



Nota científica

Sistemas de información geográfica y análisis espaciales: un método combinado para realizar estudios panbiogeográficos

Geographic information systems and spatial analysis: a combined method for panbiogeographic studies

Jonathan Liria

Departamento de Biología, Facultad Experimental de Ciencias y Tecnología. Universidad de Carabobo, Valencia, 2005 Estado Carabobo, Venezuela

*Correspondencia: jliria@uc.edu.ve

Resumen. Uno de los estímulos en el progreso de la biogeografía ha sido el desarrollo y aplicación de nuevas tecnologías computacionales como los sistemas de información geográfica (SIG) y una variedad de métodos estadísticos espaciales. Dentro de la biogeografía histórica se ha desarrollado un enfoque conocido como panbiogeografía, cuya unidad básica es el trazo individual que constituye las coordenadas primarias de un taxón en el espacio. Sin embargo, el cálculo manual del trazo es difícil y subjetivo cuando se presentan muchos registros de localidades por taxón. Por ello se propone un método que combina los análisis espaciales de cálculo de distancia geodésica entre coordenadas, creación de matrices de conectividad y árboles de tendido mínimo, con el manejo de capas y operaciones espaciales de área de influencia e intercepción de los SIG.

Palabras clave: trazos, nodos, árboles de tendido mínimo, análisis de proximidad, intercepción.

Abstract. One of such stimuli to the progress of biogeography has been the development and application of new computational technologies as geographical information systems (GIS) and a variety of spatial statistical methods. Inside historical biogeography, a well-known focus known as panbiogeography, features as its basic unit the individual track, made up of primary taxon coordinates in space. However, track construction can be difficult and subjective when there are many taxon records. Therefore, I propose a method that combines spatial analyses by geodesic distance calculation, creation of a connectivity matrix and minimal spanning trees, with the handling of layers and GIS spatial operations of buffer and interception.

Key words: tracks, nodes, minimal spanning trees, buffers, interception.

Según Vélchez (2000), un Sistema de Información Geográfica (SIG) es un sistema de información que trata datos georreferenciados, es decir, procesa información de eventos o entidades geoespaciales con el fin de generar una información nueva mediante operaciones de manipulación y análisis que ayude a la toma de decisiones.

Los análisis geoespaciales combinan y manipulan los datos almacenados en el SIG para crear información nueva, la cual puede ilustrarse con mapas y resumirse en forma de registros para ser estudiados por el usuario y decidir si el modelo adoptado constituye una solución plausible; incluyen medición de distancias y áreas, análisis de proximidad (*buffers*), operaciones de disolución y fusión

de polígonos, superposición, análisis de superficies y análisis de redes.

Para Brown y Lomolino (1998) uno de los estímulos en el progreso de la biogeografía ha sido el desarrollo y aplicación de tecnologías nuevas. Los progresos en *hardware* y *software* han posibilitado la aplicación de herramientas nuevas, incluyendo la simulación, SIG y una variedad de métodos estadísticos, como los multivariados geoestadísticos. En lo que se conoce como biogeografía histórica se ha desarrollado un enfoque conocido como panbiogeografía (Morrone y Crisci 1995). La panbiogeografía fue originalmente propuesta por el botánico italiano Leon Croizat (1958; 1964); de acuerdo con Craw et al. (1999), reintroduce y enfatiza la dimensión espacial o geográfica de biodiversidad para permitir

una comprensión más cabal de los patrones y procesos evolutivos. En líneas generales el método consiste de 3 fases: construcción de trazos individuales, superposición de trazos individuales para obtener trazos generalizados, e intercepción de 2 o más trazos generalizados para determinar nodos.

La unidad básica en un estudio panbiogeográfico es el trazo individual; un trazo individual constituye un grafo que une las coordenadas primarias de un taxón en el espacio (Grahan, 2001; Morrone, 2004). Operativamente, consiste en una línea que conecta las localidades donde se distribuye una especie o taxón supraespecífico, de modo que la suma de los segmentos que conectan las localidades sea la menor posible (Craw et al., 1999; Grehan, 2001; Morrone, 2004). Desde el punto de vista topológico, un trazo individual es un árbol de tendido mínimo o *Minimal Spanning Tree* (MST), que para n localidades contiene $n-1$ conexiones (Page, 1987; Henderson, 1989). Luego, los trazos generalizados se obtienen a partir de la superposición estadísticamente significativa de trazos individuales, evaluando la congruencia en su topología; éstos representan patrones de distribución actuales de biotas ancestrales, las cuales fueron fragmentadas por eventos geológicos o tectónicos (Craw, 1988; Morrone, 2004). Finalmente, los nodos, corresponden a la superposición de 2 o más trazos generalizados; o también a las localidades de intersección de trazos generalizados (Craw et al., 1999; Grehan, 2001). Tradicionalmente, los estudios panbiogeográficos emplean alguno de los siguientes métodos: 1) análisis manual, 2) matrices de conectividad e incidencia, 3) compatibilidad de trazos, y 4) análisis de parsimonia de endemismos (Croizat, 1958; Page, 1987; Craw, 1988; Henderson, 1989; Morrone y Crisci, 1995; Morrone, 2004).

