

Medidas de Alpha Diversidad

Carlos Iván Espinosa

Octubre de 2016

Contents

Preambulo	5
1 Objetivos	7
2 Riqueza total del muestreo	9
3 Rarefacción	11
3.1 Rarefacción basada en Individuos	13
3.2 Rarefacción basada en muestras	14
3.3 Estimadores de Riqueza	14
3.4 Graficando los resultados	15
4 Comparando muestras	19
5 Medidas de Diversidad	21
5.1 Modelos de abundancia de especies	21
5.2 Índices de Diversidad	22
6 Ejercicio Práctico	27
6.1 Metodología	27
6.2 Resultados	28
6.3 Conclusiones	28

Preambulo

A partir de la composición de especies de las comunidades naturales podemos extraer medidas que nos permite simplificar los datos de la comunidad obteniendo algunas de sus propiedades emergentes.

Las comunidades cambian a lo largo del paisaje como una respuesta a las variaciones del ambiente, estos cambios en el paisaje han hecho necesario el separar los componentes de la diversidad de la comunidad. Según Whittaker (1972) podemos separar la diversidad en los componentes *alfa*, *beta* y *gamma*. La diversidad ***alfa*** se refiere a la riqueza de especies que detectamos en una comunidad en un determinado sitio más o menos homogéneo. La diversidad ***beta*** se refiere al grado de cambio o reemplazo de especies entre diferentes comunidades en un paisaje, y la diversidad ***gamma*** se refiere a la riqueza de especies del conjunto de comunidades que integran un paisaje y es el resultado de las diversidades alfa y beta en el territorio (Whittaker, 1972).

La diversidad puede ser separada en diversidad alfa, beta y gamma

— (Whittaker, 1972)

La diversidad alfa está constituida por la diversidad intrínseca de una comunidad bajo condiciones similares en un paisaje. Existen tres medidas de alfa diversidad; riqueza, equitatividad y diversidad.

La riqueza, posiblemente la medida más sencilla, se refiere al número de especies en un determinado sitio independiente de las abundancias de cada una. Aunque la riqueza y los índices basados en esta son interesantes perdemos una parte de la información en estos índices, la abundancia.

La equitatividad se refiere a la variabilidad en las abundancias relativas de cada una de las especies de la comunidad. Es una medida que nos permite entender el reparto de recursos entre las especies dentro de la comunidad, y por tanto cual es el aporte de cada una de las especies a la comunidad.

Los índices de diversidad están basados en la relación entre equitatividad y riqueza. Aunque hay más de 60 índices publicados en revistas ecológicas los índices de Shannon-Weaver y de Simpson son los más comunes para medir alfa diversidad. La meta fundamental detrás del diseño de la mayoría de los índices de diversidad es unificar dos elementos de la diversidad, la equitatividad, o sea la variabilidad en las abundancias relativas de las especies de la comunidad, y la riqueza, o sea el número total de especies que componen la comunidad.



Chapter 1

Objetivos

- Comprender los factores que influyen la riqueza y diversidad de especies.
- Comprender los métodos para medir y describir la riqueza y diversidad de las comunidades y su aplicación en el contexto de campo.

Chapter 2

Riqueza total del muestreo

La riqueza es definida como el número de especies que habitan en una comunidad espacial y temporalmente homogénea. Posiblemente es la forma más directa y clara de medir la diversidad biológica (Sarkar, 2002; Magurran, 2004). Sin embargo, medir la riqueza de forma precisa no es una tarea sencilla (Magurran, 2004), debido a que el número de especies observadas aumenta con el esfuerzo de muestreo. Por ello, la riqueza debería determinarse sólo a partir de inventarios completos, lo que generalmente es poco práctico o muy difícil de lograr (González-Oreja et al. 2010).

Pero *¿qué es un inventario completo? ¿Cómo puedo saber si mi inventario ha sido lo suficientemente bueno como para registrar todas las especies?* Una manera de evaluar si el esfuerzo de muestreo ha sido exitoso es la curva de acumulación de especies. Los modelos de acumulación de especies estudian la acumulación de especies cuando el número de sitios aumenta. Hay varios métodos alternativos, incluyendo la acumulación de los sitios en el orden en que se encuentren, y la acumulación repetida en orden aleatorio (Oksanen, 2015).

Vamos a analizar cómo construir estas curvas.

```
library(vegan)
data(BCI)
set.seed(6)
#Obtenemos una submuestra de BCI
BCI_sub <- BCI[c(sample(1:50, 10, replace = TRUE)),]
BCI_sub <- BCI_sub[,colSums(BCI_sub)>=1 ]
#Eliminamos las especies sin datos
```

Ahora realizamos la curva de acumulación de especies por parcelas. Utilizamos la función `specaccum` del paquete `vegan`, el argumento `method` permite generar una curva con orden impuesto por el colector.

```
col<-specaccum(BCI_sub, method = "collector")
plot(col, xlab="Parcelas", ylab="Número de especies", col="blue")
points(col$richness, pch=19, col="darkblue")
```

En la figura 2.1 podemos ver como las nuevas especies van incrementando la riqueza con el aumento del área muestral, la curva muestra “saltos” cuando sumamos las especies nuevas de cada nueva parcela. La aparición de las especies es definida por el colector, en otras palabras es tal y como hemos subido los datos.

Estas curvas son utilizadas para evaluar el esfuerzo de muestreo. Se cree que si el muestreo ha llegado a su asíntota (ya no hay más ingresos a la riqueza de especies) entonces el muestreo es suficiente.

