

De las bases de datos a los atlas biogeográficos



Los atlas biogeográficos son herramientas fundamentales para el estudio y la conservación de los seres vivos. En este texto se describe cómo pueden elaborarse a partir de las bases de datos de colecciones biológicas.

**Tania Escalante-Espinosa, David Espinosa-Organista,
Juan J. Morrone y Jorge Llorente**

INTRODUCCIÓN

La biogeografía es la disciplina que analiza e interpreta los patrones de distribución de los seres vivos, por lo que puede cumplir un papel importante en la bioconservación. El empleo de métodos biogeográficos modernos y el uso de las técnicas informáticas en la elaboración de atlas biogeográficos permiten documentar de manera eficiente algunos patrones de distribución espacial de la diversidad biológica, con propósitos de conservación y uso sustentable (Morrone y Espinosa-Organista, 1998; Morrone, 2000). El *Atlas Biogeográfico Mexicano* constituiría la síntesis de los patrones de distribución de las especies, y proveería información relacionada con la identificación de centros de diversidad y su importancia jerárquica o relativa, que sería clave para determinar prioridades en la selección de áreas destinadas a la conservación. Además, permitiría identificar áreas y especies que merezcan estudios más detallados, maximizando el potencial científico que pueda tener su investigación en el futuro, e in-

tegrar otros tipos de datos, como urbanísticos, geológicos, etcétera (Morrone y Espinosa-Organista, 1998).

En los últimos diez años, algunos países han creado agencias gubernamentales entre cuyas tareas está la de coordinar los inventarios nacionales de la biodiversidad y tomar decisiones en políticas de bioconservación, como el Instituto Nacional de Biodiversidad (Inbio) de Costa Rica, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (Conabio) de México, y *Environment Australia* (EA) de Australia. Para cumplir con sus objetivos, estas agencias han desarrollado sistemas de información, los cuales están generalmente centrados en bases de datos de especímenes albergados en colecciones biológicas (por ejemplo, herbarios y museos). Estas bases de datos tienen gran relevancia para el

La georreferencia se refiere al punto geográfico preciso donde se recolectó el espécimen

manejo de colecciones biológicas y, por ende, para la investigación sobre biodiversidad y sus implicaciones en la conservación y uso sustentable. Las bases de datos de colecciones biológicas generalmente contienen los datos de los rótulos de los especímenes: nombre científico, sitio y fecha de recolecta, nombre del recolector, características del hábitat, número de registro en la colección, etcétera. Sería importante destacar que el objetivo de una base de datos de especímenes biológicos no se restringe a la administración de una colección, sino que ésta debería permitir consultas relacionadas con el inventario de la biodiversidad, análisis ecogeográficos y biogeográficos, al igual que la toma de decisiones en políticas de conservación. Tanto los atlas biogeográficos como la computarización de la información biológica proveniente de colecciones biológicas aún se encuentran en evolución, por lo que recientemente se ha discutido cuán útiles pueden ser para establecer prioridades de conservación (Kress y colaboradores, 1998; Shaffer y colaboradores, 1998; Steege y colaboradores, 2000). En México ya se han comenzado a utilizar con tal propósito (Álvarez Mondragón, 2001).

BASES DE DATOS

Las bases de datos de diferentes colecciones científicas pueden integrarse en una única base de datos para usarse en la construcción de un atlas biogeográfico si poseen, como mínimo, la información nomenclatural y la georreferencia. Esta integración en una única base de datos involucra rutinas de validación y control de calidad de los datos que habrán de incorporarse. La información nomenclatural es el nombre de la especie a la que pertenece el ejemplar; puede incluir además la subespecie o alguna otra categoría (por ejemplo, la familia). Este nombre debe estar actualizado; es decir, que debe ser el nombre reconocido actualmente por el código internacional de nomenclatura respectivo. El nombre también debe encontrarse bien escrito, libre de problemas ortográficos o de escritura; y además, deben eliminarse los ejemplares que correspondan a especies cosmopolitas e introducidas dentro del área de estudio. La georreferencia se refiere al punto geográfico preciso donde se recolectó el espécimen, expresado por sus coordenadas geográficas (latitud-longitud-altitud).

