



UAEM

Universidad Autónoma
del Estado de México

**Facultad de Ciencias Agrícolas
Ingeniero Agrónomo en Floricultura**

Biodiversidad

**Unidad de Aprendizaje: Domesticación de especies
silvestres (Obligatoria)**

Créditos: 6

Horas teóricas: 2.0

Horas prácticas: 2.0

Horas totales: 4.0

Autor: Dr. José Antonio López Sandoval

Fecha de elaboración

9/10/2016



DOMESTICACIÓN DE ESPECIES SILVESTRES Biodiversidad

En la biodiversidad es muy importante el conocimiento de la riqueza y diversidad de especies. El uso de las diapositivas facilita el entendimiento de varios métodos para obtener estos índices y estimaciones.. En estas diapositivas se describen la biodiversidad y se indican los índices e estimaciones más importantes para la biodiversidad. Los temas aquí desarrollados están relacionados con la Unidad II del programa de Domesticación de especies silvestres.



Guion explicativo

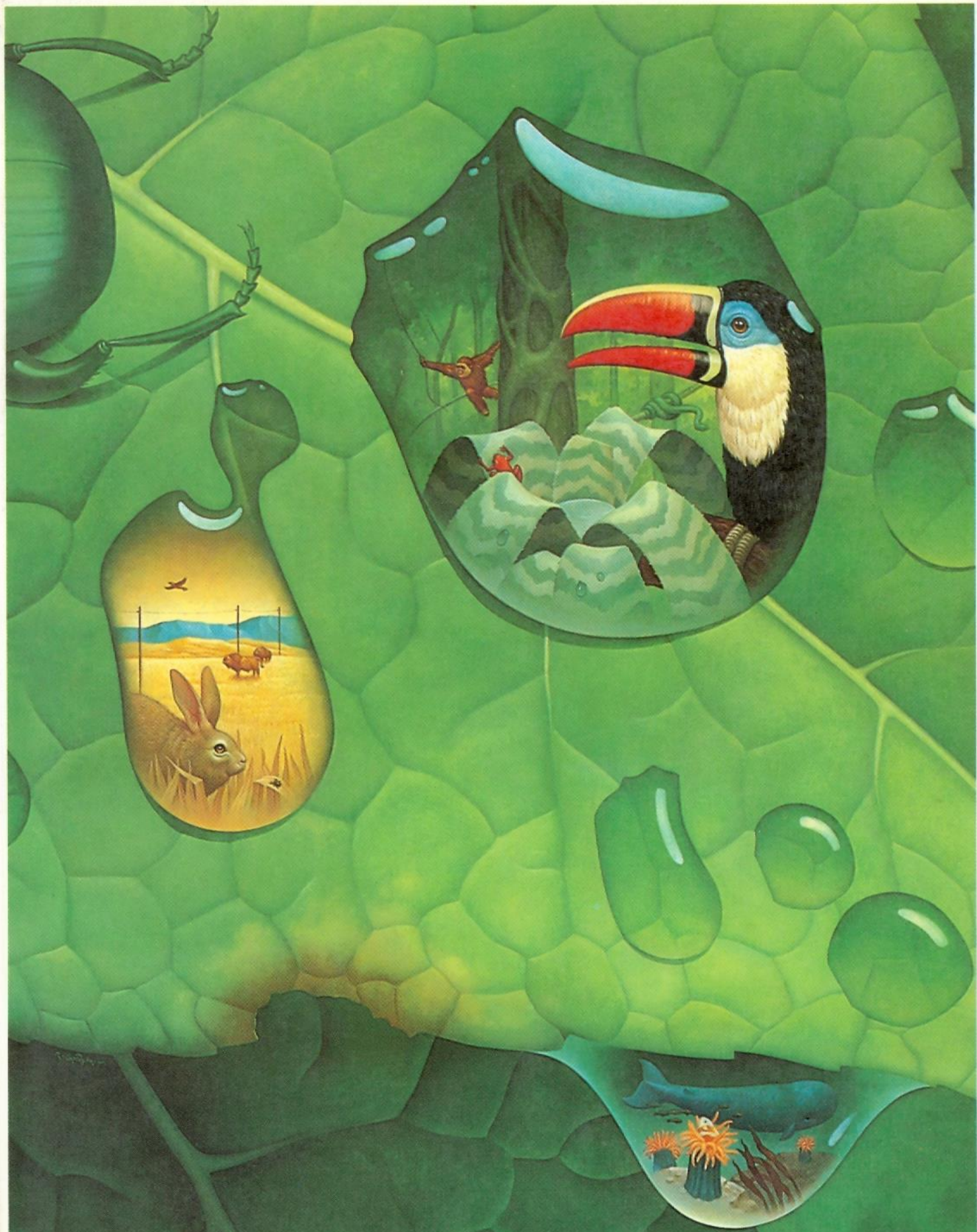
Esta serie de diapositivas acerca de la biodiversidad. Es muy importante documentar los índices y estimaciones mas importantes en la biodiversidad. Dentro de la domesticación de especies es muy importante el conocimiento de la biodiversidad de las especies. Se incluye la bibliografía correspondiente para este tema. Las figuras se obtuvieron de las fuentes indicadas en la bibliografía.