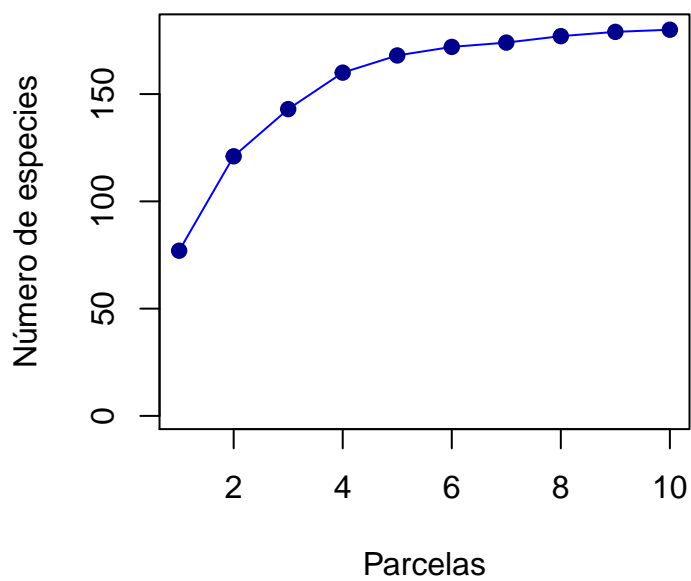


Figure 2.1: Curva de acumulación de especies

Chapter 3

Rarefacción

La riqueza es una de las medidas más simples e intuitivas que describen una comunidad, sin embargo, uno de los problemas del uso de esta medida es su dependencia del tamaño muestral (Magurran 2004), esto implica que la riqueza (y las otras medidas de diversidad) puede verse influida por variaciones en el esfuerzo muestral. Aunque el diseño experimental está pensado para estandarizar el esfuerzo muestral, los tamaños finales muestrales difícilmente son iguales.

Un esfuerzo de muestreo desigual puede tener impactos en las medidas de riqueza de especies
— (Magurran 2004)

Esto representa un inconveniente, ya que muestreos en principio del mismo tamaño, podrían capturar números significativamente diferentes de individuos. Pensemos que una red para aves podría capturar 150 individuos en un sitio y 25 en otro. Cuan comparables serían estos datos si sabemos que el tamaño de la muestra influye en la cantidad de especies colectadas.

De esta manera, necesitamos separar dos conceptos distintos, la densidad de especies de la riqueza de especies. Imaginemos dos áreas cualquiera donde vamos a muestrear la vegetación, estas dos áreas únicamente se diferencian porque en la una existe pastoreo y en la otra no. Vemos que pasa cuando muestreemos cada una de estas comunidades.

```
#Generamos unas comunidades
pas <- data.frame( sp = paste(rep("sp", 30), 1:30, sep="-"),
                    abun= sample(1:8, 30, replace=TRUE))
pas1 <- matrix(0, 50,30)
colnames(pas1) <- pas[,1]
for(i in 1:30){
  pas1[,i] <- c(rep(1, pas[i,2]), rep(0, 50-pas[i,2]))
}
pas1 <- pas1[order(sample(1:50, 50)), ]

npas <- data.frame( sp = paste(rep("sp", 30), 1:30, sep="-"),
                    abun= sample(15:18, 30, replace=TRUE))
npas1 <- matrix(0, 50,30)
colnames(npas1) <- npas[,1]
for(i in 1:30){
  npas1[,i] <- c(rep(1, npas[i,2]), rep(0, 50-npas[i,2]))
}
npas1 <- npas1[order(sample(1:50, 50)), ]

#Ahora las muestreamos
```

```

#mostrar pastoreado
m_pas <- matrix(0,3,30)
colnames(m_pas) <- colnames(pas1)
for(i in 1:30) {
m_pas[1,i] <- pas1[sample(1:50, 1),i]
}
for(i in 1:30) {
m_pas[2,i] <- pas1[sample(1:50, 1),i]
}
for(i in 1:30) {
m_pas[3,i] <- pas1[sample(1:50, 1),i]
}

#mostrar no pastoreado
m_npas <- matrix(0,3,30)
colnames(m_npas) <- colnames(pas1)
for(i in 1:30) {
m_npas[1,i] <- npas1[sample(1:50, 1),i]
}
for(i in 1:30) {
m_npas[2,i] <- npas1[sample(1:50, 1),i]
}
for(i in 1:30) {
m_npas[3,i] <- npas1[sample(1:50, 1),i]
}

#Calculamos la riqueza de las muestras
specnumber(colSums(m_pas)) #Pastoreado

```

```
## [1] 3
```

```
specnumber(colSums(m_npas)) #No Pastoreado
```

```
## [1] 24
```

Como vemos por puro azar la diversidad es mucho mayor en las parcelas no pastoreadas, pero realmente hay mayor diversidad? Obtengamos la diversidad total de cada comunidad.

```
specnumber(colSums(pas1)) #Pastoreado
```

```
## [1] 30
```

```
specnumber(colSums(npas1)) #No Pastoreado
```

```
## [1] 30
```

Efectivamente la riqueza es la misma, el único problema es que en la zona pastoreada tiene una menor abundancia lo que origina una menor densidad de especies, sin embargo, no hay un efecto sobre la riqueza de especies.

Algunos índices basados en la riqueza como el de Margalef y Menhinick han sido propuestos para minimizar estos efectos, pero este ajuste ha mostrado ser insuficiente (Magurran, 2004). Una solución más aceptada a este problema es realizar una rarefacción, que es una forma de remuestrear las parcelas en función de un tamaño de muestra único para todas las parcelas.

Específicamente la rarefacción es el proceso de generación de la relación entre el número de especies vs el número de individuos en una o más muestras (Stevens 2009). Esta corrección por el número de individuos nos permite la comparación directa de la riqueza de dos muestras que inicialmente tenían diferente tamaño.

Para poder abordar estos temas utilizaremos la función `rarefy` del paquete *vegan*. La función `rarefy` arroja como resultado la riqueza de especies esperada en un determinado tamaño de muestra.

La rarefacción puede realizarse solamente con auténticos datos de conteos. La función `rarefy` se basa en la formulación de Hurlbert (1971), y los errores estándar sobre Heck et al. (1975).

