



Digital Commons@

Loyola Marymount University
LMU Loyola Law School

Biology Faculty Works

Biology

12-2013

La Diversidad de los Análisis de Diversidad La Diversidad de los Analisis de Diversidad [The Diversity of Diversity Analyses]

Victor D. Carmona-Galindo

Loyola Marymount University, Victor.Carmona@lmu.edu

Tizziana V. Carmona

Follow this and additional works at: https://digitalcommons.lmu.edu/bio_fac



Part of the [Biodiversity Commons](#), [Biology Commons](#), [Ecology and Evolutionary Biology Commons](#), [Higher Education Commons](#), and the [Science and Mathematics Education Commons](#)

Digital Commons @ LMU & LLS Citation

Carmona-Galindo, Victor D. and Carmona, Tizziana V., "La Diversidad de los Análisis de Diversidad La Diversidad de los Analisis de Diversidad [The Diversity of Diversity Analyses]" (2013). *Biology Faculty Works*. 28.

https://digitalcommons.lmu.edu/bio_fac/28

This Article is brought to you for free and open access by the Biology at Digital Commons @ Loyola Marymount University and Loyola Law School. It has been accepted for inclusion in Biology Faculty Works by an authorized administrator of Digital Commons@Loyola Marymount University and Loyola Law School. For more information, please contact digitalcommons@lmu.edu.

La diversidad de los análisis de diversidad.

Víctor D. Carmona-Galindo

Departamento de Biología, Loyola Marymount University, Los
Ángeles, California, EEUU.
Correo-electrónico: Victor.Carmona@lmu.edu

Tizziana V. Carmona

Titian Higher Education Consulting, Santa Monica, California, EEUU.

Resumen

Existe mucha inconsistencia en el uso de los términos de riqueza, diversidad y biodiversidad, e inclusive con el análisis de índices de diversidad y su verdadero mérito en la evaluación (comparación y contraste) de comunidades biológicas. El propósito de este artículo es definir los diferentes términos y citar ejemplos de literatura primaria sobre la utilidad de la estimación de riqueza, el patrón de la abundancia proporcional, y los índices de diversidad y similitud en los estudios sobre los patrones de organización biológica, con respecto a diferentes escalas espaciales. Además, incluimos una guía técnica de como descargar y utilizar un programa gratuito (EstimateS) para la estimación de riqueza de especies y la rarefacción de índices de diversidad en base a patrones detectados en los datos de colecta de campo.

Palabras clave: biodiversidad, curva de rango-abundancia, curva de rarefacción, diversidad alfa, diversidad beta, diversidad gamma, diversidad funcional de ecosistemas, diversidad genética, diversidad de especies, equitatividad de especies, índices de diversidad.

Abstract

There is a lack of consistency with respect to the use of the terms like species richness, diversity and biodiversity, which extends to the analysis of diversity indices and the merit of using diversity indices in the evaluation (comparison and contrast) of biological communities. The purpose of this article is to provide working definitions for these terms and cite examples from the primary literature that demonstrate the utility of estimating richness, evaluating proportional abundance patterns, as well as comparing indices of diversity and similarity to study patterns of biological organization at different ecological scales. Additionally, we provide a manual in the appendix for downloading and using a freeware application (EstimateS) to estimate species richness and construct rarefaction curves for various diversity indices based on the patterns detected from field-data.

Keywords: alpha diversity, beta diversity, biodiversity, diversity indices, ecosystem diversity, gamma diversity, genetic diversity, rank-abundance curve, rarefaction curve, species diversity, species evenness.

Riqueza de especies (s)

La riqueza de especies se define simplemente como el número de especies que se detectan durante un muestreo. Sin embargo; ¿cómo se sabe si se ha muestreado suficientemente? En el pasado, esta evaluación se determinaba en base al patrón de acumulación de nuevas especies con respecto a la recolección de individuos durante el proceso de muestreo. Uno de los problemas de utilizar una curva de acumulación para evaluar la eficacia de un muestreo es que en la literatura hay mucha discusión acerca de la función matemática que mejor aproxima la asíntota de una curva de acumulación: exponencial (He y Legendre 1996), logarítmica (Fisher *et al.* 1943), función de potencia (Ugland *et al.* 2003), u otras como la ley de Zipf (Chao y Shen 2004). Nótese que la inspección visual de la asíntota no es válida como determinación cualitativa (ni cuantitativa) ya que es subjetiva en su evaluación. Sin embargo, la conclusión para muchos biólogos de campo es que no existe una sola estimación asíntótica universal, sino que depende de la escala del muestreo (Ugland *et al.* 2003).

Estimación de la Riqueza de Especies

La costumbre que surge en la literatura actualmente es la de evaluar la eficacia del muestreo en base a un rango de estimación de riqueza de especies que está compuesto por varias funciones que estiman (de diferentes formas) la asíntota de la curva de acumulación de especies (Gotelli y Colwell 2011). Existen varios programas (o software) que utilizan la información recolectada durante el muestreo (e.g. número de especie, abundancia relativa, y número de transecto) para estimar la riqueza de especies a través de diferentes métodos (o funciones) de estimación, y de esta manera establecer un rango de estimación de riqueza de especies esperada. En el Apéndice I, incluimos instrucciones para crear un rango de

estimación de riqueza de especies en base a datos de muestreo utilizando el programa gratuito EstimateS (Colwell 2006).

Aquino *et al.* (2013), utiliza EstimateS para estudiar el efecto de irrigación antropogénica sobre la riqueza de artrópodos en Chaparral costero en el sur de California, una ecorregión donde muchas especies nativas están adaptadas a sequías estacionales (Fig. 1).

Este estudio detectó que en áreas con irrigación antropogénica el rango de riqueza de especies disminuyó con respecto a áreas de control. Dorsey *et al.* (2013) utiliza EstimateS para evaluar el papel de una laguna costera urbanizada como una fuente o un sumidero de bacterias indicadoras de contaminación fecal para el estuario de Ballona en el sur de California (Fig. 2).