Dr. José Antonio López Sandoval

BIODIVERSIDAD

El término Biodiversidad lo acuñó Edward O. Wilson en 1988.

Apareció como título de un libro producto de una reunión de especialistas llevada a cabo en Washington, D.C. en septiembre de 1986.



BIO DIVERSITY

E. O. Wilson, Editor



La Biodiversidad ---es la suma total de todas plantas, animales, hongos, y microorganismos que coexisten en la Tierra; su variación genética y fenotípica; y las comunidades y ecosistemas de los cuales forman parte---



Estos organismos están organizados en una variedad de niveles, desde los ecosistemas hasta las estructuras químicas que son la base molecular de la herencia.

La *Biodiversidad*, por lo tanto, comprende a diferentes ecosistemas, comunidades, poblaciones, especies, individuos y genes.

El término *Biodiversidad* se usa para definir el número, variedad y variabilidad de los organismos vivos.

En la práctica, se define en términos de genes, especies y ecosistemas que corresponden a tres niveles jerárquicamente relacionados con la organización biológica.

La *biodiversidad* es la variedad de los organismos vivos considerados a todos los niveles de organización, desde los genes, especies y niveles taxonómicos, hasta la variedad de hábitats y ecosistemas y los procesos que tienen lugar en ellos.

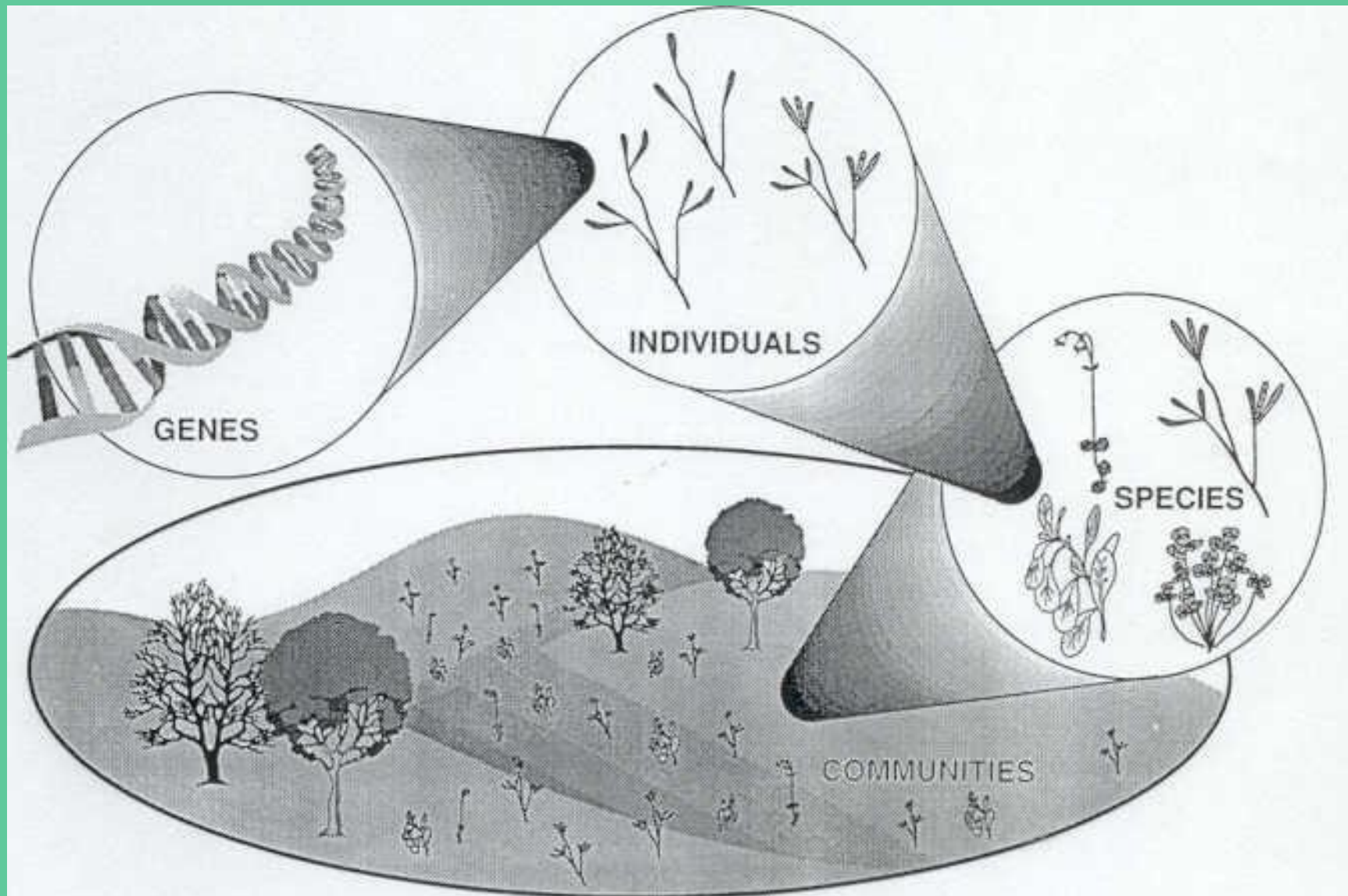
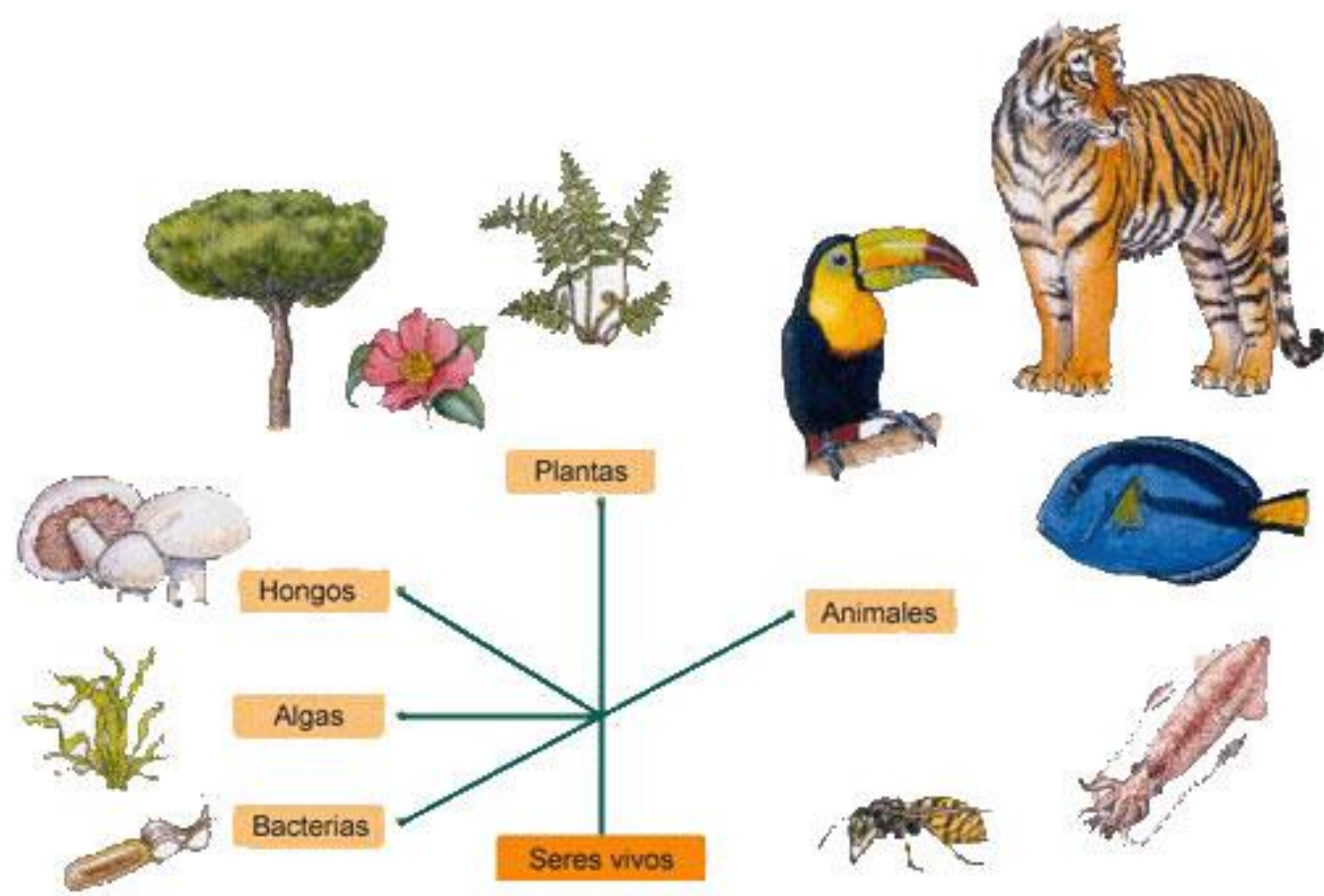


