

Análisis de biodiversidad de hormigas

Yaretsi Belén Bermúdez

2024-11-12

1. Introducción

Este documento presenta el análisis de biodiversidad aplicado en hormigas muestreadas en sitios que se encuentran en diferentes altitudes, este trabajo se centra en la evaluación de la riqueza de especies y los índices de biodiversidad en función del área muestreada; se destaca además que se utilizó el conjunto de datos “ant” del paquete “iNEXT” en R.

2. Objetivos

2.1. Objetivo general

Evaluar la diversidad de especies de hormigas en diferentes altitudes utilizando el paquete iNEXT y el conjunto de datos “ant”.

2.2. Objetivos específicos

- Evaluar la riqueza de especies por medio de la extrapolación de las curvas de acumulación de especies donde se proyecte el potencial de biodiversidad en cada sitio.
- Comparar la diversidad de Shannon, la diversidad de Simpson y la riqueza de especies para cada sitio en función de la altitud.

3. Método

```
“{r setup, include=FALSE} knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE) install.packages(“iNEXT”)
install.packages(“ggplot2”) library(iNEXT) library(ggplot2)
```

- **Datos**

Se utilizó el conjunto de datos “ant” del paquete “iNEXT”, que contiene información sobre la abundancia de especies de hormigas en 5 sitios de muestreo a distintas altitudes.

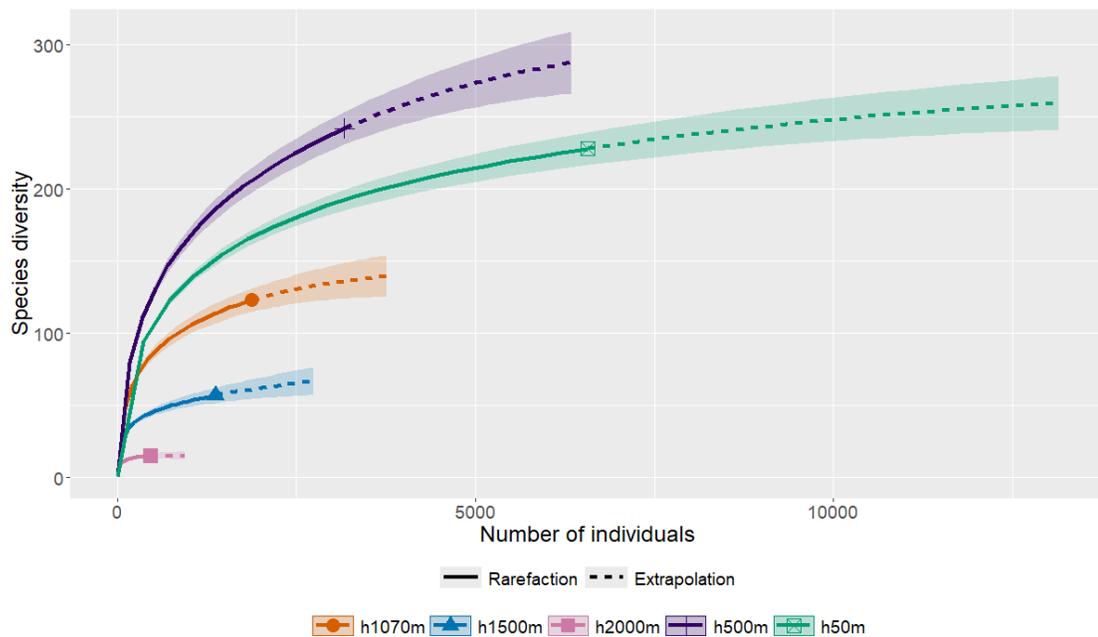
- **Análisis:**

Curvas de acumulación de especies: Se generaron utilizando la función “iNEXT” para evaluar la riqueza de especies y extrapolar la diversidad esperada.

Índices de diversidad: Se calcularon los índices de diversidad de Shannon y Simpson utilizando el objeto “iNEXT”

