

# Inferencia estadística a partir de varios modelos y su utilidad en ecología

C. Gutiérrez-Cánovas<sup>1,\*</sup>, G. Escribano-Avila<sup>2</sup>

(1) Freshwater Ecology, Hydrology and Management group (FEHM Lab), Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Facultat de Biologia - Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio), Universitat de Barcelona, Diagonal, 643, 08028 Barcelona, España.

(2) Tecnigral. Consultoría Ambiental. C/. Príncipe de Vergara, 210; esc. A, 1ºD Madrid 28002 España.

\* Autor de correspondencia: C. Gutiérrez-Cánovas [cayeguti@um.es]

> Recibido el 18 de marzo de 2019 - Aceptado el 19 de marzo de 2019

Gutiérrez-Cánovas, C., Escribano-Ávila, G. 2019. Inferencia estadística a partir de varios modelos y su utilidad en ecología. *Ecosistemas* 28(1): 118-120. Doi.: 10.7818/ECOS.1699

Cuando hacemos modelos ecológicos, normalmente nos interesa conocer la importancia y el efecto de una serie de variables potencialmente explicativas en una variable respuesta de interés. Tradicionalmente, la estrategia escogida por muchos ecólogos ha sido la de contrastar nuestro modelo con una hipótesis nula o la de añadir o quitar variables explicativas, paso a paso, hasta encontrar el “mejor” modelo (Johnson y Omland 2004).

Sin embargo, en muchas ocasiones, existen varias hipótesis nulas o alternativas que queremos testar simultáneamente a través de distintos modelos (Johnson y Omland 2004). En esta nota queremos presentar una breve introducción a la selección de modelos y a la inferencia a partir de múltiples modelos (*multi-model inference*). Estas técnicas permiten abordar las limitaciones anteriormente comentadas a través de la selección y promediado de un conjunto de modelos elegidos según su capacidad para ajustarse a los datos analizados, pero atendiendo también al principio de parsimonia. Para profundizar en estas técnicas, recomendamos la lectura de literatura clave (Burnham y Anderson 2002; Grueber et al. 2011), junto a las principales críticas y limitaciones (Cade 2015; Tyre 2017; Walker 2018).

La aplicación de esta aproximación se diferencia del típico contraste de hipótesis, porque comparamos varios modelos alternativos a la vez, y en lugar de rechazar la hipótesis nula basándonos en la significación estadística, se valora el grado de apoyo estadístico recibido por un modelo o un grupo de modelos en base a su grado de ajuste a los datos y el principio de parsimonia. Para evaluar el grado de ajuste de cada modelo a los datos y su complejidad, usamos índices de información, como el índice de Akaike (Akaike Information Criterion, AIC) y sus variantes. El procedimiento a seguir se muestra en la Figura 1 y será ejemplificado en esta nota usando las funciones del paquete *MuMIn* (Bartoń 2016) en R (R Core Team 2019), aunque existen otras alternativas. Esta secuencia consta de cuatro pasos fundamentales:

1) Definir un grupo de modelos alternativos con sentido ecológico/biológico.

- 2) Contrastar cada modelo con los datos a través de un criterio de información (típicamente AIC).
- 3) Ordenar los modelos según su peso basado en un criterio de información y seleccionar el modelo o grupo de modelos de confianza.
- 4) Si se desea obtener una predicción final, promediar las predicciones de estos modelos de confianza ponderando por el peso relativo de cada modelo.

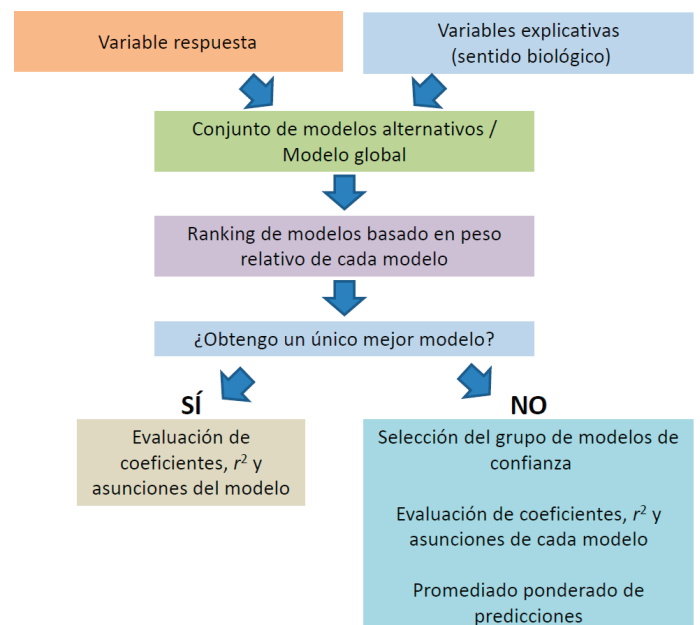


Figura 1. Esquema ilustrando los distintos pasos para evaluar el soporte estadístico de un conjunto de modelos y realizar la inferencia estadística a partir de un mejor modelo o de múltiples modelos.