Utilizando placas de Petri para cultivar bacterias, este estudio encontró (durante el conteo) que los muestreos del flujo de las mareas menguantes presentaban una mayor riqueza de especies de bacterias indicadoras de contaminación fecal detectadas, en comparación al flujo de las mareas crecientes. Sin embargo, el patrón de acumulación de nuevas especies se prestó para estimar un mayor rango de riqueza de especies de bacterias indicadoras de contaminación fecal en el flujo de las mareas crecientes. Es decir, la técnica del muestreo de campo (e.g. placa Petri, cuadrante, transecto, etc.) refleja la habilidad de contar especies capturadas, mientras que la técnica de usar el patrón de acumulación de especies (e.g. EstimateS) estima un rango de riqueza que refleja la variabilidad de la población en general.

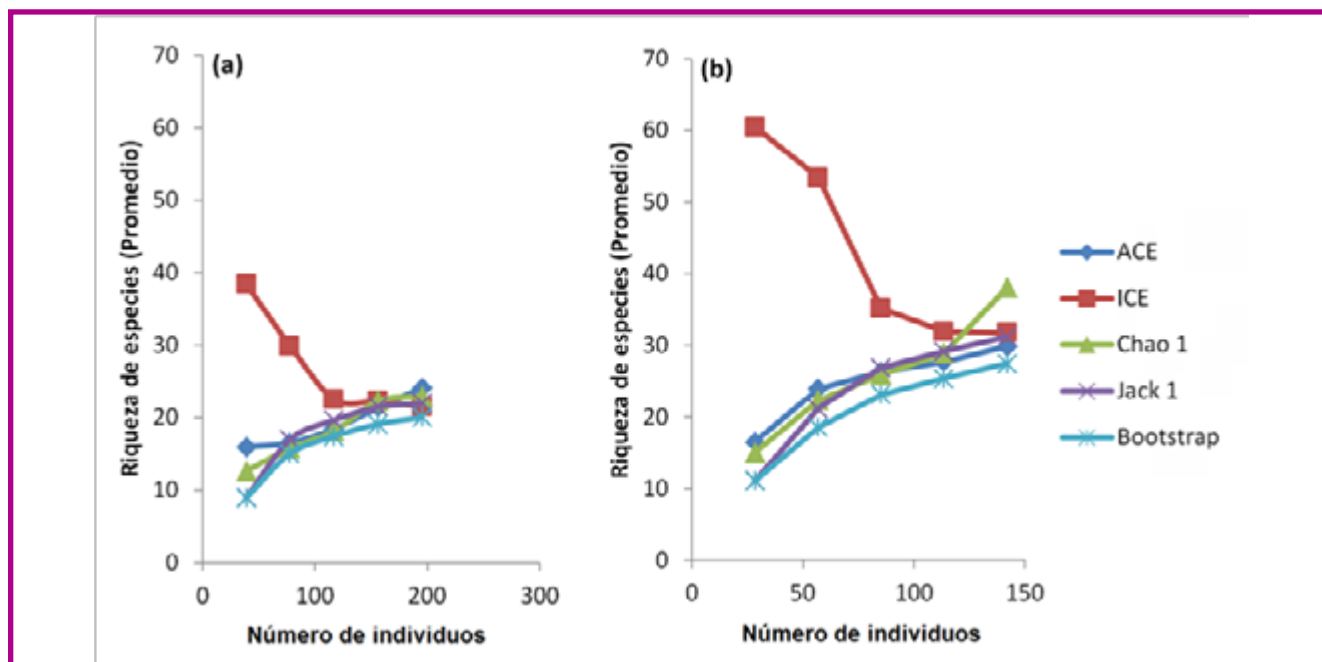


Figura 1. Comparación de los rangos de riqueza de artrópodos en chaparral costero de California con (a) fuentes de irrigación antropogénica y (b) áreas de control. Los rangos (respectivos) se definen como los valores mínimos y máximos de estimaciones multivariadas en base a los patrones de muestreo calculados a través del programa EstimateS. El gráfico fue modificado del artículo por Aquino *et al.* (2013).

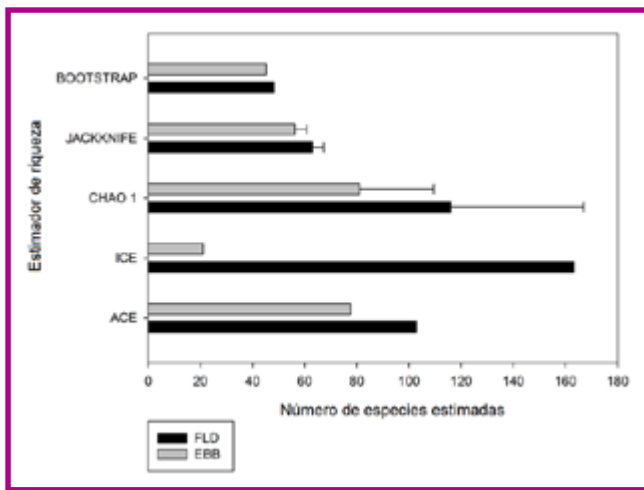


Figura 2. Riqueza estimada de bacterias indicadoras de contaminación fecal detectadas en aguas de marea entrante (FLD) y marea saliente (EBB) en el humedal Ballona en Los Ángeles California. Los diferentes estimadores se calcularon usando técnicas multivariadas en base a patrones en el muestreo utilizando el programa EstimateS. El gráfico fue modificado del artículo por Dorsey *et al.* (2013).