Hurlbert (1971) propone la rarefacción como:

$$S_n = \sum_{i=1}^S (1 - q_i)$$

Donde; $q_i = \frac{\binom{n-x_i}{n}}{\binom{N}{n}}$ que representa las probabilidades de que las especies i no ocurra en una muestra de tamaño n , x_i es el conteo de i especies y $\binom{N}{n}$ es el coeficiente binomial o el número de formas en las que puede elegir n de N

En otras palabras la rarefacción permite hacer una interpolación de los datos, obteniendo una riqueza esperada en un tamaño de muestra menor al tamaño que hemos logrado, de esta forma este proceso nos da no solamente la riqueza sino un error estándar. Si la muestra es un vector, la rarefacción se calculará para cada tamaño de la muestra por separado.

A continuación vamos a utilizar la función `rarefy` para construir las curvas de rarefacción basadas en individuos y en muestras.

3.1 Rarefacción basada en Individuos

Vamos a utilizar nuestros ya conocidos datos de BCI, a partir de estos datos realizaremos un submuestreo escogiendo 10 de las 50 parcelas de BCI, esto con el fin de simplificar el ejemplo.

Lo primero que necesitamos es obtener un vector (un objeto) con el total de individuos de cada especie, este objeto representa la comunidad sobre la que haremos la rarefacción y la estimación de la riqueza total. Queremos generar una curva parecida a la de acumulación de especies pero que nos dará una riqueza con el error estándar, para esto tenemos que definir en qué tamaños de muestra queremos hacer la interpolación. Vamos a realizar estos pasos en R.

```
#Usaremos los datos con los cuales construimos las curvas de acumulación
#Sumamos la abundancia de cada especie
N <- colSums(BCI_sub)
```

```
#Hacemos un vector con los tamaños de muestra sobre los cuales haremos
#la interpolación. El dato final de este vector es el tamaño total de la
#muestra (sum(N))
subs3 <- c(seq(500, 4000, by = 500), sum(N))
```

```
#Ejecutamos la rarefacción
rar3 <- rarefy(N, sample = subs3, se = T, MARG = 2)
rar3
```

```
##           N500      N1000      N1500      N2000      N2500      N3000
## .S  108.326333 134.619542 148.928270 158.290450 165.039430 170.243872
## .se   4.633287   4.325923   3.916719   3.510975   3.105557   2.666663
##           N3500      N4000 N4296
## .S  174.477765 178.077816   180
## .se   2.131345   1.334799     0
## attr(,"Subsample")
## [1]  500 1000 1500 2000 2500 3000 3500 4000 4296
```

Como vemos el objeto `rar3` nos muestra la cantidad de especies que se espera tener a diferentes tamaños de muestras, en el ejemplo desde 500 hasta 4296. En este caso en el tamaño de 500 se espera tener 108.32 especies con un error estándar de 4.63. La riqueza tiene decimales pues es la media de la aleatorización realizada.

3.2 Rarefacción basada en muestras

Para realizar una rarefacción basada en muestras utilizaremos los modelos de acumulación de especies de la función `specaccum` del paquete *vegan*. Utilizaremos el método “*random*” de esta función, que encuentra la riqueza de especies esperada para un tamaño de muestra.

```
rand<-specaccum(BCI_sub, method = "random", permutations=100)
rand

## Species Accumulation Curve
## Accumulation method: random, with 100 permutations
## Call: specaccum(comm = BCI_sub, method = "random", permutations = 100)
##
##
## Sites      1.00000  2.00000  3.00000  4.00000  5.0000  6.00000
## Richness 93.60000 124.80000 141.35000 152.26000 159.8400 165.64000
## sd        7.89067  8.26579  7.06303  5.71304  4.7984  3.71869
##
## Sites      7.00000  8.00000  9.00000 10
## Richness 170.45000 173.98000 177.35000 180
## sd        2.90028  2.52254  1.57233  0
```

En este caso lo que vemos es que con una sola muestra tendríamos 92.55 especies, con dos parcelas tendríamos 123.9 especies, y así sucesivamente como podemos ver aparentemente la curva tiende a estabilizarse a partir de la parcela 7.

3.3 Estimadores de Riqueza

Como vemos el efecto que tiene el esfuerzo de muestreo sobre la riqueza hace que medirla de forma exacta y precisa sea un tanto complejo. La comparación de la riqueza debería realizársela sólo a partir de inventarios completos (que han llegado a la asíntota de la curva de acumulación de especies), lo que generalmente es muy difícil de lograr con unos recursos limitados (ej. Longino et al 2002 muestra que después de 30 años de muestreo de hormigas en la estación La Selva en Costa Rica, no se ha logrado alcanzar la asíntota). Una buena opción para determinar la riqueza de una comunidad consiste en estimar el número de especies a partir de un muestreo previo.

Los estimadores de riqueza pueden ser paramétricos y no paramétricos

Muchos métodos de estimas de la riqueza han sido propuestos, pero las aproximaciones más utilizadas en ecología son mediante métodos paramétricos y no paramétricos (Colwell & Coddington, 1994). Los métodos paramétricos estiman el número de especies ajustando las abundancias de las especies a modelos de distribución paramétrica (series logarítmica, log-normal, o Poisson log-normal). En el caso de las aproximaciones no paramétricas se basan en el estudio de las especies raras y permiten estimar el número de nuevas especies a partir de las relaciones de abundancia o incidencia de las especies ya detectadas en el muestreo (González-Oreja et al. 2010).

Para estimar el número total de especies (riqueza asíntótica) utilizaremos estimadores no-paramétricos. En primer lugar, utilizamos un estimador de riqueza basado en la abundancia el *ACE*, esta estimación la podemos hacer con la función `estimateR` que se encuentra en el paquete *vegan*. Además, utilizamos un estimador

basado en la frecuencia de especies, Chao 2. Este estimador necesita datos de presencia/ausencia y múltiples parcelas de muestreo. Para esto utilizamos la función `specpool`.

```
#Utilizaremos el valor obtenido de la suma de todas las especies que obtuvimos previamente
ace <- estimateR(N)
```

```
#Podemos aplicar directamente sobre nuestra matriz y nos arroja un solo dato
chaoF <- specpool(BCI_sub)
ace; chaoF
```

```
##      S.obs      S.chao1    se.chao1      S.ACE      se.ACE
## 180.000000 207.000000 13.817026 196.087616   6.838198

##      Species   chao  chao.se jack1 jack1.se   jack2    boot  boot.se  n
## All         180 197.64 8.811996 205.2 9.353074 213.3778 192.5617 6.041911 10
```

Como vemos las dos funciones nos dan varios índices no únicamente el ACE y el Chao2. Según lo que creamos conveniente podemos utilizar cualquiera de ellos. El estimador ACE es bastante conservador y nos da una riqueza esperada de 196.08 con un error estándar de 6.83, mientras que Chao (de la función `specpool`) nos da una riqueza de 197.64 con una desviación de 6.63. En este caso el estimador Jackknife2 nos da la más alta riqueza con 213 especies.

