

University of Nebraska - Lincoln

DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln

Estudios científicos en el estado de Hidalgo y zonas
aledañas

Parasitology, Harold W. Manter Laboratory of

1-1-2013

Los parásitos y el estudio de su biodiversidad: un enfoque sobre los estimadores de la riqueza de especies

Christian E. Bautista-Hernández

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

Scott Monks

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, smonks@uaeh.edu.mx

Griselda Pulido-Flores

Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, gpulido@uaeh.edu.mx

Follow this and additional works at: <http://digitalcommons.unl.edu/hidalgo>

 Part of the [Zoology Commons](#)

Bautista-Hernández, Christian E.; Monks, Scott; and Pulido-Flores, Griselda, "Los parásitos y el estudio de su biodiversidad: un enfoque sobre los estimadores de la riqueza de especies" (2013). *Estudios científicos en el estado de Hidalgo y zonas aledañas*. Paper 4. <http://digitalcommons.unl.edu/hidalgo/4>

This Article is brought to you for free and open access by the Parasitology, Harold W. Manter Laboratory of at DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln. It has been accepted for inclusion in Estudios científicos en el estado de Hidalgo y zonas aledañas by an authorized administrator of DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln.

Los parásitos y el estudio de su biodiversidad: un enfoque sobre los estimadores de la riqueza de especies

Christian E. Bautista-Hernández, Scott Monks, y Griselda Pulido-Flores

Resumen

Durante años los parásitos fueron considerados únicamente como agentes patógenos que debían ser eliminados, sin considerar que son un componente importante de la biodiversidad, que son capaces de aportar información de sí mismos y de otros organismos. Existen estimadores de riqueza que predicen el número de especies para una comunidad a partir de la riqueza observada y de la abundancia de las especies o datos de incidencia; pueden ser estimadores paramétricos y no paramétricos. La comparación de la riqueza de especies entre componente de comunidades de parásitos frecuentemente pueden ser difícil de evaluar debido a que los datos no se distribuyen en una normal, los esfuerzos de muestreo no son iguales y la posibilidad de existir varias especies raras que no se hayan muestreado en la comunidad. En este trabajo se presenta una discusión de los estimadores usados comúnmente, y se evalúa los tipos de estimadores que podrían funcionar mejor en la estimación de riqueza de especies en estudios de la diversidad de los helmintos. Con base en la aplicación de cinco estimadores a los datos de un estudio de los helmintos de *Xiphophorus malinche* Rauchenberger, Kallman y Morizot, 1990 de Río Conzintla, Hidalgo, los estimadores de Bootstrap y Chao 1 son los más óptimos.

Palabras clave: Helmintos parásitos, biodiversidad, riqueza de especies

Introducción

Los parásitos en general (protistas, helmintos, artrópodos, crustáceos, etc.) son considerados piezas clave en la biodiversidad de distintos ecosistemas debido al papel regulador que muchos helmintos tienen sobre las poblaciones de sus hospederos y en la estructuración de sus comunidades (Luque, 2008). Los helmintos son un grupo polifilético representado por miembros de los phyla Platyhelminthes (Digenea, Aspidogastrea, Monogenea y Cestoda), Acanthocephala, Nematoda y Annelida (Hirudinea) (Roberts y Janovy, 2005). Durante años los parásitos solo fueron considerados como agentes patógenos que debían ser eliminados. Sin embargo, estos tienen un gran valor ecológico y el su estudio aporta información sobre los hábitos alimenticios, biogeografía, comportamiento, evolución y rutas de migración de ellos, sus hospederos y otras especies del mismo ecosistema.

A pesar de estas importancias, son pocos los estudios de biodiversidad que los incluyen. Esto se

debe a varias razones que tienen que ver con la particularidad del concepto mismo del parasitismo, hasta las diferencias entre la ecología de organismos de vida libre y parásitos. Esta última observación es justificada por considerar un aspecto único de los parásitos y es que su hábitat (el hospedero) es un organismo vivo que muestra movimiento, su propia historia evolutiva y una respuesta de defensa. Por otra parte los parásitos tienen ciclos de vida complejos y múltiples grados de interacción con sus hospederos (Aguilar-Aguilar, 2008), pero estos factores no son limitantes para estudiar los parásitos; solo hacen la interpretación de los resultados más complicado. Sin embargo, la calidad única de los aspectos de la vida parasitaria ha dado pauta para proponer conceptos exclusivos a la ecología de parásitos (ej. infrapoblación, infracomunidad, componente de comunidad) (Bush *et al.*, 1997).

