



Práctica 15. Similitud de especies entre áreas

Cabrera-Guzmán, E. y Olvera-Garrido, L. (2013). Práctica 15. Similitud de especies entre áreas. En Martínez A. L., Castañeda-Sortibrán, A., Morrone, J. J. y Llorente-Bousquets J. (Coordinadores). *Manual de prácticas de biogeografía* (2ª ed., pp. 46-49). México: Las Prensas de Ciencias, UNAM.

Práctica 15

Similitud de especies entre áreas

Elisa Cabrera Guzmán y
Lorena Garrido Olvera

46

Manual de prácticas de biogeografía | Práctica 15

Objetivo

Utilizar índices de similitud para evaluar el parecido en la composición y abundancia relativa de especies entre áreas geográficas.

Unidad de conocimiento

Una medida frecuentemente utilizada en el análisis de comunidades es la similitud, que describe numéricamente el grado de semejanza entre áreas geográficas de acuerdo con la composición de especies y la abundancia relativa de las mismas. Este parámetro es obtenido mediante diferentes índices, los cuales pueden ser agrupados en dos categorías principales: los de similitud cualitativa, que evalúan el parecido en cuanto a composición de especies (requieren datos de presencia/ausencia de taxones o especies) y los de similitud cuantitativa, que miden la semejanza en cuanto a abundancia relativa de especies (basados en datos como número de individuos, biomasa, cobertura, productividad o cualquier otra medida que cuantifique la importancia de las especies en la comunidad). Sin embargo, la interpretación de un índice por separado puede ser insuficiente para evaluar la similitud entre dos áreas, por lo que se recomienda considerar ambos tipos de índices. Los índices de similitud cualitativa más usados han sido el de Jaccard y el de Sørensen.

Índice de similitud de Jaccard

$$I_J = c / a + b + c$$

donde:

a = Número de especies presentes en el sitio A

b = Número de especies presentes en el sitio B

c = Número de especies presentes en ambos sitios

Índice de Sørensen

$$I_S = 2a / 2a + b + c$$

donde:

a = Número de especies presentes en ambos sitios

b = Número de especies presentes en el sitio A

c = Número de especies presentes en el sitio B

Dentro de los índices cuantitativos, la versión modificada del índice de Sørensen o índice de Bray-Curtis y el índice de Morisita-Horn han sido comúnmente aplicados.

Índice de Bray-Curtis (= índice de Sørensen cuantitativo)

$$I_N = 2jN / N_a + N_b$$

donde:

N_a = Número total de individuos en el sitio A

N_b = Número total de individuos en el sitio B

jN = Sumatoria de la abundancia más baja de cada una de las especies compartidas por ambos sitios

Índice de Morisita-Horn

$$I_{MH} = 2 \sum (a_i \times b_i) / (d_a + d_b) (N_a \times N_b)$$

donde:

N_a = Número total de individuos en el sitio A

N_b = Número total de individuos en el sitio B

a_i = Número de individuos de la i -ésima especie en el sitio A



b_i = Número de individuos de la i -ésima especie en el sitio B

$$d_a = \sum a_i^2 / N_a^2$$

$$d_b = \sum b_i^2 / N_b^2$$

El valor obtenido para cualquiera de los índices antes mencionados varía de 0 (cuando la composición de especies y/o distribución de las abundancias son completamente diferentes) a 1 (cuando las listas de especies y/o la distribución de las abundancias son idénticas). Un valor alto de similitud cualitativa y/o cuantitativa entre las comunidades podría reflejar que la estructura de las mismas está determinada por procesos semejantes históricos (dispersión, vicarianza) y/o ecológicos (condiciones ambientales, interacciones).

Unidad de acción

1. Con base en los datos de ocurrencia y abundancia de reptiles presentados en el Cuadro 5, evalúa la similitud entre los distintos fragmentos de selva; para ello, obtén la similitud cualitativa con el índice de Jaccard y la cuantitativa mediante el índice de Bray-Curtis.
 - a. En el programa BioDiversity Professional, abre un archivo nuevo e indica en la ventana «New Data File» el número de fragmentos (samples) y el número de especies (species) involucrados en el estudio (Figura 19).
 - b. Transcribe los datos presentados en el cuadro 5 a la tabla de BioDiversity Professional. (Figura 20).
 - c. Activa el comando de opciones dando un clic en el ícono  para observar la ventana (Figura 21). Selecciona la opción «Cluster Analysis» e indica en los espacios correspondientes el índice que se empleará (índice de Jaccard) y el método de agrupamiento que en este caso será la técnica de ligamiento promedio con la media aritmética no ponderada (group average).
 - d. Para obtener los valores de similitud entre todos los pares de sitios comparados y su representación gráfica, da un clic en el ícono .
 - e. Sigue el mismo procedimiento para obtener los valores de similitud con el índice de Bray-Curtis (o índice de Sørensen cuantitativo) y el fenograma resultante.
2. Compara la información arrojada por ambos tipos de índices e interpreta los resultados. Particularmente, discute si la estructura de las comunidades se comporta de manera estable o de manera azarosa entre los sitios y qué tipo de procesos pueden estar determinando dicho comportamiento.

