

Università degli Studi di Trieste – a.a. 2020-2021
Corso di Studio in Scienze e Tecnologie per L'ambiente e la Natura

213SM – Ecologia
213SM-3 – Ecologia Generale

INDICI DI DIVERSITA'

Prof. Stanislao Bevilacqua (sbevilacqua@units.it)

Perché misurare la biodiversità?

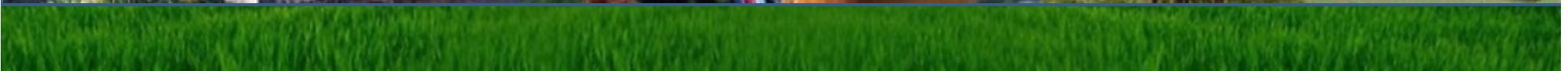
Perché misurare la biodiversità?

1 – perché questa è considerata (a torto o a ragione) come un indicatore di stato delle comunità

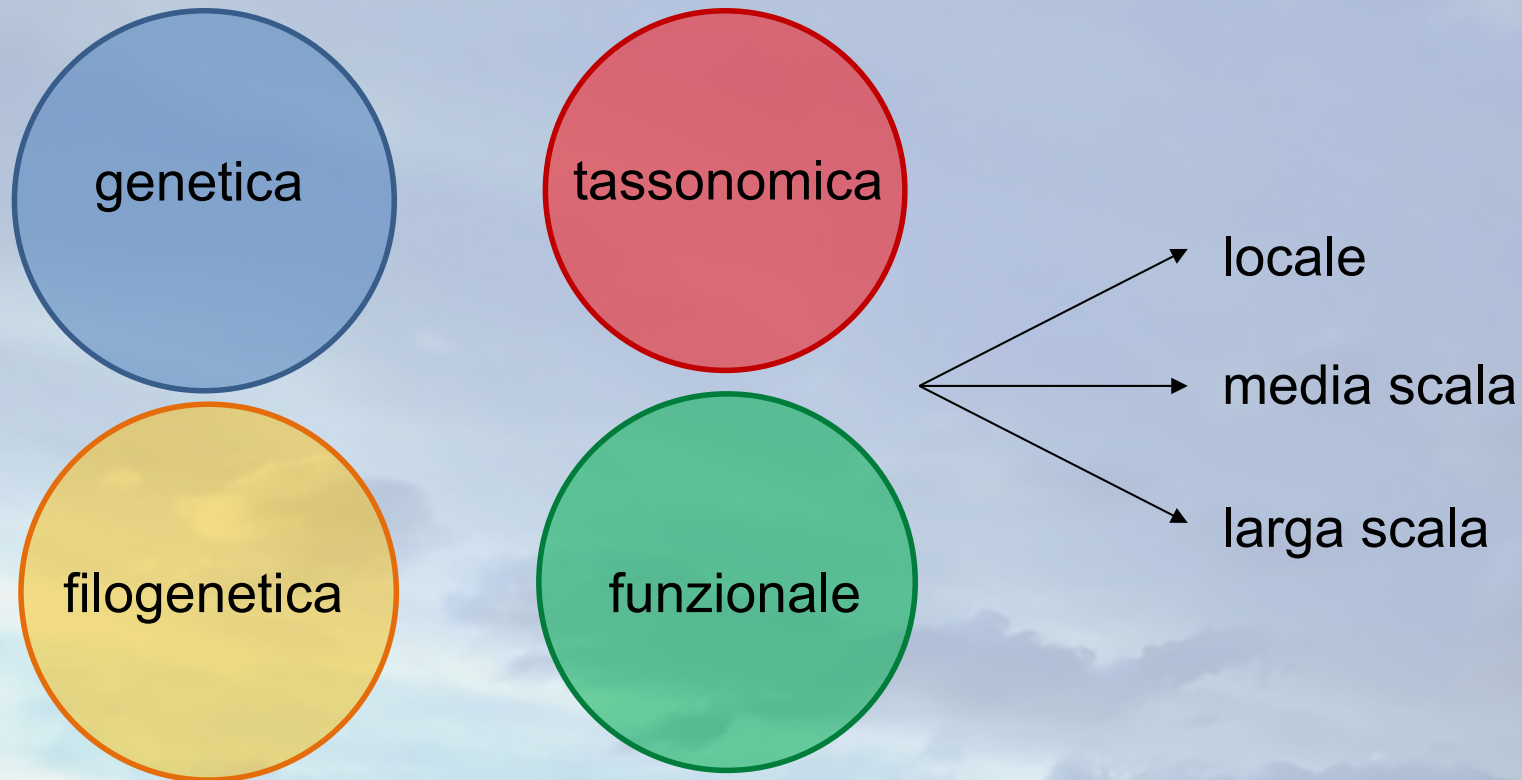
2 – perché esiste una facilità relativa di interpretazione (alta diversità = buono stato)

3 – per via delle sue relazioni potenziali con il funzionamento degli ecosistemi

4 – perché, nella sua declinazione di composizione e abbondanza, quantifica la struttura delle comunità



Quali aspetti?