El estudio de los parásitos como componente de la biodiversidad es una rama que poco a poco ha tomado mayor auge (Brooks y McLennan, 1991). Recientemente se ha considerado a los helmintos como

un grupo potencialmente útil en estudios de calidad ambiental como bioindicadores (Monks *et al.*, 2003; Pulido-Flores y Monks, 2008).

Al igual como sucede en cualquier estudio de organismos de vida libre, antes de realizar medidas de diversidad con parásitos, es importante determinar si el inventario está completo, es decir, si con los muestreos realizados se obtuvo la mayoría de las especies presentes en un sitio. La riqueza específica es la forma más sencilla de medir la diversidad; se refiere al número de especies presentes en la comunidad sin tomar en cuenta su abundancia.

A nivel de infracomunidad (todas las especies de parásitos en un individuo de una especie de hospedero) las poblaciones de helmintos resultan completamente censadas y el valor de riqueza específica es absoluto (completo) porque, generalmente, todos los individuos de cada especie son recolectados en la necropsia. Sin embargo, en el nivel jerárquico de componente de comunidad (todas las especies de parásitos en todos los individuos de una especie de hospedero), la riqueza es un valor relativo, porque es el resultado de la acumulación de especies presentes en un conjunto de infracomunidades (Aguilar-Aguilar, 2008). A nivel componente de comunidad el cálculo de la riqueza es similar a los estudios en organismos de vida libre, es decir, con curvas de acumulación de especies y estimadores de riqueza, sin embargo debe ponerse atención en la consideración que la distribución de los helmintos es casi siempre binomial negativa y no una distribución normal.

Las curvas de acumulación de especies, también llamadas curvas de colecta, son una herramienta útil para estimar la riqueza de especies en función del esfuerzo de muestreo. El esfuerzo puede ser de diferentes tipos, como el número de individuos colectados, el número acumulativo de muestras o tiempo de muestreo (Magurran, 2004). En el caso de los parásitos, la unidad de muestreo es un hospedero examinado. Por esto, el número de especies presentes en un individuo frecuentemente es bajo y, como el caso de su distribución, podría complicar estos cálculos.

Las funciones de acumulación de especies son utilizadas para el análisis de la riqueza específica de muestras de diferente tamaño. Soberón y Llorente (1993) describieron tres modelos básicos que predicen la riqueza total de un sitio como el valor del número de especies al cual una curva de acumulación de especies alcanza la asíntota: modelo logarítmico, modelo de dependencia lineal y ecuación de Clench. Por otra parte, existen estimadores de ri-

queza que predicen el número de especies para la comunidad a partir de la riqueza observada y de la abundancia de las especies o datos de incidencia, pueden ser estimadores paramétricos y no paramétricos, éstos últimos estiman la riqueza con datos de presencia – ausencia.

Poulin (1998) sugirió que la comparación de la riqueza de especies entre comunidades componente de parásitos frecuentemente pueden ser difícil de evaluar debido a que los esfuerzos de muestreo no son iguales, además que existe la posibilidad que algunas especies raras no se hayan muestreado en la comunidad. Por ello, el autor recomendó el uso de estimadores de riqueza de especies no paramétricos, ya que éstos manejan y evalúan eficazmente las comunidades cuando existen mayor proporción de especies raras y extrapolan el número de especies faltantes en los datos observados.

Entre los estimadores no paramétricos se encuentra el Chao 2 (variante de Chao 1), que utiliza datos de incidencia, toma en cuenta la distribución de las especies entre las muestras y es recomendable para muestras pequeñas (Moreno, 2001). El estimador de Jackknife de primer orden (Jackknife 1) se basa en el número de especies que ocurren solamente en una muestra y Jackknife del segundo orden (Jackknife 2) es similar a su homólogo sólo con la adición de considerar también el número de especies en dos muestras (Magurran, 2004). ACE e ICE son estimadores que utilizan datos de abundancia, basados en el concepto estadístico de cobertura de muestreo, que se refiere a la suma de las probabilidades de encontrar especies observadas dentro del total de especies presentes, pero no observadas (Colwell *et al.*, 2004). El estimador ACE utiliza para las estimaciones para diez o menos individuos por muestra, el ICE utiliza especies encontradas en diez o menos muestras (Lee y Chao, 1994).

Considerando lo anterior, y con el fin de evaluar el tipo de estimador que podría funcionar mejor en la estimación de especies en estudios helmintológicos, Poulin (1998) evaluó el comportamiento de tres estimadores no paramétricos (Chao, Bootstrap y Jackknife) en comunidades de helmintos artificiales. De acuerdo a los resultados, el autor sugirió que el mejor estimador es Bootstrap puesto que trabaja mejor cuando hay especies raras en las comunidades, una situación que es muy común en estudios de parasitología.