Figure 1.1. Diversity from the gene to the community.

La diversidad de especies, por otro lado, es parte integral de la Biodiversidad, y es a *grosso modo* , el número de especies distintas y sus abundancias relativas que coexisten en un espacio y tiempo dado.



PLANTAS

Briofitas	16 000
Pteridofitas	10 000
Espermatofitas	240 000

TOTAL 270 000

PROTISTAS

Actinópodos	6 000
Foraminíferos	10 000
Ciliados	8 000
Esporozoarios	5 000
Rodoficeas	5 000
Cloroficeas	10 000
Bacilariofita	12 000

TOTAL 80

000

ANIMALES 1 320 000

Esponjas	10 000
Cnidarios	10 000
Platelmintos	20 000
Nemátodos	25 000
Artrópodos	1 085 000
Moluscos	70 000
Anélidos	12 000
Equinodermos	6 000
Cordados	46 000

Artrópodos

Crustáceos	40 000
Arácnidos	75 000
Insectos	950 000
Total	1 065 000

Coléopteros	400 000
Dípteros	120 000
Himenópteros	130 000
Lepidópteros	150 000

Cordados 46 000

Peces 40 000

Anfibios 4 000

Aves 6 500

Mamíferos 9 672

Las veinte plantas más importantes en la alimentación del género humano

Cultivo Prctg (%)	Familia	Producción (ton X 10 ³)	
Arroz	Poaceae	545 822	20.11
Trigo	Poaceae	537 681	19.81
Maíz	Poaceae	505 978	18.64
Papa	Solanaceae	270 621	9.97
Cebada	Poaceae	144 572	5.33
Soya	Fabaceae	126 957	4.68
Jitomate	Solanaceae	77 242	2.85
Naranja	Rutaceae	61 783	2.28
Platano	Musaceae	55 787	2.06
	Poaceae	55 781	2.05
Uva	Vitaceae	55 670	2.05
Manzana	Rosaceae	46 657	1.72
Col	Brassicaceae	40 971	1.51
Cebolla	Alliaceae	33 153	1.22
Avena	Poaceae	30 098	1.11
Platanillos	Musaceae	29 687	1.09
Cacahuete	Fabaceae	24 408	1.05
	Poaceae	26 866	0.99
Centeno	Poaceae	21 551	0.79
Pepino	Cucurbitaceae	19 409	0.71

Riqueza de Especies

¿Que es la riqueza de especies?

¿Como se cuantifica?

¿De que herramientas disponemos para estimarla?

¿Que diferencia hay entre cuantificar y estimar la riqueza de especies?

Riqueza de Especies

Los inventarios de hábitats particulares o localidades son necesarios para estimar la riqueza total de especies que continen.

La estimación es necesaria porque es raro, difícil y complicado realizar inventarios completos del hábitat o de localidades particulares.

La estimación de la riqueza máxima de especies nos proporciona una medida de lo completo del inventario, permitiendo realizar comparaciones con la riqueza de especies de otras localidades o hábitats.

Estimadores de la riqueza de especies

Algunos índices para estimar la riqueza de especies son:

$$\text{Margalef (1969): } R_1 = (S - 1) / \ln N$$

$$\text{Menkinick (1964): } R_2 = S / \sqrt{N}$$

$$\text{Odum, et al. (1960): } R_3 = S / \text{Log}N$$

Por otra parte, en virtud de que

Los conteos del número de especies en una muestra o comunidad natural es altamente dependientes del tamaño de la muestra.

Un método para evitar incompatibilidad en las mediciones resultantes de muestras de tamaño variable es el método de la *rarefacción*.

La *rarefacción* involucra el cálculo del número de especies esperado a partir de cada muestra si todas las muestras se redujeran a un tamaño estándar (p.ej. mil individuos).