Diversidad-Alfa (α)

La diversidad-alfa representa la diversidad de especies a lo largo de todas las subunidades (o escalas) locales relevantes (e.g. hábitat), y por definición abarca dos variables importantes: (1) la riqueza de especies, y (2) la abundancia relativa de especies. Existen muchos índices para calcular diversidad-alfa, como el índice alfa de Fisher (Fisher *et al.* 1943), el índice de Simpson (Simpson 1949), y el índice de Shannon-Wiener (Shannon 1948). La gran mayoría de estos índices de diversidad-alfa utilizan los valores de riqueza y abundancia relativa, solamente que las operaciones matemáticas de estos valores se organizan de diferentes formas. Por ejemplo, el índice de Shannon-Wiener, popular en la literatura de ecología, se calculará de acuerdo a la fórmula [1]:

$$H = -1 \sum_{i=1}^s p_i * \ln(p_i) \quad [1]$$

donde el variable “pi” representa la proporción de la abundancia relativa de la especie “i” en relación a la abundancia de todas las especies detectadas en un muestreo. El valor mínimo puede aproximarse al cero y el valor máximo, en teoría, no está consolidado a un límite. El valor (H) del índice Shannon-Wiener aumenta con respecto a una de dos razones: (1) un aumento en la riqueza de especies, y/ o (2) un aumento en la equitatividad de la representación de la abundancia relativa especies. Es decir, cuando el índice de diversidad-alfa aumenta, el número del índice en si no es suficiente para determinar si el cambio es por un aumento en la riqueza o equitatividad de especies. Por esta razón, los índices de diversidad-alfa siempre se reportan en conjunto con análisis de riqueza y equitatividad de especies detectadas en un muestreo.

Equitatividad de Especies (J)

Cada índice de diversidad-alfa tiene su propia fórmula para calcular la equitatividad de especies. Por ejemplo, índice de Shannon-Wiener se puede utilizar para calcular equitatividad de especies de acuerdo a la fórmula [2]: donde la variable “H” es el índice de Shannon-Wiener y la variable “S” es la riqueza de especies detectadas durante el muestreo. El valor (J) de la equitatividad de especies varía entre los valores “0” y “1”; donde el valor “0” representa baja equitatividad (o alta dominancia por pocas especies) y el valor “1” representa total equitatividad en la representación de individuos de cada especie detectada en el muestreo.

$$J \approx \frac{H}{\ln(S)} \quad [2]$$

Curva de Rarefacción

Por ser un índice, existe un procedimiento importante en el momento de comparar la diversidad-alfa entre hábitats: el número de individuos muestreado en ambos hábitats nunca es el mismo. Es decir, los índices de diversidad que se desean comparar no están basados en el mismo número de individuos, ya que en cada hábitat se ha recolectado un número diferente de organismos. Para clarificar este punto, el Coeficiente de Unidades de Mérito (C.U.M.), un índice utilizado a nivel universitario, se presta como ejemplo. No sería justa la comparación del C.U.M. de un estudiante de primer año con el C.U.M. de un estudiante de último año, ya que ambos estudiantes han llevado un número de cursos diferentes.

Por lo tanto, para poder comparar índices de diversidad-alfa entre hábitats, es crítico hacer una corrección matemática para que el número de individuos sea igual. El procedimiento se llama rarefacción, y se utiliza para comparar índices de diversidad entre hábitats en base a un mismo número de individuos. La rarefacción es una técnica donde el hábitat con el mayor número de individuos se submuestra sin remplazo aleatoriamente y con múltiples ejecuciones para generar un índice promedio que se puede comparar con el índice de otro hábitat en base a un mismo número de individuos. El resultado de esta técnica es una curva rarificada de valores del índice de diversidad que disminuye conforme con el muestreo sin remplazo del número de individuos. En el Apéndice I, incluimos instrucciones para rarificar hasta tres diferentes índices de diversidad-alfa (Alfa de Fisher, índice de Simpson, y el índice de Shannon-Wiener) en base a datos de muestreo utilizando el programa gratuito EstimateS (Colwell 2006).

Dorsey *et al.* (2013) rarificó el índice de diversidad Shannon-Wiener para comparar la diversidad de bacterias indicadoras de contaminación fecal entre las mareas menguantes y crecientes en una laguna

costera urbanizada en el sur de California (Fig.3). Nótese que para comparar índices de diversidad-alfa no es necesario identificar las especies compartidas entre hábitats; punto que se tomará en cuenta solamente durante los cálculos de diversidad-beta (en la siguiente sección). Este punto también implica que el mismo índice de diversidad no solamente se presta para la comparación de hábitats, sino también para la comparación de diferentes metodologías de muestreo con el fin de optimizar la captura de individuos y así mejor representar la diversidad-alfa de un hábitat en general (Fig. 4).

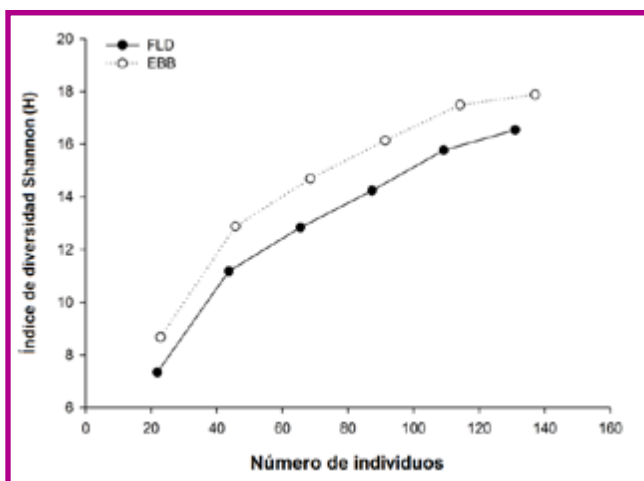


Figura 3. Curvas de rarefacción de los índices de diversidad Shannon de bacterias indicadoras de contaminación fecal detectadas en aguas de marea creciente (FLD) y marea menguante (EBB) en el humedal Ballona en Los Ángeles California. Las diferentes curvas se forman a raíz de una técnica de sub-muestreo, el cual permite la comparación (balanceada) de índices de Shannon en base a un mismo número de individuos a través del programa EstimateS. El gráfico fue modificado del artículo por Dorsey *et al.* (2013).

