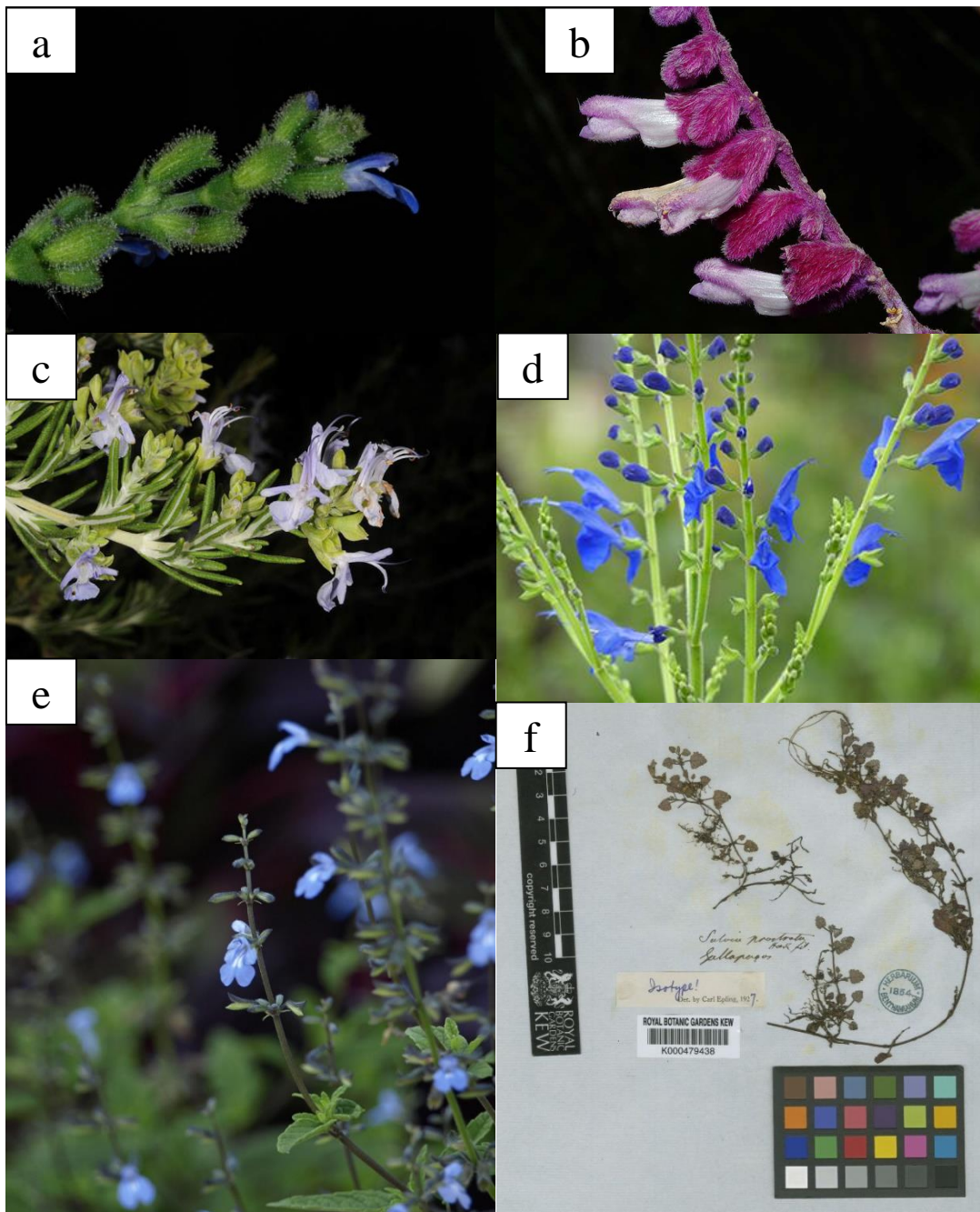
*Salvia occidentalis* (Fig. 2a) está distribuida desde el sur de Florida (Estados Unidos) hacia el Caribe y de México hasta el oeste de América del sur (POWO, 2023a). Está catalogada como Preocupación Menor por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN; Khela, 2013). En las islas Galápagos está presente en las islas Santa Cruz, Baltra, San Cristobal, Isabela, Fernandina, Pinta y Floreana (Fundación Charles Darwin, 2023a).

Por su parte, la especie introducida *S. leucantha* (Fig. 2b) es nativa de Costa Rica, El Salvador, Honduras y gran parte de México (POWO, 2023b). En el archipiélago se encuentra en las islas Isabela y Santa Cruz, es dependiente de los humanos para sobrevivir y al parecer es inofensiva para la fauna nativa (Fundación Charles Darwin, 2023b).

*Salvia rosmarinus* (Fig. 2c) es otra de las especies introducidas en las islas Galápagos, ya que es nativa del Mediterráneo (POWO, 2023c). Se registra solamente en la isla Santa Cruz y tiene las mismas características de especie introducida que *S.*

*leucantha* (Fundación Charles Darwin, 2023c). Finalmente, *S. sagittata* (Fig. 2d) es nativa del Ecuador continental, Colombia y Perú (POWO, 2023d) y fue introducida intencionalmente en el archipiélago a través de la agricultura (Fundación Charles Darwin, 2023d). Está presente en las islas Santa Cruz y Floreana, donde se encuentra naturalizada (Fundación Charles Darwin, 2023d).

En cuanto a las especies endémicas, *Salvia pseudoserotina* (Fig. 2e) está localmente limitada a las islas Floreana, San Cristóbal e Isabela, y se cree que su distribución ha sido afectada por pérdida de hábitat y la presión de especies introducidas (Moscoso et al., 2011). *Salvia prostrata* (Fig. 2f) está distribuida en las islas San Cristóbal, Santiago y Floreana. Sus registros son recientes y todas las poblaciones se encuentran afectadas por pérdida de hábitat y presión de las especies introducidas. Ambas especies está en la categoría En Peligro (Moscoso et al., 2011).



**Figura 2.** Especies del género *Salvia* en las islas Galápagos. **a.** *S. occidentalis*, nativa. Foto: POWO, 2023a. **b.** *S. leucantha*, introducida. Foto: POWO, 2023b. **c.** *S. rosmarinus*, introducida. Foto: POWO, 2023c. **d.** *S. sagittata*, introducida. Foto: M. Tipping. **e.** *S. pseudoserotina*, endémica. Foto: HVAA/Scott Zona, 2023. **f.** *S. prostrata*, endémica. Foto: Espécimen K000479438 del Herbario, RBG Kew, POWO, 2023e.

### 1.3. MODELAMIENTO PREDICTIVO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES

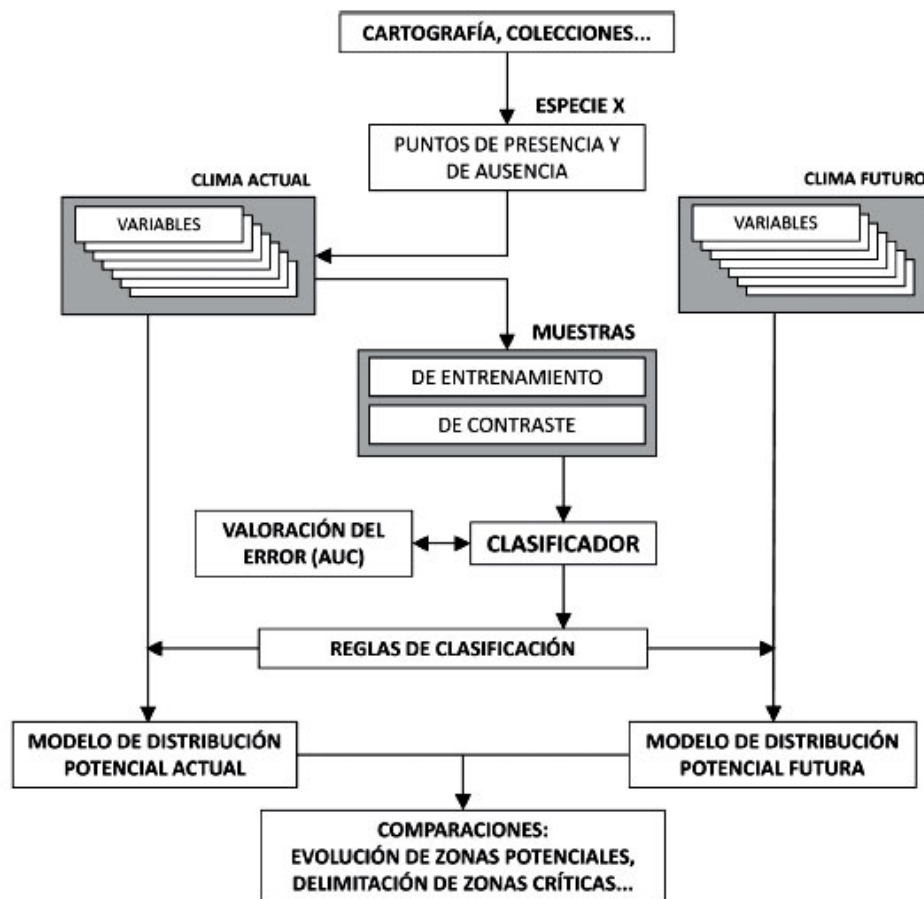
El modelamiento predictivo se basa en el uso de variables ambientales (i.e. clima, suelo y relieve) que influyen en la distribución de las especies, junto a técnicas estadísticas y computacionales (i.e. modelos de nicho ecológico), para proyectar la distribución potencial de las especies bajo diferentes escenarios climáticos (Srivastava et al., 2019). Estos modelos permiten el muestreo de las especies extrapolando los registros existentes del objeto de estudio, ya sean estos datos colectados en campo o recopilados de museos/herbarios, hacia todos los sitios donde podría estar la especie (Rodríguez et al., 2007).

Gracias a su funcionamiento, se facilita encontrar nuevas poblaciones de las especies estudiadas sin necesidad de ir previamente a los sitios arrojados por el modelo (Oleas et al., 2014). Así, el muestreo de las especies es mucho más eficiente y los fondos económicos de investigación se aprovecharían mejor. Entre otras aplicaciones que tiene el modelamiento predictivo de especies está la evaluación de la representación de las especies en las áreas protegidas, estimar la respuesta de las especies y de las áreas protegidas al cambio climático global, cuantificar el impacto del cambio del uso de la tierra y evaluar la influencia de las especies exóticas (Rodríguez et al., 2007).

