

I Jornadas de Ecoinformática de la AEET

24 y 25 de octubre de 2024
Alcalá de Henares (Madrid)



aeet
ASOCIACIÓN
ESPAÑOLA DE
ECOLOGÍA
TERRESTRE



Universidad
de Alcalá



_EcoInformática

Simulación espacial del funcionamiento y la dinámica forestal a escala regional

Rodrigo Balaguer-Romano*, Miquel De Cáceres, Josep M^a Espelta

CREAF, Bellaterra, Catalonia, 08193 Spain.

*rodrigo.balaguer.romano@gmail.com

Palabras clave / Keywords: *R; Modelos basados en procesos; Inventario forestal; LIDAR; Interpolación meteorológica*

En la presentación se ilustrará como simular espacialmente el funcionamiento y la dinámica forestal a escala regional aplicando el paquete de R *MEDFATELAND*. Partiendo de un polígono que defina la zona de estudio se crea un ráster con la resolución de interés, el cual se transforma en un objeto *sf* que recoge cada píxel y su localización. A continuación, se determinan en cada píxel la topografía (altitud, pendiente, orientación), el uso del suelo (forestal, agrícola, artificial), las características de la vegetación (basadas en el Inventario Forestal Nacional; IFN4) y las características del suelo (basadas en la base de datos SoilGrids). Finalmente se utiliza información LIDAR para corregir la estructura de la vegetación (altura y área basal) en cada píxel. Una vez inicializado el paisaje con las características del área de estudio, *MEDFATELAND* permite simular balances hídricos y dinámicas forestales (crecimiento y mortalidad) en cada píxel de interés, permitiendo aplicar distintas estrategias de gestión definidas por el usuario. Para ello, es necesario establecer las condiciones meteorológicas diarias en cada píxel, las cuales pueden interpolarse a partir de estaciones meteorológicas cercanas al área de estudio. Los resultados de estas simulaciones tienen un amplio abanico de aplicaciones. Por ello, se expondrá como ejemplo práctico el análisis de la conectividad potencial del fuego en la región metropolitana de Barcelona, estudio que está llevando a cabo actualmente el CREAM enmarcado en el proyecto europeo *wildE: Climate-smart rewilding: ecological restoration for climate change mitigation, adaptation and biodiversity support in Europe* (wildE/GAP-101081251).

La gestión de datos en un proyecto interdisciplinar: la experiencia en el proyecto nacional IB-ForRes.

Marina Rodes-Blanco^{1,2*}, Christopher Fernández-Blas¹, María José López-Caro², Inmaculada Aguado², Jesús J. Camarero³, Michele Colangelo³, Mariano García², Isabel García-García⁴, Francisco Javier Gallego-Rodríguez⁴, Antonio Gazol⁴, Elena Granda¹, Ester González³, Álvaro Lázaro¹, Juan Carlos Linares⁵, Belén Méndez-Cea⁴, César Morales-Molino¹, Pedro Rebollo⁴, Marta Rodríguez-Rey¹, Pedro Rebollo-Orozco⁶, Raúl Sánchez-Salguero⁵, Eva Samblás¹, Julián Tijerín-Triviño¹, Cristina Valeriano³, Miguel A. Zavala¹, Paloma Ruiz-Benito¹

¹ Universidad de Alcalá. Grupo de Ecología y Restauración Forestal (FORECO). Departamento de Ciencias de la Vida. Campus Universitario, 28805 Alcalá de Henares, Madrid, España

² Universidad de Alcalá. Grupo de Investigación en Teledetección Ambiental (GITA). Departamento de Geología, Geografía y Medio Ambiente. Calle Colegios 2, 28801 Alcalá de Henares, Madrid, España

³ Instituto Pirenaico de Ecología (IPE-CSIC), 50059 Zaragoza, España

⁴ Universidad Complutense de Madrid. Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología. Unidad de Genética. Facultad de Ciencias Biológicas, 28040 Madrid, España

⁵ Universidad Pablo de Olavide Departamento de Sistemas Físicos, Químicos y Naturales. 41013 Sevilla, España

⁶ Universidad Complutense de Madrid. Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias Biológicas. Calle José Antonio Novais 12, 28040 Madrid, España

*marina.rodes@uah.es

Palabras clave / Keywords: *reproducibilidad, colaboración, metadatos, programación, interdisciplinariedad, gestión de datos.*

En el estudio de sistemas complejos, como los bosques, es necesario contar con equipos interdisciplinarios que aporten diversas perspectivas. Esto resulta de especial valor al conferir una visión más holística que permite entender el problema a distintas escalas, pero también supone un reto para la coordinación y la gestión de datos. En el

proyecto IB-ForRes “*Respuestas de los bosques ibéricos al cambio climático a diferentes escalas espacio temporales*” estudiamos el decaimiento forestal por sequía en la península Ibérica desde varios enfoques. Consta de cuatro subproyectos: LARGE (inventario forestal y modelización), REMOTE (teledetección), LONG (dendrocronología y suelos) y ADAPT (genética) que abordan escalas y niveles de organización muy dispares - abarcando desde el genoma al ecosistema- y con observaciones de naturaleza muy diversa que es imprescindible organizar y armonizar para el éxito del proyecto. El objetivo de esta comunicación oral es presentar nuestra experiencia durante el proceso completo de gestión de datos (desde la toma hasta la publicación), la generación de documentación y los flujos de trabajo. Asimismo, describiremos el uso de herramientas (p.ej. software) para automatizar procesos, hacerlos reproducibles y trazables, trabajar colaborativamente y compartir de forma segura los datos entre subproyectos. La gestión de información de diferentes fuentes involucrando a múltiples personas tomando y procesando datos a distintas escalas de trabajo supone tanto un desafío como una oportunidad en el aprendizaje de la gestión de datos, control de errores y versiones, y creación de equipo en la definición y búsqueda de objetivos comunes. Compartir este proyecto en desarrollo pretende generar un espacio de debate sobre la gestión de datos, el trabajo colaborativo y la transparencia en el proceso científico.