3.4 Graficando los resultados

Ahora, graficamos las curvas de rarefacción basada en individuos y en muestras con su desviación estándar en los distintos tamaños de muestra escogidos, adicionalmente incluiremos los estimadores de riqueza y la riqueza total en las 50 ha del BCI.

```
par(mar=c(6,4,1,1))

#construimos el gráfico de rarefacción basada en individuos
plot(subs3, rar3[1, ], ylab = "Riqueza de especies",
      axes = FALSE, xlab = "", cex.lab=0.8,
      type = "l", ylim = c(50, 260), xlim = c(500, 7000), lwd=1.8)
points(subs3,rar3[1, ], pch=19)

#Graficamos la desviación estándar.
segments(subs3, rar3[1, ] + 2 * rar3[2, ],
          subs3, rar3[1, ] - 2 * rar3[2, ])

#Graficamos los ejes
axis(1, at = 1:5 * 1000, cex.axis=0.7,mgp=c(3, 0.2, 0))
axis(2, cex.axis=0.7)

#la caja
box()

#Sobreponemos la curva de rarefacción basada en muestras
par(new=T)
#Hacemos un vector con el número de parcelas
x<- 1:10

#Graficamos la curva
plot(x, rand$richness, type="l", col="red",ylab="", xlab="",
      axes=FALSE, xlim=c(1,15), ylim = c(50, 260), lwd=1.8)
```

```

points(rand$richness, pch=19, col="darkred")
segments(x, rand$richness + 2 * rand$sd, x, rand$richness - 2 * rand$sd, col="red")

#Graficamos la curva de acumulación
par(new=T)
plot(col, xlab="", ylab="", col="blue", axes=FALSE, xlim=c(1,15),
      ylim = c(50, 260), lwd=1.8)
points(col$richness, pch=19, col="darkblue")

axis(1, at=1:10, cex.axis=0.7, line =3, mgp=c(3, 0.2, 0))

mtext("No. Individuos", side=1, line=1.3, cex=0.8, at=6)
mtext("No. Parcelas", side=1, line=4, cex=0.8, at=6)

legend(1, 250, c("Rarefacción - Muestras", "Curva de acumulación",
                "Rarefacción - Individuos"), lty=c(1,1,1), pch=19,
       cex=0.7, col = c("red", "blue", "black"))

#Incluimos el estimador de riqueza ACE
points(11, ace["S.ACE"], pch=19)
segments(11, ace["S.ACE"] - 2 * ace["se.ACE"],
         11, ace["S.ACE"] + 2 * ace["se.ACE"], lwd = 3)

text(11, 160, "Estimador ACE", srt = 90, adj = c(1, + 0.5), cex=0.7)

#Incluimos el estimador de riqueza Chao2
points(12, chaoF[1, "chao"], pch=19, col="grey")
segments(12, chaoF[1, "chao"] - 2 * chaoF[1,
      "chao.se"], 12, chaoF[1, "chao"] + 2 * chaoF[1,
      "chao.se"], lwd = 3, col = "grey")
text(12, 160, "Estimador Chao2", srt = 90, adj = c(1, + 0.5), cex=0.7)

#La riqueza total de la parcela de 50ha del BCI
points(13, dim(BCI)[2], pch = 19, cex = 1)
text(13, 160, "Riqueza en 50 ha del BCI",
      srt = 90, adj = c(1, 0.5), cex=0.7)
text(13, 232, dim(BCI)[2], cex=0.6)

```

En la figura 3.1 podemos ver que nuestro muestreo es aceptable y que aunque no hemos capturado toda la riqueza del área los estimadores que utilizamos son aceptables. Es posible que en este caso la riqueza de jackknife sea un mejor estimador. Pero recuerden que normalmente cuando hacemos un muestreo no tenemos el valor de riqueza total, por lo que no podemos saber cuan alejados estamos de la realidad.