Quantificazione a larga scala problematica data l'enormità dello spazio da campionare, e dello sforzo tassonomico nell'identificazione. Spesso si ricorre a stime della diversità.

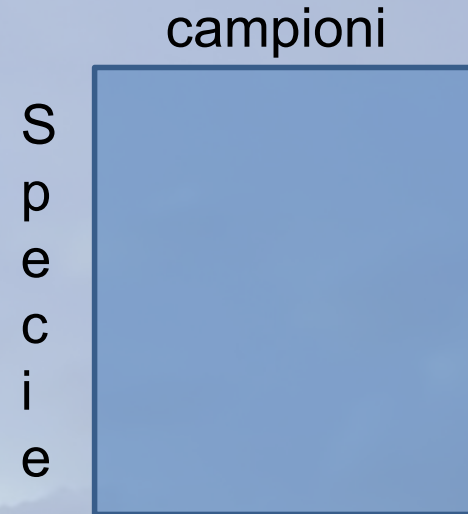
A scala locale si ricorre al campionamento, che deve essere rappresentativo, e cogliere i tratti salienti della struttura in termini di composizione in specie e abbondanze relative. L'insieme dei due aspetti costituisce anch'esso una quantificazione della diversità.

Quantificazioni multivariate

La struttura di una comunità viene descritta dalla quantificazione delle abbondanze (biomassa, numero, coperture) di ciascuna specie (o almeno da quelle che vengono riscontrate) che la compone.

Questo viene prodotto per ciascun campione effettuato, portando alla compilazione di una matrice di dati, specie x campione, che identifica la comunità.

In questo modo, più comunità possono essere confrontate tra loro. Si ottiene una matrice di similarità (o dissimilarità), che attraverso un'analisi statistica, serve a testare ipotesi circa variazioni o differenze nella struttura delle comunità in relazione a dei fattori di interesse.



Indici di diversità

Le stesse informazioni contenute nella matrice di dati multivariata, in cui l'informazione di abbondanza per ciascuna specie è preservata separatamente, possono essere condensate in un singolo numero. Così per ogni campione si avrà un solo valore che esprime in maniera sintetica la sua diversità. Queste formulazioni sinottiche sono chiamate **indici di diversità**.

Indice di Margalef

Indice di Shannon-Wiener

Indice di Pielou

Indice di Simpson

Indici di diversità tassonomica

Indici di diversità funzionale

Ricchezza specifica

La ricchezza in specie è semplicemente **il numero di specie in una data unità spaziale** ben definita (un campione, una superficie, ecc.).

In alcuni casi si rapporta il numero di specie ad un volume noto, o ad una biomassa.

Nell'indice di Margalef, il numero delle specie viene rapportato al (log) del numero di individui. Assume che gli individui siano omogeneamente distribuiti nell'area.

Indice di diversità di Margalef

$$D_m = \frac{(S - 1)}{\ln N}$$

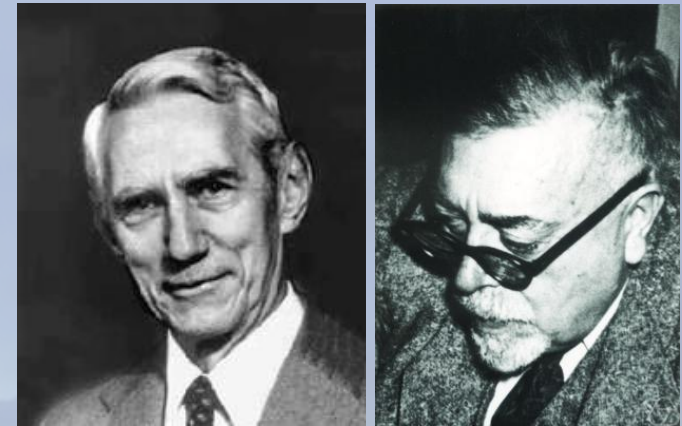


Indice di Shannon-Wiener

L'indice di Shannon-Wiener, dal nome dei due teorici dell'informazione che arrivarono separatamente a descrivere questo indice, assume che gli individui siano campionati in maniera casuale da una popolazione "indefinitamente ampia", e che tutte le specie della comunità abbiano la stessa probabilità di essere rappresentate nel campione.