En la literatura ecológica, los índices de diversidad-alfa también se prestan para evaluar cualquier entidad (orgánica o inorgánica) que posee una identidad categórica y una abundancia relativa. El papel de la heterogeneidad de hábitat sobre la diversidad de aves se evaluó por MacArthur y MacArthur (1961), donde se encontró que el índice de diversidad

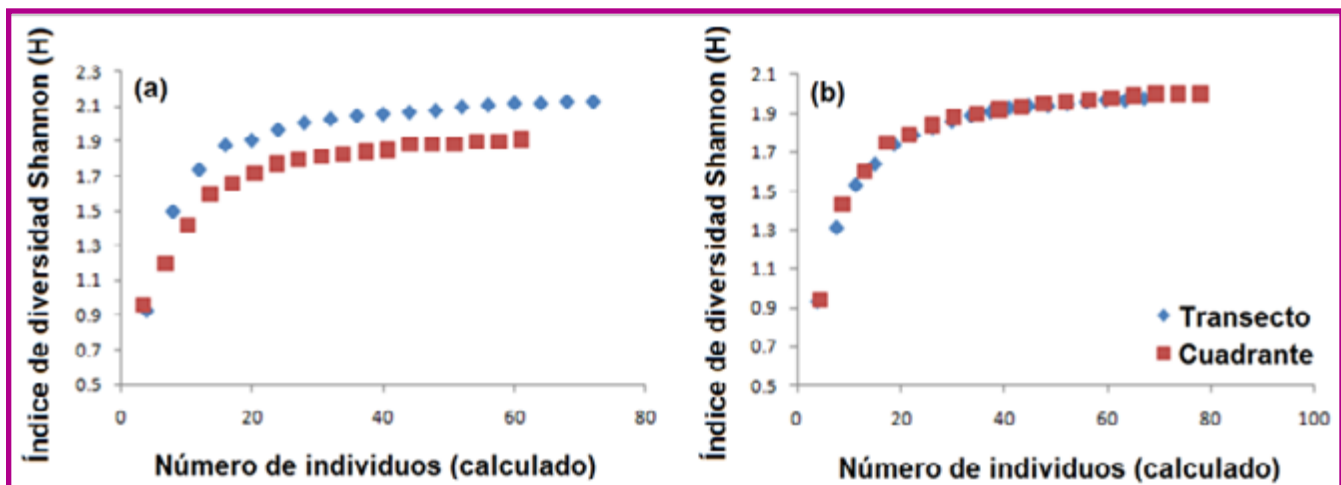


Figura 4. Curvas de rarefacción comparando el efecto de la metodología de muestreo (transecto versus cuadrante) sobre el índice de diversidad Shannon en dos áreas de interés hábitat (a) y hábitat (b). Nótese que en el hábitat (a), el muestreo por transecto capturó una diversidad mayor en comparación al muestreo por cuadrante. Sin embargo, en el hábitat (b) no se detectó una diferencia entre la diversidad capturada por los métodos de transecto y cuadrante. Estos datos se generaron durante un ejercicio académico utilizando confites de diferentes marcas (=especies) y los datos de colecta (para cada metodología de muestreo) se analizaron a través del programa EstimateS.

Shannon-Wiener de aves aumentaba con respecto a un incremento en el índice de diversidad Shannon-Wiener de follaje (Fig. 5a). La ecología evolutiva de glándulas secretoras de néctar en plantas mirmecofitas se evaluó por Carmona *et al.* (datos sin publicar), donde el índice de diversidad Shannon-Wiener de las azúcares secretadas por glándulas florales y extra-florales se comparó intra-específicamente en *Erythrina caffra* Thunb. (Fig. 5b).

Curva de Rango-Abundancia

Bajo muchas circunstancias, la comparación rarificada de los índices de diversidad-alfa entre hábitats necesita acompañarse con una evaluación de los cambios respectivos en cuanto a la riqueza y equitatividad de especies. En estos casos, se aprovecha la variable “pi” que se calcula como en muchos de los índices de diversidad-alfa que son populares en la literatura; como el alfa-de Fisher, índice de Simpson, y el índice de Shannon-Wiener (e.g. fórmula [1]). Conocidas como curvas de rango-abundancia, estas grafican el

valor “pi” de cada especie y el rango de dicha especie, el cual disminuye directamente con valores menores del variable “pi”. Entre más elevado la riqueza y/o la equitatividad de especies sea, más se aproxima la curva de rango-abundancia a un pendiente plano ($m = 0$). Entre más pobre la riqueza y/o equitatividad de especies (es decir, entre más dominancia por pocas especies existe en un hábitat) más empinado se vuelve la pendiente de la curva de rango-abundancia ($m < 0$).

Aquino *et al.* (2013) detectó un patrón que sigue la hipótesis del disturbio intermedio (Connell 1975), donde la riqueza y equitatividad de especies (y por ende, el índice de diversidad-alfa) de artrópodos disminuyó con respecto a una interrupción en la estacionalidad de la disponibilidad de agua en un chaparral costero de California (Fig. 6a). Dorsey *et al.* (2013) detectó un efecto diferencial en cuanto a mareas crecientes y menguantes sobre las bacterias indicadoras de contaminación fecal en el humedal Ballona en Los Ángeles California (Fig. 6b).