En primer lugar, elaboraremos un conjunto específico de modelos alternativos que se quieran comparar (no se incluyen necesariamente todos los modelos posibles a partir de los predictores disponibles). De manera alternativa, si el número de predictores es pequeño, también podemos generar una serie de modelos con todas las combinaciones posibles de predictores a partir de lo que se conoce como modelo global, que incluye la variable respuesta y todas las variables explicativas. En caso de adoptar esta segunda opción debemos extremar las precauciones como comentamos anteriormente. En cualquier caso, resulta indispensable que solo incluyamos variables explicativas que sean independientes (baja colinealidad) y tengan un sentido biológico o ecológico contrastado para evitar relaciones espurias. Además, previamente, es conveniente estandarizar las variables explicativas para poder comparar y estimar sus tamaños de efecto de forma adecuada (Grueber et al. 2011). Para construir el modelo global usaremos la técnica que sea más apropiada para nuestros datos. En este ejemplo usaremos un modelo lineal general (GLM) con error gaussiano.

```
# Conjunto de modelos alternativos, función genérica del GLM gaussiano, lm()
mod1 <- lm (y ~ x1 + x2, data = dat)
mod2 <- lm (y ~ x1 + x2 + x5, data = dat)
mod3 <- lm (y ~ x1 + x3 + x4, data = dat)

# Modelo global, función genérica del GLM gaussiano, lm()
mod <- lm (y ~ x1 + x2 + x3 + x4 + x5, data = dat)
```

En el segundo paso, usaremos la función *model.sel()* del paquete *MuMIn* para contrastar cada uno de los modelos con los datos a través del AIC, su variante para muestras pequeñas (AICc se usa cuando la ratio entre el número de observaciones y parámetros estimados es menor de 40; Burnham y Anderson 2002) u otra medida análoga apropiada (Grueber et al. 2011; Johnson y Omland 2004). En caso de que usemos un modelo global y que queramos generar todos los modelos posibles a partir de distintas combinaciones de las variables explicativas contenidas en él, se puede usar la función *dredge()*, también de *MuMIn*. En este segundo caso, debemos ser muy cuidadosos y comprobar que todas las combinaciones de variables resultantes en cada modelo tienen sentido ecológico. Seguidamente, ordenaremos nuestros modelos en función de su peso relativo de evidencia (*Akaike weight*), que nos indica la probabilidad de que un modelo sea el mejor modelo aproximado en relación a nuestros datos, por lo que la suma del peso de todos los modelos siempre sumará 1. En el caso de que un modelo tenga un peso mayor que 0.90 bastaría para seleccionarlo como modelo final (Johnson y Omland 2004) y no sería necesario realizar los pasos siguientes (selección de modelos y promedio de predicciones). En esta fase debemos examinar cuidadosamente los modelos generados para evaluar su significado ecológico y el grado en el que apoyan (o no) nuestras hipótesis, en especial aquellos con un mejor balance entre la capacidad explicativa y la parsimonia del modelo (AIC más bajo).

```
# ejecuta todos los modelos posibles y clasifica los modelos en función del AIC de cada modelo. También se visualiza la bondad de ajuste
options(na.action = "na.fail") # necesario para ejecutar dredge() puesto que no se pueden comparar modelos con distinto número de casos
mod_s <- model.sel (mod1, mod2, mod3, rank = "AIC", extra = c(R2=function(x) r.squaredGLMM(x)))
mod_s <- dredge (mod, rank = "AIC", extra = c("R^2"))
mod_s # ranking de los modelos producidos
```

En tercer lugar, cuando no hayamos identificado un único mejor modelo, usaremos la función *get.models()* para seleccionar el grupo de modelos de confianza en función de su AIC o de su peso. Con esta función, podemos seleccionar aquellos modelos con una diferencia en el AIC  $\leq 7$  (delta o  $\Delta$ AIC) unidades respecto al modelo con el AIC menor, o seleccionar el grupo mínimo de modelos cuyo peso conjunto sea  $\leq 0,95$  (Burnham et al. 2011; Burnham y Anderson 2002). Éste será nuestro grupo de modelos de confianza. También podemos calcular la bondad de ajuste ( $r^2$ ) de cada modelo usando, por ejemplo, la función *r.squaredGLMM()* (Nakagawa y Schielzeth 2013), que es recomendable si estamos usando modelos mixtos. De esta manera podremos saber si el grupo de modelos de confianza presentan un buen ajuste a los datos, lo cual es importante a la hora de interpretar los resultados obtenidos como comentaremos más adelante. Además, debemos evaluar las asunciones de cada modelo (e.g. normalidad y homocedasticidad de residuos) y el rango de variación y la distribución de los tamaños de efecto (coeficientes de regresión) para cada variable explicativa en los modelos de confianza.

```
# ejemplo1: subconjunto delta AIC ≤ 7
mod_set <- get.models(mod_s, subset = delta <= 7)

# ejemplo2: subconjunto peso conjunto ≤ 0.95
mod_set <- get.models(mod_d, subset = cumsum(mod_d$weight) <= 0.95)
```