Forestables: un enfoque estructurado para la armonización de Datos de Inventarios Forestales Nacionales

Adriana Tovar Rodríguez, Víctor Granda García , Miquel de Cáceres Aínsa, Roberto Molowny-Horas

CREAF, Cerdanyola del Vallès 08193, Spain

*a.tovar@creaf.cat

Palabras clave / Keywords: *Inventarios Forestales Nacionales, Armonización de Datos, Filosofía Tidy, Modelado Ecológico, Datos Abiertos*

Los Inventarios Forestales Nacionales (IFNs) son fundamentales para el monitoreo y la planificación forestal a nivel nacional e internacional (Vidal et al., 2016). Aunque muchos países ofrecen acceso público a sus datos, la armonización de estos conjuntos de datos es limitada y suele centrarse en reportes internacionales (Gschwantner et al., 2024).

Para abordar esta necesidad, presentamos Forestables (Tovar y Granda, 2024), un paquete de R que armoniza datos abiertos de IFNs de EE.UU. (FIA), Francia (FFI) y España (IFN). Forestables estandariza información sobre árboles, regeneración, sotobosque y características topográficas, facilitando la integración uniforme de los datos. Esto permite su uso en simulaciones de crecimiento forestal y en modelos basados en procesos como MEDFATE (De Cáceres et al., 2023).

El paquete organiza los datos en marcos de datos (tibbles), donde cada fila representa una combinación única de parcela y año. Los metadatos se encuentran en las columnas iniciales, mientras que las últimas columnas contienen tablas anidadas con datos detallados de árboles, sotobosque y regeneración, garantizando una estructura adecuada para el análisis.

Forestables incluye funciones para descargar y obtener datos de fuentes oficiales, con la opción de seleccionar años o regiones específicas, limpiar los outputs y manejar valores faltantes. El paquete se encuentra Disponible en GitHub

(<https://emf-creaf.github.io/forestables/>), sigue los principios de la filosofía Tidy y ofrece documentación completa con ejemplos prácticos. También está abierto a colaboraciones para incorporar nuevos inventarios forestales.

MEDFATE 2.9.3: A trait-enabled model to simulate Mediterranean forest function and dynamics at regional scales. *Geoscientific Model Development*, 16, 3165–3201. <https://doi.org/10.5194/gmd-16-3165-2023>

Gschwantner, T., Riedel, T., Henning, L., Adame, P., Adolt, R., Aguirre, A., Alberdi, I., Avitabile, V., Cañellas, I., Di Cosmo, L., Fischer, C., Freudenschuß, A., Gasparini, P., Henttonen, H. M., Korhonen, K. T., Kučera, M., Marin, G., Máslo, J., Mionskowski, M., ... Westerlund, B. (2024). Improved large-area forest increment information in Europe through harmonisation of National Forest Inventories. *Forest Ecology and Management*, 562, 121913. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2024.121913>

Tovar, A., Granda, V. (2024). forestables: Making Forest Inventory Data Tidy. R package version 0.0.6, <https://emf-creaf.github.io/forestables/>. Vidal, C., Alberdi, I., Redmond, J., et al. (2016). The role of European National Forest

Inventories for international forestry reporting. *Annals of Forest Science*, 73, 793–806. <https://doi.org/10.1007/s13595-016-0545-6>

famexploreR: flujo de trabajo para gestión de datos de Flora Amenazada de Andalucía.

Antonio J. Pérez-Luque¹ , Juan Lorite²

¹ Institute of Forest Sciences (ICIFOR), National Institute of Agricultural and Food Research and Technology (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña km 7.5, 28040 Madrid, Spain

² Departamento de Botánica, Universidad de Granada, Spain

*antonio.perez@inia.csic.es, ajpelu@gmail.com

Palabras clave / Keywords: *flora amenazada; monitorización; conservación vegetal; gestión información; shiny-app*

Las especies vegetales que se encuentran amenazadas o en peligro requieren un monitoreo periódico para evaluar el estado de sus poblaciones y detectar posibles tendencias que puedan suponer una alteración de su estado de conservación. De igual modo, muchas especies, son objeto de diferentes actuaciones de gestión y restauración para mejorar su estado de conservación, como por ejemplo, la instalación de vallados que limiten la herbivoría. Éstas y otras actuaciones, requieren de un constante esfuerzo de seguimiento y monitoreo de las poblaciones naturales, cuya información es muy valiosa para evaluar el estado de conservación de estas especies y adaptar las medidas de conservación a la situación específica de cada población .

Diferentes administraciones ambientales han puesto en marcha iniciativas de seguimiento de flora y vegetación que están generando una gran cantidad de información valiosa. Sin embargo, en muchas ocasiones esa información está poco estructurada, lo que dificulta su análisis y además presenta un alto riesgo de desaparecer por almacenamiento, gestión y mantenimiento inadecuados. En este trabajo presentamos famexploreR (<https://ajpelu.github.io/famexploreR/>), un flujo de trabajo pensado para facilitar del seguimiento de flora amenazada por parte del personal técnico de la administración, así como la gestión de la información recopilada en campo y la generación de diversos informes a partir de dicha información, facilitando así su trabajo.

El flujo de trabajo está compuesto por funciones específicas desarrolladas en R y una aplicación desarrollada con shiny, un marco de aplicación web para R. La aplicación permite el cómputo de diferentes variables e índices (riqueza y diversidad vegetal; análisis de vecindad; exploración de rasgos biológicos y reproductivos), así como la visualización espacial de los datos de seguimiento. El formato modular de famexploreR permite

incorporar nuevos módulos en función de las necesidades demandadas por los técnicos y gestores encargados de la conservación. De esta forma, la aplicación permite que técnicos y agentes de medio ambiente, sin necesidad de conocimientos específicos de estadística o programación, puedan generar de manera rápida y sencilla gráficos e informes de los seguimientos de las especies amenazadas, que pueden ser utilizados para planificar actuaciones de gestión.

Ensamblaje de bases de datos con validación automática utilizando GitHub Actions

Francisco Rodríguez-Sánchez^{1*}

¹ Universidad de Sevilla

*f.rodriguez.sanc@gmail.com

Palabras clave / Keywords: *GitHub, control de versiones, bases de datos, síntesis, automatización*

El ensamblaje de bases de datos a partir de fuentes diversas es una tarea que a menudo se realiza manualmente. Este proceso de ensamblaje manual no solo es lento e ineficiente, sino que además propicia la acumulación de errores. En esta charla se demostrará un flujo de trabajo para el ensamblaje de bases de datos con control de calidad automático utilizando GitHub Actions (computación en la nube). Dicho ensamblaje puede combinarse con la actualización dinámica y automática de informes, artículos, páginas webs, posts en redes sociales, etc. de manera eficiente y totalmente gratuita.