Romero-Tejeda *et al.* (2008) evaluaron la riqueza de especies en siete comunidades componente de parásitos de peces de agua dulce en la Reserva la Mitnzita, Michoacán, registraron un to-

tal de nueve especies de helmintos (riqueza de especies observada). Los autores ajustaron los datos a siete estimadores no paramétricos: ACE, ICE, Chao 1, Chao 2, Jackknife 1, Jackknife 2 y Bootstrap. Los resultados mostraron que los estimadores Chao 1 y Bootstrap fueron los mejores estimadores para estas comunidades, ya que tienden a presentar un menor sesgo y son más precisos. Chao 1 fue el mejor estimador cuando las comunidades de helmintos presentaban altas proporciones de especies raras. Mientras que Bootstrap estimaba mejor la riqueza en comunidades de helmintos donde las especies de parásitos infectan una proporción similar de hospederos.

Materiales y Métodos

El objetivo del presente trabajo fue evaluar los estimadores de la riqueza de especies usando datos de los parásitos de *Xiphophorus malinche* Rauchenberger, Kallman y Morizot, 1990 (Highland swordtail). Para el estudio, se colectaron peces en el río Conzintla y se les practicó un examen helmintológico completo, los parásitos fueron cuantificados y procesados según lo dictan las técnicas de helmintología convencionales (Pritchard y Kruse, 1982), los datos de abundancia e incidencia fueron ordenados en la manera necesaria para el programa con el fin de calcular los estimadores no paramétricos y funciones de acumulación. Los estimadores de riqueza (Chao 1, Chao 2, Jackknife 1, Jackknife 2 y Bootstrap) se calcularon con el programa EstimateS (Versión 8, Colwell, 2006). Las curvas de acumulación de especies por la ecuación de Clench y la función logarítmica se calcularon con el programa Species Accumulation (Versión beta, Díaz-Francés *et al.*, 2003). Se graficaron los estimadores de riqueza y las curvas de acumulación de especies en una Hoja de Cálculo del programa Excel (Microsoft Office). Es importante destacar que la comparación de la riqueza observada fue usada como el valor actual y no un valor estimado.

Resultados y Discusión

Para la comunidad componente de helmintos de *X. malinche* (Fig. 1), se observa que los estimadores Bootstrap y Chao 1 son los métodos más precisos (reflejan la riqueza real) y menos sesgados. El estimador de Bootstrap (Bootstrap = 5.78) estima una especie más por encontrar (por la colecta de aproximadamente 10 más peces), mientras que Chao 1

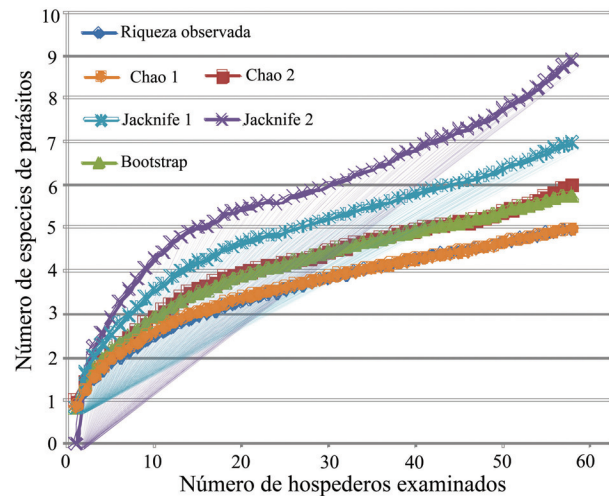


Figura 1. Curvas de acumulación de riqueza de especies observada y estimada en Río Conzintla.

(Chao 1 = 5) predice que el censo de la comunidad de parásitos está completo. Los estimadores de Jackknife sobre estiman la riqueza; Jackknife 2 eleva las especies esperadas para la comunidad hasta nueve especies y Jackknife 1, es más moderado, predijo dos más especies. La abundancia de helmintos en la población de peces influye en la estimación de la riqueza, puesto que en la comparación entre Chao 1 y Chao 2, (el primero se basa en datos de abundancia y el último se basa en datos de incidencia), se observa que Chao 1 se ajusta a los datos de riqueza de especies, mientras que Chao 2 predice una especie más por encontrar. Magurran (2004) mencionó que Chao 1 funciona con base en la proporción de "singletons" y "doubletons" (especies representadas por uno o dos individuos, respectivamente). Entre más aumenta la presencia de "singletons", la estimación de la riqueza aumenta también, por lo que en la población de peces este estimador refleja más al valor de la riqueza observada. El estimador Chao 2, al igual que el resto de los estimadores, considera la incidencia de las especies; en el ejemplo de parásitos *X. malinche* podría considerarse como un buen estimador, pero las investigaciones más detalladas de Romero-Tejada *et al.* (2008) sugieren que el uso de este método puede sobreestimar el valor de la riqueza.