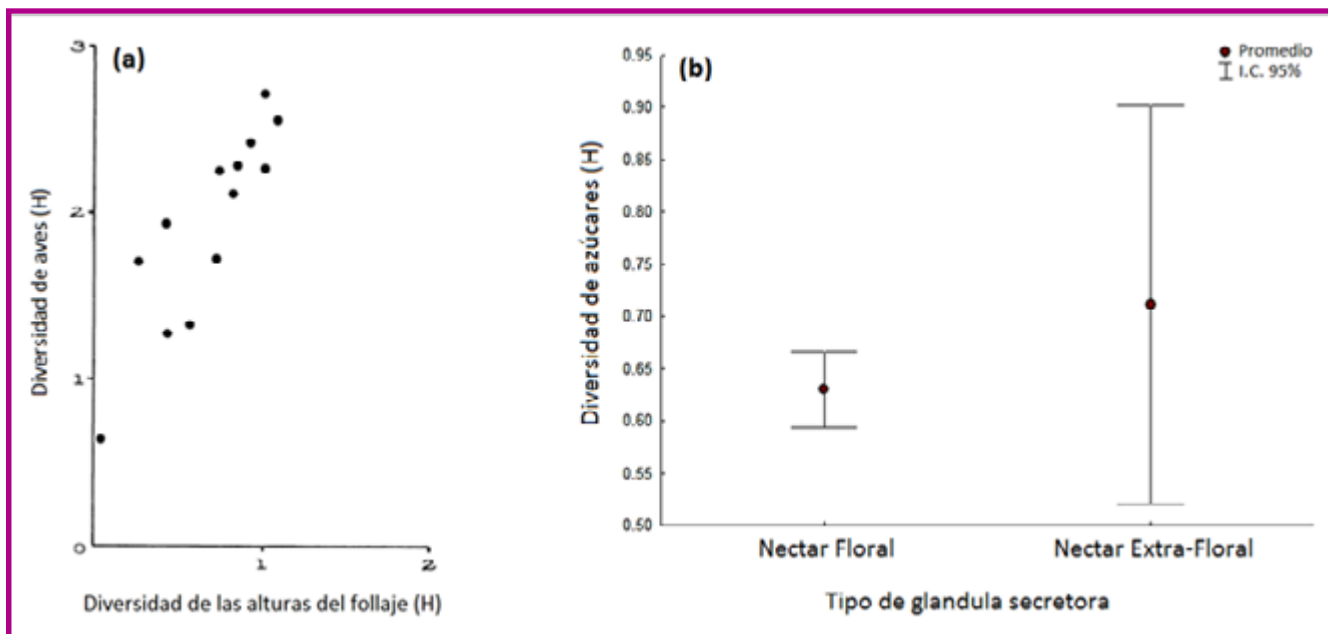


Figura 5. Los índices de diversidad no solo se utilizan para evaluar especies biológicas, sino también para evaluar cualquier entidad que posee una identidad categórica y una abundancia relativa. Por ejemplo, (a) MacArthur y MacArthur (1961) evaluaron diversidad de aves con respecto a diversidad de alturas de follaje, y (b) Carmona *et al.* (datos sin publicar) evaluaron la diversidad de azúcares secretadas por diferentes tipos de glándulas secretoras de néctar en plantas mirmecofitas.

Diversidad-beta (β)

La diversidad-beta, de acuerdo a Whittaker (1960), se define como el diferencial entre la diversidad de un hábitat (i.e. diversidad-alfa [α]) y la diversidad total de un paisaje de hábitats (i.e. diversidad-gamma [γ]). Por ende, existen varias formas de calcular diversidad-beta, sin embargo en términos simples, la diversidad-beta juega el papel de representar la diversidad de especies entre hábitats que no está compartida; aquí expresado por la fórmula [3]:

$$\beta = (S_1 - c) + (S_2 - c) \quad [3]$$

donde “S” representa la riqueza de especies en dicho hábitat ($n = 1, 2$, etc.) y “c” representa la riqueza de especies compartidas entre los hábitats. Sin embargo, la literatura ecológica señala una tendencia de utilizar la disimilitud composicional de especies entre hábitats como una forma de medir diversidad-beta. Dorsey *et al.* (2013) empleó el programa gratuito EstimateS (Colwell 2006) para calcular varios índices de similitud multivariados y así estimar la proporción de especies no compartidas en el ensamblaje de bacterias indicadoras de contaminación fecal muestreadas en mareas crecientes y menguantes en una laguna costera urbanizada en el sur de California (Fig. 7). Nótese que la norma es reportar múltiples índices de similitud multivariadas (e.g. Jaccard, Sorensen, etc.) con el fin de presentar la diversidad-beta como un rango de especies no compartidas proporcional (sensu Dorsey *et al.* 2013).