From prediction to accuracy in the validation of BirdNET in acoustic identification of birds in local ecosystems

Alba Márquez-Rodríguez^{1,2*}, Laura Rollán^{1,2}, Gonzalo Muñoz^{1,2}, Andrés de la Cruz^{1,2}

¹ Institute of Marine Research (INMAR), International Campus of Excellence in Marine Science (CEIMAR), University of Cádiz, 11510, Puerto Real, Cádiz, Spain.

² Biology Department, University of Cádiz, 11510, Puerto Real, Cádiz, Spain.

*alba.marquez@uca.es

Palabras clave / Keywords: *Ecoacoustics, PAM, Artificial Intelligence, BirdNET, Validation*

We assessed the performance of BirdNET, an AI tool for automatic species identification, using passive acoustic monitoring (PAM) data collected from the Bay of Cádiz. PAM provides continuous data from remote areas but generates large volumes of audio, which are challenging to process. BirdNET aims to automate species identification, yet its accuracy is affected by training data biases, particularly for species and environments not represented in the dataset.

Our study focused on two common wader species in the Bay of Cádiz: the common sandpiper (*Actitis hypoleucos*) and the common redshank (*Tringa totanus*). Using a Song Meter Mini 2 recorder, we collected 618 hours of audio between April and August 2024. BirdNET's initial predictions for these species were unreliable, often confusing them with other local species such as the Common Nightingale (*Luscinia megarhynchos*) and the Eurasian Collared dove (*Streptopelia decaocto*). To address this, we developed a Python-based web app to manually validate and correct BirdNET's predictions. The app can be downloaded from our GitHub repository [1].

Our validation of more than 400 segments revealed that while BirdNET performs poorly for the target species, it yields high accuracy for the misidentified species. These findings highlight BirdNET's limitations in identifying species not well- represented in its training data but suggest that fine-tuning the model with local acoustic data could improve its accuracy. The validation data is stored in a private repository for future ecological analyses. This study emphasizes the importance of validating AI-generated data and demonstrates how local acoustic data can enhance species identification in complex environments.

[1]: <https://github.com/SEANIMALMOVE/BirdNET-PredictionsValidator-App>

Guidance in the curation criteria of species occurrence records with OCCUR app and their influence on the spatial distribution of species information.

Cristina Ronquillo¹, Juliana Stropp², Joaquín Hortal¹

¹ Dept. of Biogeography & Global Change, Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), Madrid, Spain

² Dept. of Biogeography, Trier University, Trier, Germany

*cristinaronquillo@mncn.csic.es.

Palabras clave / Keywords: *biodiversity informatics, curation criteria, data cleaning, shiny app, species occurrence records*

The massive volume of biodiversity occurrence records available nowadays can help understand many large-scale biogeographical, ecological and evolutionary questions. However, a detailed guide outlining the processes of curating these records from collection, filtering and standardising is needed to ensure comparability and reproducibility between studies. We reviewed the literature on data curation, and organised all tools and strategies available in a complete guide, presented in the form of an interactive app. OCCUR Shiny application (available at <https://ecoinformatic.shinyapps.io/OCCUR/>) provides a user-friendly platform to the biodiversity informatics community. It helps incorporating data curation into analytical workflows easily. OCCUR guides researchers through five modules offering detailed information on the trade-off between data certainty and data coverage generated in each curation step, producing a custom-made final report with all the steps marked.

As OCCUR provides multiple ways to combine data curation methods, we assessed the impact of applying some different taxonomic harmonisation sources and filters as follows. First, in the observed richness of mosses using ca. 9 million records of the temperate region of the Northern Hemisphere. Second, evaluating the impact of filtering geographical outliers on the climatic area covered of ca. 344 million records from vascular plants. We conclude that filtering records under particular criteria decrease the volume of data available, and thus compromise the spatial information displayed in some areas, and the results obtained from the analyses based on these data. These evaluations stressed the importance of justifying any criteria used to handle occurrence records from biodiversity databases.

Coevolución entre la microbiota del suelo y *Q. ilex*: Efecto sobre la germinación de las semillas

Miguel Hurtado Martínez^{1*}, Elena Díaz-Santiago¹, Rosina Magaña Ugarte², Francisco I. Pugnaire¹

¹ Estación Experimental de Zonas Áridas (EEZA). Almería, Spain.

² Dpt. Pharmacology, Pharmacognosy, and Botany. Botany Unit. Faculty of Pharmacy. Universidad Complutense de Madrid. Madrid, Spain.

*hurtado@eeza.csic.es

Palabras clave / Keywords: *Germination, Holm oak, home-field advantage, Seed microbes, Soil microbial communities.*

La germinación es una etapa determinante en el ciclo fenológico de las plantas. Tanto la microbiota del suelo como la presente en las semillas, son impulsores clave en el proceso de germinación, liberando sustancias que desencadenan la ruptura de la latencia y el inicio del proceso. En este estudio se investigó el efecto de la microbiota presente en la propia semilla y en diferentes tipos de suelo (suelo local procedente de un bosque de *Quercus* y suelo foráneo procedente de un pinar), para ello se realizó una inoculación de las semillas con extractos procedentes del propio bosque de *Quercus*, y otro procedente de un suelo foráneo.

Una parte de estas semillas fue esterilizada para eliminar la microbiota presente, mientras que otra parte fue colocada para su germinación en suelo local o suelo foráneo. Se tomaron muestras de los diferentes tipos de suelo utilizados en el estudio, y se realizó análisis metagenómico por amplicón para estudiar la microbiota, tanto de bacterias como de hongos. El análisis bioinformático es una parte esencial de los estudios metagenómicos. Para procesar las secuencias brutas se utiliza el software QIIME2. Posteriormente, se realizó un estudio de la composición y estructura de las comunidades microbianas utilizando diferentes paquetes del software R.

Como conclusión, nuestros datos mostraron que el microbioma del suelo juega un papel crucial en la germinación de *Q. ilex*, donde los microorganismos pueden tener una ventaja evolutiva en los suelos locales debido a su historia coevolutiva, en comparación con suelos extranjeros donde las comunidades han tenido un proceso de coevolución diferente. Los resultados sugieren que la microbiota local tiene un efecto favorable en el proceso de germinación de las semillas.