ATLAS BIOGEOGRÁFICOS

Una base de datos que ha pasado por un proceso de integración, depuración, actualización y verificación de los datos que contiene puede usarse para la elaboración de un atlas biogeográfico. El atlas puede incluir distintos tipos de análisis, los cuales serán presentados a continuación usando como ejemplo datos de mamíferos del estado de Campeche, en México (figura 1).



Figura 1. Mapa de la República Mexicana. En azul se presenta el estado de Campeche.

Análisis de riqueza. La identificación de patrones de riqueza de especies en el área de estudio puede ser el primer paso en el atlas biogeográfico. Para llevar a cabo dicho análisis, el área de estudio se divide en subáreas, en las cuales son superpuestos los puntos de recolecta de la base de datos. Así, a cada subárea se asignan los puntos que caen dentro de ella. Con estos puntos pueden obtenerse listas de especies y sumar el número de especies por unidad de área. También puede obtenerse una matriz de presencia/ausencia de especies *versus* localidades o subáreas, donde una especie presente en una localidad se representa con un 1, y su ausencia con un 0. Con esta matriz se puede estimar la riqueza del área a partir de la riqueza observada (Colwell y Coddington, 1994) (figura 2a).

Trazado de áreas de distribución por el procedimiento de propinquidad media. Las áreas de distribución geográfica de las especies a menudo se establecen a partir de mapas de puntos (localidades) donde la especie ha sido hallada. Existen diferentes métodos para dibujar las áreas de distribución; uno de ellos es el método de propinquidad media (Rapoport, 1975). Con este método los puntos georreferidos se unen en el mapa por medio de distancias mínimas, y se conectan dibujando círculos alrededor de cada punto, usando como radio algún parámetro estadístico obtenido de esas distancias (media, varianza, desviación estándar). Una desventaja de este método es que en ocasiones se obtienen áreas muy amplias, sobre todo si los puntos de recolecta se encuentran muy distantes entre sí; otra es que áreas separadas pueden unirse o distanciarse más dependiendo del parámetro estadístico elegido. Sin embargo, el resultado se puede afinar superponiéndolo con los resultados de otros métodos que construyen áreas de distribución potencial o con límites de ecosistemas o regiones naturales (figura 2b).

Obtención de áreas de distribución potencial. En años recientes se han desarrollado modelos que permiten predecir, con base en parámetros ambientales, el área que ocuparía un taxón (por ejemplo: DOMAIN, FloraMap, BIOCLIM y GARP). El *Genetic Algorithm for Rule Set Prediction* (GARP), propuesto por Stockwell y Peters (1999), permite obtener distribuciones potenciales de los taxones a partir de los puntos de recolecta u observación de los ejemplares, únicamente con las coordenadas geográficas y