La fórmula para hacer este cálculo fue derivada independientemente por Hurlbert (1971) y Simberloff (1972).

$$E(S) = \sum_{i=1}^S \left\{ 1 - \left[\frac{\binom{N - N_i}{n}}{\binom{N}{n}} \right] \right\}$$

$E(S)$ es el número esperado de especies en la muestra rarificada, n es el tamaño de la muestra estandarizada, N es el número total de individuos en la muestra por rarificar y N_i es el número de individuos de la *i*-ésima especie en la muestra por rarificar, todo sumado sobre todas las especies contadas.

El termino $\binom{N}{n}$ es una combinación numérica que se calcula

con la formula:

$$\binom{N}{n} = \frac{N!}{n!(N-n)!}$$

Donde $N!$ es una factorial, p. ej.: $5! = 5 \times 4 \times 3 \times 2 \times 1 = 120$
Esta combinación permite calcular el número posible de combinaciones de especies únicas. Por ejemplo, si tenemos cuatro especies, A, B, C y D ¿cuántas combinaciones de pares de especies es posible encontrar?

Usando la ecuación anterior, tenemos:

$$\binom{4}{2} = \frac{4!}{2!(4-2)!} = \frac{24}{4} = 6$$

podemos tener seis combinaciones de pares de especies: AB, AC, AD, BC, BD y CD.

Por lo tanto, $\binom{N}{n}$ es el número de combinaciones únicas de N especies tomadas n en n; o sea, el número de maneras en que es posible combinar pares de especies a partir de cuatro especies distintas

de manera similar:

$$\binom{4}{3} = \frac{4!}{3!(4-3)!} = \frac{24}{6} = 4$$

Hay por lo tanto, cuatro triplete: ABC, ABD, BCD y ACD

La *rarefacción* puede ser un metodo un poco complicado de realizar a mano o sin la ayuda de una computadora, y por esa razón, los ecologos prefieren un camino menos complicado y corto.

Rarefacción....

$$\mathbf{E(S)} = \sum_{i=1}^s \left\{ 1 - \left[\frac{\binom{N - Ni}{n}}{\binom{N}{n}} \right] \right\}$$

El estimador cuantitativo *Chao*.

Chao (1984) derivó un estimador de la riqueza de especies usando el número observado de especies representado por un individuo (a), o dos individuos (b) provenientes de una muestra. Su estimador tiene la función:

$$S_{\max} = S_{\text{obs}} + (a^2/2b)$$

Donde S_{obs} es el número real de especies en la muestra, a es el número de especies representadas por un solo individuo y b el número de especies representadas por dos individuos. Cuando todas las especies han sido observadas más de dos veces, entonces $\hat{S}_{\max} = S_{\text{obs}}$, el censo se considera que está completo.

Chao en un artículo posterior, Chao (1987), proporcionó la fórmula para estimar la varianza de su estimador de riqueza, la cual está dada por:

$$\text{var} (\hat{S}_{\max}) = b \left[\left(\frac{a}{b} / 4 \right)^4 + \left(\frac{a}{b} \right)^3 + \left(\frac{a}{b} / 2 \right)^2 \right]$$

Estimador *Chao* basado en datos de Presencia/Ausencia.

Las ecuaciones dadas por Chao en el estimador cuantitativo anterior pueden también ser aplicadas para datos de Presencia/Ausencia, donde a es el número de especies encontradas en solo una muestra y b es el número de especies encontradas en solo dos muestras.

Estimador *Jackknife*

Trabajando independientemente, Heltshe y Forrester (1983), y Burnham y Overton (1978) desarrollaron el estimador de riqueza de especies conocido como estimador Jackknife de primer orden, el cual tiene la fórmula:

$$S_{\max} = S_{\text{obs}} + a(n-1/n)$$

Donde n es el número de muestras y a es el número de especies encontradas en solamente una muestra. Además Heltshe y Forrester (1983) proporcionaron el estimador de varianza el cual viene dado por la ecuación:

$$\text{var}(S_{\max}) = \frac{n-1}{n} \left(\sum_0^{S_{\text{obs}}} j^2 f_j - \frac{L^2}{n} \right)$$

Donde f_j es el número de muestras que contienen j de L especies encontradas en solamente una muestra.

Estimador *Bootstrap*

El estimador *Bootstrap* de la riqueza de especies se calcula con la función propuesta por Smith y van Belle (1984), la cual realiza los siguientes pasos:

1. Selecciona aleatoriamente y con reemplazo n muestras del total disponible y calcula la riqueza máxima de especies S_{\max} con la formula:

$$S_{\max} = S_{\text{obs}} + \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} (1 - p_i)^n$$

donde p_i es la proporción de las n que contiene a la especie i .