BayesianNetworks: una nueva herramienta para analizar interacciones ecológicas.

Elena Quintero¹, Francisco Rodríguez-Sánchez¹

¹ Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biología, Universidad de Sevilla

*equintero1@us.es

Palabras clave / Keywords: *Ecological networks, Bayes, plant-animal interactions, sampling effort, interaction likelihood*

Studying species interactions is crucial for understanding ecosystem dynamics. However, obtaining accurate estimates of biotic interactions requires extensive field sampling over long periods, where more effort leads to more comprehensive estimates. To date, most empirical ecological studies are based on observational data which does not effectively incorporate sampling completeness into species interaction estimates. Yet, strong variation in sampling effort among species can greatly impact network structure as well as many other network parameters. Variation encountered across network structure and parameter can be a result of methodological bias rather than biological processes, hindering correct ecological interpretation. This underscores the need to consider uncertainty when dealing with unreliable ecological data. In a recent study, Young and colleagues (2021) proposed a Bayesian statistical framework that allows obtaining more robust estimates of network structure and ecological metrics from noisy observational data. The authors reconstructed plant-pollinator networks from observational data based on interaction likelihood. Building on the work of Young et al. (2021), we introduce a new open-source R package called “BayesianNetworks” that greatly facilitates data preparation, model fitting, and posterior model assessment for large numbers of interaction networks. This package incorporates the effect of varying sampling efforts on network reconstruction, as well as underlying preferences between interacting partners. The package will be made publicly available soon and is expected to facilitate the adoption of a more robust framework for the analysis of ecological networks. We illustrate the application of this R package using 46 plant-animal networks based on fruit-consumption visitation events with varying sampling efforts. For each network, we obtain Bayesian posterior estimates for all potential interactions and propagate these uncertainties into network descriptors. We demonstrate how this novel confidence-based

approach allows obtaining more robust, complete, and insightful picture of the structure of ecological networks.

Young, J.-G., Valdovinos, F. S., & Newman, M. E. J. (2021). Reconstruction of plant–pollinator networks from observational data. *Nature Communications*, 12(1), 3911. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24149-x>

Aproximación ecoinformática a la ecología microbiana a partir de la combinación de datos genéticos y de seguimiento temporal.

Agustín Carbajo-Usano^{1*}, Xavier Triadó-Margarit¹, Antonio Rivas², Arnau Vendrell³, Irene Gutierrez³, Emilio O Casamayor¹

¹ Ecología del Microbioma Global. Centre d'Estudis Avançats de Blanes (CEAB-CSIC)

² Centro de cría del lince ibérico El Acebuche (Huelva). Organismo Autónomo de Parques Nacionales (OAPN-MITECO)

³ Centro de cría del lince ibérico Zarza de Granadilla (Cáceres). Organismo Autónomo de Parques Nacionales (OAPN-MITECO)

*agustin.carbajo@ceab.csic.es

Palabras clave / Keywords: *microbiota intestinal, bioinformática, etología, vegan, NbClust.*

La microbiota intestinal y sus interacciones con el huésped han generado un reciente interés como un factor activo en la modulación del bienestar del individuo e influyente en un amplio abanico de procesos internos. Ampliar estos conocimientos es crucial para comprender el funcionamiento integral de cualquier individuo a nivel fisiológico y comportamental. En este estudio, buscamos describir la microbiota fecal del lince ibérico y explorar la relación entre esta y aspectos de su comportamiento, aprovechando el programa de cría en cautividad y los datos disponibles de los protocolos de conservación ex-situ y manejo de reproductores y de cachorros destinados a la reintroducción de dos instalaciones de cría. Partimos, por un lado, de datos genéticos obtenidos a través de la extracción de ADN de 647 muestras fecales, de las cuales se secuenció masivamente el gen ribosómico 16S RNA. Para describir la comunidad microbiana intestinal, se utilizó el paquete vegan de R. Trabajamos con 26 individuos y se obtuvieron muestras cada quince días durante aproximadamente dos años. Por otro lado, de manera paralela se recolectaron datos etológicos mediante etogramas tipo scan, consistentes en conteos de comportamiento diario durante dos años. La metodología basada en un proceso de clustering, utilizando el paquete NbClust de R, sirvió para agrupar las frecuencias de los conteos etológicos. Posteriormente, clasificamos las muestras genéticas en base a los clústeres de tipología comportamental obtenidos. Para cada tipología comparamos las comunidades microbianas mediante el paquete ANCOM-BC2 de R, realizando un análisis

de abundancia diferencial e identificando los grupos bacterianos distintivos de una determinada pauta comportamental.

LynxAutomator: aplicación para mejorar flujos de trabajo en el seguimiento del lince ibérico

Antón Álvarez¹

¹ WWF España

[*aalvarez@wwf.es](mailto:aalvarez@wwf.es)

Palabras clave / Keywords: *Wildbook, Wildlife Insight, lince ibérico, Custom Tkinter*

LynxAutomator es una aplicación de escritorio para Windows, desarrollada con la biblioteca Custom Tkinter, diseñada para automatizar el seguimiento de especies mediante fototrampeo, con un enfoque especial en el lince ibérico.

Esta herramienta ofrece varios módulos, entre los que destaca uno que facilita la descarga de imágenes de Wildlife Insight, una plataforma de seguimiento de fauna por fototrampeo que utiliza inteligencia artificial para el reconocimiento de especies, entre ellas el lince ibérico.

LynxAutomator también facilita la subida de imágenes en Wildbook, un conjunto de plataformas orientada a la identificación de individuos asistida por inteligencia artificial. También facilita la subida de imágenes provenientes de otras fuentes, así como de catálogos de individuos.

Además, LynxAutomator cuenta con un módulo que genera automáticamente informes de seguimiento en formato Excel, basándose en la organización de imágenes en una estructura de carpetas predefinidas. Otras funciones incluyen la corrección de fechas de captura en las fotos (error muy común en estudios de fototrampeo), o la extracción de fotogramas de videos, conservando metadatos EXIF. Estas funciones son especialmente útiles al trabajar con las plataformas anteriormente citadas, dado que no permiten trabajar con videos.