Indice di diversità di Shannon-Wiener

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



L'indice tiene conto sia del numero di specie che delle abbondanze relative, sintetizzando l'informazione in un unico valore di diversità. Esso assume valore 0 quando tutti gli individui appartengono ad una specie.

$$p_i = n_i / N \rightarrow n_1 = N \rightarrow p_i = 1$$

$$\log p_i = \log (1) = 0$$

$$H'_{min} = 0$$

Indice di Shannon-Wiener

$$p_i = n_i / N \rightarrow n_1 = n_2 = \dots = n_S = n \rightarrow p_i = n / Sn = 1/S$$

$$\log p_i = \log (1/S) = \log 1 - \log S = - \log S$$

$$H'_{max} = - [S (1/S)(- \log S)] = \log S$$

L'indice assume il valore massimo, $\log(S)$, quando gli individui sono ugualmente distribuiti tra tutte le specie.

Essendo materialmente impossibile campionare tutte le specie presenti nella comunità, e difficilmente tutte le specie hanno la stessa probabilità di essere campionate, l'indice può portare ad errori di valutazione della diversità che aumentano all'aumentare della differenza tra numero di specie campionate e numero di specie *realmente* presenti.

Indice di equitabilità di Pielou

L'indice di Pielou, dal nome dell'ecologa che lo formulò, viene anche chiamato indice di *equitabilità* o di *evenness*. Esso esprime quanto in una comunità gli individui sono equamente distribuiti (o meno) tra le diverse specie che la compongono.

Indice di equitabilità di Pielou

$$J_{H'} = \frac{H'}{H_{\max}} = \frac{H'}{\log S}$$



Più gli individui saranno concentrati in una o poche specie più il valore sarà basso. Al contrario, più gli individui saranno distribuiti tra le specie in modo simile, più il valore sarà elevato

L'indice è il rapporto tra l'indice di Shannon-Wiener e il suo valore massimo per quella comunità. L'indice varia tra 0 e 1. Tende a zero quando il numeratore tende a zero (cioè quando tutti gli individui appartengono ad una sola specie). Sarà uno quando il numeratore sarà uguale a H_{\max} , cioè quando tutte le specie avranno lo stesso numero di individui.

Indice di Simpson

L'indice di dominanza specifica di Simpson esprime la probabilità che due individui, presi in maniera casuale, appartengano alla stessa specie. In comunità molto diversificate, in cui vi sono molte specie con pochi individui ciascuna, questa probabilità sarà bassa (indice avrà valori piccoli), al contrario sarà alta quando molti individui saranno concentrati in una o poche specie.