A lo largo de los años, se han desarrollado varios métodos, programas y algoritmos para modelar la distribución de las especies. Con el número creciente de opciones para un solo objetivo, se han realizado varias revisiones y evaluaciones con



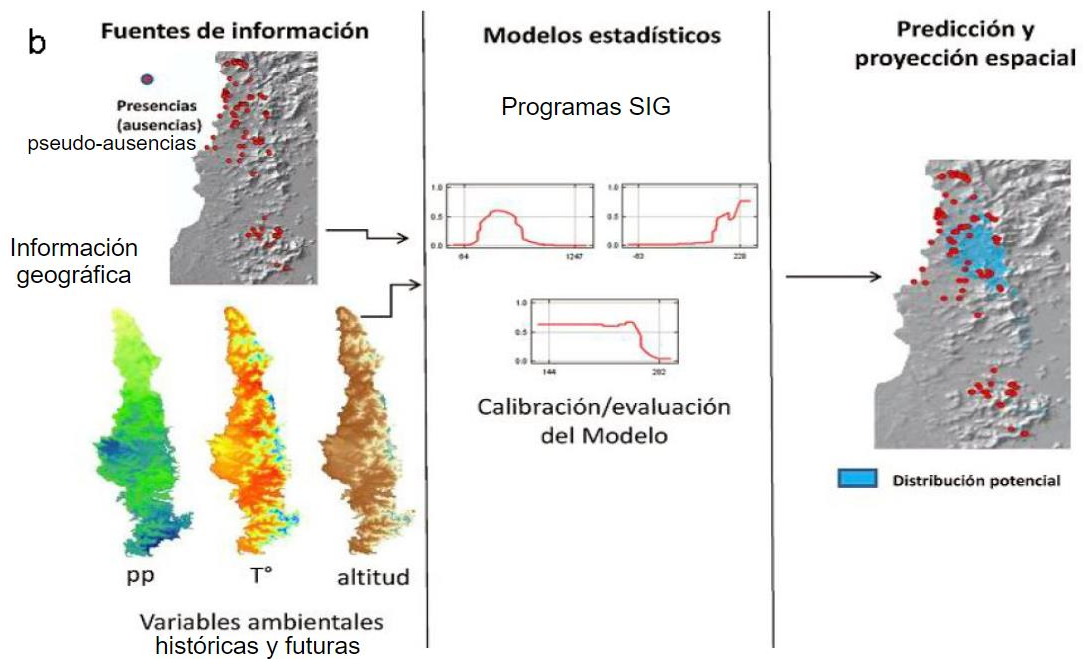
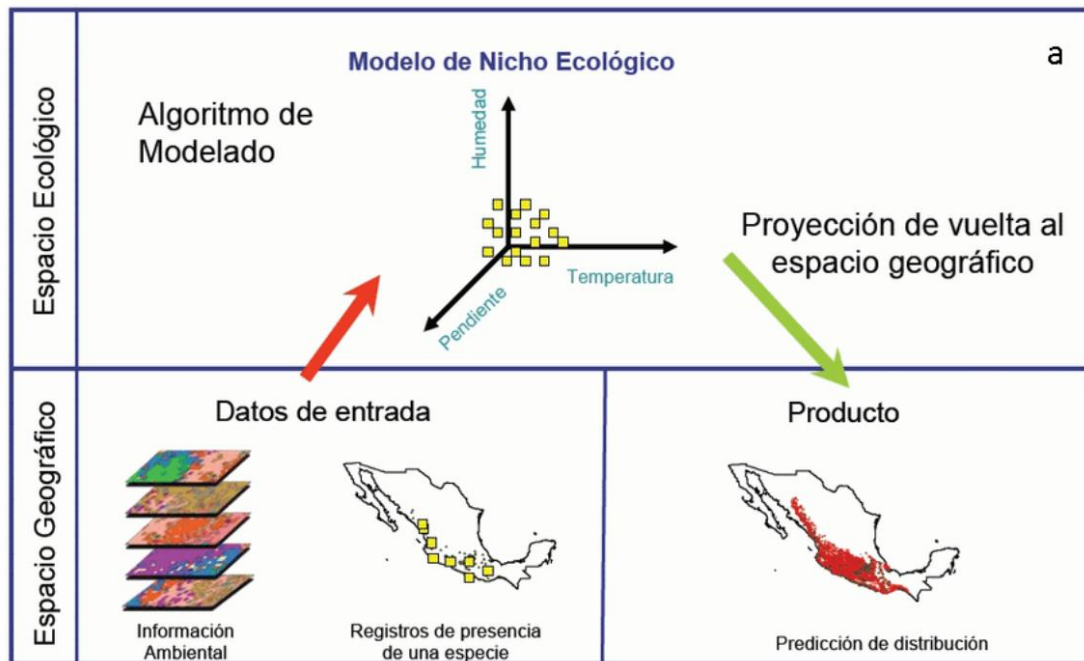
el fin de determinar cuál funciona mejor (i.e. Elith et al., 2006; Bahn y McGill et al., 2013; Shabani et al., 2016; Elith et al., 2020; Valavi et al., 2022). En ellos, se menciona que hay varios factores que deben considerarse para crear un modelo de distribución de especies que se ajuste bien para el caso de estudio. La disponibilidad de registros de la especie, de datos climáticos, el algoritmo escogido y los parámetros establecidos al correr el modelo son algunos ejemplos de los elementos que pueden influir en el comportamiento del modelo (Araújo et al., 2019; Valavi et al., 2022).



**Figura 3.** Diagrama de pasos y procesos para realizar un modelamiento predictivo de distribución de especies. Fuente: Mateo et al. (2011).

Según lo revisado en la literatura sobre estudios de modelamiento de distribución de especies, se ha visto que para generarlos se necesita esencialmente 1) registros históricos de las especies de estudio, 2) registros climáticos de los sitios donde habitan las especies, como también de los sitios donde se quiere predecir su presencia, 3) información geográfica de los sitios, 4) programas que manejen Sistemas de Información Geográfica, así como programas estadísticos, 5) un set de datos de pseudo ausencia de las especies de estudio, 6) un algoritmo que se ajuste bien al sistema a estudiar y 7) análisis estadísticos que permitan evaluar la validez del modelo realizado. En el caso del modelamiento predictivo, también son necesarios los datos climáticos futuros y un modelo climático global.

Los modelos climáticos globales representan las interacciones entre los procesos físicos, químicos y biológicos que influyen en el sistema climático para realizar proyecciones del clima futuro (IPCC, 2022). Para conseguirlo, también se apoyan en las Trayectorias Socioeconómicas Compartidas (SSP, por sus siglas en inglés) para realizar sus proyecciones y modelamientos. Las SSP presentan proyecciones de escenarios socioeconómicos futuros, pero no consideran los efectos del cambio climático ni asumen nuevas políticas climáticas. Las proyecciones cuantitativas de las SSP incluyen factores socioeconómicos como la población, el producto interior bruto (PIB) y la urbanización (Begum et al., 2022).



**Figura 4.** Esquema conceptual de a. modelamiento de distribución de especies y b. modelamiento predictivo de especies. Fuente: a. Luján Paredes (2016) y b. Pliscoff y Fuentes-Castillo (2011), modificado por el autor.

**Tabla 2.** Escenarios de las Trayectorias Socioeconómicas Compartidas (SSP, por sus siglas en inglés), junto al incremento de temperatura estimado para el periodo entre los años 2081–2100 según las proyecciones climáticas futuras. Fuente: IPCC (2022). Elaborada por el autor.

| <b>SSP</b>  | <b>ESCENARIO</b>   | <b>INCREMENTO DE TEMPERATURA ESTIMADO (2081–2100)</b> |
|---|--|---|
| <p><b>SSP1: 1 – 1.9</b><br/>Sustentabilidad (Tomando el camino verde)</p> | <p>Camino hacia un mundo sostenible y verde, enfatizando un desarrollo inclusivo que respeta los límites ambientales predichos. Se reduce la inequidad dentro de los países y entre ellos. El consumo es orientado a un crecimiento material bajo e intensidad de recursos y energía aún más baja.</p>           | <p>Promedio: 1.4 °C<br/>Rango: 1.0 – 1.8 °C</p>       |
| <p><b>SSP2: 1 – 2.6</b><br/>La mitad del camino</p>                       | <p>Cooperación entre estados donde el crecimiento de la población mundial es moderado. Representa la trayectoria media de futuras emisiones de gases de efecto invernadero con escenarios que asumen medidas de protección climática.</p>  | <p>Promedio: 1.8 °C<br/>Rango: 1.3 – 2.4 °C</p>       |
| <p><b>SSP3: 2 – 4.5</b><br/>Rivalidad regional (Un camino pedregoso)</p>  | <p>Los países se centran en alcanzar metas de energía y seguridad alimentaria dentro de sus propias regiones. Las políticas se centran en cuestiones de seguridad. Hay escasa prioridad internacional para tratar los problemas ambientales, por lo que algunas regiones sufren daños ambientales drásticos.</p> | <p>Promedio: 2.7 °C<br/>Rango: 2.1 – 3.5 °C</p>       |
| <p><b>SSP4: 3 – 7.0</b><br/>Inequidad (Un camino dividido)</p>            | <p>Gran inequidad en inversiones en capital humano, junto a una creciente desigualdad de oportunidades económicas y poder político. Desarrollo</p>   | <p>Promedio: 3.6 °C<br/>Rango: 2.8 – 4.6 °C</p>       |

|  |   |   |
|--|---|---|
|  | tecnológico e innovación basándose en una explotación intensificada de recursos de combustibles fósiles.  |   |
| <b>SSP5: 5 – 8.5</b><br>Desarrollo impulsado por combustibles fósiles (Tomando la autopista) | El impulso para el desarrollo social y económico va de la mano con la explotación de combustibles fósiles y la adopción de estilos de vida que usan intensamente recursos y energía alrededor del mundo. Hay esperanza en la habilidad de manejar efectivamente los sistemas sociales y ecológicos. | Promedio: 4.4 °C<br>Rango: 3.3 – 5.7 °C |

#### 1.4. MÉTODOS DE MODELAMIENTO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES

Para presentar los métodos más utilizados para el modelamiento de distribución de especies, se utilizará la clasificación de Valavi et al. (2022). Dicha investigación divide a los distintos modelos en tres categorías según el método que utilizan para obtener resultados: basados en regresión, basados en árboles y otros métodos. A continuación, se describirán algunos de los métodos más mencionados de cada categoría.

##### *1.4.1. Métodos basados en regresión*

Uno de los programas más usados para modelar la distribución de especies es MaxEnt (Phillips et al., 2006), ya que generalmente funciona mejor que otros programas y es fácil de usar (Merow et al., 2013). MaxEnt se basa en el principio de máxima entropía para evaluar qué tan idóneo es un hábitat basándose en las variables ambientales del mismo con el fin de encontrar sitios de distribución potenciales para la especie de estudio (Phillips et al., 2006). Este programa usa un modelo de correlación entre las variables ambientales y los registros de presencia de la especie (Srivastava et al., 2019). Actualmente, también se utiliza la implementación MaxNet (Phillips et al., 2017) para ajustar el modelo de MaxEnt. Para lograrlo, MaxNet usa regresiones logísticas infinitamente ponderada (Fithian y Hastie, 2013).

Antes del auge y la popularidad de MaxEnt, los Modelos Lineales Generalizados (GML por sus siglas en inglés) eran los más utilizados entre los modelos con enfoque de regresión. Los GML utilizan funciones paramétricas para modelar la relación entre los predictores y las variables de respuesta, contrario a los Modelos Aditivos Generalizados (GAM por sus siglas en inglés) que usan funciones no paramétricas para permitir que las funciones ajustadas no sean lineales solamente (Valavi et al. 2022). Finalmente, los GML pueden ser ajustados con los métodos de regularización modernos (Reineking, 2006), lo que le confiere muchas variaciones dependiendo del método que se utilice.

Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS) es un algoritmo no paramétrico que utiliza varios modelos de regresión lineal en el rango de los valores predictivos. Para lograrlo, secciona los datos y realiza un modelo de regresión lineal

para cada set de datos. Además, MARS no asume que todos los coeficientes de las variables predictoras son constantes a través de los valores de los predictores, contrario a los modelos GML explicado anteriormente (Biosecurity Commons, 2023a).

#### *1.4.2. Métodos basados en árboles*

Este tipo de modelos son no lineales y no paramétricos, caracterizados por su capacidad para dividir a los predictores en subconjuntos de valores similares de datos de la variable de respuesta (Elith, 2019). A pesar de que se puede utilizar solo un árbol de decisión para realizar un modelamiento de distribución de especies, se ha visto que correr varios árboles de decisiones utilizando un mismo algoritmo arroja resultados más precisos en términos predictivos (Hastie et al., 2009).