LynxAutomator demuestra la viabilidad de Custom Tkinter como una solución moderna y personalizable para crear interfaces de usuario accesibles, facilitando el manejo de procesos complejos para profesionales dedicados al seguimiento de fauna.

LynxAutomator optimiza la eficiencia en la gestión de imágenes y datos, brindando a los investigadores una herramienta para mejorar sus flujos de trabajo.

Desentrañando la influencia microbiana en la germinación de *Quercus ilex*

Elena Díaz-Santiago¹, Miguel Hurtado Martínez¹, Christian Kindler¹, Esteban Manrique², Francisco I. Pugnaire¹

¹ Estación Experimental de Zonas Áridas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Almería, España

² Real Jardín Botánico, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España

*elenad@eeza.csic.es

Palabras clave / Keywords: *Metagenómica, Germinación, Quercus Ilex, co-evolución, microbiota*

La germinación es un proceso vital influenciado por factores abióticos y bióticos, incluidas las comunidades microbianas del suelo que co-evolucionan con las plantas en respuesta a condiciones locales. Este estudio investiga el papel de las comunidades microbianas del suelo en la germinación de semillas de *Quercus ilex* mediante un enfoque metagenómico por amplicón, utilizando de muestras de suelo de dos localidades, Somiedo y Ronda. El análisis metagenómico permite identificar la composición microbiana, tanto de procariotas como de hongos, y explorar sus posibles efectos en la germinación. Con este enfoque se pueden llevar a cabo 3 tareas principales: el análisis taxonómico, que identifica los microorganismos presentes; el análisis funcional, que examina el potencial genético y metabólico de estas comunidades; y el análisis comparativo, que estudia las diferencias entre los sitios. El análisis bioinformático es fundamental para el procesamiento de los datos de secuenciación y para garantizar la reproducibilidad del análisis. Para el filtrado, ensamblado y agrupamiento de las secuencias en unidades taxonómicas se utilizó el software QIIME2. Para poder realizar un análisis de los datos obtenidos se utilizó R.

Se han desarrollado una gran variedad de paquetes en R para poder realizar distintos tipos de análisis de las secuencias procesadas. En este trabajo, se ha utilizado el paquete phyloseq para los análisis de diversidad (α y β) y composición microbiana, además del paquete microeco para estudiar los rasgos funcionales de las comunidades microbianas y sus posibles efectos en la germinación. El estudio encontró que los extractos de suelo de Somiedo incrementaron significativamente la germinación y con el análisis

metagenómico se encontraron diferencias en los rasgos funcionales microbianos entre ambas localidades.

Uso de R para modelización, análisis y tratamiento de datos en hidrología

Alejandro Sánchez-Gómez^{*1}, José Manuel Rodríguez-Castellanos¹, Eugenio Molina-Navarro¹

¹ Departamento de Geología, Geografía y Medio ambiente, Universidad de Alcalá (UAH).

^{*}alejandro.sanchezg@uah.es

Palabras clave / Keywords: *Modelización hidrológica, SWAT+, R, Hidrología.*

SWAT+ (Soil and Water Assessment Tool) es un modelo hidrológico que permite simular los efectos del uso del suelo, la gestión del agua y las prácticas agrícolas en los recursos hídricos y la calidad del agua. Utilizando como herramientas R y su interfaz R Studio, el uso y tratamiento de datos ambientales permite llevar a cabo una modelización hidrológica más rigurosa, siendo su uso cada vez más frecuente entre los usuarios del modelo. El trabajo con R incluye desde la preparación de los datos de entrada, y la creación y ejecución del modelo, hasta el post-procesamiento y visualización de resultados. Su entorno de programación permite procesar y analizar los modelos de manera más eficiente y detallada, utilizando paquetes específicos como SWATplusR (automatiza procesos clave como la modificación de parámetros, ejecución de simulaciones y análisis post-simulación). Otras funcionalidades empleadas en el ámbito de la hidrología permiten evaluar el ajuste de los modelos, o llevar a cabo análisis de sensibilidad y calibraciones multi-espaciales y multicriterio, detallando estos resultados a diversas escalas espaciales y temporales. Este trabajo presenta la aplicación de R en distintas etapas del proceso de modelización hidrológica, desde el análisis de datos observados para caracterizar el comportamiento hidrológico de cuencas, hasta la edición, calibración y obtención de resultados a partir del modelo SWAT+. La utilidad de este tipo de estudios en el ámbito de la ecología es amplia considerando la importancia del agua para el desarrollo de los seres vivos y la salud de sus ecosistemas asociados.

Novedades en el paquete 'labeleR': una herramienta para el mundo académico.

Julia G. de Aledo^{1,2,3}, Francisco Rodríguez-Sánchez⁴, Jimena Mateo-Martín^{1,3}, Ignacio Ramos-Gutiérrez^{1,3,4*}.

¹ Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, Spain.

² Departamento de Biología y Geología, Física y Química Inorgánica, Universidad Rey Juan Carlos, Madrid, Spain.

³ Centro de Investigación en Biodiversidad y Cambio Global, Universidad Autónoma de Madrid. Madrid, Spain.

⁴ Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain.

*ignacio.ramosgutierrez@uam.es.

Palabras clave / Keywords: *Acreditación, certificado, etiqueta, programación, software.*

El paquete 'labeleR' fue desarrollado para facilitar la generación de etiquetas de especímenes de herbario y otras colecciones científicas, certificados de asistencia y participación, acreditaciones identificativas. Esta herramienta permite la renderización automática de etiquetas y documentos a partir de extensas bases de datos, optimizando procesos típicamente largos y repetitivos. Este paquete se presenta como una opción personalizable y flexible frente a otras alternativas de uso frecuente, como la función *mailing list* combinando Microsoft Excel y Word, las funciones de Microsoft Access o programas informáticos alternativos que suelen ser caros y requieren conocimientos previos.

En su lugar, el paquete *labeleR* ha sido desarrollado en código abierto, lo que permite descargarlo gratuitamente desde el repositorio CRAN o desde GitHub (donde se puede acceder a un tutorial detallado, ver <https://ecologyr.github.io/labeleR/>). El paquete *labeleR* convierte procesos tediosos en una actividad rápida para obtener etiquetas y/o certificados en formato PDF para su fácil impresión o distribución.

Sin embargo, sus utilidades no acaban en la generación de dichos materiales. La filosofía de *labeleR* permite abrir el horizonte a nuevos materiales educativos completamente personalizables según el interés y necesidad de cada investigador.