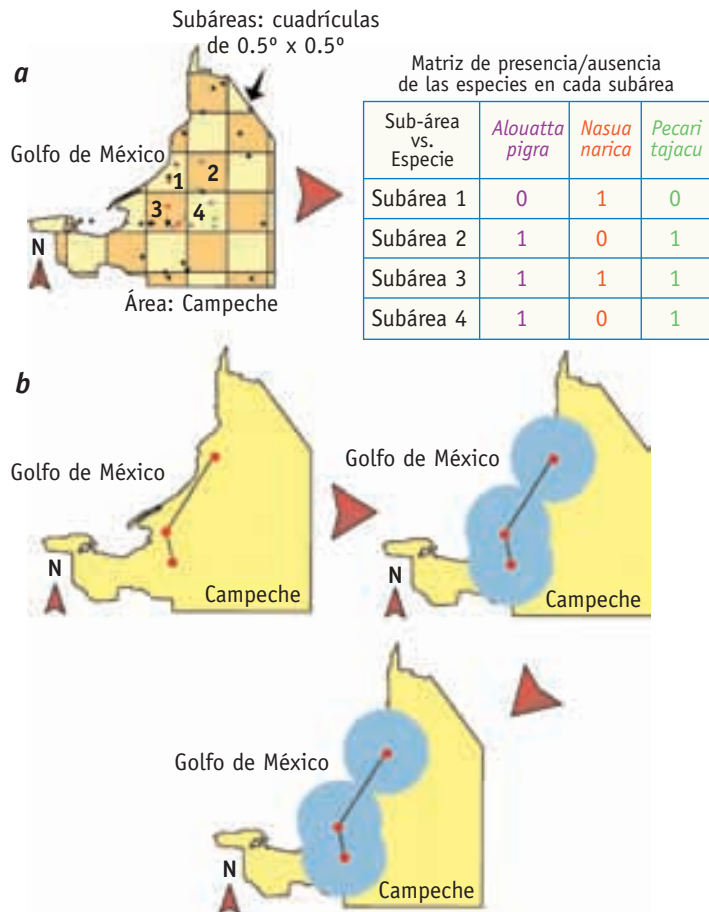


Figura 2. a. Análisis de riqueza: los reportes de los especímenes de la base de datos son superpuestos en el área de estudio dividida en subáreas, lo que puede traducirse en matrices de presencia/ausencia. En este caso usamos como área de estudio al estado de Campeche, el cual se ha dividido en subáreas al superponerle una cuadrícula que mide 0.5 grados por lado. **b.** Trazado de áreas de distribución con el método de propinquidad media: una especie hipotética se ha registrado en tres localidades, las cuales se unen por la distancia mínima entre ellas, y a las que se ha calculado un parámetro estadístico con el que se dibujaron los círculos.