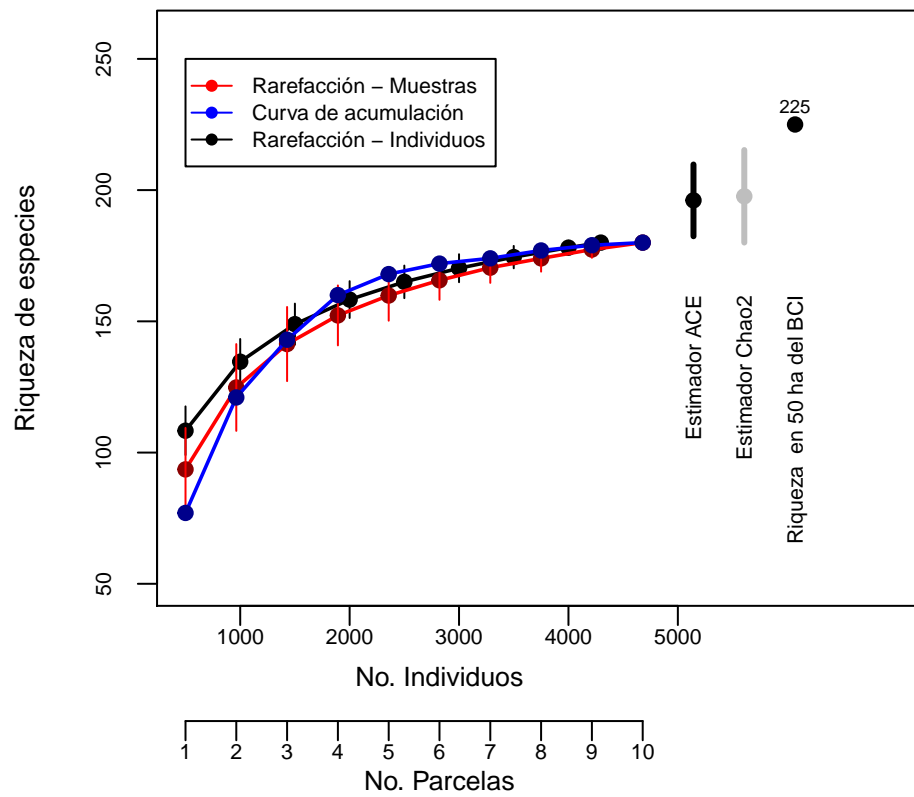


Figure 3.1: Curvas de rarefacción basada en individuos y en muestras de 10 parcelas al azar del BCI. Estimadores de riqueza (ACE) y Chao2 y riqueza total obtenida en las 50 ha del BCI.

Chapter 4

Comparando muestras

Lo que hemos hecho hasta ahora es evaluar nuestro muestreo en general, como éste se comporta con diferente tamaño de muestras o individuos. Pero normalmente lo que nos interesa es comparar entre localidades con diferente condición, seguimos teniendo el problema de que cada parcela tiene un tamaño distinto, lo que puede afectar a la riqueza.

Para comparar la riqueza necesitamos hacer la rarefacción basada en individuos, utilizaremos el valor de abundancia de la parcela con menos individuos. Para esto volvemos a utilizar la función ‘rarefy’.

```
R.rar <- rarefy(BCI_sub, min(rowSums(BCI_sub)), se=TRUE)
R.rar

##           31           47           14           20  41           49           48
## S  75.800743 99.301601 94.802702 97.529834 102 88.653177 89.9810001
## se  1.035962  1.499881  1.634561  1.448522  0  1.413692  0.9538244
##           39           26           4
## S  82.343999 90.5559177 87.420264
## se  1.204363  0.6327308  2.222168
## attr(,"Subsample")
## [1] 402
```

En el objeto *R.rar* tenemos la riqueza interpolada (con rarefacción) de cada una de las parcelas, el valor utilizado para hacer la rarefacción es la abundancia de la parcela con menos individuos, en este caso 402 individuos.

Vamos a generar un gráfico en el cual podamos comparar la riqueza total de las parcelas del BCI, calcularemos la riqueza de cada parcela con la función *specnumber* del paquete *vegan* y la riqueza estimada con rarefacción con su desviación estándar (Figura 4.1).

```
par(mfcol=c(2,1), oma=c(2,1,1,1), mar=c(3,3,1,1))

Rt<- specnumber(BCI_sub)
barplot(Rt, ylim=c(0,120), col="grey30", cex.main=0.8,
        cex.names=0.7, cex.axis=0.7, mgp=c(2, 0.35, 0))
mtext("a) Riqueza total por parcela", side=3, cex=0.8)
mtext("Número de especies", side =2, at=0, line=2, cex=0.8)

x<-(barplot(R.rar[1,], ylim=c(0,120), col="grey30",
            cex.main=0.8, cex.axis=0.7, cex.names=0.7, mgp=c(2, 0.35, 0),
            xlab="Sitios", cex.lab=0.8))
mtext("b) Riqueza con rarefacción basada en individuos por parcela", side =3, cex=0.8)
```

```
arrows(x,R.rar[1,] - 2 * R.rar[2,], x,R.rar[1,] + 2 * R.rar[2,], length=0.05,angle=90,code=3)
```

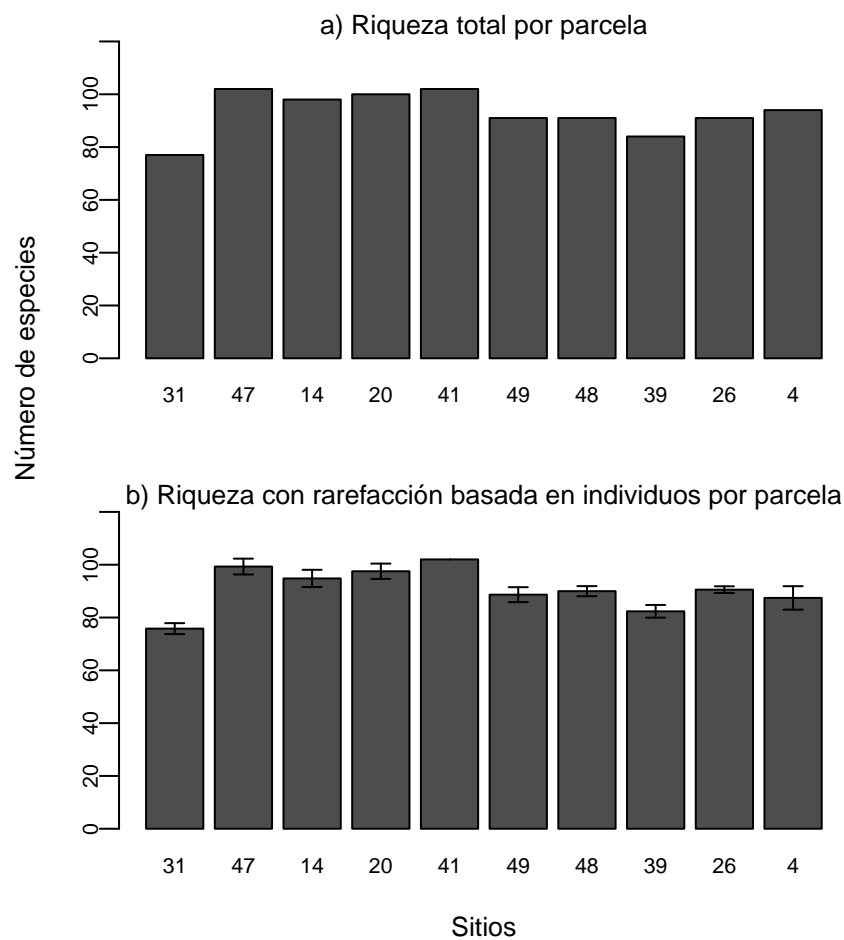


Figure 4.1: Comparación entre medidas de a. riqueza observada y b. riqueza obtenida en base a rarefacción con su desviación estándar.