2. Se repite el paso 1 un gran número de veces, entre 50 y 200 y calcula la media estimada de la riqueza máxima S_{\max} , y la varianza con la formula:

$$\text{var}(S_{\max}) = \sum (1 - p_i)^n [1 - (1 - p_i)^n] + \sum \sum \left\{ q_{i,j}^n - [(1 - p_i)^n (1 - p_j)^n] \right\}$$

Índice de Simpson

Simpson sugirió que la diversidad esta inversamente relacionada con la probabilidad de que dos individuos elegidos al azar pertenezcan a la misma especie. Para una población infinita esto relación está dada por:

$$D = \sum p_i^2 \quad (1)$$

Donde D = índice de diversidad de Simpson

p_i = proporción de especies i en la comunidad

Donde $1 - D$ = es el complemento del índice de diversidad de Simpson

p_i = proporción de especies i en la comunidad

Para convertir esta probabilidad a una medida de la diversidad, la mayoría de los investigadores han sugerido usar **el complemento** de la medida original de Simpson:

$$1 - D = 1 - \sum p_i^2 \quad (2)$$

Estrictamente hablando, esta formula puede ser usada para estimar el indice de Simpson solo para una poblaci3n infinita. Pielou (1969) mostr3 que para una poblaci3n finita el estimador apropiado es:

$$1 - D = \frac{\sum_{i=1}^S n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)} \quad (3)$$

Donde n_i = n3mero de individuos de la especie i en la muestra

N = n3mero total de individuos en la muestra = $\sum n_i$

S = n3mero total de especies en la muestra

Note que esta formula puede ser usada solo cuando hay conteos de individuos en las muestras. Cuando la cobertura, la biomasa, o la productividad es usada como la medida de la importancia de las especies, la ecuacion $1 - D = 1 - \sum p_i^2$ es la que debe ser usada. En la practica, con una muestra grande, casi no hay diferencia entre estas dos ecuaciones.

Todavia m3s confuso result3 ser las proposiciones de Williams (1964) y de MacArthur (1972) quienes usaron el rec3proco de la formulaci3n original de Simpson:

$$1/d = 1 / \sum p_i^2 \quad (3a)$$

donde $1/D =$ es el recíproco del índice de Simpson ($= N_2$ de Hill),
 p_i = proporción de la especie i en la comunidad.

Hill (1973) llamó a la ecuación (3) el “*recíproco*” N_2

La amplitud del índice de Simpson ($1-D$) fluctúa de 0 (baja diversidad) hasta casi 1 ($1-1/S$). La formulación original del recíproco de Simpson ($1/D$) varía desde 1 hasta S , el número de especies en la muestra. De esta manera, la diversidad de Simpson puede ser mucho más fácilmente interpretada como el número de especies igualmente comunes requeridas para generar la heterogeneidad observada en la muestra.

Índice de Shannon-Wiener

Nosotros frecuentemente preguntamos ¿qué tan difícil sería predecir correctamente la especie del siguiente individuo colectado?.

Este es el mismo problema al que se enfrentan los ingenieros de la comunicación interesado en predecir correctamente el nombre de la siguiente letra en un mensaje. Esta incertidumbre puede ser medida por la función Shannon-Wiener, la cual fue derivada independientemente por Shannon y Wiener y que algunos la escriben erroneamente como la función Shannon-Weaver.

$$H' = -\sum p_i (\log_2 p_i) \quad (4)$$

donde H' = El contenido de información de la muestra
(bits/individuo)

H' = Índice de diversidad de especies

S = Número de especies

p_i = Proporción del total de la muestra que pertenece a
a especie i -ésima.

|

En el cálculo de este índice se puede utilizar cualquier base logarítmica, ya que ellos se pueden convertir uno en otro por una constante de multiplicación:

$$H'(\log_2) = 3.321928 * H'(\log_{10})$$

$$H'(\log_e) = 2.302585 * H'(\log_{10})$$

Si se usa la base 2 del logaritmo, las unidades de H' son *bits* por individuo

Si se usa la base e del logaritmo las unidades de H' son *nits*, y si se usa la base 10 del logaritmo, las unidades de H' son *decits*.

La medida H' de Shannon-Wiener se incrementa con el número de especies en la comunidad y en teoría puede alcanzar valores muy grandes.