Indice di dominanza di Simpson

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

Indice di dominanza di Simpson

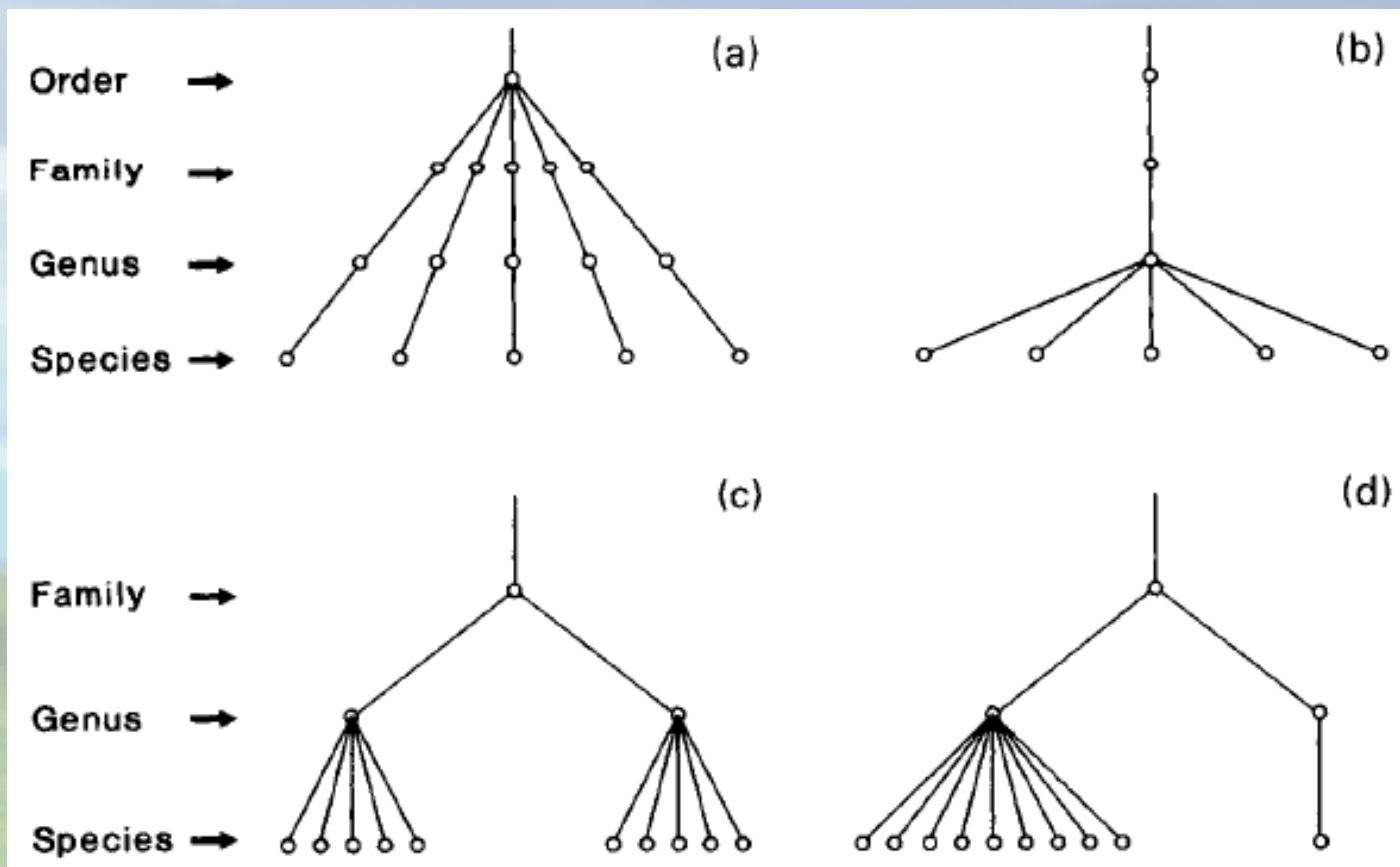
$$\lambda = \sum \frac{n_i(n_i-1)}{N(N-1)}$$

Entrambe sono formulazioni dell'indice di dominanza, la prima per popolazioni teoricamente infinite (o molto grandi), la seconda per popolazioni finite (o di piccole dimensioni). L'indice varia tra 0 e 1, dove 1 indica la dominanza massima (una specie rappresenta tutti gli individui) e 0 diversità massima.

Spesso espresso come diversità di Simpson $1-\lambda$ (o $1-\lambda'$).