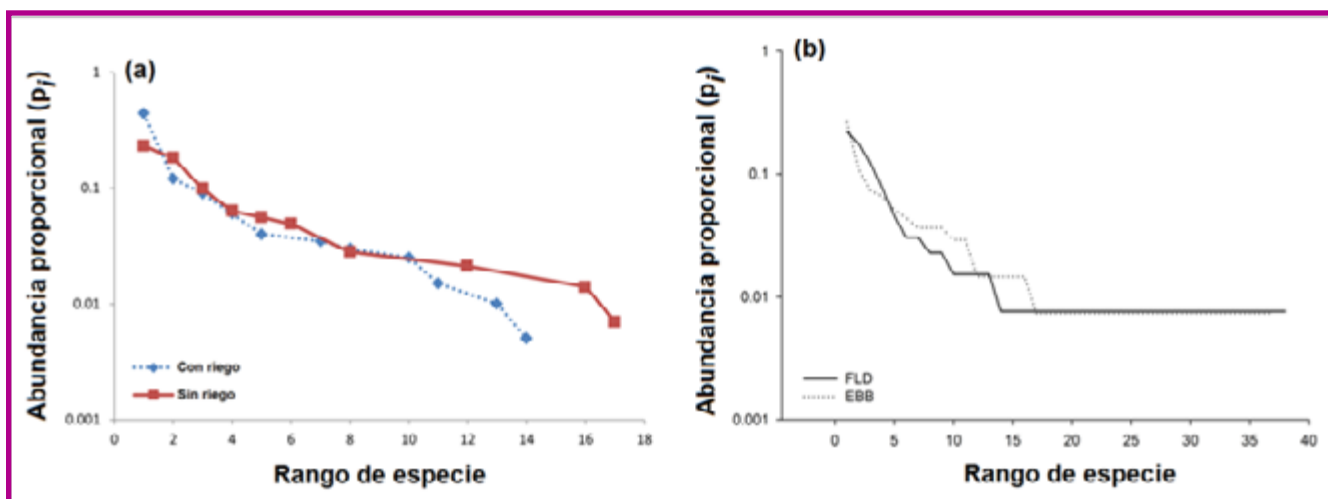


Figura 6. Curvas de Rango-Abundancia comparando (a) el efecto de fuentes antropogénicas de agua sobre la comunidad artrópodos en un chaparral de California, y (b) el efecto de la marea creciente (FLD) y la marea menguante (EBB) sobre bacterias indicadoras de contaminación fecal en el humedal Ballona en Los Ángeles California. Entre más se acerque la pendiente de la curva a “0”, más equitativa la representación proporcional de individuos entre la diferentes especies muestreada. Es decir, (1) entre más plano el pendiente, mayor equitativa existe en la representación de individuos por especies, y (2) entre más empinado el pendiente, mayor dominancia existe por algunas de las especies. Los gráficos fueron modificados de los artículos por Aquino *et al.* (2013) y Dorsey *et al.* (2013) respectivamente.

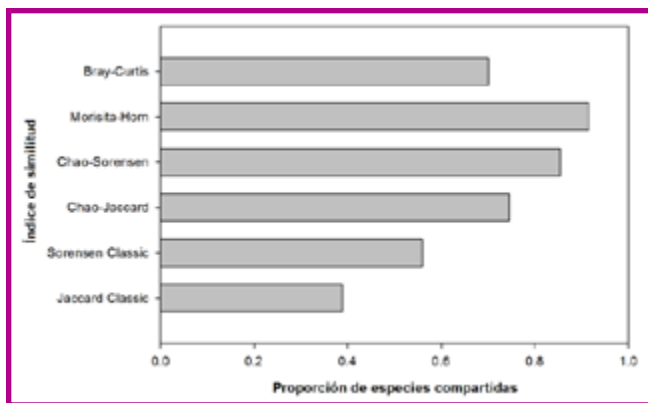


Figura 7. La proporción de especies de bacterias indicadoras de contaminación fecal compartidas en aguas muestreadas durante marea entrante y saliente en el estuario Ballona en Los Ángeles California. Los diferentes índices de similitud se calcularon en base a las especies detectas durante los muestreos de marea entrante y saliente utilizando el programa EstimateS. El gráfico fue modificado del artículo por Dorsey *et al.* (2013).

Diversidad-Gamma (γ)

La diversidad-gamma, de acuerdo a Whittaker (1960), se define como la diversidad total de especies en un paisaje, donde los componentes independientes de diversidad-alfa (α) y diversidad-beta (β) juegan un papel con efecto multiplicativo; aquí expresado por la fórmula [4]:

$$\gamma = \alpha * \beta \quad [4]$$

No existe consenso en cuanto a la escala apropiada para calcular diversidad-gamma (Whittaker *et al.* 2001). Sin embargo, la costumbre es utilizar la escala proporcionada por la base de datos en general, y aceptar el hecho de que cualquier esfuerzo de muestreo siempre sub-estima la diversidad total de una área grande. El nivel de sub-estimación de especies solamente se puede determinar a través de una curva de acumulación de especies por área (Colwell y Coddington 1994).

Biodiversidad

El término biodiversidad es un concepto que abarca tres tipos de diversidad en conjunto: (1) diversidad genética, (2) diversidad de especies, (3) diversidad del funcionamiento de los ecosistemas. La diversidad genética se refiere a la variación (en cuanto a la identidad y abundancia relativa) de los nucleótidos, genes, cromosomas, o genomas enteros (i.e. el complemento de ADN dentro de las células u orgánulos) de organismos. Por ende, la diversidad genética representa la fuente de variación que permite que las poblaciones de organismos puedan adaptarse a cambios ambientales. La diversidad de especies es importante para el mantenimiento de la estructura de comunidades y cadenas alimenticias. La diversidad del funcionamiento de los ecosistemas aporta servicios ecológicos importantes para la sostenibilidad de procesos como los ciclos de nutrientes y la descomposición de desechos. Por esta razón, la biodiversidad se utiliza como una forma de medir la “salud” de sistemas naturales, ya que toma en cuenta la variedad de componentes que organizan la vida y sus procesos, como las estructuras, funciones, y procesos de genes, especies, comunidades, ecosistemas, y otras escalas de organización biológica.

Bibliografía

- Aquino, J., M. Catala, and V. Carmona-Galindo. 2013. Anthropogenic Impacts of irrigation on the arthropod community structure of a coastal sage scrub habitat in Los Angeles. *BIOS* 84(2): 101-105.
- Chao, A., y T.J. Shen. 2004. Nonparametric prediction in species sampling. *Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics* 9: 253-269.

Colwell, R.K., y J.A. Coddington. 1994. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. *Philosophical Transactions: Biological Sciences* 345: 101-118.

Colwell, R.K. 2006. EstimateS: Statistical estimation of species richness and shared species from samples. Version 8.2.0. Persistent URL <purl.oclc.org/estimates>

Connell, J.H. 1975. Some mechanisms producing structure in natural communities: a model and evidence from field experiments. In M.L. Cody and J. Diamond (Eds.). *Ecology and Evolution of communities*. Cambridge, MA: Harvard University Press.