4. Resultados

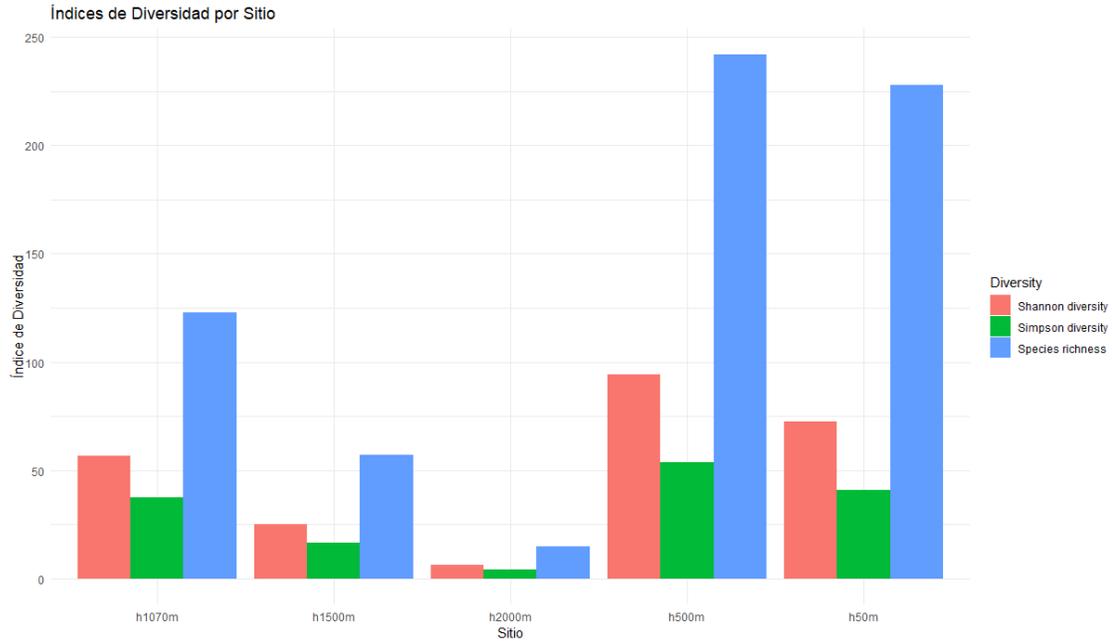
- **Curvas de acumulación de especies**



Las curvas de acumulación de especies mostraron que los sitios con mayor altitud tienden a tener una diversidad menor en comparación con los sitios a menor altitud. Las líneas sólidas representan la diversidad observada con el tamaño de muestra actual, mientras

que las líneas punteadas muestran cuánto podría aumentar la diversidad si se continuara muestreando. Un gran aumento en la extrapolación sugiere que aún hay muchas especies no detectadas con el esfuerzo de muestreo actual.

- **Índices de diversidad**



La Riqueza de especies cuenta el número de especies presentes en cada sitio por tanto la barra color celeste se toma solo como un medio indicador mientras las barras rosa y verde se toman como medio comparativo. Un valor más alto indica un mayor número de especies. Los gráficos de barras muestran que los sitios a menor altitud (h500m y h50m) presentan mayor riqueza de especies esto se evidencia visualizando todas las barras de color celeste.

En cuanto al índice Shannon (barras rosa) que mide la diversidad teniendo en cuenta tanto la abundancia como la equitatividad de las especies presentes. Los sitios de menor altitud tienen un valor más alto lo que indica una mayor diversidad y equitatividad.

Ahora, con el índice Simpson (barras verdes) que mide la probabilidad de que dos individuos seleccionados al azar pertenezcan a diferentes especies nos indica que valor más alto representa una mayor diversidad, dejandonos visualizar en el grafico que esta probabilidad es mayor en las areas de menor altitud.

5. Discusión

Los resultados presentados en graficas indican que los sitios a menor altitud son más ricos en términos de número de especies; estos sitios también presentan una mayor equitatividad en la distribución de especies. Las curvas de acumulación de especies muestran que, aunque se ha capturado una representación adecuada de la diversidad en algunos sitios, hay potencial para descubrir más especies con un mayor esfuerzo de muestreo, especialmente en sitios con mayor altitud. Este análisis proporciona una visión completa de la biodiversidad de hormigas a diferentes altitudes, lo que puede ser útil para futuras investigaciones y estrategias de conservación.

6. Conclusión

Los sitios con mayor riqueza de especies (h500m y h50m) pueden tener hábitats más diversos o condiciones ambientales que soportan una mayor cantidad de especies.

La equitatividad en la distribución de especies (indicada por la diversidad de Shannon y Simpson) puede ser relativamente similar entre los sitios, sugiriendo que, aunque hay diferencias en el número de especies, la proporción de individuos por especie no varía tanto.

7. Anexos

7.1. Código en ejecución

```
# Instalar paquetes y cargar librerias
{install.packages("iNext")}
library(iNEXT)
```

```
# Caragr conjunto de datos
data("ant")
```

```
>data("ant")
```

```
# Visualizar primeras filas del conjunto de datos
head(ant)
```

```
# Crear objeto iNext para evaluacion de biodiversidad
inext_result <- iNEXT(ant, q = 0, datatype = "abundance")
```

```
# Visualizar el objeto creado
print(inext_result)
```

Gráfica 1: Curva de acumulación

```
# Crear gráfico de curva de acumulación
ggiNEXT(inext_result)
```

```
# Extraer índices de biodiversidad
diversity_indices <- inext_result$AsyEst
print(diversity_indices)
```

```
# Extraer índices de biodiversidad del objeto iNEXT
diversity_indices <- inext_result$AsyEst
```

Gráfica 2: Barras

Para procesar los índices de biodiversidad por sitio crearemos un gráfico de barras que funcione como comparación del índice shalom, índice Simpson y la riqueza de especies en cuanto a los sitios muestreados.

```
# Instalar y cargar un nuevo paquete
install.packages("ggplot2")
library(ggplot2)
```

```
# Extraer los índices de diversidad del objeto iNEXT
diversity_indices <- inext_result$AsyEst
```

```
# Convertir el resultado a un df y ajustar los nombres de las columnas
diversity_df <- as.data.frame(diversity_indices)
names(diversity_df) <- c("Site", "Diversity", "Estimate", "LCL", "UCL")
```

```
# Crear un gráfico de barras para los índices de diversidad
ggplot(diversity_df, aes(x = Site, y = Estimate, fill = Diversity)) +
  geom_bar(stat = "identity", position = "dodge") +
  labs(title = "Índices de Diversidad por Sitio", x = "Sitio", y = "Índice de Diversidad") +
  theme_minimal()
```