Indici di diversità tassonomica

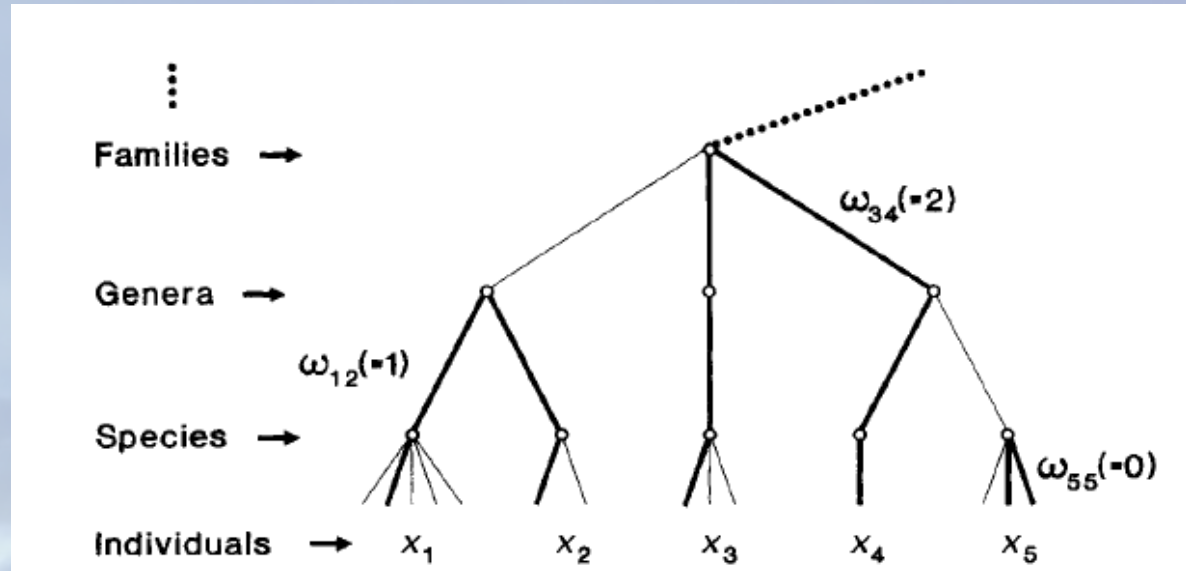
Molti indici di diversità tradizionali si basano sul numero di specie e l'evenness, trascurando completamente la diversità tassonomica. Per catturare anche questo aspetto della biodiversità, Clarke & Warwick (1995, 1998) proposero dei nuovi indici che includessero, oltre alla ricchezza in specie e le abbondanze relative, anche informazione sulle relazioni tassonomiche tra le specie.



Indici di diversità tassonomica

Questi indici, denominati Taxonomic Diversity (Δ) e Taxonomic Distinctness (Δ^*), sono una derivazione dell'indice di Simpson con l'aggiunta delle distanze tassonomiche tra le specie.

Le abbondanze delle due specie sono pesate (cioè moltiplicate) per un coefficiente che indica la lunghezza del percorso tra le due specie nella gerarchia tassonomica



Taxonomic Diversity (Δ)

Rappresenta la distanza attesa nella gerarchia tassonomica tra due individui scelti randomicamente dal campione.

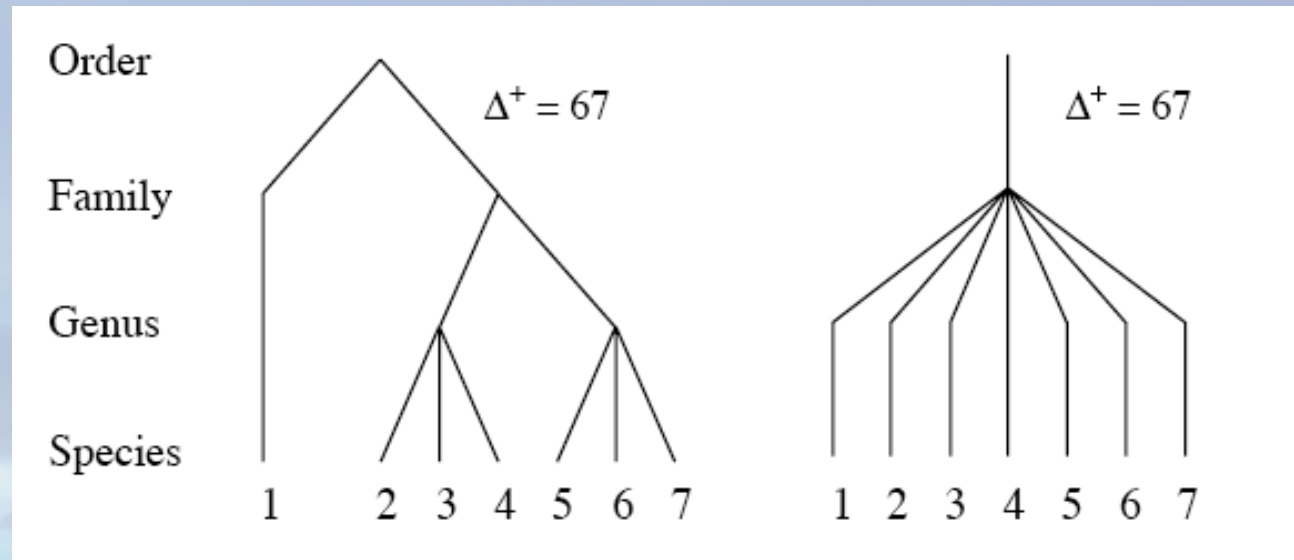
Taxonomic Distinctness (Δ^*)

Rappresenta la distanza attesa nella gerarchia tassonomica tra due individui appartenenti a specie diverse.