El método manual contempla delinear en mapas los trazos individuales de distintos taxones y luego superponerlos con el fin de determinar trazos generalizados. (Croizat, 1958,1964) Recientemente, este método ha sido combinado con herramientas SIG, en donde se miden pares de puntos y se determina la distancia más corta entre ellos, para luego digitalizar el trazo individual (Soares, 2005). Este método puede ser fácil de emplear cuando se tiene pocos registros, sin embargo en estudios empíricos realizados en mosquitos (Diptera: Culicidae) del género *Psorophora* (Nuñez et al., 2007), especies como *Psorophora (Grabhamia) cingulata* y *Psorophora (Janthinosoma) ferox*, presentan 80 y 82 registros, respectivamente. Lo cual hace difícil y en algunos casos subjetivo, cuando existe agregación de muchos puntos, determinar el trazo individual de cada taxón. Por lo anteriormente expuesto el siguiente trabajo pretende proponer un método que combine herramientas SIG y análisis espaciales para realizar estudios panbiogeográficos.

El método combinado (Fig. 1) se inicia con la entrada de datos en forma de coordenadas geográficas por taxón (1), a partir de las cuales se calcula la distancia geodésica entre puntos, y se obtiene una matriz rectangular y simétrica, con diagonal cero (2). Luego se crea una matriz rectangular de conectividad a partir de los datos de distancia, donde la unión de un par de puntos se representa por "1" y la no unión por "0" (3). Posteriormente, se obtiene el MST a partir de la matriz de conectividad, donde los puntos se conectan en una red abierta haciendo que la suma de las conexiones sea mínima (4). El MST es exportado como imagen *raster* (5), y georreferenciado con puntos de control, para utilizarlo como tema espacial en el programa SIG (6). Se digitaliza el MST siguiendo una polilínea (7) y se almacena como formato *shapefile* de ESRI [ArcView 3.x] (8). Luego se realiza el cálculo del *buffer*, con radio definido por el usuario y disolviendo barreras, para convertirlo en un polígono (9). Los pasos 1 a 9 se repiten para cada taxón, determinando los polígonos de trazos individuales. Seguidamente se efectúa la inspección visual de la similitud topológica entre trazos individuales, que serán interceptados mediante superposición espacial booleana del tipo "Y", para obtener la zona geográfica común de 2 o más temas (10). Se realiza la operación espacial de corte entre el polígono y las coordenadas de todos los taxones, para establecer los puntos que formarán

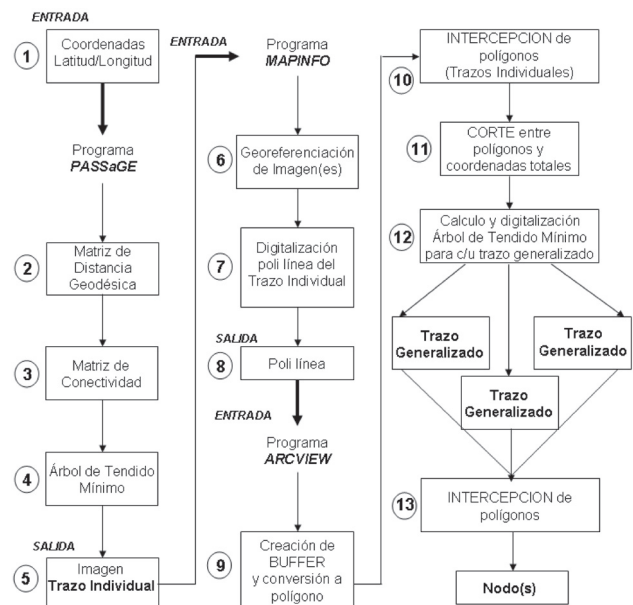


Figura 1. Diagrama de flujo y programas computacionales utilizados en las fases del método combinado.

cada trazo generalizado (11). Seguidamente se calcula y digitaliza el MST del trazo generalizado, siguiendo los pasos 1 a 9 (12). Finalmente, 2 o más temas de trazos generalizados son interceptados para determinar los nodos (13).