De acuerdo con Poulin (1998) y Romero-Tejada *et al.* (2008), el estimador Bootstrap, debido a que es menos variable y no tiende a sobrestimar la verdadera riqueza independientemente de cuán frecuentes son las especies raras en la comunidad, y Chao 1, por ser sensible a las especies raras, evaluaron de

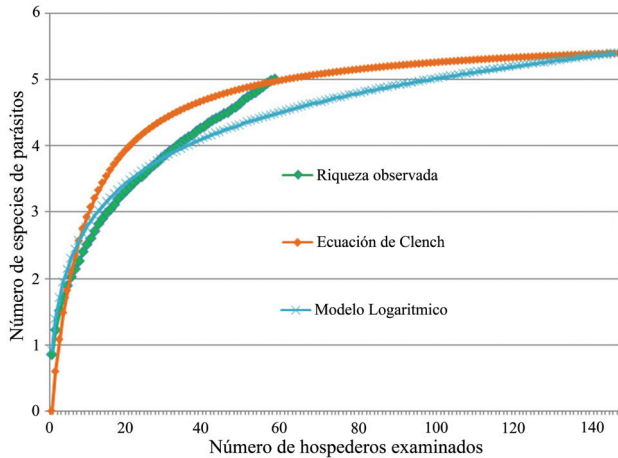


Figura 2. Curva de acumulación de riqueza de especies observada y estimada con la ecuación de Clench y la función Logarítmica en Río Conzintla.

manera más precisa la riqueza de especies de helmintos que parasitan *X. malinche*. El estimador de Jackknife 2 es impreciso y puede excederse en estimar el verdadero valor de la riqueza de especies. El estudio de la comunidad componente de helmintos en *X. malinche* puede considerarse bien representada y completa.

Los modelos de estimación de especies como la ecuación de Clench y el modelo logarítmico muestran que en la colecta actual se ha alcanzado el número máximo (completo) de especies en la comunidad de parásitos de *X. malinche* (Fig. 2). Sin embargo, se debe considerar que estas funciones están sesgadas por el tamaño de la muestra y no por la presencia o ausencia de especies como lo usan los estimadores no-paramétricos.

Los datos que fueron analizados en este trabajo, así como los trabajos de Poulin (1998) y Romero-Tejeda *et al.* (2008) observaron que Bootstrap es el estimador de riqueza más recomendable para las comunidades de parásitos de peces dulceacuícolas. En el caso de las funciones de acumulación, Martínez-Aquino *et al.* (2007) y Aguilar-Aguilar (2008) sugieren que, en estudios de parasitología, las funciones de acumulación como la ecuación de Clench son recomendables para estimar la riqueza máxima esperada y evaluar la tendencia de la asíntota de una curva, con el objetivo de evaluar el esfuerzo de muestreo.

Es imprescindible que la selección de estimadores de riqueza de especies de helmintos sea tomado con seriedad antes de realizar cualquier estudio, tanto como en cualquier otro. En muchas ocasiones se trabajan con poblaciones de hospederos que están en amenaza de extinción, o son endémicas de

un área y no numerosos. Esto es el caso con *X. malinche*, un pez poecílido endémico para la cuenca de Río Pánuco en Hidalgo. Para no incrementar el riesgo de extinción de las poblaciones, es esencial coleccionar/ muestrear únicamente el número de peces mínimo; por lo cual, es importante seleccionar un estimador de riqueza lo más apto para obtener resultados con un muestreo mínimo.