Creemos que esta versátil herramienta contribuye a la eficiencia científica al simplificar procesos de etiquetado y organización complejos y que exigen mucho tiempo, especialmente para investigadores en etapas tempranas de su carrera.

***mappestRisk*: An R package for modelling and mapping risk of pest development based on known thermal limits.**

Darío San-Segundo Molina^{1*}, A. Marcia Barbosa², Antonio J. Pérez-Luque³, Francisco Rodríguez-Sánchez⁴.

¹ Departament of Life Sciences, GloCEE –Global Change Ecology & Evolution Research Group, University of Alcalá, Alcalá de Henares, Spain

² CICGE – Centro de Investigação em Ciências Geo-Espaciais, Faculdade de Ciências, Universidade do Porto, Portugal

³ Institute of Forest Sciences (ICIFOR), National Institute of Agricultural and Food Research and Technology (INIA-CSIC), Ctra. de La Coruña km 7.5, 28040 Madrid, Spain

⁴ Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain

*dario.ssm2@gmail.com

Palabras clave / Keywords: *Forecasts; thermal performance curves; model selection; pest risk assessment; uncertainties.*

Under ongoing global warming and recent crop pest invasions, there is an urgent need to fill the gap between experimental research on crop pests' thermal biology and applied forecasts informing policies for pest management. The R package *mappestRisk* facilitates ecological modelling for pest risk assessment to scientists from experimental pest research groups through an easy-to-use open software. Built upon existing R packages such as *nls.multstart* – *rTPC* (1) and *devRate* (2), *mappestRisk* provides a workflow of seven functions covering the process from modelling experimental data to pest risk map visualization. Taking as input a user-provided temperature-development dataset, the package fits nonlinear regression models and graphically displays their predicted thermal performance curves, with AIC scores and parameter uncertainty bootstrapped ribbons. This enables the user to select the best model for their data under ecological and statistical criteria. Next, the package calculates the thermal boundaries defining the optimal zone of the selected curve. These suitability boundaries are then used to extract climatic data to a spatial region/country specified by the user, where the package calculates the number of months per year with optimal temperatures for the pest development at each location. The resulting output is a spatial raster or an interactive map that provides valuable insights for future pest risk assessment, based on known

thermal biology of the target pest. This workflow contributes to make pest forecasts open and accessible to the scientific community.

1. D. Padfield, H. O'Sullivan, S. Pawar, *Methods in Ecology and Evolution*. **12**, 1138–1143 (2021).
2. F. Rebaudo, Q. Struelens, O. Dangles, *Methods in Ecology and Evolution*. **9**, 1144–1150 (2018).

The Law of the Minimum and quantile regressions bring novel opportunities to biogeography

Sara Villén-Pérez¹, Fernanda Alves-Martins^{2,3,4}, Jennifer Morales-Barbero^{2,9}, David Palomino², Cristina Grajera-Antolín², Ignacio Morales-Castilla¹, Enrique Andivia⁵, Paulo De Marco⁶, Julen Astigarraga⁷, Verónica Cruz-Alonso⁵, Paloma Ruiz-Benito^{7,8}.

¹ Universidad de Alcalá, GloCEE – Global Change Ecology and Evolution Research Group, Department of Life Sciences, Alcalá de Henares, Comunidad de Madrid, Spain

² Universidad de Alcalá, Department of Life Sciences, Alcalá de Henares, Comunidad de Madrid, Spain

³ University of Porto, CIBIO-InBIO, Research Centre in Biodiversity and Genetic Resources, Campus de Vairão, Vairao, Portugal

⁴ BIOPOLIS Program in Genomics, Biodiversity and Land Planning, CIBIO, Vairão, Portugal

⁵ Universidad Complutense de Madrid, Department of Biodiversity, Ecology and Evolution, Madrid, Spain

⁶ Universidade Federal de Goiás, Departamento de Ecologia, Goiânia, GO 74 690-720, Brazil

⁷ Universidad de Alcalá, Forest Ecology and Restoration Group (FORECO), Department of Life Sciences, Alcalá de Henares 28805, Spain

⁸ Department of Geology, Geography and Environment Science, Environmental Remote Sensing Research Group (GITA), Universidad de Alcalá, Alcalá de Henares 28801, Spain

⁹ Universidad Autónoma de Madrid, Departament of Biology, Madrid, Spain

*sara.villen@gmail.com.

Palabras clave / Keywords: *biogeography, environmental limitation, quantile regression, species abundance, species distribution models*

Understanding which ecological factors limit performance and therefore species distributions is a fundamental goal of ecology and biogeography. However, most efforts fail to answer this essential question: while nearly all studies assess whether species abundance relates to the environment, the key point is whether the environment imposes

a limitation on species abundance. This fundamental debate relates to the Law of the Minimum, which establishes that species performance is limited by a single environmental factor at each location and time. A prediction of this Law is that the relationship between species abundance and a single environmental factor will show a polygonal-shaped pattern, with points scattered from zero to an upper boundary. Our team demonstrated that polygonal-shaped patterns are pervasive across regions and taxa, including ca. 400 species of plants, trees and birds in Europe and US. However, we also found that these patterns have been consistently neglected in the literature. We will show how to apply quantile regressions to assess the limitation imposed by climatic factors on the maximum abundance of species, to predict shifts on the maximum potential abundance of species under future climate change scenarios, and to identify the limiting factor at each location and time. Moreover, we will discuss whether these methods can be used to estimate the fundamental niche of species using correlational data. Finally, we will present a novel function to identify polygon-shaped patterns in ecological data. Our results highlight the interest of the proposed theoretical and analytical framework in answering to long-standing questions in theoretical ecology and providing insights to the vulnerability to climate change.