Los algoritmos desarrollados bajo el método de elaboración de modelos matemáticos Machine Learning Algorithm están tomando gran acogida en el mundo del modelamiento de distribución de especies. El algoritmo Classification and Regression Trees (CART; Breiman et al., 1984) que usa árboles para buscar formas de segmentar los datos según los distintos valores y combinaciones de predictores. Luego, selecciona los segmentos con mejores resultados y repite el proceso recursivamente hasta encontrar el conjunto de variables y datos óptimos. El resultado es un árbol de decisión con una serie de divisiones binarias unidas por nodos terminales que pueden describirse mediante un conjunto de reglas específicas (Minitab, 2023a).

Otro tipo de modelo que utiliza árboles de decisión es la Red Neuronal Artificial, que se basa en el funcionamiento del cerebro humano para simular el

procesamiento de información que realizan las neuronas para resolver un problema. Es un modelo simplificado donde un gran número de unidades de procesamiento interconectadas trabajan simultáneamente a través de tres tipos de capas. Los datos ingresan por la capa de entrada para luego ser procesados en una o más capas ocultas y finalmente arrojar los resultados del análisis por la capa de salida. Todas las capas están conectadas por las variables o ponderaciones (IBM, 2021). La ventaja de este algoritmo es que existe un proceso de entrenamiento mientras se analizan los datos. El algoritmo aprende sobre el modelo examinando los registros individuales y generando una predicción de resultado para cada registro (Williams et al., 2009). Cuando se empieza a correr el análisis y las predicciones son incorrectas, se presentan ejemplos con resultados ya conocidos para el algoritmo y se comparan con los resultados ya obtenidos. La información que resulta de esta comparación se circula de atrás hacia adelante por las capas mencionadas anteriormente y las ponderaciones son modificadas para obtener una respuesta más correcta (IBM, 2021).

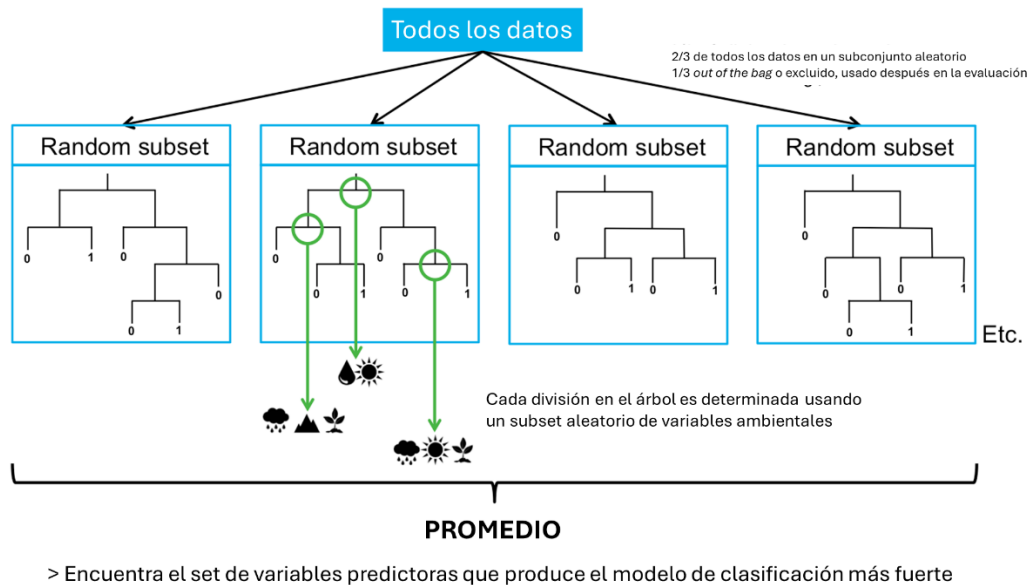
El Boosted Regression Tree (BRT) es un modelo que combina el algoritmo de los árboles de decisión y los métodos de potenciación (BCCVL, 2021). Este modelo tiene la capacidad de ir ajustando cada nuevo árbol de decisión a los valores residuales de los árboles anteriores. El objetivo de esto es fortalecer las partes más débiles del modelo, que serían las observaciones que no se predicen con exactitud con los ajustes actuales del modelo (Elith et al. 2008).

El algoritmo XGBoost (Chen y Guestrin 2016), otro potenciado por Machine Learning Algorithm, utiliza también árboles de decisión como aprendices base para los



datos mientras emplea técnicas de regularización para mejorar la generalización del modelo (Analytics Vidhya, 2024). Con la potenciación en gradiente es capaz de mejorar la escalabilidad y el control del sobreajuste del modelo (Prasad, 2018). El algoritmo ha sido exitoso en otros campos (Analytics Vidhya, 2024), pero no es popular en el modelamiento de distribución de especies. Esto tal vez se deba tanto a que fue creado hace pocos años, como al meticuloso ajuste que se necesita para establecer sus hiperparámetros (Muñoz-Mas et al., 2019).

Finalmente, otra de las opciones más populares es Random Forest, que funciona bajo el método de elaboración de modelos matemáticos Machine Learning Algorithm. Este algoritmo, desarrollado por Breiman (2001), utiliza los resultados de varios árboles de decisión para escoger el que más se repite (Fig. 4). Es ampliamente utilizado por la flexibilidad que muestra para resolver problemas de regresión y clasificación (Sruthi, 2023). El algoritmo también tiene una variación, Conditional Inference Forest, creada con el objetivo de solucionar el sesgo en la selección de las variables predictoras con múltiples divisiones posibles o con valores perdidos/nulos (Valavi et al. 2022). Esta variación utiliza un criterio para detenerse al hacer crecer los árboles de decisión y un método de submuestreo sin reemplazo para estimar la importancia de las variables sin un sesgo, como Random Forest (Hothorn et al., 2006; Strobl et al., 2008). La limitante de esta variante es el costo informático del proceso de ajuste del modelo (Valavi et al. 2022).



**Figura 4.** Esquema de funcionamiento de Random Forest. Fuente: EcoCommons (2022a). Traducido por el autor.

Random Forest es el algoritmo escogido para realizar la propuesta de modelamiento predictivo de distribución de especies de *Salvia* de las islas Galápagos, presentada en este trabajo. Se ha visto que Random Forest funciona mejor para especies raras o con pocos registros, en comparación con otros programas, como MaxEnt, y algoritmos como CART (Mi et al., 2017; Williams et al., 2009; Zhang et al., 2011). Tomando en cuenta que hay pocos registros para las seis especies de *Salvia* en el área de estudio y que varias investigaciones han determinado que Random Forest funciona mejor con pocos registros de presencia de especies, se considera que este algoritmo funcionará mejor para este estudio de caso.

### *1.4.3. Otros métodos*

BIOCLIM fue el primer paquete, ampliamente utilizado, de modelamiento de distribución de especies (Booth et al., 2014). Es un método envolvente que solamente usa datos de presencia para definir un espacio ambiental multidimensional en el que puede estar presente una especie. Este espacio se construye como un cuadro delimitado por los valores mínimo y máximo de las variables ambientales para todos los datos de ocurrencia, resultando en una envolvente rectilínea multidimensional. Para predecir la probabilidad de la presencia de una especie en un lugar determinado, BIOCLIM compara los valores de las variables ambientales de ese lugar con la distribución de percentiles de los valores de los lugares en donde ya se tiene registros de la especie (Biosecurity Commons, 2023b).

Support Vector Machine es otro método de modelamiento potenciado por Machine Learning Algorithm (Boser et al., 1992). Es un modelo no paramétrico basado en regresión y clasificación que funciona definiendo hiperplanos lineales para separar los datos por sus clases. Además, puede tener mayor flexibilidad usando las formas no lineales de las variables predictoras (Valavi et al., 2022).

Por último, el paquete de modelamiento de distribución de especies BIOMOD ensambla alrededor de 10 algoritmos de modelamiento (i.e. GLM GAM, BRT, Random Forest y MaxEnt mencionados anteriormente) para combinar las predicciones de estos modelos al promediar las ponderaciones de las predicciones obtenidas (Thuiller et al., 2009).

## 1.5. POTENCIAL DEL MODELAMIENTO PREDICTIVO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES DE *Salvia* EN EL ARCHIPIÉLAGO DE GALÁPAGOS

Evaluar la posible expansión de las especies introducidas de *Salvia* (*Salvia* spp.) en las islas Galápagos y su impacto en la biodiversidad es un tema de gran relevancia para la conservación de este archipiélago, que alberga una gran variedad de especies endémicas y amenazadas. En la actualidad, no existen estudios de los posibles efectos de la expansión de estas especies sobre las islas Galápagos y como esta puede influir sobre otros géneros de flora y fauna nativas y endémicas, ya sea al competir por los recursos, alterar los hábitats y atraer a herbívoros invasores.

El modelamiento predictivo permitiría estimar el potencial invasivo de las especies introducidas, así como identificar la distribución potencial de las especies endémicas de *Salvia* en las islas Galápagos. Esta información es útil para diseñar e implementar medidas de control y erradicación de las especies introducidas de *Salvia*, si fueran necesarias, como también evaluar su efectividad y monitorear su impacto en el ecosistema. Además, podría ser una herramienta útil y efectiva para encontrar nuevas poblaciones de las especies endémicas de *Salvia* en Galápagos (Oleas et al., 2014).

El modelamiento predictivo contribuiría tanto a la generación de conocimiento científico sobre la biología y ecología de *Salvia*, como a la toma de decisiones para la gestión y conservación de las islas Galápagos y su biodiversidad.

## 1.6. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN

### *1.6.1. Objetivo general*

Proponer una metodología para modelar la distribución geográfica actual y futura de las especies de salvia (*Salvia* spp.) en las islas Galápagos y evaluar su impacto potencial en la biodiversidad.

### *1.6.2. Objetivos específicos*

- I. Hacer una revisión de los diferentes análisis estadísticos existentes para realizar un modelamiento predictivo de distribución de especies.
- II. Elaborar una propuesta de investigación para modelar la distribución futura de las especies de *Salvia* en las Islas Galápagos.