Como podemos ver en la figura 4.1, al comparar la riqueza entre las diferentes parcelas el patrón se mantiene entre los datos reales y los datos de la rarefacción, sin embargo, en algunos casos las diferencias se hacen más evidentes. Y las conclusiones que podemos obtener son más sólidas.

Chapter 5

Medidas de Diversidad

Una de las propiedades de las comunidades es la riqueza de especies, sin embargo, esta medida únicamente nos muestra una de las propiedades de la comunidad. Una descripción más completa de la comunidad debería incluir la abundancia de las especies y el número de especies (la riqueza).

Una de las formas más sencillas es desarrollar un modelo de rango de abundancia u obtener una medida de diversidad, un índice de diversidad.

5.1 Modelos de abundancia de especies

El paquete *vegan* tiene algunas funciones que nos permiten analizar la relación especies-abundancia, algunos de los más utilizados son los modelos para la distribución de la abundancia de especies (rango de especies).

Diagrama de rango de abundancia

El diagrama de rango de abundancia de especies nos permite graficar las abundancias logarítmicas en orden decreciente, o en contra de los rangos de especies (Whittaker, 1965).

La función *radfit* contiene algunos de los modelos más populares (Wilson, 1991) los cuales utiliza estimadores de máxima verosimilitud. Algunos de los ajustes utilizados son Brokenstick, Preemption, Log-normal, Zipf, Zipf-Mandelbrot. No vamos a profundizar en estos por ahora pero comentaremos como implementarlos en R. Utilizaremos la función *radfit* para desarrollar el diagrama de rango de abundancia. La función *radfit* compara los modelos antes enumerados con el fin de evaluar el mejor ajuste, se utiliza el criterio de información de Akaike (AIC) y Bayesianos o de Schwartz (BIC). Estos se basan en log-verosimilitud, pero penalizados por el número de parámetros estimados. La pena por parámetro es 2 en la AIC y log S en BIC.

Vamos a construir dos diagramas para dos parcelas del BCI y para los datos totales de la parcela de 50ha de BCI.

```
library(vegan)
data(BCI)

pA<- BCI[3,] #escogemos una parcela cualquiera del BCI
pB<- BCI[23,] #otra más
pBCI<- colSums(BCI) #Los datos de todo BCI

RpA<- radfit(pA)
RpB<- radfit(pB)
RpBCI<- radfit(pBCI)

#¿Qué modelo ajusta mejor (tiene menor AIC)?.
```

```
#Revise los objetos generados
```

```
RpA; RpB; RpBCI
```

```
##
## RAD models, family poisson
## No. of species 90, total abundance 463
##
##           par1      par2      par3  Deviance AIC      BIC
## Null              86.1127 347.8863 347.8863
## Preemption 0.052303      58.9295 322.7031 325.2029
## Lognormal  0.94937  1.1957  29.2719 295.0455 300.0451
## Zipf       0.14769 -0.86485  50.1262 315.8997 320.8994
## Mandelbrot 3.9471  -1.705   8.1741  5.7342 273.5077 281.0072

##
## RAD models, family poisson
## No. of species 99, total abundance 340
##
##           par1      par2      par3  Deviance AIC      BIC
## Null              55.4639 322.9662 322.9662
## Preemption 0.038291      53.4573 322.9597 325.5548
## Lognormal  0.7158  1.0327  21.9550 293.4574 298.6476
## Zipf       0.11689 -0.77842  20.0961 291.5984 296.7887
## Mandelbrot 0.50968 -1.1574  3.9378  7.4609 280.9632 288.7486

##
## RAD models, family poisson
## No. of species 225, total abundance 21457
##
##           par1      par2      par3  Deviance AIC      BIC
## Null              10261.14 11387.97 11387.97
## Preemption 0.034063      3788.38 4917.21 4920.63
## Lognormal  3.3569  1.5738  744.30 1875.13 1881.96
## Zipf       0.14679 -0.94912  4335.50 5466.33 5473.16
## Mandelbrot 17.014  -2.0064  15.048  988.02 2120.85 2131.10
```

Como podemos ver el modelo que mejor ajusta (con AIC o BIC más bajo) es, en el caso de la parcela A y B, Mandelbrot y en el caso de los datos completos de la parcela del BCI es Lognormal. Vamos a graficar estas funciones para poder observar las tendencias (Figura 5.1).

```
par(mfcol=c(1,3))

plot(RpA$models$Mandelbrot, xlim=c(0,250), pch=19, col="black", cex=0.6)
plot(RpB$models$Mandelbrot, xlim=c(0,250), pch=19, col="black", cex=0.6)
plot(RpBCI$models$Lognormal, xlim=c(0,250), pch=19, col="black", cex=0.6)
```

5.2 Índices de Diversidad

Los índices de diversidad son considerados como medidas de la varianza de la distribución de la abundancia de especies. Existen muchos índices desarrollados aunque seguramente el índice de Simpson y de Shannon son los más utilizados.