Dorsey, J.H., V. Carmona-Galindo, C. Leary, J. Huh, J. Valdez. 2013. An assessment of fecal indicator and other bacteria from an urbanized coastal lagoon in the city of Los Angeles, California, USA. *Environmental Monitoring & Assessment* 185(3): 2647–2669.

Fisher, R.A., A.S. Corbet, y C.B. Williams. 1943. The relation between the number of species and the number of individuals in a random sample of an animal population. *Journal of Animal Ecology* 12: 42-58.

Gotelli, N.J., y R.K. Colwell. 2011. Estimating species richness. *Biological diversity: frontiers in measurement and assessment*, 39-54.

He, F., y P. Legendre. 1996. On species–area relations. *American Naturalist* 148(4): 719–737.

Hunter Jr., M. 2002. *Fundamentals of Conservation Biology*. (2nd Ed.). Massachusetts, USA: Blackwell Science.

MacArthur, R.H., y J.W. MacArthur. 1961. On bird species diversity. *Ecology* 42(3): 594-598.

Sepkoski Jr., J.J. 1988. Alpha, Beta, or Gamma: Where Does all the Diversity Go? *Paleobiology* 14(3): 221-234.

Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. *The Bell System Technical Journal*, 27, 379-423.

Simpson, E.H. 1949. Measurement of diversity. *Nature* 163: 688.

Tuomisto, H. 2010. A diversity of beta diversities: straightening up a concept gone awry. Part 1. Defining beta diversity as a function of alpha and gamma diversity. *Ecography* 33(1): 2-22.

Karl I. Ugland, K.I., J.S. Gray, K.E. Ellingsen. 2003. The species–accumulation curve and estimation of species richness. *Journal of Animal Ecology* 72(5): 888-897.

Whittaker, R.H. 1960. Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California. *Ecological Monographs* 30(3): 279-338.

Whittaker, R.J., K.J. Willis, y R. Field. 2001. Scale and species richness: towards a general, hierarchical theory of species diversity. *Journal of Biogeography* 28(4): 453-470.

Apéndice I:

Como utilizar el programa EstimateS en la estimación de riqueza y la rarefacción de índices de diversidad alfa.

El software EstimateS funciona como una “calculadora” para estimar una amplia variedad de estimadores de riqueza de especies (e.g. ACE, ICE, CHAO, JACKKNIFE, BOOTSTRAP) e índices de diversidad (e.g. Alfa de Fisher, Simpson, Shannon). La información de muestreo y los resultados del análisis se organizan y grafican (respectivamente) a través de un programa de hoja de cálculo (e.g. aquí usamos Excel), pero la estimación de riqueza y la rarefacción de los índices de diversidad se hacen a través del programa EstimateS.

Descarga gratuita: purl.oclc.org/estimates.

	A	B	C
1	BAJADA		
2	#Especies	#Transectos	
3	Transecto	Especie	Abundancia
4	1	1	1
5	1	2	2

Paso 1:

En un hoja de Excel*, organiza tus datos de la siguiente manera:

A1: El nombre del archivo (sin espacios).

A2: El número total de especies observadas durante el muestreo.

B2: El número de muestras, cuadrantes, o transectos.

A3: Aquí empiezan tus datos, organizados en tres columnas (sin los títulos que aparecen en la imagen solamente como guía):

Columna A: Número de muestra

Columna B: Número de especie

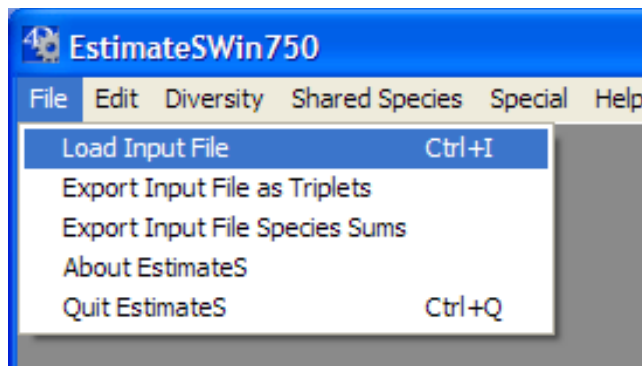
Columna C: Abundancia relativa

A11		fx 2	
	A	B	C
1	BAJADA		
2	17	15	
3	1	3	1
4	1	5	2

Paso 2:

Cuando termines de compilar tus datos, asegúrate de que cada columna termina con el número “-1” (sin comillas). Es decir, la última fila (horizontal) de entrada de datos aparece como: -1 -1

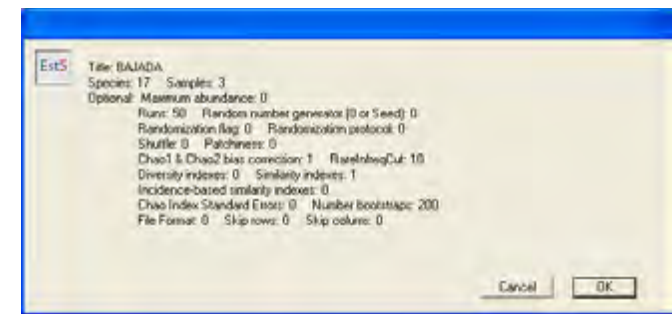
Ahora guarda esta hoja de Excel con el formato de texto delimitado por tabulaciones [En inglés; “text (tab-delimited)”].



Paso 3:

Lanza el programa de EstimateS.

Bajo el menú de “File”, dale clic a la opción “Load Input File”.