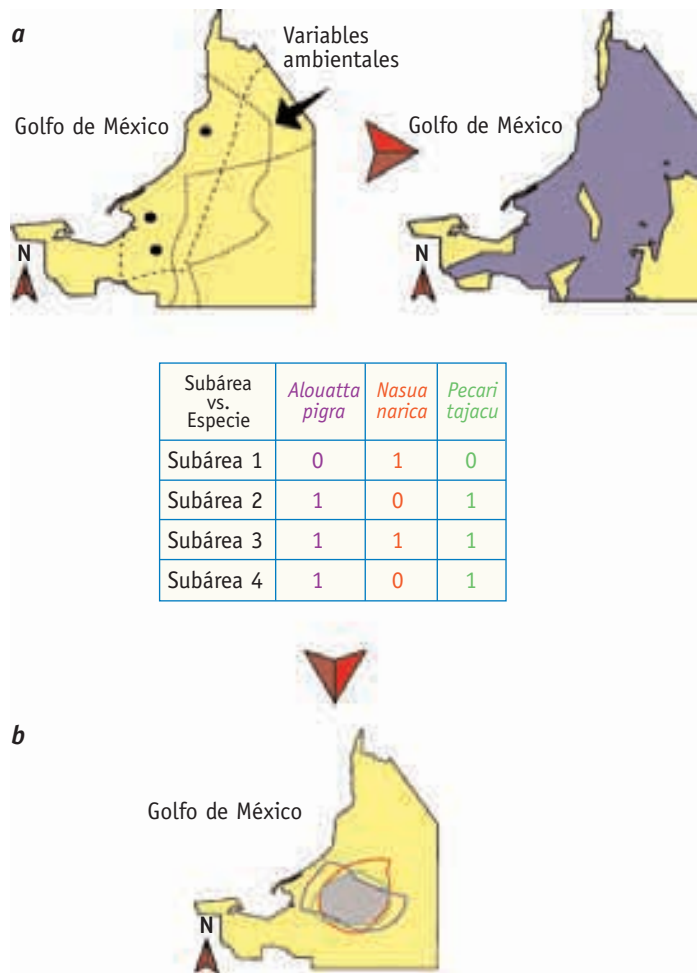


Figura 3. a. Trazado del área de distribución potencial usando GARP para una especie a partir de tres localidades de recolecta. A partir de tres localidades y su intersección con variables ambientales (a la izquierda, las líneas punteadas representan límites entre tipos de tres variables ambientales) se puede obtener la distribución potencial de la especie (a la derecha). **b.** Empleo de las localidades de recolecta en la base de datos para diagnosticar un área de endemismo a partir de una matriz de presencia/ausencia de taxones vs. subáreas. Las áreas de distribución, al ser superpuestas, diagnostican el área de endemismo (en color morado).

un conjunto de variables ambientales (figura 3a). (Los taxones son niveles de clasificación de los organismos, por ejemplo especie, género, familia, orden, etcétera.)

Identificación de áreas de endemismo mediante el Análisis de Parsimonia de Endemismos o PAE (Morrone, 1994; Morrone y colaboradores, 1996). Una parte fundamental de un atlas biogeográfico es el proceso de identificación de las áreas de endemismo, que se pueden obtener empleando el PAE. Un área de endemismo es un área donde se superponen las áreas de distribución de dos o más taxones. El PAE permite diagnosticar las áreas de endemismo, ya que en él se identifican los taxones comunes a través del uso de algoritmos de parsimonia, es decir, busca la opción más sencilla para explicar la presencia de una misma especie en subáreas diferentes. El PAE parte de una matriz de presencia-ausencia de especies en las subáreas. Así, los puntos de la base de datos en las subáreas o la matriz del análisis de riqueza pueden ser analizadas con un algoritmo de parsimonia (por ejemplo, una búsqueda heurística en Hennig86), con lo que se obtiene un diagrama donde se pueden identificar las especies que se encuentran en el mismo conjunto de áreas, es decir, con distribución compartida. Después se dibujan las áreas de distribución de estas especies y por superposición se diagnostica el área de endemismo (figura 3b).

Análisis panbiogeográfico. Otro punto crucial en un atlas biogeográfico es la obtención de trazos generalizados. La panbiogeografía, propuesta

por León Croizat, sugiere que la biota de un área particular es el resultado de procesos de vicarianza, es decir, de separación de un área ancestral en otras áreas por el surgimiento de barreras. Un trazo individual, en panbiogeografía, se dibuja uniendo las localidades en donde la especie ha sido hallada. Un trazo generalizado se diagnostica cuando coinciden más de dos trazos individuales, y representa un componente biótico ancestral. Los lugares donde convergen los trazos generalizados son llamados nodos y representan áreas compuestas geológica y bióticamente (Craw y colaboradores, 1999). Entonces, con los puntos de cada especie representados en un mapa pueden dibujarse los trazos individuales y luego superponerlos a fin de delimitar trazos generalizados; y, finalmente, en los sitios donde convergen