En el método combinado se utilizan los siguientes programas de análisis espaciales y SIG (Fig. 1): PASSaGE (Rosenberg, 2001) pasos 1-5, MapInfo (MapInfo, 2000) pasos 6-8, y ArcView (ESRI, 1998) pasos 9-13. Por otro lado, uno de los aspectos importantes del método, se refiere al cálculo de la distancia geodésica como punto inicial en la construcción de árboles de tendido mínimo, en lugar de uso tradicional de distancias euclidianas. La distancia geodésica, al considerar aspectos como la curvatura de la tierra en coordenadas espaciadas en el globo, permite aumentar el rigor, precisión y fiabilidad de los análisis realizados por los SIG. (Mayos et al., 2005).

Núñez et al. (2007) emplean el método combinado a partir de 675 registros, de material del museo Smithsonian de Historia Natural-USA, colecciones de Venezuela, y recursos bibliográficos, para 35 especies de *Psorophora* de los subgéneros: *Psorophora* (99 registros; 7 spp), *Janthinosoma* (340; 18 spp) y *Grabhamia* (236; 10 spp). Encontrando que los trazos y nodos obtenidos (Figs. 2ab y 3) son congruentes con otros estudios; por ejemplo, los análisis realizados en especies de Muscidae (Carvalho et al., 2003), así como los que incluyen plantas, mamíferos, aves e insectos (Prevedello y Carvalho, 2006).

Rojas-Parra (2004) desarrolló un *script* en lenguaje Avenue para ArcView 3.x, denominado Trazos 2004, que permite calcular MST; no obstante, se desconoce la dirección de internet donde está disponible esta aplicación. Por otro lado, Mauro Cavalcanti se encuentra desarrollando un programa en Borland Delphi 4.0 para realizar análisis cuantitativos en panbiogeografía (<http://maurobio.infobio.net/index.php?Projetos>).

El programa SAM (Rangel et al., 2007) que incluye varios análisis espaciales, también permite construir MST a partir de un conjunto de coordenadas; sin embargo, el método combinado no ha sido probado con este programa. Finalmente, este método permite utilizar los SIG para manejar las etapas del análisis panbiogeográfico a partir de capas o temas espaciales, además de emplear procedimientos cuantitativos en la determinación de los trazos individuales, generalizados y nodos, que son consistentes con las definiciones conceptuales y el método manual originalmente propuesto por Leon Croizat. Se espera que futuros ensayos logren integrar el método con programas SIG de libre acceso como Grass GIS (GRASS, 2007), Quantum-GIS (Sherman et al., 2007), GvSIG (Generalitat Valenciana e IVER, 2006), KOSMO (Sistemas abiertos de información geográfica, 2006), DIVA-GIS (Hijmans et al., 2005), entre otros.

El autor desea agradecer a los revisores anónimos por los valiosos comentarios y sugerencias en mejora de la versión final del presente trabajo.