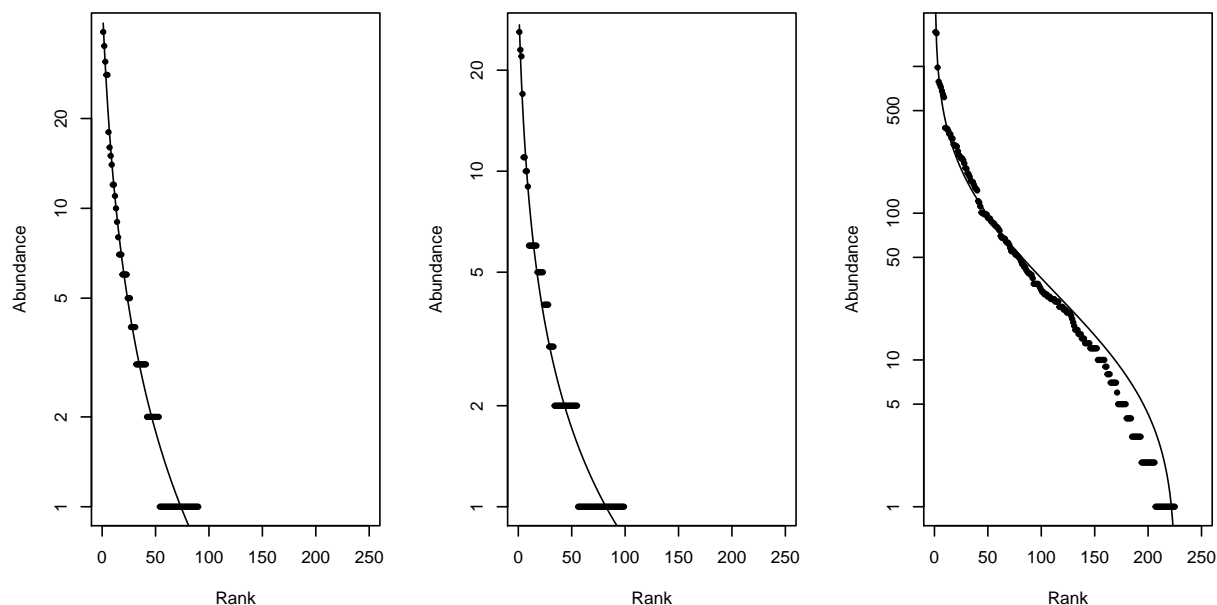


Figure 5.1: Rangos de abundancia de dos parcelas de BCI y del total de parcelas.

5.2.1 Índice de Simpson

El índice de Simpson (D) tiene la tendencia de ser más pequeño cuando la comunidad es más *diversa*. D es interpretado como la probabilidad de un encuentro intraespecífico, esto quiere decir la probabilidad de que si tomas dos individuos al azar de la comunidad ambos sean de la misma especie. Mientras más alta es esta probabilidad menos diversa es la comunidad (sensu Wallace).

Vamos a ejemplificar para entender este concepto con una comunidad completamente equitativa, con 10 especies cada una de las cuales tiene una abundancia de 5.

```
#Generamos un vector con 10 especies, cada una con 5 individuos
abun<- rep(5,10)
```

```
#Sacamos la abundancia relativa
rel<- abun/sum(abun)
rel
```

```
## [1] 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1 0.1
```

A partir de estos datos podemos utilizar el índice de Simpson:

$$D = \sum_{i=1}^S p_i^2$$

Donde S es el número de especies y p_i es la proporción de cada especie.

```
#calculamos el índice de Simpson
D<- sum((rel)^2)
D
```

```
## [1] 0.1
```

Para evidenciar como D (la probabilidad de un encuentro intraespecífico) aumenta cuando la comunidad es menos equitativa piensa en el ejemplo de una comunidad con una especie diez veces más abundante que las demás.

```
#Generamos un vector con 10 especies, 1 con 50 individuos y el resto con 5 individuos
abun2<- rep(c(50,5),c(1,9))
#Sacamos la abundancia relativa
rel2<- abun2/sum(abun2)
rel2
```

```
## [1] 0.52631579 0.05263158 0.05263158 0.05263158 0.05263158 0.05263158
## [7] 0.05263158 0.05263158 0.05263158 0.05263158
```

```
D2<- sum((rel2)^2)
D2;D
```

```
## [1] 0.3019391
```

```
## [1] 0.1
```

Dado de que queremos un índice que aumenta con la diversidad en vez de disminuir, sería mejor si podemos interpretar el índice en una forma directa. Entonces es común usar el inverso del índice de Simpson

invD=1-D

```
invD<- 1-D
invD2<- 1-D2
invD;invD2
```

```
## [1] 0.9
```

```
## [1] 0.6980609
```

Como podemos ver ahora la comunidad con una repartición de la abundancia más equitativa (D) tiene un índice más alto (invD) que la comunidad con una especie dominante (D2).

5.2.2 El índice de Shannon

El índice de Shannon H mide más o menos lo mismo que el índice de Simpson, sin embargo, su lógica teórica está basada en teoría informática. Esto hace su interpretación un poco menos intuitiva. Sin ir a más detalle H normalmente toma valores entre 1 y 4.5. Valores encima de 3 son típicamente interpretados como “diversos”. Por razones que no son tan obvias como el caso de Simpson el máximo valor que puede tomar H es el logaritmo de S (número de especies), $\ln(S)$. El índice de Shannon-Weaver es expresado como:

$$H = - \sum_{i=1}^S p_i \log_b p_i$$

Volveremos a utilizar las comunidades que generamos para testar el índice de Shannon con el fin de evaluar su comportamiento.

```
H<- -sum((rel*(log(rel))))
H2<- -sum((rel2*(log(rel2))))
H;H2
```

```
## [1] 2.302585
```

```
## [1] 1.732552
```

Al igual que en el caso de Simpson, la comunidad más diversa es la comunidad con una menor dominancia. En la figura 5.2 vemos como varían los dos índices muestran que la comunidad más dominante representa