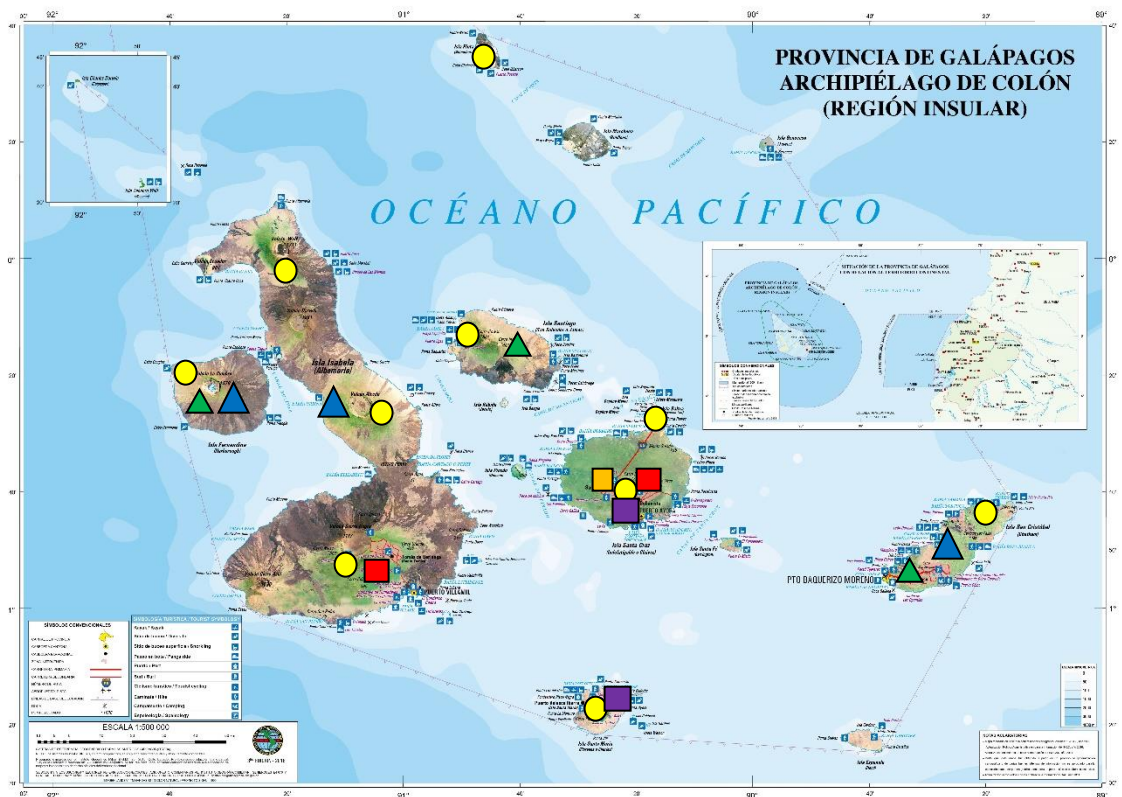
## **2. METODOLOGÍA**

### **2.1. ÁREA DE ESTUDIO**

Las islas Galápagos comprenden 13 islas grandes, 9 islas medianas y 107 islotes pequeños, todas de origen volcánico con una superficie total de 8 010 km<sup>2</sup> (Figura 3). Se caracteriza por un alto nivel de endemismo, a pesar del bajo número de especies que habitan en ellas (WWF, 2023). Fue declarada Patrimonio Natural de la Humanidad por la UNESCO en 1978 y posteriormente como Reserva de la Biósfera en 1985 (GAD Municipal Santa Cruz, 2023). Es habitada por 25 200 personas aproximadamente (INEC, 2016). Su principal actividad económica es el turismo, seguida de la ganadería y la pesca (UNESCO, 2021).

El clima en las islas está directamente influido por las corrientes marinas que las rodean, creando así dos estaciones. La estación fría se da entre junio y diciembre por la influencia de la corriente cálida de Panamá, con temperaturas menores a 24 °C. Mientras que la estación cálida y seca tiene lugar de enero a abril gracias a la llegada de la corriente fría de Humboldt, con temperaturas entre 26 °C y 28 °C (Consejo de Gobierno del Régimen Especial de Galápagos, 2016).

La Isla Santa Cruz es la segunda isla más grande del archipiélago, con una extensión de 986 km<sup>2</sup> y una altitud máxima de 864 msnm. Es la isla con mayor población humana, ya que alberga alrededor de 19 000 habitantes, lo que la convierte también en la capital económica del archipiélago (GAD Municipal Santa Cruz, 2023). En cuanto a la Isla Isabela, tiene un área de 4 588 km<sup>2</sup>, siendo la isla más grande de



**Figura 5.** Las islas Galápagos y la distribución de las seis especies de *Salvia*. Los círculos pertenecen a especies nativas, los cuadrados a especies introducidas y los triángulos a las especies endémicas. Los círculos amarillos representan la distribución de *S. occidentalis*. Los cuadrados naranjas muestran la presencia de *S. rosmarinus*, los rojos la de *S. leucantha* y los morados la de *S. sagittata*. Los triángulos azules corresponden a la distribución de *S. pseudoserotina* y los verdes la de *S. prostrata*. Fuentes: Ministerio de Turismo del Ecuador (2019; mapa) y Fundación Charles Darwin (2023a-d; distribución de las especies).

todas. Es una de las islas más recientes ya que se estima que se formó hace menos de un millón de años. Por este motivo, es una isla volcánicamente activa y cuenta con 6 volcanes: Cerro Azul (1 650 m), Sierra Negra (1 080 m), Alcedo (1 120 m), Darwin (1

330 m), Wolf (1 660 m) y Ecuador (790 m; Consejo de Gobierno del Régimen Especial de Galápagos, 2016). Por último, la isla Santiago, la cuarta más grande con una extensión de 585 km<sup>2</sup>, se encuentra deshabitada por humanos. Dentro de su territorio, al noroeste, se encuentra un volcán homónimo que fue el responsable del origen de la isla. La última erupción registrada para el volcán Santiago data del periodo entre 1904 y 1906.

## 2.2. REGISTROS DE *Salvia* spp.

Los registros de las especies de *Salvia* en Galápagos se obtendrán de la base de datos GBIF ([www.gbif.org](http://www.gbif.org)). GBIF, acrónimo para *Global Biodiversity Information Facility*, es una base de datos en línea que recopila la información tanto de colecciones científicas disponibles en museos alrededor del mundo, como de registros fotográficos y bancos genéticos (GBIFc, 2023). Se realizará una búsqueda de los registros de *Salvia* bajo los siguientes parámetros: Ocurrencia: presente; Continente: Sudamérica; País o área: Ecuador. Posteriormente, se agregaría manualmente un filtro más para seleccionar solamente el archipiélago de Galápagos. Por último, se solicitaría información sobre los registros de *Salvia* en Galápagos a la Fundación Charles Darwin. Una vez obtenida esta base de datos, será curada para asegurar que no tenga valores nulos, duplicados o con identificaciones erróneas. Se planea seguir la guía de Zermoglio et al. (2021). Estos serán los datos de prueba que se utilizarán para correr el algoritmo.



Según lo revisado en la literatura, también sería necesario seleccionar ubicaciones de pseudo ausencia mediante un muestreo aleatorio en toda la zona de estudio para cada especie de *Salvia* (Mi et al., 2017). Para ello, se utilizará el Entorno de Modelado Geoespacial que es un conjunto de herramientas diseñadas para potenciar softwares de Sistemas de Información Geográfica, como ArcGIS. Al estar diseñado con el lenguaje de programación de R, permite realizar análisis estadísticos complejos y crear modelos espaciales sofisticados (O'Donohue, 2023).

### 2.3. VARIABLES CLIMÁTICAS

Las variables climáticas serán obtenidas de la base de datos WorldClim ([www.worldclim.org](http://www.worldclim.org)), donde se encuentran datos meteorológicos y climáticos globales de alta resolución espacial. Se utilizará la resolución de 30 segundos de los registros climáticos históricos del periodo de 1970-2000 y de las proyecciones climáticas futuras del periodo 2021-2040. Será necesario re-escalar la resolución de estos datos climáticos a una más detallada. De lo contrario, el modelo lo tomaría como un conjunto de especies y no como especies no relacionadas entre sí. Se propone re-escalar la resolución a 50 metros, siguiendo la metodología de Reatini et al. (2022).

Se utilizarán las 19 variables provistas por WorldClim para correr un modelo preliminar y evaluar las curvas de respuestas de las variables ambientales (EcoCommons, 2022b). A partir de esto, se escogerán las variables predictoras que tienen más influencia en la probabilidad de ocurrencia de las especies de *Salvia* y se

correrá nuevamente el modelo con las variables seleccionadas para obtener un modelo más refinado. El modelo climático global que se utilizará es ACCESS-ESM1-5, desarrollado por científicos australianos (Ziehn et al., 2019), ya que es el modelo que funciona mejor para la temperatura de Ecuador (Morán Armendáriz et al., 2022). En caso de que este modelo climático no funcione bien para el archipiélago, se tomará en cuenta los siguientes modelos: GFDL-ESM4 (Krasting et al., 2018), INM-CM4-8 (Volodin et al., 2019) y SPRACC (MATE y PNUD, 2021).

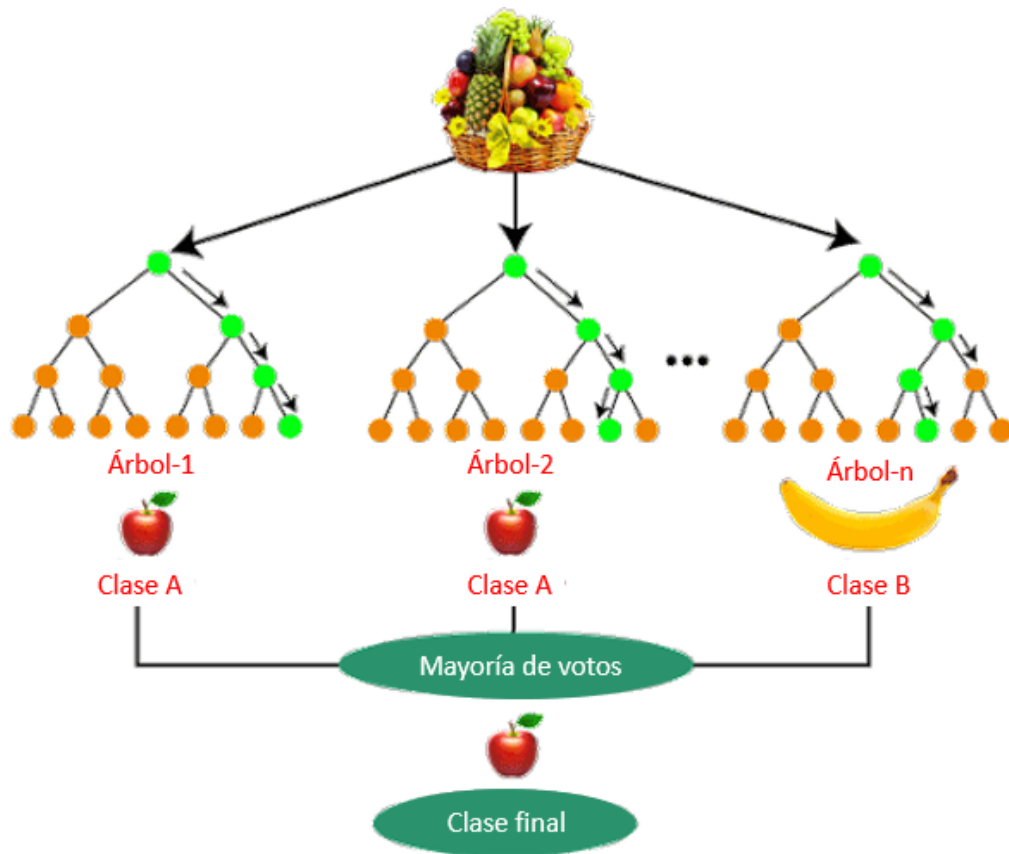
Se utilizará además la SSP5 que abarca las trayectorias 5 – 8.5 (Tabla 2), ya que ese son los escenarios más catastróficos a los que estamos caminando si no cambiamos las políticas climáticas, ritmo de consumo y emisión de gases de efecto invernadero (IPCC, 2022). Por último, las capas climáticas serán recortadas usando el programa ArcGIS versión 10.8, la herramienta ArcMap, para que sean iguales a las capas geográficas.

#### 2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS

El modelo que se propone para cumplir los objetivos de la propuesta de investigación es el algoritmo Random Forest (Breiman, 2001). Este algoritmo funciona a partir de una base de datos, de donde crea aleatoriamente varios subconjuntos de datos para ser analizados de forma independiente y paralela. Cada uno de estos subconjuntos está compuesto por el 70% de datos aleatorios, mientras que el 30% permanece excluido (en inglés se utiliza el término *out of the bag*, OOB) para mantener

la independencia entre los árboles de decisiones y las respuestas obtenidas de ellos. Cada árbol de decisión, que representa un modelo apropiado para el conjunto de datos que analiza, generará un resultado. Estos resultados se determinan gracias a las divisiones previas, donde se usa un conjunto aleatorio de variables ambientales para obtener una respuesta. El resultado final del algoritmo será seleccionado por ser el que más se repita entre los resultados (mayoría de votos) de cada árbol de decisión (Fig. 5; Sruthi, 2023). Todo este proceso se basa en la ley de los grandes números, un teorema matemático que dicta que entre más grande y más crezca el tamaño de muestra, su media se acercará más al promedio de toda la población (Chuprunov y Fazekas, 2009).