Finalmente, si deseamos obtener una predicción basada en los modelos de confianza, procederemos a realizar el promedio de las predicciones de estos modelos ponderado por el peso de cada uno de ellos. Aunque también se pueden promediar los coeficientes, este método ha sido recientemente criticado y su uso se recomienda solo en situaciones muy concretas (Banner y Higgs 2017; Cade 2015). En cualquier caso, es importante tener presente que un grupo de modelos de confianza con  $r^2$  muy bajos arrojará necesariamente predicciones poco precisas. En este caso, tanto los modelos de confianza como el modelo promediado tendrán una mala capacidad predictiva y sería recomendable discutir las limitaciones asociadas.

```
# predicciones de cada modelo
mod.pred <- data.frame(lapply(mod_set, predict))

#Calculando el peso de cada modelo
mod.weights <- Weights(as.numeric(lapply(mod_set, AICc)))

# media ponderada por el peso de cada modelo
apply(mod.pred, 1, function(x) sum(x * mod.weights))
```

Aunque la inferencia a partir de varios modelos nos puede ayudar a reducir la incertidumbre en el modelado ecológico, existe un debate activo sobre sus limitaciones reales y las circunstancias en las cuales podemos aplicarla de forma segura (Banner y Higgs 2017; Tyre 2017). En cualquier caso, debemos de ser cuidadosos en la selección de variables explicativas y modelos, y evitar la tentación de usar esta técnica como un sistema automático (no supervisado) de selección de modelos.

## Agradecimientos

Queremos agradecer a Nacho Bartomeus, Carlos Lara, Francisco A. López-Núñez, Asier Rodríguez Larrinaga y Paco Rodríguez Sánchez, del grupo de Ecoinformática de la AEET, por la revisión de esta nota.

## Referencias

- Banner, K.M., Higgs, M.D. 2017. Considerations for assessing model averaging of regression coefficients. *Ecological Applications* 27, 78–93. <https://doi.org/10.1002/eap.1419>.
- Bartoń, K. 2016. *MuMIn: Multi-model inference*. R package version 1.15.6. Version 1, 18. Disponible en: <https://cran.r-project.org/web/packages/MuMIn/MuMIn.pdf>
- Burnham, K.P., Anderson, D.R. 2002. Model selection and multimodel inference: A practical information-theoretic approach (2<sup>nd</sup> ed.), *Ecological Modelling*, 172(1):96–97. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2003.11.004>.
- Burnham, K.P., Anderson, D.R., Huyvaert, K.P. 2011. AIC model selection and multimodel inference in behavioral ecology: Some background, observations, and comparisons. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 65(1): 23-35. <https://doi.org/10.1007/s00265-010-1029-6>.
- Cade, B. 2015. Model averaging and muddled multimodel inferences. *Ecology* 96, 2370–2382.
- Grueber, C.E., Nakagawa, S., Laws, R.J., Jamieson, I.G. 2011. Multimodel inference in ecology and evolution: Challenges and solutions. *Journal of Evolutionary Biology* 24, 699–711. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2010.02210.x>.
- Johnson, J.B., Omland, K.S. 2004. Model selection in ecology and evolution. *Trends in Ecology and Evolution* 19, 101–108. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2003.10.013>.
- Nakagawa, S., Schielzeth, H. 2013. A general and simple method for obtaining  $R^2$  from generalized linear mixed-effects models. *Methods in Ecology and Evolution* 4, 133–142. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210x.2012.00261.x>.
- R Core Team 2019. *R Development Core Team*. R: A language and environment for statistical computing. Disponible en: <https://www.r-project.org/>.
- Tyre, D. 2017. *Does model averaging make sense? A few cheap shots*. Disponible en: [http://atyre2.github.io/2017/06/16/rebutting\\_cade.html](http://atyre2.github.io/2017/06/16/rebutting_cade.html)
- Walker, J.A. 2018. *On model averaging partial regression coefficients*. bioRxiv. Disponible en: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/133785v6>.