Agradecimientos

Los autores agradecen el financiamiento al proyecto "Helmintos de algunas especies de *Xiphophorus* de la Huasteca Hidalguense", del fondo de Convocatoria de Apoyo Complementario a Investigadores en Proceso de Consolidación (SNI 1) 2008 (Clave 091431) y el proyecto "El efecto de hibridización en la diversidad de helmintos parásitos de peces del género *Xiphophorus*", Ciencia Básica (Clave 0127310), ambos del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Asimismo, CEBH agradece al CONACYT por la beca (No. 20129) para estudios dentro de la Maestría en Ciencias en Biodiversidad y Conservación y la beca (No. 217861) para realizar estudios de doctorado en el Doctorado en Ciencias en Biodiversidad y Conservación, UAEH. Finalmente, este trabajo forma parte de los productos del proyecto colaborativo "Calidad Ambiental y Desarrollo Sustentable: Inventario Ambiental y Establecimiento de Indicadores Regionales", con fondos del Programa de Mejoramiento del Profesorado (PROMEP).

Literatura citada

- Aguilar-Aguilar, R. 2008. Gusanos parásitos de fauna silvestre algunas formas de estudio. *Elementos: Ciencia y Cultura* 15:55-61.
- Brooks, D. R. y D. A. Mclennan. 1991. *Phylogeny, ecology and behavior: a research program in comparative biology*. University of Chicago Press. Chicago, Illinois, E.U.A. 434 p.
- Bush, A. O., K. D. Lafferty, J. Lotz y A. W. Shostak. 1997. Parasitology meets ecology on its own terms: Margolis *et al.* revisited. *Journal of Parasitology* 83:575-583.
- Colwell, K., C. X. Mao y J. Chang. 2004. Interpolating, extrapolating, and comparing incidence-based species accumulation curves. *Ecology* 85:2717-2727.
- Colwell, R. K. 2006. EstimateS: Statistical estimation of species richness and shared species from samples. Version 8. <http://purl.oclc.org/estimates>; (consultada 29 enero, 2009).
- Díaz-Francés, E., J. Soberón y L. G. Gorostiza. 2003. Species of accumulation functions. versión beta. <http://www.cimat.mx>; (consultada 29 enero, 2009).

- Lee, S. M. y A. Chao. 1994. Estimating population size via sample coverage for close capture-recapture models. *Biometrics* 50:88-97.
- Luque, J. L. 2008. Parásitos: ¿componentes ocultos de la biodiversidad?. *Biologist* 6:5-7.
- Magurran A. E. 2004. *Measuring biological diversity*. Blackwell, Oxford 235 p.
- Martínez-Aquino, A., G. Salgado-Maldonado, R. Aguilar-Aguilar, G. Cabañas-Carranza y C. Mendoza-Palmero. 2007. Helminth parasite communities of *Characodon aurdax* and *C. lateralis* (Pisces: Goodeidae), endemic freshwater fishes from Durango, Mexico. *Southwestern Naturalist* 52:125-130.
- Monks, S., V. R. Zárate-Ramírez y S. Moreno-Flores. 2003. Helmintos bioindicadores de la calidad del agua en la Reserva de Barranca de Metztitlán. *Memorias del Foro Sobre la Problemática del Agua: un desafío para las IES en la región Centro-Sur de la República Mexicana, Foro Consultivo Científico y Tecnológico, A.C. y la Asociación Nacional de Universidades e Instituciones de Educación Superior (ANUIES), A.C. CL-10: 1-10.*
- Moreno, C. E. 2001. *Métodos para medir la biodiversidad. M&T-Manuales y Tesis SEA, Vol.1. Zaragoza, 84 p.*
- Pulido-Flores, G. y S. Monks. 2008. Especies de helmintos introducidas como bioindicadores de la calidad ambiental en Laguna de Metztitlán, Hidalgo. *En: Pulido-Flores, G., A. L. López-Escamilla y M. T. Pulido-Silva (Eds.). Estudios biológicos en las Áreas Naturales del estado de Hidalgo. Ciencia al día 7. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. pp. 97-105.*
- Poulin, R. 1998. Comparison of three estimators of species richness in parasite component communities. *Journal of Parasitology* 84:485-490.
- Pritchard, M. H. y G. O. W. Kruse. 1982. *The collection and preservation of animal parasites*. Lincoln, Nebraska, University of Nebraska Press. 141 p.
- Roberts, L. S. y J. J. Janovy. 2005. *Foundations of Parasitology*. McGraw-Hill Higher Education, New York, E.U.A. 702 p.
- Romero-Tejeda, M. L., L. García-Prieto, L. Garrido-Olvera y G. Pérez-Ponce de León. 2008. Estimation of the endohelminth parasite species richness in freshwater fishes from La Mintzita reservoir, Michoacán, Mexico. *Journal of Parasitology* 94:288-292.
- Soberón, J. M. y J. E. Llorente-Bousquets. 1993. The use of species accumulation functions for the prediction of species richness. *Conservation Biology* 7:480-488.