Para el caso de estudio de esta propuesta, los datos consistirían en los registros existentes de *Salvia* en el archipiélago y en las variables climáticas favorables para las especies introducidas. El resultado de cada árbol de decisión sería presencia o pseudo ausencia de cada especie de *Salvia* para las islas. Se correría el mismo modelo para cada especie, entrenando al modelo con el 80% de los datos de presencia de cada una de ellas y validándolo con el 20% restante, pero utilizando las mismas variables climáticas puesto que el área de estudio consiste en todas las islas del archipiélago.



**Figura 7.** Ejemplificación del funcionamiento del algoritmo Random Forest, usando una canasta de frutas como base de datos inicial. Se crean n número de árboles de decisiones a partir de muestras de esta canasta de frutas para obtener un solo resultado. El resultado final se escoge por la mayoría de votos en cada árbol de decisión. Fuente: (Sruthi, 2023). Traducido por el autor.

Para correr el algoritmo se utilizará el programa Salford Predictive Modeler (SPM) en su versión más reciente (Minitab, 2023b). El SPM es un programa que permite explorar los datos y automatizar el proceso de creación de modelos al clasificar y agrupar los datos, hacer regresiones, análisis de supervivencia y de valores nulos/faltantes de forma automática (Minitab, 2023a). Se extraerá la información del hábitat de las capas ambientales para los puntos de presencia y pseudo ausencia de cada

especie de *Salvia*. Posteriormente, se construirá modelos en SPM con estos datos. Adicionalmente, se utilizará ponderaciones de clase equilibradas y se construirán los árboles para los modelos de cada especie. Los modelos se correrán por lo menos 10 veces para obtener un promedio y desviación estándar de todas las repeticiones, como sugiere Sillero y Barbosa (2021).

Con el objetivo de validar los modelos realizados, se utilizará el estadístico del área bajo la curva (AUC por sus siglas en inglés; Mi et al., 2017). Este estadístico permite estimar la presencia o ausencia de las especies en una escala de 0, nada favorable, a 1, muy favorable para la especie. Si es menor a 0,5 una apreciación desfavorable (Swets, 1988).

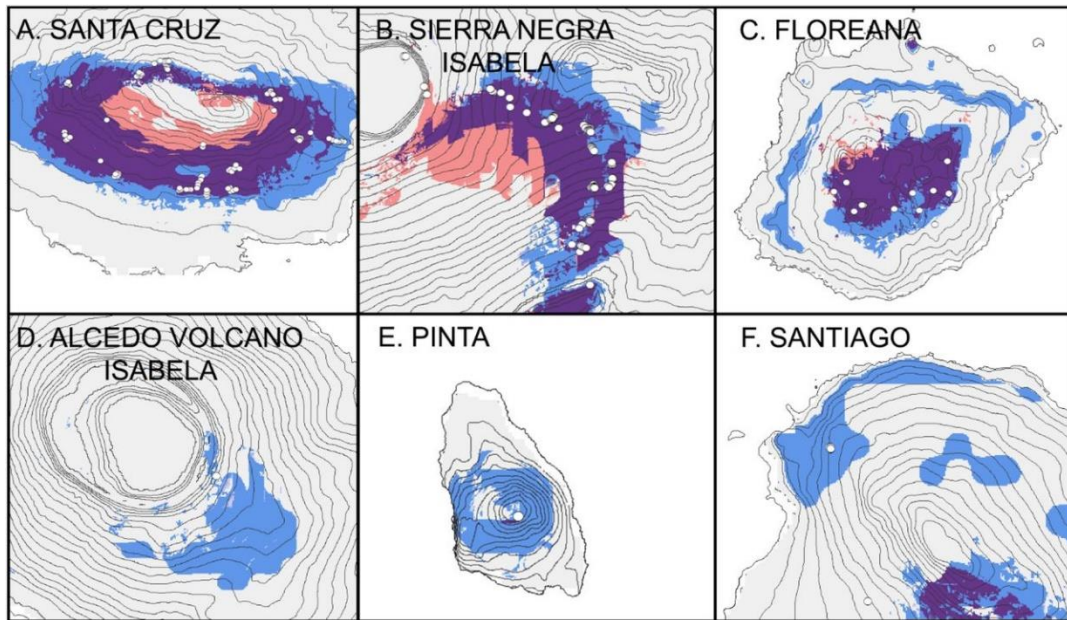
### 3. RESULTADOS ESPERADOS

Cuando esta propuesta de investigación se realice, se podrán obtener los siguientes productos. Se espera obtener una base de datos completa y curada de los registros de las seis especies de *Salvia* que habitan en las islas Galápagos. Recopilar la información de varias fuentes (GBIF, Fundación Charles Darwin), facilitará la ejecución de esta propuesta de investigación y de posibles proyectos futuros que se deriven de los resultados que se obtengan a partir de este proyecto.

Utilizando el algoritmo Random Forest, se espera obtener un modelo que se ajuste bien a las variables climáticas, bajo el escenario de cambio climático escogido y al número de registros de las seis especies de *Salvia* permitirá obtener datos precisos de la expansión o disminución de su distribución. Considerando que hay una especie nativa (*S. occidentalis*), tres introducidas (*S. leucantha*, *S. rosmarinus* y *S. sagittata*) y dos endémicas (*S. pseudoserotina* y *S. prostrata*) y la ecología de las especies introducidas, se espera que estas colonicen nuevos sitios dentro de las islas en las que ya se distribuyen, aunque posiblemente puedan expandirse a otras islas también. Será de sumo interés ecológico y conservacionista descubrir cómo será la dinámica entre estas especies ante el inminente cambio de condiciones climáticas en los próximos años.

Por último, el producto más importante de la elaboración de la investigación propuesta aquí serán los seis mapas de la proyección de la distribución, uno para cada

una de las seis especies de *Salvia* presentes en las islas Galápagos. Se espera obtener algo similar a lo obtenido por Reatini et al. (2022; Fig. 6) en su estudio para predecir la distribución de la guayaba común (*Psidium guajava*), una especie invasiva de Galápagos, y del guayabillo (*Psidium galapageium*), endémica de las islas.



**Figura 8.** Ejemplo de resultados de modelamiento predictivo de distribución de especies en las islas Galápagos. En el estudio realizado por Reatini et al. (2022), se muestran los registros de la planta endémica guayabillo (*Psidium galapageium*), en turquesa el rango en el que se predice que se distribuirá la especie, en rosado la zona en la que la especie invasiva guayaba común (*Psidium guajava*) se distribuiría en el futuro y en morado las zonas en las que predice simpatría para ambas especies. Fuente: (Reatini et al., 2022).

#### 4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

El modelamiento predictivo de distribución de especies es una poderosa herramienta para estudiar cómo las poblaciones de especies reaccionarían ante el cambio climático. Además, permite encontrar nuevas poblaciones de especies raras y/o con distribución limitada, especies invasoras y la interacción que estas podrían tener con su entorno en el futuro. Se considera importante utilizar el modelamiento predictivo de distribución de especies para evaluar los efectos que podría tener el clima futuro en la interacción entre especies nativas, endémicas e invasoras del género *Salvia* presentes en las islas Galápagos.

El objetivo de esta propuesta de investigación es plantear una metodología para predecir la distribución geográfica de las especies de *Salvia* en las islas Galápagos, según su distribución actual, para evaluar cuál sería su impacto potencial en la biodiversidad. Se cumple con este objetivo al presentar las fuentes para obtener los datos de presencia de las especies de *Salvia* y para las variables climáticas, un algoritmo que trabajaría bien con el sistema de estudio, junto al proceso que se debe realizar para elaborar el modelo, tomando en cuenta muchos de los pasos a seguir.

Se tiene presente las limitaciones que tiene la propuesta elaborada. A pesar de que el algoritmo Random Forest parece la mejor opción para modelar la distribución futura de las seis especies de *Salvia* en las islas Galápagos, hay posibilidad de que el modelo resultante no tenga relevancia estadística. Entre las limitaciones que tiene Random Forest el sobreajuste de datos con mucho ruido y la inclinación del algoritmo



hacia las variables predictoras categóricas con más niveles sobre las que tienen menos niveles, por lo que el puntaje de importancia de las variables para este tipo de datos puede no ser confiable (EcoCommons, 2022b). En ese caso, la siguiente mejor opción es Biomod, puesto que ensambla varios algoritmos y modelos a la vez para obtener sus predicciones, o un modelo de ensamblaje propio como presentan Valavi et al. (2022).

Considerando la fragilidad del ecosistema insular ante las especies invasoras (i.e. cabras, Campbell et al., 2004; moscas parasitarias, McNew y Clayton, 2018; gatos ferales, Phillips et al., 2005), tomar medidas de conservación preventivas podría evitar consecuencias catastróficas, como la extinción, para las especies endémicas de Galápagos. Un ejemplo de dichas medidas son los planes de monitoreo continuo de las especies a través de censos anuales, apoyándose del modelamiento de distribución de especies para concentrar los esfuerzos de muestreo en los lugares que arroja el análisis. En caso de que las medidas preventivas no funcionen o no se realicen y las especies invasoras de *Salvia* se conviertan en una amenaza para las especies endémicas de *Salvia*, o de cualquier otro género, en el archipiélago, es necesario tomar medidas de conservación correctivas para evitar un desequilibrio ecológico.

En las islas Galápagos hay varios ejemplos de acciones de conservación correctivas que tienen como objetivo salvaguardar las especies endémicas del lugar. Por ejemplo, las campañas de erradicación de cabras para salvar a las tortugas de Galápagos (Campbell et al., 2004), de moscas parasitarias que afectaban a los nidos y pichones de los pinzones (McNew y Clayton, 2018) y de gatos domésticos que se convierten en ferales por tenencia irresponsable de parte de sus dueños y se alimentan

de reptiles y roedores endémicos del archipiélago (Phillips et al., 2005). Todos estos ejemplos demuestran no solo que Galápagos es un ecosistema vulnerable ante las especies invasoras, sino que estas acciones correctivas requieren de una inversión económica considerable, tomando en cuenta las condiciones hostiles de muchas de las islas del archipiélago (Cruz et al., 2009).

Durante la búsqueda bibliográfica sobre el género *Salvia* en Ecuador para esta propuesta fue evidente la escasez de información generada a escala nacional. A pesar de que se han estudiado las relaciones filogenéticas de las especies de *Salvia* del continente americano (Jenks et al., 2013), no se encontraron estudios específicos para Ecuador. Por lo tanto, se recomienda realizar estudios filogenéticos sobre las especies de *Salvia* de Ecuador, incluyendo también las especies presentes en las islas Galápagos, ya que esta brecha de información impide crear un plan de conservación adaptado a las necesidades locales. Por otro lado, se recomienda también que se realice un censo de las poblaciones de las especies de *Salvia* en el archipiélago para tener una idea actual y real del estado de las mismas.

El proyecto propuesto aquí es factible porque implicaría la participación y experticia de dos centros de investigación, el Centro de Investigación de la Biodiversidad y el Cambio Climático (BioCamb) y el Centro de Investigación para el Territorio y el Hábitat Sostenible (CITEHS), ambos pertenecientes a la Universidad Indoamérica. Además, las variables climáticas y análisis estadísticos considerados en esta propuesta se han utilizado en otros estudios como de modelamiento predictivo de la distribución de especies.