En la práctica, para comunidades biológicas H' no excede de 5.0 (Washington 1984). El *valor máximo teórico* es $\log(S)$, y el *valor mínimo* (cuando $N \gg S$) es $\log[N/(N-S)]$ (Fager 1972).

El índice de Shannon-Wiener puede ser expresado de otra manera (MacArthur 1965):

$$N_1 = e^{H'} \quad (4)$$

donde

$$e = 2.71828$$

H' = Función Shannon-Wiener, calculada con \log_e

N_1 = Número de especies igualmente comunes las cuales podrían producir la misma diversidad que H'

Índice de Brillouin

Muchas muestras de comunidades deben ser tratadas como colecciones más bien que como una muestra al azar de una gran comunidad biológica, de acuerdo con Pielou (1966). En cualquier caso en el cual los datos pueden ser asumidos como componentes de una colección finita y el muestreo se realiza sin reemplazo, la medida de información teórica de diversidad es la fórmula de Brillouin:

$$H = 1/N \log(N!/n_1!n_2!n_3!\dots) \quad (5)$$

donde H = Índice de Brillouin

N = Número total de individuos en toda la colección

n_1 = Número de individuos pertenecientes a la especie 1

n_2 = Número de individuos pertenecientes a la especie 2
(etc.)

Si el índice de Brillouin se aplica a parcelas, la media y el error estándar del índice de Brillouin se pueden estimar utilizando el procedimiento jackknife (Heltshé y Forrester 1985).

El índice de Brillouin es como la función Shannon-Wiener más sensible a las abundancias de las especies raras en la comunidad, y es por tanto un índice tipo I (Peet 1974).

Medidas de Uniformidad (evenness)

Se han propuesto muchas medidas de uniformidad (evenness o equitabilidad). El enfoque más común ha sido ponderar una de las medidas de heterogeneidad con relación a su valor máximo cuando cada especie en la muestra está representada por el mismo número de individuos. Al respecto, dos formulaciones son posibles:

$$\text{Uniformidad} = D/D_{\text{MAX}}$$

$$\text{Uniformidad} = (D - D_{\text{MIN}}) / (D_{\text{MAX}} - D_{\text{MIN}})$$

donde D = Índice observado de la diversidad de especies

D_{MAX} = Índice de diversidad máximo posible, dados S especies y N individuos

D_{MIN} = Índice de diversidad mínimo posible, dados S y N .

Todas las medidas de uniformidad varían de 0 a 1.

Para la medida de heterogeneidad de Simpson, la diversidad máxima se obtiene cuando todas las abundancias son iguales ($p = 1/S$), de modo que en una población grande:

$$D_{\text{MAX}} = 1/S$$

donde D_{MAX} = Valor máximo posible para el índice de Simpson

S = Número de especies en la muestra

Cuando se trabaja con una población finita puede ser recomendable usar la ecuación (3) para estimar la diversidad de Simpson. En este caso, los cálculos son ligeramente más complejos:

1. Calcule $N/S = I + J/S$ donde I y J son dos enteros y J es menor que S .
2. Entonces:

$$D_{MAX} = I[2J+S(I-1)] / N(N-1) \quad (6)$$

y

$$D_{MIN} = (S-1)(2N-S) / N(N-1) \quad (7)$$

donde S = Número de especies en la muestra

N = Número total de individuos en la muestra

I = Valor integrado de N/S

J = Remanente de individuos = $[N - (S)(I)]$

Nuevamente, las dos medidas posibles de uniformidad pueden ser calculadas a partir de estos valores.

Para la función Shannon-Wiener, la diversidad máxima posible ocurre cuando $p=1/S$, y por lo tanto

$$H'_{MAX} = -S[(1/S)\log_2(1/S)] = \log_2 S \quad (8)$$

donde H'_{MAX} = Valor máximo posible de la función Shannon-Wiener

S = Número de especies en la comunidad

El valor mínimo de la función Shannon-Wiener está dado por la siguiente formula (Fager 1972):

$$H'_{\text{MIN}} = \log N - [(N-S+1)/N][\log(N-S+1)] \quad (9)$$

donde H'_{MIN} = Valor más pequeño posible de la función Shannon-Wiener para N individuos y S especies

Para muestras grandes H'_{MIN} es generalmente muy cercano a cero. El índice de uniformidad mas comunmente utilizado en la literatura se basa en la función Shannon-Wiener:

$$J' = H'/H'_{\text{MAX}} \quad (10)$$

donde J' = Uniformidad (valor entre 0 y 1)

H' = Función de Shannon-Wiener (ecuación 4)

H'_{MAX} = Valor máximo de $H' = \log_2 S$ (ecuación 8)

Para la medida Brillouin de heterogeneidad, nosotros calculamos la diversidad máxima posible en la misma manera general que para el Índice de Simpson.