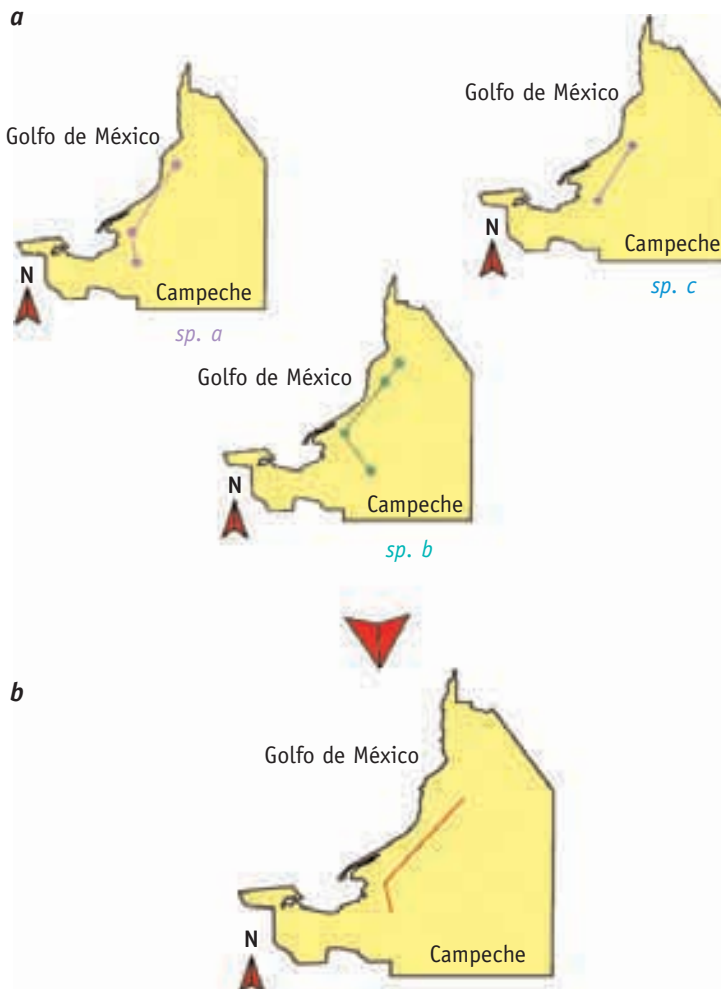


Figura 4. Análisis panbiogeográfico: **a.** trazo individual de tres especies hipotéticas *a*, *b* y *c*, a partir de sus localidades de recolecta; y **b.** sobreposición de los trazos individuales de *a*, *b* y *c* para obtener un trazo generalizado.

Es necesario tener en cuenta
que las bases de datos
requieren de continua actualización,
depuración, mantenimiento
y verificación

distintos trazos generalizados, delimitar los nodos (figura 4).

CONSIDERACIONES FINALES

El empleo de los datos de ejemplares de las colecciones biológicas en la elaboración de atlas biogeográficos aún ha sido poco explorado, pero presenta importantes expectativas para el descubrimiento de los patrones de distribución de los seres vivos y, por lo tanto, en su conservación. No obstante, es necesario tener en cuenta que las bases de datos requieren de continua actualización, depuración, mantenimiento y verificación de los datos para que los análisis sean de calidad. El uso de sistemas electrónicos puede promover prácticas analíticas más eficientes, especialmente si se parte del robustecimiento de los datos (haciéndolos consistentes) para su uso homogéneo mediante métodos provenientes de distintos cuerpos de teoría, los cuales convergen para responder preguntas de relevancia en el análisis y síntesis de la biodiversidad y bioconservación.

Agradecimientos

Este trabajo forma parte de la tesis de doctorado de la primera autora, quien agradece a la Dirección General de Estudios de Posgrado de la Universidad Nacional Autónoma de México por la beca otorgada. Agradecemos a Claudia Aguilar y Gerardo Rodríguez por sus comentarios. El proyecto de Conacyt 32002 apoyó a Jorge Llorente.

Bibliografía

- Álvarez Mondragón, E. (2001), "Propuesta de áreas para conservación de aves terrestres en México aplicando herramientas panbiogeográficas", tesis de maestría, México, Facultad de Ciencias, UNAM.
- Colwell, R. K. y J. A. Coddington (1994), "Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation", *Philosophical Transactions of the Royal Society (Series B)* 345, 101-118.
- Kress, W. J., W. R. Heyer, P. Acevedo, J. Coddington, D. Cole, T. L. Erwin, B. J. Meggers, M. Pogue, R. W. Thorington, R. P. Vari, M. J. Weitzman y S. H. Weitzman (1998), "Amazonian biodiversity:

- Assessing conservation priorities with taxonomic data”, *Biodiversity and Conservation* 7(12), 1577-1587.
- Morrone, J. J. (2000), “La importancia de los atlas biogeográficos para la conservación de la biodiversidad”, en Martin-Piera, F., J. J. Morrone y A. Melic (editores), *Hacia un proyecto CYTED para el inventario y estimación de la diversidad entomológica en Iberoamérica: PriBES 2000*, SEA-CYTED-Instituto Humboldt, M3m: monografías Tercer milenio, Zaragoza, 69-78
- Morrone, J. J. y D. Espinosa (1998), “La relevancia de los atlas biogeográficos para la conservación de la biodiversidad mexicana”, *Ciencia (México)*, 49(3), 12-16.
- Morrone, J. J., D. Espinosa-Organista y J. Llorente-Bousquets, (1996), *Manual de biogeografía histórica*, México, Facultad de Ciencias, UNAM.
- Rapoport, E. H. (1975), *Areografía: Estrategias geográficas de las especies*, México, Fondo de Cultura Económica.
- Shaffer, H. B., R. N. Fisher y C. Davidson (1998), “The role of natural history collections in documenting species declines”, *Trends in Ecology and Evolution* 13(1), 27-30.
- Steege, H., M. J. Jansen-Jacobs y V. K. Datadin (2000), “Can botanical collections assist in a National Protected Area Strategy in Guyana?”, *Biodiversity and Conservation* 9, 215-240.
- Stockwell, D. B. R. y D. Peters. 1999. “The GARP Modeling System: Problems and solutions to automated spatial prediction”, *International Journal of Geographical Information Science*, 13(2), 143-158.

Tania Escalante-Espinosa. Estudió la carrera de Biología en la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza (UNAM), y actualmente es candidata a doctora en ciencias biológicas por la Facultad de Ciencias (UNAM), donde además es profesora de Sistemática y Biogeografía. Colaboró en la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Su principal interés es la aplicación de los patrones de distribución de los mamíferos mexicanos a su conservación, y el uso de los sistemas de información en los estudios de biodiversidad.
escalante@correo.unam.mx

David Espinosa-Organista. Realizó estudios de licenciatura y posgrado en la UNAM; ha desarrollado investigaciones sobre biogeografía histórica y conservación, particularmente aplicada a México, produciendo diversas contribuciones en revistas especializadas y de divulgación, así como libros y capítulos de libro. Actualmente es profesor de biogeografía en la Facultad de Estudios Superiores Zaragoza (UNAM) en la carrera de biólogo y profesor de biogeografía y sistemática del Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM.
despinos@servidor.unam.mx

Juan J. Morrone. Realizó sus estudios de licenciatura en Biología con orientación Zoológica (1986) y doctorado en Ciencias Naturales (1991) en la Facultad de Ciencias Naturales y Museo de la Universidad Nacional de La Plata, Argentina. En la actualidad es jefe del Departamento de Biología Evolutiva de la Facultad de Ciencias de la UNAM; profesor titular adscrito al Museo de Zoología de dicho departamento; miembro del Sistema Nacional de Investigadores; e Investigador Asociado de la División de Invertebrados del *American Museum of Natural History*, Nueva York. Ha publicado diez libros y más de 130 artículos científicos sobre los temas de su especialidad, principalmente sistemática de artrópodos y biogeografía de la región neotropical.
jjm@hp.fciencias.unam.mx

Jorge Llorente. Hizo sus estudios doctorales en la UNAM. Ha efectuado 238 publicaciones en historia, teoría y metodología en biología comparada. Ha sido profesor en cursos de licenciatura y posgrado en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), en Colombia y Brasil. Es profesor titular en la UNAM desde 1996. Fundó y dirigió el Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias UNAM por 13 años. En 1989 recibió la Distinción Universidad Nacional. Fue director de Análisis y Prioridades en la Conabio (1992-1997). Ha sido investigador visitante en una decena de instituciones de Estados Unidos, Inglaterra, Hungría, Brasil, Ecuador, Colombia, Perú y Cuba.
jlb@hp.fciencias.unam.mx