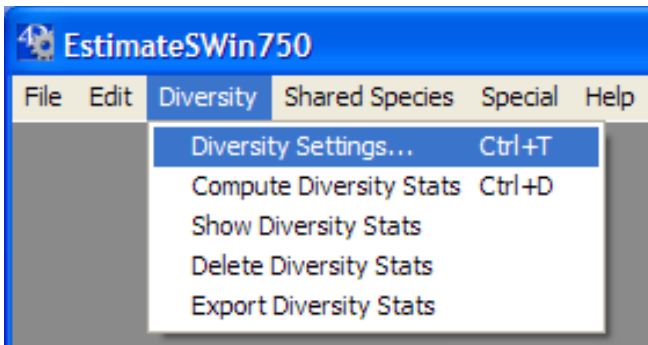


Paso 4:

Revisa que el número de especies y el número de muestras (i.e. transectos, cuadrículas, etc.) estén correctos.

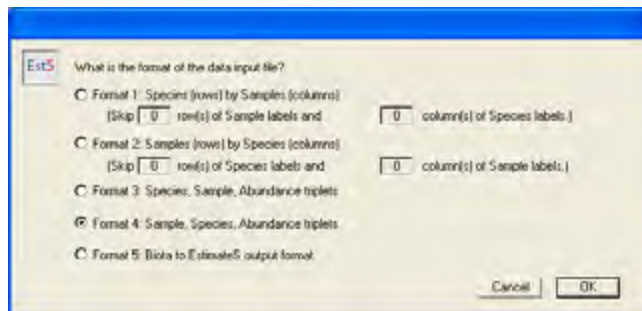
Si el reporte esta malo; revisa tu archivo de texto (delimitado por tabulaciones).

Si el reporte está bien, dale clic al “OK”



Paso 6:

Bajo el menú de “Diversity”, selecciona “Diversity Settings”



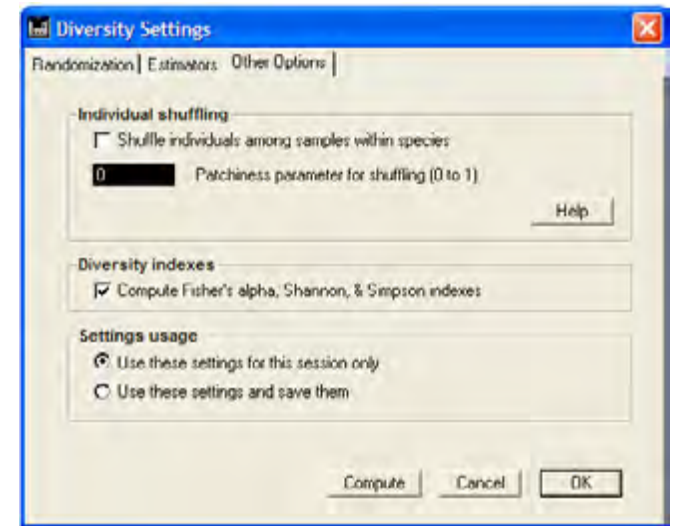
Paso 5:

Aquí se selecciona el formato que mejor describe la organización de los datos en el archivo de texto delimitado por tabulaciones.

En este ejercicio, estamos empleando el Formato 4; donde el trio de datos se organiza como: muestra, especies, abundancia.

[Sample, Species, Abundance]

Dale clic al “OK”



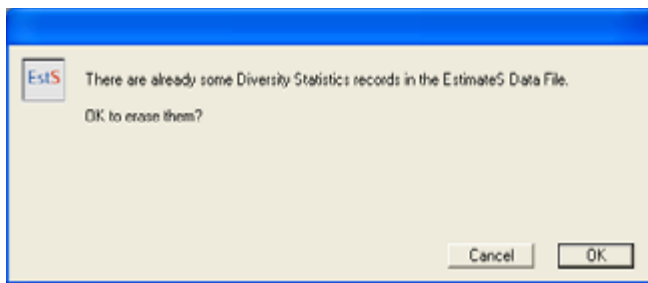
Paso 7:

Seleccione la viñeta “Other Options”.

Si estas interesado en la rarefacción de índices de diversidad, baja al enmarcado “Diversity Indexes” y seleccione la opción “Compute Fisher's alpha, Shannon & Simpson indexes”. Por lo contrario, la computación que sigue solo genera la estimación de riqueza de especies.

Dale clic al botón “Compute”.

Nota: si le das clic al botón “OK”, no se genera la computación. Solo regresa a “Diversity Settings” y dale clic al botón “Compute”.

**Paso 7b:**

Si aparece esta ventana; solo se refiere a datos en el archivo (temporal) almacenado por algún análisis previo. Solo dale clic al "OK".

Samples	Individuals (computed)	Sobs (Mao Tau)	Sobs 95% CI Lower bound	Sobs 95% CI Upper bound
1	2.33	1.66	0.10	3.23
2	4.66	3	0.31	6.66
3	7	4	0.49	7.50

Paso 8:

Esta tabla contiene los diferentes estimadores de riqueza de especies y la rarefacción de los diferentes índices de diversidad.

Para exportar los resultados tabulados de tu análisis, dale clic al botón "Export". El programa EstimateS guarda el archivo con los resultados con formato de texto ("ASCII").

Paso 10:

En los gráficos, el eje-Y representaría diversidad o riqueza estimada promedio (en inglés: "Mean"), y el eje-X representaría el número de individuos computados (en inglés: "Individuals [computed]").

Nota: En el archivo con los resultados aparecen varios índices de diversidad (e.g. Alfa de Fisher, Shannon, Simpson); es importante no reportarlos todos para evitar la redundancia. Mejor, escoja el índice (uno) que mejor conoces por medio de la literatura en tu área de biología (e.g. Índice de Shannon).

Samples	Individuals (computed)	Shannon Mean	Simpson Mean
1	1	12.2	1.4
2	2	24.4	1.66

Paso 9:

El archivo de texto ("ASCII") que contiene los resultados se puede acceder, modificar y graficar usando Excel (o cualquier otra hoja de cálculo).