Bibliografía recomendada

- Boyce, R. L. y P. C. Ellison. 2001. Choosing the best similarity index when performing fuzzy set ordination on binary data. *Journal of Vegetation Science*, 12: 711-720.
- Crisci, J. y M. F. López Armengol. 1983. *Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica*. Monografía núm. 26, Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos, Washington, D.C. pp. 132.
- Magurran, A. E. 2004. *Measuring Biological Diversity*. Blackwell Publishing, Oxford. 193 pp.
- McAleece, N., P. J. D. Lambsgead, G. L. J. Paterson y J. D. G. Gage. 1997. *BioDiversity Professional. Version 2*. The Natural History Museum and the Scottish Association for Marine Science. Disponible en: <http://www.sams.ac.uk/research/software>

Cuadro 5. Datos de la abundancia de especies de reptiles en ocho fragmentos de selva de la región de Los Tuxtlas, Veracruz ordenados de menor a mayor tamaño

Especie	Fragmento							
	1	2	3	4	5	6	7	8
<i>Basiliscus vittatus</i>							1	
<i>Corytophanes hernandezii</i>		1		3	2		1	1
<i>Sceloporus variabilis</i>			1					
<i>Anolis barkeri</i>							10	2
<i>Anolis rodriguezii</i>	1	5	2	4		1		
<i>Anolis uniformis</i>	87	60	120	137	72	53	38	70
<i>Eumeces sumichrasti</i>							1	
<i>Scincella gemmingeri</i>		4	2	3	3	7		
<i>Sphenomorphus cherriei</i>							2	4
<i>Ameiva undulata</i>	1	1		4			2	2
<i>Lepidophyma pajapanensis</i>			1			1		1
<i>Lepidophyma tuxtlae</i>	1		5	11	1	1		2
<i>Boa constrictor</i>			1					
<i>Coniophanes fissidens</i>					1			1
<i>Coniophanes imperialis</i>								1
<i>Dendrophidion vinitor</i>								1
<i>Drymarchon corais</i>			1					
<i>Ficimia publia</i>						1		
<i>Imantodes cenchoa</i>	2	4	2	3	8	3	4	11
<i>Lampropeltis triangulum</i>						1		
<i>Pseustes poecilonotus</i>							1	
<i>Rhadinaea decorata</i>						1	1	
<i>Sibon sartori</i>						1		
<i>Micrurus limbatus</i>					1			
<i>Bothrops asper</i>					1	2	1	1
<i>Kinosternon leucostomum</i>						1		

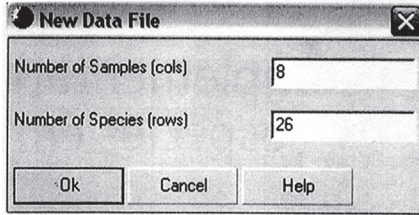


Figura 19. Indicación del número de especies y el número de sitios a comparar en el Programa *BioDiversity*.

Species	1	2	3	4	5	6	7	8
1. <i>Basillecia vitatus</i>								
2. <i>Crotophaga harradendi</i>				3	2			1
3. <i>Sceloporus variegatus</i>								1
4. <i>Anolis barkeri</i>								1
5. <i>Anolis roseli</i>								1
6. <i>Anolis uniformis</i>	1	5	2	4		1	10	2
7. <i>Bumecera surinamensis</i>	87	60	120	137	72	53	36	70
8. <i>Scenecha gemmiger</i>								1
9. <i>Sphaeromorphus chertisi</i>								2
10. <i>Anolis umbilata</i>	1	1		4				2
11. <i>Leptodeira palmarum</i>								1
12. <i>Leptodeira furcata</i>	1		5	11	1	1		2
13. <i>Uta concolor</i>								1
14. <i>Conocephalus bicoloris</i>								1
15. <i>Conocephalus imperialis</i>								1
16. <i>Dendrophidion vitorii</i>								1
17. <i>Drymarchon corais</i>								1
18. <i>Fictia pubes</i>								1
19. <i>Insardes caecilia</i>								1
20. <i>Lamprolepis triangulum</i>	2	4	2	3	8	3	4	11
21. <i>Pantodon parvicornis</i>								1
22. <i>Rhadenas decorata</i>								1
23. <i>Gibon sautor</i>								1
24. <i>Microps lamellatus</i>								1
25. <i>Bothrops Asatr</i>								1
26. <i>Kinosternon leucostomum</i>								1

Figura 20. Matriz de datos de abundancia por especie en cada sitio a comparar elaborada en *BioDiversity*.

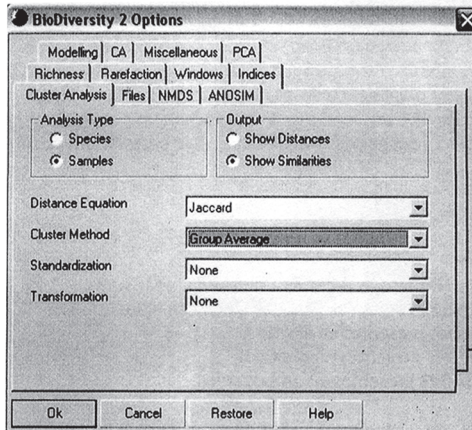


Figura 21. Selección del índice de similitud y el método de agrupamiento en *BioDiversity*.