Por último, esta propuesta es relevante para entender mejor la distribución que tendrían las seis especies de *Salvia* presentes en el archipiélago de Galápagos ante condiciones climáticas futuras y si es que esto afectaría a la dinámica ecológica entre estas especies. Con la información obtenida de este proyecto, en caso de ser realizado, se podrían tomar decisiones de conservación mejor adaptadas a la realidad de las especies y su resiliencia. Esto se vuelve más necesario al considerar que las dos especies endémicas de *Salvia* de Galápagos (*Salvia pseudoserotina* y *Salvia prostrata*) se encuentran en la categoría de En Peligro.

## 5. CRONOGRAMA

|                             |   | MES 1    |          |          |          |
|-----------------------------|---|----------|----------|----------|----------|
| ETAPA                       | DESCRIPCIÓN ACTIVIDAD                             | Semana 1 | Semana 2 | Semana 3 | Semana 4 |
| Recopilación de información | Búsqueda GBIF                                     | ■        |          |          |          |
|                             | Búsqueda Fundación Charles Darwin                 |          | ■        |          |          |
|                             | Creación base de datos registros de <i>Salvia</i> |          |          | ■        |          |
|                             | Variables climáticas WorldClim                    |          |          | ■        |          |
|                             | Recorte de capas cartográficas y climáticas       |          |          | ■        |          |
| Análisis estadísticos       | Generar datos de pseudoausencia                   |          |          |          |          |
|                             | Correr modelo Random Forest                       |          |          |          |          |
|                             | Área bajo la curva (AUC)                          |          |          |          |          |
| Escritura                   | Escritura de reporte                              |          |          |          |          |

|                             |   | MES 2    |          |          |          |
|-----------------------------|---|----------|----------|----------|----------|
| ETAPA                       | DESCRIPCIÓN ACTIVIDAD                             | Semana 1 | Semana 2 | Semana 3 | Semana 4 |
| Recopilación de información | Búsqueda GBIF                                     |          |          |          |          |
|                             | Búsqueda Fundación Charles Darwin                 |          |          |          |          |
|                             | Creación base de datos registros de <i>Salvia</i> |          |          |          |          |
|                             | Variables climáticas WorldClim                    | ■        |          |          |          |
|                             | Recorte de capas cartográficas y climáticas       |          | ■        |          |          |
| Análisis estadísticos       | Generar datos de pseudoausencia                   |          |          | ■        |          |
|                             | Correr modelo Random Forest                       |          |          | ■        |          |
|                             | Área bajo la curva (AUC)                          |          |          | ■        |          |
| Escritura                   | Escritura de reporte                              |          |          |          |          |

|                             |   | MES 3    |          |          |          |
|-----------------------------|---|----------|----------|----------|----------|
| ETAPA                       | DESCRIPCIÓN ACTIVIDAD                             | Semana 1 | Semana 2 | Semana 3 | Semana 4 |
| Recopilación de información | Búsqueda GBIF                                     |          |          |          |          |
|                             | Búsqueda Fundación Charles Darwin                 |          |          |          |          |
|                             | Creación base de datos registros de <i>Salvia</i> |          |          |          |          |
|                             | Variables climáticas WorldClim                    |          |          |          |          |
|                             | Recorte de capas cartográficas y climáticas       |          |          |          |          |
| Análisis estadísticos       | Generar datos de pseudoausencia                   |          |          |          |          |
|                             | Correr modelo Random Forest                       |          |          |          |          |
|                             | Área bajo la curva (AUC)                          |          |          |          |          |
| Escritura                   | Escritura de reporte                              |          |          |          |          |

|                             |   | MES 4    |          |          |          |
|-----------------------------|---|----------|----------|----------|----------|
| ETAPA                       | DESCRIPCIÓN ACTIVIDAD                             | Semana 1 | Semana 2 | Semana 3 | Semana 4 |
| Recopilación de información | Búsqueda GBIF                                     |          |          |          |          |
|                             | Búsqueda Fundación Charles Darwin                 |          |          |          |          |
|                             | Creación base de datos registros de <i>Salvia</i> |          |          |          |          |
|                             | Variables climáticas WorldClim                    |          |          |          |          |
|                             | Recorte de capas cartográficas y climáticas       |          |          |          |          |
| Análisis estadísticos       | Generar datos de pseudoausencia                   |          |          |          |          |
|                             | Correr modelo Random Forest                       |          |          |          |          |
|                             | Área bajo la curva (AUC)                          |          |          |          |          |
| Escritura                   | Escritura de reporte                              |          |          |          |          |

## 6. LITERATURA CITADA

Analytics Vidhya. (2024). XGBoost: Introduction to XGBoost Algorithm in Machine Learning. Obtenido el 01 de febrero de 2024 desde <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2018/09/an-end-to-end-guide-to-understand-the-math-behind-xgboost/>

Anzolín, A. (2021). *Lazos verdes*. Editorial Maipue.

Araújo, M. B., Anderson, R. P., Márcia Barbosa, A., Beale, C. M., Dormann, C. F., Early, R., ... y Rahbek, C. (2019). Standards for distribution models in biodiversity assessments. *Science advances*, 5(1), eaat4858. DOI: 10.1126/sciadv.aat4858

Bahn, V., y McGill, B. J. (2013). Testing the predictive performance of distribution models. *Oikos*, 122(3), 321-331. DOI: 10.1111/j.1600-0706.2012.00299.x

Begum, R. A., Lempert, R., Ali, E., Benjaminsen, T. A., Bernauer, T., Cramer, W., Cui, X., Mach, K., Nagy, G., Stenseth, N. C., Sukumar, R., y Wester, P. (2022). Point of Departure and Key Concepts. Páginas 121-196 en: H.-O. Pörtner, D.C. Roberts, M. Tignor, E.S. Poloczanska, K. Mintenbeck, A. Alegría, M. Craig, S. Langsdorf, S. Löschke, V. Möller, A. Okem, B. Rama (eds.). *Climate Change 2022: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate*

Change. Cambridge University Press, Cambridge, UK and New York, NY, USA. DOI:10.1017/9781009325844.003.

Biosecurity Commons. (2023b). Bioclim SDM explained. Biosecurity Commons Support Portal. Obtenido el 11 de diciembre de 2023 desde <https://support.biosecuritycommons.org.au/support/solutions/articles/6000262267-bioclim-sdm-explained>

Biosecurity Commons. (2023a). Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS) SDM explained. Biosecurity Commons Support Portal. Obtenido el 01 de febrero de 2024 desde <https://support.biosecuritycommons.org.au/support/solutions/articles/6000262276-multivariate-adaptive-regression-splines-mars-sdm-explained>

Bravo Velásquez, E. (2014). La biodiversidad en el Ecuador. Abya-Yala/UPS. <https://dspace.ups.edu.ec/handle/123456789/6788>

BCCVL. (2021). Boosted Regression Tree. Solutions, Algorithm Information (SDMs). Obtenido el 02 de febrero de 2024 desde <https://support.bccvl.org.au/support/solutions/articles/6000083202-boosted-regression-tree>

Breiman, L. (2001). Random Forests. *Machine Learning* 45, 5–32. DOI: 10.1023/A:1010933404324

- Breiman, L., Friedman, J.H., Olshen, R.A., y Stone, C.J. (1984). Classification and regression trees. *Boca Raton: CRC Press*.
- Booth, T. H., Nix, H. A., Busby, J. R., y Hutchinson, M. F. (2014). BIOCLIM: the first species distribution modelling package, its early applications and relevance to most current MAXENT studies. *Diversity and Distributions*, 20(1), 1-9. DOI: 10.1111/ddi.12144
- Boser, B. E., Guyon, I. M., y Vapnik, V. N. (1992). A training algorithm for optimal margin classifiers. Páginas 144-152 en Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory. DOI: 10.1145/130385.130401
- Bussmann, R. W., y Sharon, D. (2006). Traditional medicinal plant use in Loja province, Southern Ecuador. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 2, 1-11.
- Campbell, K., Donlan, C. J., Cruz, F., y Carrion, V. (2004). Eradication of feral goats *Capra hircus* from Pinta Island, Galápagos, Ecuador. *Oryx*, 38(3): 328-333. DOI:10.1017/S0030605304000572
- Casas, A., Torres-Guevara, J., y Parra-Rondinel, F. (Eds.). (2016). Domesticación en el continente americano (Vol. 1, pp. 133-150). Universidad Nacional Autónoma de México.
- Celep, F., Atalay, Z., Dikmen, F., Doğan, M., Sytsma, K. J., y Classen-Bockhoff, R. (2020). Pollination ecology, specialization, and genetic isolation in sympatric



- bee-pollinated *Salvia* (Lamiaceae). *International Journal of Plant Sciences*, 181(8), 800-811.
- Cerón, C. (2002). Etnobotánica del Putzalagua Cotopaxi Ecuador. *Cinchonia*, 3(1), 95-102.
- Chen, T., y Guestrin, C. (2016). Xgboost: A scalable tree boosting system. Páginas 785-794 en Krishnapuram, B., Shah, M., Smola, A., Aggarwal, C., Shen, D., y Rastogi, R. KDD'16: The 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining. ACM, New York, NY. Google Scholar Google Scholar Digital Library Digital Library.
- Chuprunov, A., y Fazekas, I. (2009). Strong laws of large numbers for random forests. *Acta Mathematica Hungarica*, 124(1-2), 59-71. DOI: 10.1007/s10474-009-8150-x
- Claßen-Bockhoff, R., Crone, M., y Baikova, E. (2004). Stamen development in *Salvia* L.: homology reinvestigated. *International Journal of Plant Sciences*, 165(4), 475-498. DOI: 10.1086/386565
- Consejo de Gobierno del Régimen Especial de Galápagos. (2016). Plan de Desarrollo Sustentable y Ordenamiento Territorial del Régimen Especial de Galápagos. «Plan Galápagos». Plan de Desarrollo Sustentable y Ordenamiento Territorial del Régimen Especial de Galápagos.

- Cornejo-Tenorio, G., y Ibarra-Manríquez, G. (2011). Diversidad y distribución del género *Salvia* (Lamiaceae) en Michoacán, México. *Revista mexicana de biodiversidad*, 82(4), 1279-1296.
- Cruz, F., Carrión, V., Campbell, K. J., Lavoie, C., y Donlan, C. J. (2009). Bioeconomics of large-scale eradication of feral goats from Santiago Island, Galapagos. *The Journal of Wildlife Management*, 73(2), 191-200. DOI: 10.2193/2007-551
- dos Santos, É. P. (1995). Estudo das inflorescências no gênero *Salvia* L. subgênero *Calosphace* (Benth.) Benth. (Lamiaceae). Herbarium Bradeanum. *Bradea* 6:372–380.
- De la Torre, L., Navarrete, H., Muriel, P., Macía, M. J., y Balslev, H. (2008). Enciclopedia de las Plantas Útiles del Ecuador (con extracto de datos). Herbario QCA de la Escuela de Ciencias Biológicas de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador & Herbario AAU del Departamento de Ciencias Biológicas de la Universidad de Aarhus.
- EcoCommons. (2022a). Random Forest. Obtenido el 22 de febrero de 2024 desde <https://support.ecocommons.org.au/support/solutions/articles/6000254296-random-forest>

EcoCommons. (2022b). Designing an SDM. Obtenido el 22 de febrero de 2024 desde <https://support.ecocommons.org.au/support/solutions/articles/6000162160-designing-an-sdm>

Elith, J., H. Graham, C., P. Anderson, R., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., ... y E. Zimmermann, N. (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29(2), 129-151.