Estimation of dispersal kernels for bird species using a Bayesian approach

Guillermo Fandos^{1*}, Matthew Talluto², Wolfgang Fiedler³, Robert A. Robinson⁴, Kasper Thorup⁵, Damaris Zurell⁶

¹ Department of Biodiversity Ecology and Evolution, Faculty of Biology, Complutense University, 28040 Madrid, Spain

² Department of Ecology, University of Innsbruck, Innsbruck, Austria

³ Department of Biology, Max Planck Institute of Animal Behavior, University of Konstanz, Radolfzell, Germany

⁴ British Trust for Ornithology, Thetford, Norfolk, UK

⁵ Center for Macroecology, Evolution and Climate, Globe Institute, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

⁶ Institute for Biochemistry and Biology, University of Potsdam, D-14469 Potsdam, Germany

*gfandos@ucm.es

Palabras clave / Keywords: *Demography, Exponential, Half-Cauchy, Weibull, Gamma, mark-recapture*

We applied a Bayesian approach to fit four dispersal kernels (exponential, Gamma, Weibull, and half-Cauchy) to bird dispersal data from the EURING database. A major challenge in this analysis is the inconsistent reporting of recaptures across different ringing schemes, especially the omission of short-distance dispersals, which biases kernel estimates. To address this, we implemented a censored data approach, treating zero-distance recaptures as potentially censored and distances above zero as accurately known.

Scheme-specific censoring thresholds were inferred from the model rather than set arbitrarily. We applied this method separately to different dispersal categories (breeding, natal, male, female) using a Bayesian framework in STAN. The analysis showed that the heterogeneity in reporting data between schemes strongly influences the dispersal estimates. By incorporating the posterior distributions of the scheme-specific thresholds, we generated robust dispersal kernel estimates for each species. This approach improves

our understanding of bird dispersal patterns and offers a flexible method for analyzing biased data from large-scale ecological datasets.

Ice age, current climate, habitat availability, and the diversity of European dragonflies and damselflies

Mónica Gómez-Vadillo, Joaquín Calatayud, Fernanda Alves-Martins, Cristina Ronquillo, Joaquín Hortal

Department of Biogeography & Global Change, Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), Madrid, Spain

*monica.gomez@mncn.csic.es

Palabras clave / Keywords: *contemporary climate, distribution, glaciations, habitat, Odonata, species richness.*

Several studies show that species richness patterns are determined by current climate and Pleistocene climatic oscillations. Additionally, habitat availability is an important driver of current species diversity, especially in aquatic ecosystems where lentic (standing water) and lotic (running water) habitats play distinct roles in species composition and richness. Odonates, an order of aquatic insects, exhibit distinct adaptive traits in response to climate and to lentic and lotic habitats. In this work, we study the species richness patterns of European odonates and the influence of past climate, current climate, and habitat availability. The study covers 124 species distributed across Europe (excluding Russia and all European islands except Great Britain and Ireland), divided into three groups: Odonata, lentic species, and lotic species. We analyzed their diversity in Northern and Southern Europe, divided according to the 0oC Isotherm of the Last Glacial Maximum (21,000 years ago), using data on current and Last Glacial Maximum climate (temperature and precipitation), as well as on habitat data from land cover and hydrology GIS maps. Our results suggest that the species richness patterns of dragonflies and damselflies are largely determined by the water-energy balance, with temperature influencing the decline in richness towards the south and precipitation determining the decline towards the north. Past climate oscillations affect species richness in southern and northern Europe. Habitat availability also influences odonate diversity, though to a lesser extent, with a positive correlation between lotic habitat availability and lotic species richness. In contrast, lentic species show a negative correlation with the availability of lentic habitats.

Quantile regression for identifying the limiting factors of species performance based on the Law of the Minimum.

Cristina Grajera-Antolín^{1*}, Julen Astigarraga¹, Verónica Cruz-Alonso² & Sara Villén-Pérez³.

¹ Universidad de Alcalá, Madrid, Spain

² Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

³ Universidad de Alcalá, GloCEE – Global Change Ecology and Evolution Research Group, Departamento de Ciencias de la Vida, 28805, Alcalá de Henares, Madrid, Spain.

*cristinagrajeraantolin@gmail.com

Palabras clave / Keywords: *Climate, competition, Darwin's Hypothesis, Forest Inventory and Analysis (FIA), latitudinal gradients, soil.*

Understanding which variables limit the distribution and abundance of species is one of the key questions in ecology. One classical hypothesis, attributed to Darwin, suggests that biotic variables will be more restrictive at lower latitudes, whereas abiotic variables will preponderate at higher latitudes. Various methods have been proposed to assess this hypothesis, but none have approached it from the perspective of Liebig's Law of the Minimum. This law might be particularly useful for ecological analyses because it posits that a single variable will limit the performance of species at any given time and location. Here, we used quantile regressions to enforce this law and test Darwin's hypothesis. First, we estimated the limiting effects of biotic (symmetric and asymmetric competition) and abiotic (drought, winter temperature, pH, nitrogen and organic carbon) factors on tree species performance, characterized by basal area, along the latitudinal gradient of US forests. To this end, we modelled 114 species distributed across 18,446 plots from the US Forest Inventory using 0.9 quantile regressions. Then, we identified the factor that predicted the lowest potential performance as the limiting variable in each plot. The results obtained refuted Darwin's classical macroecological theory, as the probability of a biotic variable limiting tree basal area increases with latitude. Specifically, competition was found to have a ~20% probability of being the limiting variable at high latitudes, which could be related to a possible interaction with less stressful abiotic conditions over time. Additionally, the low probability of winter temperature being the limiting factor at high latitudes may be associated with the recent increase in temperatures due to climate

change. The combination of the Law of the Minimum with quantile regressions offers an interesting framework for addressing both theoretical and applied questions related to the environmental limitations of species.

Integrating databases for spatial analysis and modeling of host-parasite associations

Cecilia Siliansky de Andreazzi^{1*}, Gabriella Lima Tabet Cruz², Ana Paula Lula Costa², Gisele R. Winck²

¹ Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

² Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

*cecilia.s.andreazzi@ucm.es.

Palabras clave / Keywords: *co-occurrence models, data gathering, ecological networks, species distribution, zoonoses*

Accurate predictive models for zoonotic disease emergence depend on understanding fine-scale drivers of species interactions, but these efforts are hindered by incomplete parasite data, particularly regarding the associated hosts and precise geographic locations. Here, we demonstrate how the NCBI Nucleotide and GBIF databases can be complementary to study spatially georeferenced parasite-host associations. Using this framework we built the Brazilian Mammal Parasite Occurrence Data (BMPO), a comprehensive dataset of microparasites associated with wild mammals in Brazil. BMPO incorporated host morphological and life-history traits, zoonotic parasite status, and their transmission modes. We applied joint species distribution models to estimate parasite-host association probabilities, accounting for host traits, host identity, geographic distribution, parasite transmission modes, and taxonomic relationships across multiple hierarchical levels. Our results indicate that body mass is the most significant trait influencing the probability of zoonotic microparasite associations. Parasite transmission modes were correlated with host traits, including body mass, litter size, and activity period. Additionally, we examined host centralities and their sensitivity to landscape change. Agricultural and deforestation activities were found to favor species that act as central hosts for parasite transmission. Conversely, non-central hosts had higher occurrence probabilities in areas with higher elevation and forest cover. Network module clustering evidenced that phylogenetically related hosts tend to share more parasites, even though they do not always co-occur locally. The lack of strong spatial correlation among parasite-sharing species highlights the importance of considering local association probabilities when assessing zoonotic disease emergence risk.