1. Calcular $N/S = I + J/S$, donde I y J son enteros y J es menor que S.
2. Entonces:

$$H'_{MAX} = (1/N)\log\{[N! / [I!]^{S-J} [(I + 1)!]^J\} \quad (11)$$

donde H_{MAX} = Valor máximo posible del Índice de Brillouin para N individuos en S especies

Finalmente, Buzas y Gibson (1969) sugirieron el uso de N_1 (en la ecuación 12) para estimar la **UNIFORMIDAD** directamente:

$$\text{UNIFORMIDAD} = N_1/S \quad (12)$$

donde $N_1 = e^{H'}$ (ecuación 4) = Número de especies igualmente comunes

S = Número de especies observada en la muestra

Existe un problema general con todas las medidas de **UNIFORMIDAD**: todas ellas suponen que sabemos el número total de especies en toda la comunidad (Pielou 1969). **Pero este número es casi siempre imposible de determinar en comunidades ricas en especies.** Ya que el número de especies observado debe ser siempre menor que el número verdadero de especies en la comunidad, la razón de uniformidad es siempre sobreestimada (Sheldon 1969). Peet (1974, 1975) y Routledge (1983) recomendaron que las medidas de uniformidad no deben ser usadas en investigaciones ecológicas a menos que se conozca el número total de especies en toda la comunidad. Esto puede ser posible en algunas comunidades de zonas templadas y en comunidades tropicales bien estudiadas.

Diversidad α de Fisher

El índice de diversidad α de Fisher es un índice paramétrico que supone que las abundancias de las especies siguen una distribución logarítmica de la forma:

$$\alpha x, \frac{\alpha x^2}{2}, \frac{\alpha x^3}{3}, \dots, \frac{\alpha x^n}{n}$$

Donde cada termino proporciona el número de especies estimado para aquellas especies que tienen 1, 2, 3, hasta n individuos en la muestra.

Este es un índice muy útil, ampliamente utilizado por entomólogos y más recientemente por una gran parte de los ecólogos. Existen tablas donde se proporciona el valor del índice α de *Fisher* relacionando solo, el número total de individuos y el número de especies en la muestra.

Literatura citada

- 1. Corona Nava Esparza Víctor y Aurora Chimal Hernández. 2006. Plantas mexicanas con potencial ornamental. Serie Académicos CBS num. 60. Universidad Metropolitana. México, D. F. 626 p.**
- 2. _____ In: P. Ramírez V., R. Ortega P., A. Lopez H., F. Castillo G., M. Livera M., F. Rincón S., y F. Zavala G. (eds.). 2000. Recursos Fitogeneticos de México para la Alimentación y la Agricultura. Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas y Sociedad Mexicana de Fitogenetica A. C. Chapingo México.**
- 3. P. Ramírez V., R. Ortega P., A. Lopez H., F. Castillo G., M. Livera M., F. Rincón S., y F. Zavala G. (eds.). 2000. Recursos Fitogeneticos de México para la Alimentación y la Agricultura. Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas y Sociedad Mexicana de Fitogenetica A. C. Chapingo México.**
- 4. Sarukhán José. 2003. LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA: NUESTRO PATRIMONIO. Primera Reunión Latinoamericana y del Caribe sobre Biodiversidad, Recursos Naturales y Globalización. Secretaría de Ecología Gobierno del Estado de México, Toluca , México. 28 de Octubre, 2003**
- 5. Hernández-Xolocotzì, E. (1993), Aspects in plant domestication in Mexico: a personal view, en: Ramamoorthy, T.P., R. Bye, A. Lot y Fa, J. (eds.), Biological Diversity of Mexico,**
- 6. Semarnap/INEGI(1998), Estadísticas del Medio Ambiente, México,1997**
- 7. Conabio. *La diversidad biológica de México: estudio de país.* México. 1998. Conabio. México. 2006**

Dr. Jorge Olvera García
Rector

Dr. Alfredo Barrera Baca
Secretario de Docencia

M. en D. José Benjamín Bernal Suárez
Secretario de Rectoría

Dr. Manuel Hernández Luna
Secretario de Planeación y Desarrollo Institucional

M. en E. Javier González Martínez
Secretario de Administración

Dr. Hiram Raúl Piña Libien
Abogado General