Elith, J., Leathwick, J. R., y Hastie, T. (2008). A working guide to boosted regression trees. *Journal of animal ecology*, 77(4), 802-813. DOI: 10.1111/j.1365-2656.2008.01390.x

Elith, J. (2019). 15-Machine learning, random forests, and boosted regression trees. Páginas 281-297 en Brennan, L. A., Tri, A. N., y Marcot, B. G. (Eds.). (2019). *Quantitative analyses in wildlife science*. Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland, USA.

Elith, J., Graham, C., Valavi, R., Abegg, M., Bruce, C., Ferrier, S., ... y Zimmermann, N. E. (2020). Presence-only and presence-absence data for comparing species distribution modeling methods. *Biodiversity informatics*, 15(2), 69-80.

Fragoso-Martínez, I., Martínez-Gordillo, M., Salazar, G. A., Sazatornil, F., Jenks, A. A., García Peña, M. D. R., ... y Granados Mendoza, C. (2018). Phylogeny of the Neotropical sages (*Salvia* subg. *Calosphace*; Lamiaceae) and insights into

pollinator and area shifts. *Plant Systematics and Evolution*, 304, 43-55. DOI: 10.1007/s00606-017-1445-4

Fithian, W., y Hastie, T. (2013). Finite-sample equivalence in statistical models for presence-only data. *The annals of applied statistics*, 7(4), 1917. DOI: 10.1214/13-AOAS667

Fundación Charles Darwin. (2023a). *Salvia occidentalis* Sw. En Lista de Especies de Galápagos. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://www.darwinfoundation.org/es/datazone/checklist?species=476>

Fundación Charles Darwin. (2023b). *Salvia leucantha* L. En Lista de Especies de Galápagos. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://www.darwinfoundation.org/es/datazone/checklist?species=475>

Fundación Charles Darwin. (2023c). *Salvia rosmarinus* Spenn. En Lista de Especies de Galápagos. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://www.darwinfoundation.org/es/datazone/checklist?species=20303>

Fundación Charles Darwin. (2023d). *Salvia sagittata* Ruiz & Pav. En Lista de Especies de Galápagos. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://www.darwinfoundation.org/es/datazone/checklist?species=1939>

GAD Municipal Santa Cruz. (2023). Islas de Galápagos. Obtenido el 30 de octubre de 2023, desde: <https://galapagossantacruz.com/es-ec/galapagos/recomendaciones/islas-galapagos-a5700f04b>

- García, A. (1991). La dispersión de las semillas. *Ciencias*, (024), 3-6.
- GBIFa. (2023). GBIF Occurrence. Obtenido el 14 de noviembre de 2023 desde <https://doi.org/10.15468/dl.c6w29j>
- GBIFb. (2023). GBIF Occurrence. Obtenido el 15 de noviembre de 2023 desde <https://doi.org/10.15468/dl.tjzpc6>
- GBIFc. (2023). GBIF What is GBIF? Obtenido el 15 de noviembre de 2023 desde <https://www.gbif.org/what-is-gbif>
- Golubov, J., Mandujano, M. C., Guerrero-Eloísa, S., Mendoza, R., Koleff, P., González, A. I., y Born-Schmidt, G. (2014). Análisis multicriterio para ponderar el riesgo de las especies invasoras. *Especies acuáticas invasoras en México*, 123-133.
- González-Gallegos, J. G., Bedolla-García, B. Y., Cornejo-Tenorio, G., Fernández-Alonso, J. L., Fragoso-Martínez, I., García-Peña, M. D. R., Harley, R. M., Klitgaard, B., Martínez-Gordillo, M. J., Wood, J. R. I., Zamudio, S., Zona, S. y Xifreda, C. C. (2020). Richness and Distribution of *Salvia* Subg. *Calosphace* (Lamiaceae). *Int. J. Plant Sci*, 181(8), 831–856. DOI:10.1086/709133
- Hastie, T., Tibshirani, R., Friedman, J. H., & Friedman, J. H. (2009). The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction (Vol. 2, pp. 1-758). New York: springer.

Harley, R. M., Atkins, S., Budantsev, A., Cantino, P. D., Conn, B., Grayer, R., ... y Morales, A. (2004). The Families and Genera of Vascular Plants, Volume 7, Lamiales (Except Acanthaceae Including Avicenniaceae); Kadereit, JW, Ed. Springer, Berlin, pp 167–275.

Hereter, R. (2021). *Historia de las especies*. Editorial Almuzara.

Hernaández-León, A., Moreno-Pérez, G. F., Martínez-Gordillo, M., Aguirre-Hernández, E., Valle-Dorado, M. G., Díaz-Reval, M. I., ... y Pellicer, F. (2021). Lamiaceae in Mexican species, a great but scarcely explored source of secondary metabolites with potential pharmacological effects in pain relief. *Molecules*, 26(24), 7632. DOI: 10.3390/molecules26247632

Hothorn, T., Hornik, K., y Zeileis, A. (2006). Unbiased recursive partitioning: A conditional inference framework. *Journal of Computational and Graphical statistics*, 15(3), 651-674. DOI: 10.1198/106186006X133933

HVAA/Scott Zona. (2023). *Salvia pseudoserotina* Epling En Herbario Virtual Austral Americano. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://herbariovaa.org/taxa/index.php?tid=23670&taxauthid=1&clid=0>

IBM. (2021). El modelo de redes neuronales. IBM Documentation Help. Obtenido el 08 de noviembre de 2023 desde <https://www.ibm.com/docs/es/spss-modeler/saas?topic=networks-neural-model>

- INEC. (2016). Galápagos tiene 25.244 habitantes según censo 2015. c <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/galapagos-tiene-25-244-habitantes-segun-censo-2015/>
- IPCC. (2022). Climate Change 2022: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [H.-O. Pörtner, D.C. Roberts, M. Tignor, E.S. Poloczanska, K. Mintenbeck, A. Alegría, M. Craig, S. Langsdorf, S. Lösschke, V. Möller, A. Okem, B. Rama (eds.)]. Cambridge University Press. Cambridge University Press, Cambridge, UK and New York, NY, USA, 3056 pp. DOI:10.1017/9781009325844.
- Jenks, A. A., Walker, J. B., y Kim, S. C. (2013). Phylogeny of new world *Salvia* subgenus *Calosphace* (Lamiaceae) based on cpDNA (psb A-trn H) and nrDNA (ITS) sequence data. *Journal of plant research*, 126, 483-496. DOI: 10.1007/s10265-012-0543-1
- Khela, S. (2013). *Salvia rosmarinus* (Europe assessment). The IUCN Red List of Threatened Species 2013: e.T203257A2762622. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://www.iucnredlist.org/species/203257/2762622>
- Krasting, J. P., Blanton, C., McHugh, C., Radhakrishnan, A., John, J. G., Rand, K., ... y Zeng, Y. (2018). NOAA-GFDL GFDL-ESM4 model output prepared for CMIP6 C4MIP esm-ssp585. DOI: 10.22033/ESGF/CMIP6.1407

- Kriebel, R., Drew, B. T., Drummond, C. P., González-Gallegos, J. G., Celep, F., Mahdjoub, M. M., ... y Sytsma, K. J. (2019). Tracking temporal shifts in area, biomes, and pollinators in the radiation of *Salvia* (sages) across continents: leveraging anchored hybrid enrichment and targeted sequence data. *American Journal of Botany*, 106(4), 573-597. DOI: 10.1002/ajb2.1268
- León-Yáñez, S., R. Valencia Reyes, N. C. A. Pitman, L. Endara, C. Ulloa Ulloa, y H. Navarrete. (2019). Libro Rojo de las plantas endémicas de Ecuador, 2 ed. 1–957. Herbario QCA, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito.
- Lubbe, A., y Verpoorte, R. (2011). Cultivation of medicinal and aromatic plants for specialty industrial materials. *Industrial crops and products*, 34(1), 785-801. DOI: 10.1016/j.indcrop.2011.01.019
- Martínez-Gordillo, M., Bedolla-García, B., Cornejo-Tenorio, G., Fragoso-Martínez, I., García-Peña, M. D. R., González-Gallegos, J. G., ... y Zamudio, S. (2017). Lamiaceae de México. *Botanical Sciences*, 95(4), 780-806.
- Mateo, R. G., Felicísimo, Á. M., y Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista chilena de historia natural*, 84(2), 217-240.
- Mauchamp, A. (1997). Threats from alien plant species in the Galápagos Islands. *Conservation Biology*, 260-263.



- McNew, S. M., y Clayton, D. H. (2018). Alien invasion: biology of *Philornis* flies highlighting *Philornis downsi*, an introduced parasite of Galápagos birds. *Annual Review of Entomology*, 63, 369-387. DOI: 10.1146/annurev-ento-020117-043103
- Mena, C. F., Quiroga, D., y Walsh, S. J. (2020). 21. Threats to sustainability in the Galapagos Islands: a social–ecological perspective. Páginas: 342 – 358 en: Sarmiento, F. O., y Frolich, L. M. (Eds.). *The Elgar companion to geography, transdisciplinarity and sustainability*. Edward Elgar Publishing.
- Merow, C., Smith, M. J., y Silander Jr, J. A. (2013). A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter. *Ecography*, 36(10), 1058-1069. DOI: 10.1111/j.1600-0587.2013.07872.x
- Mi, C., Huettmann, F., Guo, Y., Han, X., y Wen, L. (2017). Why choose Random Forest to predict rare species distribution with few samples in large undersampled areas? Three Asian crane species models provide supporting evidence. *PeerJ*, 5, e2849.
- Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica (MAATE) y Programa de Naciones Unidas para el Desarrollo (PNUD). (2021). *Proyecciones Climáticas del Ecuador bajo los escenarios del AR6 y modelos de circulación global del Coupled Model Intercomparison Project 6 (CMIP6)*. Desarrollados en el marco

de las actividades del "Plan Nacional de Adaptación". Quito, Ecuador: MAATE y PNUD.

Ministerio de Turismo del Ecuador. (2019). Mapa Ecoturístico de Galápagos al alcance del viajero. Obtenido el 15 de diciembre de 2023 desde <https://www.turismo.gob.ec/mapa-ecoturistico-de-galapagos-al-alcance-del-viajero/>

Minitab. (2023a). Classification & Regression Trees CART. Minitab. Obtenido el 11 de diciembre de 2023 desde <https://www.minitab.com/en-us/solutions/analytics/statistical-analysis-predictive-analytics/cart/>

Minitab. (2023b). Salford Predictive Modeler. Minitab. Obtenido el 11 de diciembre de 2023 desde <https://www.minitab.com/en-us/products/spm/>

Moscoso, A., Montúfar, R. y Tye, A. (2011). Lamiaceae. Páginas 367-371 en: León-Yáñez, S., Valencia, R., Pitman, N., Endara, L., Ulloa Ulloa, C. y Navarrete, H. (Eds.). Libro Rojo de las plantas endémicas del Ecuador. Publicaciones del Herbario QCA, Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito. 2º edición.

Mooney, H. A., y Cleland, E. E. (2001). The evolutionary impact of invasive species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10), 5446-5451.