Modelizando cambios en composición de la comunidad arbórea en respuesta al cambio climático a través de la integración de modelos demográficos a nivel de especie.

Miriam Bravo-Hernández^{1*}, Julen Astigarraga¹, Susanne Suvanto², Albert Vilà-Cabrera¹, Thomas A.M. Pugh^{3,4}, Miguel A. Zavala¹, Adriane Esquivel-Muelbert³, André Thibaut⁵, Andrzej Talarczyk⁶, Anja Leyman⁷, Emil Cienciala⁸, Georges Kunstler⁹, Jonas Fridman¹⁰, Julien Barrere⁹, Leen Govaere⁷, Marta Rodríguez-Rey¹, Mart-Jan Schelhaas¹¹, Sara Villén-Pérez¹, Verónica Cruz-Alonso¹², Paloma Ruiz-Benito¹

¹ Universidad de Alcalá, Madrid, Spain

² Natural Resources Institute Finland (Luke), Helsinki, Finland

³ University of Birmingham, Birmingham, UK

⁴ Lund University, Lund, Sweden

⁵ Service Public de Wallonie, Jambes, Belgium

⁶ Forest and Natural Resources Research Centre Foundation, Warsaw, Poland

⁷ Agency for Nature and Forests (ANB), Brussels, Belgium

⁸ IFER - Institute of Forest Ecosystem Research, Jilove u Prahy, Czech Republic

⁹ Université Grenoble Alpes (INRAE), UR LESSEM, Saint-Martin-d'Hères, France

¹⁰ Swedish University of Agricultural Sciences, Umeå, Sweden

¹¹ Wageningen Environmental Research (WENR), Wageningen, Netherlands

¹² Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

*miriam.bravo@uah.es

Palabras clave / Keywords: *Inventarios Forestales Nacionales, Ecología forestal, GAM, crecimiento, mortalidad.*

Se han observado cambios en la composición arbórea en respuesta al cambio climático. Estos cambios en la composición están determinados por variaciones en la demografía de las especies que coexisten dentro de la comunidad. En este estudio, mediante inferencia a nivel de especie, cuantificamos cambios en la composición forestal en respuesta al cambio climático a lo largo del gradiente latitudinal de Europa. Para ello, analizamos 18 especies arbóreas distribuidas en más de 50.000 parcelas de Inventarios

Forestales de siete países. Ajustamos modelos aditivos generalizados para el crecimiento y la mortalidad a nivel de especie, controlando por el desarrollo del rodal y verificando la capacidad predictiva de los modelos mediante validación cruzada. A través de comparaciones predictivas, observamos que las regiones áridas dominadas por bosques en etapas tempranas de desarrollo se ven más afectadas por el cambio climático reciente que las regiones húmedas. Mediante dichas predicciones a nivel de especie, predecimos cambios en la composición, diversidad funcional y diversidad filogenética. La agregación de respuestas demográficas de las especies nos permite cuantificar la vulnerabilidad de los ecosistemas forestales frente al cambio climático.

Introduciendo la programación aplicada en las enseñanzas de ciencias de la Universidad de Alcalá

Paloma Ruiz-Benito¹, Ignacio Morales-Castilla¹, Enrique Andivia², Miriam Bravo¹, Verónica Cruz-Alonso^{1,2}, Francisco Aguilera-Benavente¹, Christopher Fernández de Blas¹, Olivia Lorente-Casalini¹, Eugenio Molina-Navarro¹, Darío San Segundo Molina¹, Alejandro Sánchez Gómez¹, Xavi Serra-Maluquer¹, Nikolai Shurupov¹, Julen Astigarraga¹

¹ Universidad de Alcalá, Madrid, Spain

² Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

*paloma.ruizb@uah.es

Palabras clave / Keywords: *ciencias, competencias transversales, grado, reproducibilidad, postgrado.*

La programación se ha convertido en una competencia emergente y transversal en muchas asignaturas de ciencias. Hoy en día, con la expansión de lenguajes de programación como R o Python, en múltiples disciplinas se requieren habilidades de programación, que abarcan desde el manejo y visualización de datos hasta el análisis estadístico, el trabajo cooperativo y la comunicación de resultados e informes. En la presente comunicación queremos presentar cómo desde el Departamento de Ciencias de la Vida, en colaboración con el Departamento de Geología, Geografía y Medio Ambiente, se han implementado contenidos relacionados con la programación a nivel de grado y postgrado en la Universidad de Alcalá, debatiendo sobre las ventajas e inconvenientes del enfoque usado. En los grados dentro de la rama de ciencias se ha implantado una asignatura transversal específica sobre la materia, además de introducir conocimientos aplicados en otras asignaturas, mostrando el ejemplo de una asignatura optativa en el Grado en Ciencias Ambientales. En postgrado se han impartido cursos específicos y transversales dentro del Programa de Doctorado de la Universidad de Alcalá, abarcando la rama de Ciencias y Ciencias de la Salud. Se ha implantado un enfoque de enseñanza basado en siete pilares: motivación, aprendizaje activo, escritura de código colaborativa, desarrollo de proyectos, trabajo en equipo, conocimiento del alumnado y participación de múltiples profesores. Esta metodología de aprendizaje permite ajustar el nivel de conocimiento de los alumnos, tanto entre cursos (p.ej. asignatura de grado o curso de doctorado) como dentro de un mismo curso (p.ej. mediante el desarrollo de proyectos). Mostraremos cómo esta metodología ha sido, en general, bien acogida por los

estudiantes, así como los principales desafíos a los que nos hemos enfrentado y los próximos pasos a seguir que debemos dar.