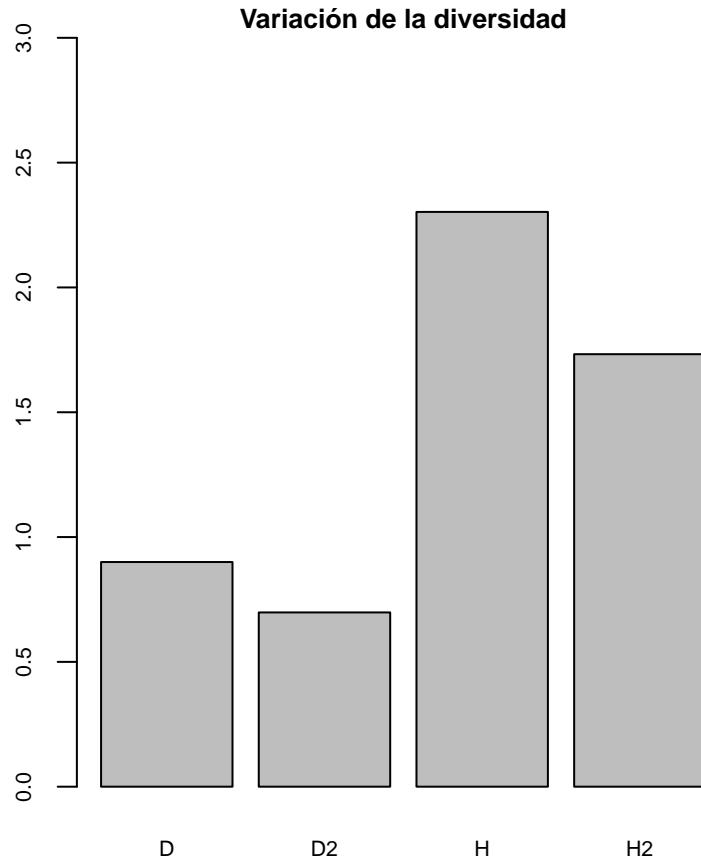


Figure 5.2: índices de diversidad de Simpson (D y D2) y de Shannon (H y H2) de dos comunidades con menor y mayor dominancia respectivamente.

el 75% de la comunidad equitativa según Shannon, mientras que en Simpson muestra que esta representa el 77%.

```
##Vamos a generar un gráfico con los dos índices
par(mar=c(2,2,1,1))
div<- c(invD,invD2,H,H2)
names(div)<- c("D","D2","H","H2")
barplot(div, ylim=c(0,3), main="Variación de la diversidad",
        cex.main=0.8, cex.axis=0.7, cex.names=0.7)
```

Aunque como vemos es muy sencillo realizar los índices de Shannon y Simpson podemos utilizar la función `diversity` para calcular los índices.

```
diversity(abun2, "simpson")
```

```
## [1] 0.6980609
```

```
diversity(abun, "simpson")
```

```
## [1] 0.9
```

```
diversity(abun, "shannon")
```

```
## [1] 2.302585
```

```
diversity(abun2, "shannon")
```

```
## [1] 1.732552
```

Existen otros índices que pueden ser explorados dentro de la función `diversity`.

Chapter 6

Ejercicio Práctico

6.1 Metodología

En este ejercicio pretendemos estudiar una comunidad de aves a lo largo de 9 meses del año. Los datos de este trabajo puedes obtenerlos aquí

El objetivo principal de este estudio es entender como las variables ambientales temperatura y precipitación así como las variables bióticas (cantidad de frutos e insectos) afectan la riqueza y diversidad de especies. Adicionalmente, nos interesa determinar si nuestro esfuerzo de muestreo es suficiente para conocer la riqueza de aves de esta localidad.

Este trabajo se lo desarrollo en la Reserva Ecológica Arenillas. Tres localidades separadas 200 metros entre sí fueron seleccionadas. Una vez por mes se muestrearon las aves utilizando 5 redes de neblina de 9 metros.

1. Con el ejercicio de la comunidad hipotética generada con y sin pastoreo.
 - a. Incremente el muestreo a 10 parcelas para cada comunidad (unicamente cambie el objeto incrementando las filas y haga el muestreo dos veces más).
 - b. Realice una curva de rarefaccion basada en muestras. Se estabiliza la curva, es igual en las dos comunidades?
 - c. Obtenga estimadores de riqueza para cada comunidad.
 - d. ¿Cual es el efecto de la diferencia en la densidad de especies sobre los resultados?
2. Teniendo en cuenta que estamos comparando meses con diferentes densidades de individuos. ¿Cómo evaluarías las diferencias en riqueza de especies entre meses?
 - a. ¿Cuántos individuos hemos muestreado en cada mes?
 - b. ¿Cuántas especies totales hemos detectado en cada mes?
 - c. Explica los resultados del análisis que hayas decidido llevar a cabo.
3. Queremos saber si nuestro esfuerzo de muestreo ha sido suficiente para caracterizar la diversidad de especies de bosque seco en esta localidad y cuál sería en cada caso la riqueza de especies máxima esperable. Podríamos ver si el muestreo fue suficiente para la estación seca y para la estación lluviosa.
 - a. Calcular la rarefacción basada en individuos y en muestras para el bosque en general.
 - b. Hacer un gráfico con las curvas de rarefacción e incluya dos estimadores de riqueza.
 - c. Calcular la rarefacción basada en individuos y en muestras para la estación seca y lluviosa.
 - d. Hacer un gráfico con las curvas de rarefacción e incluya dos estimadores de riqueza para cada estación.
 - e. ¿Qué podemos concluir de este análisis?
4. ¿Existen diferencias entre las comunidades de cada mes en cuanto a densidad de especies? y en cuanto a equitatividad y diversidad?

- a. Calcula la riqueza, el índice de equitatividad y diversidad que elijas para CADA MUESTRA (mes).
5. Los diagramas de rango de abundancia nos da información de la equitatividad y la riqueza, tienen patrones de dominancia distintos a lo largo de los meses? y entre estaciones?
 - a. Ajusta curvas a cada mes
 - b. Grafica las comunidades con el mejor ajuste y analiza los patrones observados.
 - c. Ajusta curvas por cada estación y analiza los resultados.
6. Relaciona las variables abióticas y bióticas con los índices evaluados utilizando un análisis de correlación de Pearson.

6.2 Resultados

Organiza la información que ha obtenido de cada uno de estos pasos. Dale un orden lógico que permita responder la pregunta general planteada.

6.3 Conclusiones

Redacta brevemente las conclusiones que has podido obtener de los análisis desarrollados.

Bibliography