Mora, C., Tittensor, D. P., Adl, S., Simpson, A. G. B., y Worm, B. (2021). How many species are there on Earth and in the Ocean? *PLoS Biol*, 9(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>

- Morán Armendáriz, J. R., Novillo Coello, M. J., y Cedeño, J. (2022). Selección de los Modelos de Proyección para el Cambio Climático del CMIP6 con mejor desempeño para el territorio ecuatoriano (Doctoral dissertation, ESPOL. FIMCM: Oceanografía).
- Muñoz-Mas, R., Gil-Martínez, E., Oliva-Paterna, F. J., Belda, E. J., y Martínez-Capel, F. (2019). Tree-based ensembles unveil the microhabitat suitability for the invasive bleak (*Alburnus alburnus* L.) and pumpkinseed (*Lepomis gibbosus* L.): Introducing XGBoost to eco-informatics. *Ecological Informatics*, 53, 100974.
- Neill, D. A. (2012). ¿Cuántas especies nativas de plantas vasculares hay en Ecuador? *Revista Amazónica Ciencia y Tecnología*, 1(1), 70-83.
- O'Donohue, D. (2023). Geospatial Modeling Environment (GME). Mapscaping. Obtenido el 11 de noviembre de 2023 desde <https://mapscaping.com/geospatial-modeling-environment-gme/>
- Oleas, N., Gebelein, J., Meerow, A., Feeley, K., y Francisco-Ortega, J. (2014). Using species distribution models as a tool to discover new populations of *Phaedranassa brevifolia* Meerow, 1987 (Liliopsida: Amaryllidaceae) in Northern Ecuador. *Check List* 10(3): 689-691. DOI: 10.15560/10.3.689
- Peñafiel Cevallos, M. C. (2022). Potencial de las colecciones de herbario para la biología de la conservación: Un estudio de caso en el género *Salvia* L.

(Lamiaceae) en Ecuador (Master's thesis, Quito: Universidad Tecnológica Indoamérica).

Phillips, R. B., Cooke, B. D., Campbell, K., Carrion, V., Marouez, C., y Snell, H. L. (2005). Eradicating feral cats to protect Galapagos land iguanas: methods and strategies. *Pacific Conservation Biology*, 11(4), 257-267. DOI: 10.1071/PC050257

Phillips, S. J., Anderson, R. P., Dudík, M., Schapire, R. E., y Blair, M. E. (2017). Opening the black box: An open-source release of Maxent. *Ecography*, 40(7), 887-893. DOI: 10.1111/ecog.03049

Phillips, S. J., Anderson, R. P., y Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190(3-4), 231-259.

Porfirio, L. L., Harris, R. M., Lefroy, E. C., Hugh, S., Gould, S. F., Lee, G., ... y Mackey, B. (2014). Improving the use of species distribution models in conservation planning and management under climate change. *PLoS One*, 9(11), e113749.

POWO. (2023a). *Salvia occidentalis* Sw. En Plants of the World Online, Royal Botanic Gardens of Kew. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:456822-1>

POWO. (2023b). *Salvia leucantha* Cav. En Plants of the World Online, Royal Botanic Gardens of Kew. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:226705-2>

POWO. (2023c). *Salvia rosmarinus* Spenn. En Plants of the World Online, Royal Botanic Gardens of Kew. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:457138-1>

POWO. (2023d). *Salvia sagittata* Ruiz & Pav. En Plants of the World Online, Royal Botanic Gardens of Kew. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:457173-1>

POWO. (2023e). *Salvia prostrata* Hook.f.. En Plants of the World Online, Royal Botanic Gardens of Kew. Obtenido el 21 de noviembre de 2023 desde <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:317731-2>

Prasad, A. M. (2018). Machine learning for macroscale ecological niche modeling-a multi-model, multi-response ensemble technique for tree species management under climate change. Páginas 123-139 en Humphries, G. R., Magness, D. R., y Huettmann, F. (Eds.). Machine learning for ecology and sustainable natural resource management. Switzerland: Springer.

Pliscoff, P., y Fuentes-Castillo, T. (2011). Modelación de la distribución de especies y ecosistemas en el tiempo y en el espacio: una revisión de las nuevas

herramientas y enfoques disponibles. *Revista de Geografía Norte Grande*, (48), 61-79.

Reatini, B., de Lourdes Torres, M., y Vision, T. J. (2022). Local exclusion and regional decline of an endemic Galápagos tree species (*Psidium galapageium*) by an invasive relative (*P. guajava*). *bioRxiv*, 2022-10. DOI: <https://doi.org/10.1101/2022.10.11.511772>

Reineking, B. (2006). Constrain to perform: regularization of habitat models. *Ecological Modelling*, 193(3-4), 675-690.

Ríos, H., y Vargas, O. (2003). Ecología de las especies invasoras. *Pérez-Arbelaezia*, (14), 119-148.

Rodríguez, A. G., y Meza, L. M. (2016). Agrobiodiversidad, agricultura familiar y cambio climático (No. 85). Naciones Unidas Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL).

Rodríguez, J. P., Brotons, L., Bustamante, J., y Seoane, J. (2007). The application of predictive modelling of species distribution to biodiversity conservation. *Diversity and Distributions*, 13, 243-251.

Romoleroux, K. (2009). Notas sobre la flora vascular de Galápagos. *Revista Ecuatoriana de Medicina y Ciencias Biológicas*, 30(1-2).

- Sillero, N., & Barbosa, A. M. (2021). Common mistakes in ecological niche models. *International Journal of Geographical Information Science*, 35(2), 213-226. DOI: 10.1080/13658816.2020.1798968
- Shabani, F., Kumar, L., y Ahmadi, M. (2016). A comparison of absolute performance of different correlative and mechanistic species distribution models in an independent area. *Ecology and evolution*, 6(16), 5973-5986. DOI: 10.1002/ece3.2332
- Srivastava, V., Lafond, V., y Griess, V. C. (2019). Species distribution models (SDM): applications, benefits and challenges in invasive species management. *CABI Reviews*, (2019),1-13.
- Sruthi, E. R. (2023). Understand Random Forest Algorithms With Examples (Updated 2023). Analytics Vidhya. Obtenido el 09 de octubre de 2023 desde <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2021/06/understanding-random-forest/#Conclusion>
- Strobl, C., Boulesteix, A. L., Kneib, T., Augustin, T., y Zeileis, A. (2008). Conditional variable importance for random forests. *BMC bioinformatics*, 9, 1-11.
- Swets, J. A. (1988). Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science*, 240(4857), 1285-1293. DOI: 10.1126/science.3287615

- Thuiller, W., Lafourcade, B., Engler, R., y Araújo, M. B. (2009). BIOMOD—a platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography*, 32(3), 369-373. DOI: 10.1111/j.1600-0587.2008.05742.x
- Tye, A., H.L. Snell, S.B. Peck y H. Adersen. (2002). Outstanding terrestrial features of the Galapagos archipelago. In A Biodiversity vision for the Galapagos Islands. By Charles Darwin Foundation and World Wildlife Fund, Puerto Ayora, Galapagos.
- Tye, A., Atkinson, R., y Carrión, V. (2006). Increase in the number of introduced plant species in Galapagos. CDF, DPNG, INGALA, editors. *Galapagos Report*, 2007, 133-135.
- Ulloa Ulloa, C., Acevedo-Rodríguez, P., Beck, S., Belgrano, M. J., Bernal, R., Berry, P. E., Brako, L., Celis, M., Davidse, G., Forzza, R. C., Gradstein, S. R., Hokche, O., León, B., León-Yáñez, S., Magill, R. E., Neill, D. A., Nee, M., Raven, P. H., Stimmell, H., Strong, M. T., Villaseñor, J. L., Zarucchi, J. L., Zuloaga, F. O. y Jørgensen, P. M. (2017). An integrated assessment of the vascular plant species of the Americas. *Science*, 358 (6370), 1614-1617. DOI: 10.1126/science.aao0398
- UNESCO. (2021). Reserva de la Biosfera Archipiélago de Colón - Galápagos (Ecuador). Obtenido el 30 de octubre de 2023, desde <https://es.unesco.org/biosphere/lac/galapagos>



- Uysal, I., Koçer, O., Mohammed, F. S., Lekesiz, Ö., Doğan, M., Şabik, A. E., Sevindik, E., Gerçeker, F. Ö., y Sevindik, M. (2023). Pharmacological and nutritional properties: Genus *Salvia*. *Advances in Pharmacology and Pharmacy*, 11(2), 140-155. DOI: 10.13189/app.2023.110206
- Valavi, R., Guillera-Arroita, G., Lahoz-Monfort, J. J., y Elith, J. (2022). Predictive performance of presence-only species distribution models: a benchmark study with reproducible code. *Ecological Monographs*, 92(1), e01486. DOI: 10.1002/ecm.1486
- Volodin, E., Mortikov, E., Gritsun, A., Lykossov, V., Galin, V., Diansky, N., ... & Emelina, S. (2019). INM INM-CM4-8 model output prepared for CMIP6 ScenarioMIP. DOI: 10.22033/ESGF/CMIP6.5080
- Walker, J. B., Sytsma, K. J., Treutlein, J., y Wink, M. (2004). *Salvia* (Lamiaceae) is not monophyletic: implications for the systematics, radiation, and ecological specializations of *Salvia* and tribe Mentheae. *American Journal of Botany*, 91(7), 1115-1125. DOI: 10.3732/ajb.91.7.1115
- Walsh, S. J., McCleary, A. L., Mena, C. F., Shao, Y., Tuttle, J. P., González, A., y Atkinson, R. (2008). QuickBird and Hyperion data analysis of an invasive plant species in the Galapagos Islands of Ecuador: Implications for control and land use management. *Remote Sensing of Environment*, 112(5), 1927-1941.

- Wester, P., Cairampoma, L., Haag, S., Schramme, J., Neumeyer, C., y Claßen-Bockhoff, R. (2020). Bee exclusion in bird-pollinated *Salvia* flowers: the role of flower color versus flower construction. *International Journal of Plant Sciences*, 181(8), 770-786.
- Will, M., y Claßen-Bockhoff, R. (2017). Time to split *Salvia* sl (Lamiaceae)—new insights from Old World *Salvia* phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 109, 33-58. DOI: 10.1016/j.ympev.2016.12.041
- Williams, J. N., Seo, C., Thorne, J., Nelson, J. K., Erwin, S., O'Brien, J. M., y Schwartz, M. W. (2009). Using species distribution models to predict new occurrences for rare plants. *Diversity and Distributions*, 15(4), 565-576. DOI: 10.1111/j.1472-4642.2009.00567.x
- WWF. (2023). Galápagos Islands, off the coast of Ecuador. WWF. Obtenido el 30 de octubre de 2023, desde <https://www.worldwildlife.org/ecoregions/nt1307>
- Xu, Z., Chang, L., Xu, Z., y Chang, L. (2017). Lamiaceae. *Identification and Control of Common Weeds: Volume 3*, 181-265. DOI: 10.1007/978-981-10-5403-7\_8
- Zaragoza, O. Z. (2009). Guía de árboles y otras plantas nativas en la zona metropolitana de monterrey. Fondo Editorial de NL.
- Zermoglio, P. F., Plata Corredor, C. A., Wiczorek, J. R., Ortiz Gallego, R., y Buitrago, L. (2021). Guía para la limpieza de datos sobre biodiversidad con OpenRefine

Versión 3.0. En Global Biodiversity Information Facility, obtenido el 24 de febrero de 2024 desde <https://docs.gbif.org/openrefine-guide/3.0/es/>

Ziehn, T., Chamberlain, M., Lenton, A., Law, R., Bodman, R., Dix, M., ... y Ridzwan, S. M. (2019). CSIRO ACCESS-ESM1. 5 model output prepared for CMIP6 C4MIP. World Data Center for Climate (WDCC) at DKRZ. [https://www.wdc-climate.de/ui/entry?acronym=C6\\_4371208](https://www.wdc-climate.de/ui/entry?acronym=C6_4371208)

Zhang, L., Liu, S., Sun, P., y Wang, T. (2011). Comparative evaluation of multiple models of the effects of climate change on the potential distribution of *Pinus massoniana*. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 35(11), 1091-1105. DOI: 10.3724/SP.J.1258.2011.01091