Indici di diversità tassonomica

Quando i dati sono espressi in termini di presenza assenza Δ e Δ^* convergono in Δ^+ (Average Taxonomic Distinctness), che rappresenta la distanza media tra due specie qualunque all'interno dell'albero tassonomico.

Da solo però, l'indice non identifica tutte le caratteristiche della diversità tassonomica. Ad esempio, per uno stesso valore di Avg Tax Distinctness, la distribuzione delle specie nell'albero tassonomico può presentare una diversa *variazione* attorno a questo valore.



Per catturare anche quest'aspetto Clarke & Warwick (2001) crearono anche un secondo indice a complementare il precedente.

Λ^+ (Variation in Taxonomic Distinctness)

Esso rappresenta la variazione di Δ^+ e, in pratica, riflette la distribuzione delle specie all'interno dei taxa nell'albero tassonomico.

Indici funzionali

	Tratto 1	Tratto 2	Tratto 3	...	Tratto n
Specie 1
Specie 2
Specie 3



	Specie 1	Specie 2	Specie 3
Specie 1	0		
Specie 2	20	0	
Specie 3	80	70	0

FAD (functional attribute diversity) = sommatoria ($d_{i,j}$)

Indici funzionali

	Tratto 1	Tratto 2	Tratto 3	...	Tratto n
Specie 1
Specie 2
Specie 3
Specie 4
Specie 5
Specie 6
Specie 7
Specie 8
Specie 9
Specie 10



Specie



Specie



dendrogramma

1-5 Comunità 1 FR = 2

1-10 Comunità 2 FR = 5

Specie 1

Specie 2

Specie 3

Specie 4

Specie 5

Specie 6

Specie 7

Specie 8

Specie 9

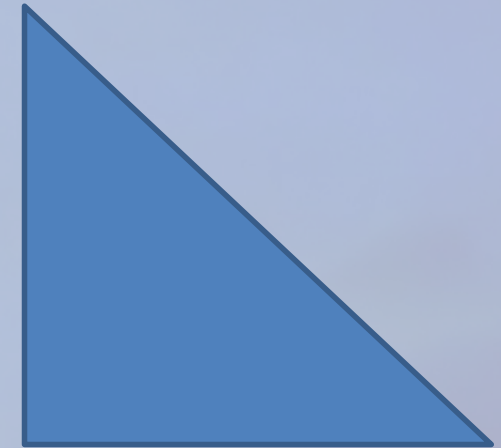
Specie 10

Indici funzionali

	Tratto 1	Tratto 2	Tratto 3	...	Tratto n
Specie 1
Specie 2
Specie 3
Specie 4
Specie 5
Specie 6
Specie 7
Specie 8
Specie 9
Specie 10



Specie

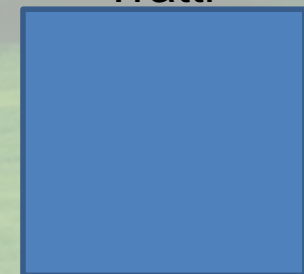


Specie

PCoA



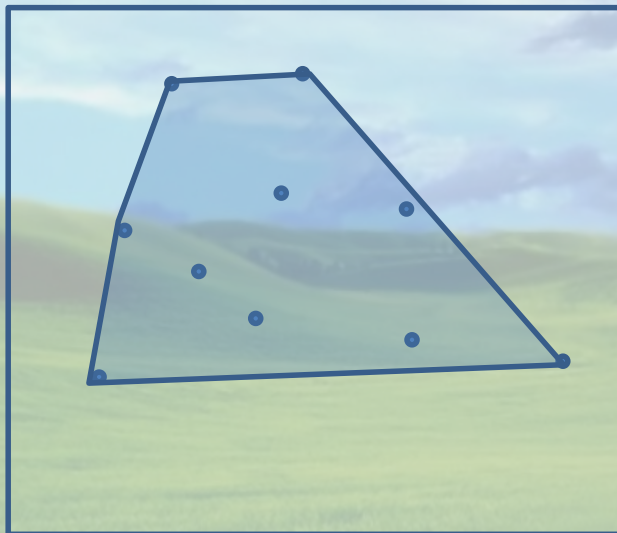
Tratti



Specie



Fric = Volume spazio multidimensionale



Indici funzionali

Comunità 1

Asse a

Asse c

Asse b

Comunità 2