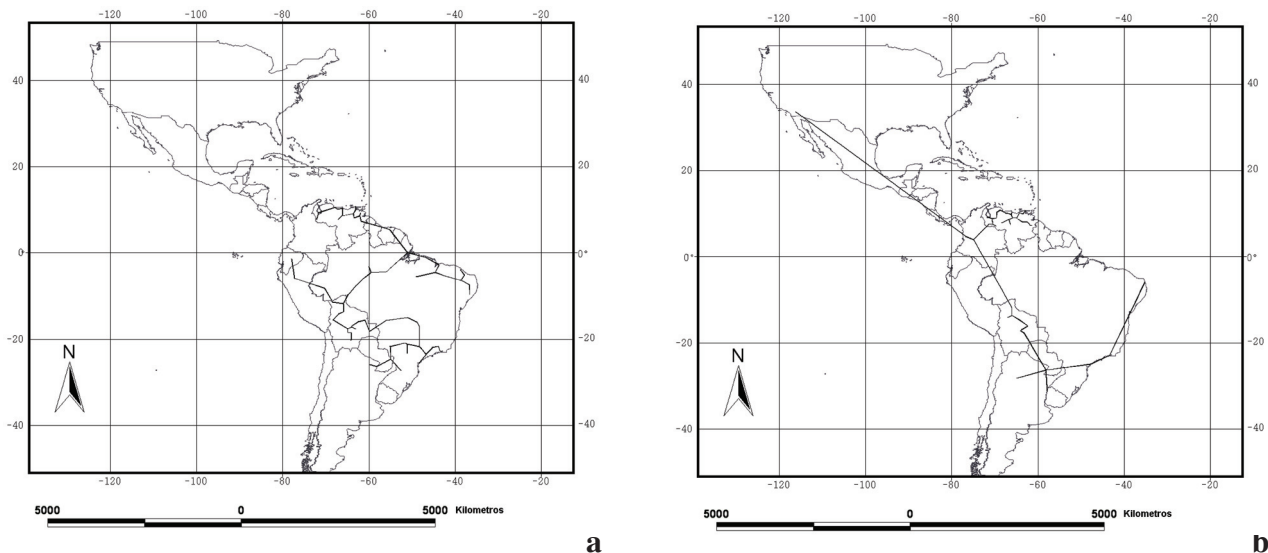


Figura 2. Trazos individuales obtenidos a partir de registros de *Psorophora cingulata* (a) y *Psorophora ferox* (b).

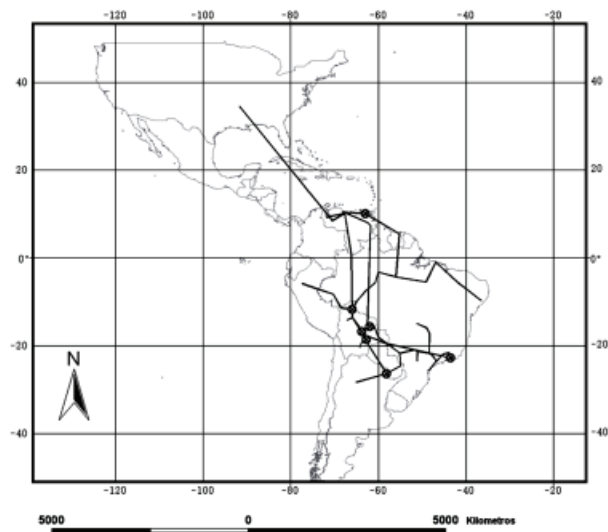


Figura 3. Trazos generalizados y nodos encontrados en especies de *Psorophora*.

Literatura citada

- Brown, J. H. y M. V. Lomolino. 1998. *Biogeography*. Sinauer, Sunderland, Massachusetts. 691 p.
- Carvalho, C. J. B., M. Bortolanza, M. C. C. Silva y E. D. G. Soares. 2003. Distributional patterns of the Neotropical Muscidae (Diptera). In *Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía*, J. J. Morrone y J. Llorente-Bousquets (eds.). Las Prensas de Ciencias, Facultad de Ciencias, UNAM, México D. F. p. 263-274.
- Craw, R. 1989. Continuing the synthesis between panbiogeography, phylogenetic systematics and geology as illustrated by empirical studies on the biogeography of New Zealand and the Chatham Islands. *Systematic Zoology* 37:291-310.
- Craw, R., J. R. Grehan y M. J. Heads. 1999. *Panbiogeography: Tracking the history of life*. Oxford Biogeography Series 11. Oxford University Press, New York. 229 p.
- Croizat, L. 1958. *Panbiogeography*. Publicado por el autor, Caracas. 1731 p.
- Croizat, L. 1964. *Space, time and form: The biological synthesis*. Publicado por el autor, Caracas. 881 p.
- ESRI, 1998. *ArcView GIS ver. 3.2*. Environmental Systems Research Institute, New York.
- Generalitat valenciana: Conselleria de Infraestructura y Transporte e IVER Tecnologías de la Información. 2006. *GvSIG ver. 1.0*. Disponible en: <http://www.gvsig.gva.es>
- GRASS (Geographic resources analysis support system). 2007. *GRASS GIS ver. 6.2.1*. Disponible en: <http://grass.itc.it/index.php>
- Grehan, J. R. 2001. *Panbiogeografía y la geografía de la vida. In Introducción a la biogeografía en Latinoamérica: teorías, conceptos, métodos y aplicaciones*, J. Llorente-Bousquets y J. J. Morrone (eds.). Las Prensas de Ciencias, Facultad de Ciencias, UNAM, México D. F. p. 181-195.
- Henderson, I. M. 1989. Quantitative panbiogeography: an investigation in concepts and methods. *New Zealand Journal of Zoology*. 16:495-510.
- Hijmans, R. J., L. Guarino, A. Jarvis, R. O'Brien y P. Mathur. 2005. *DIVA-GIS ver. 5.4*. Disponible en: <http://www.diva-gis.org>
- MapInfo, 2002. *MapInfo professional version 7*. MapInfo Corporation. Disponible en <http://www.mapinfo.com>
- Mayos, P., P. Fernández, y M. Pau. 2005. Necesidad de cálculos geodésicos para las herramientas SIG de análisis de distancias y superficies. Disponible en: <http://www.nosolosig.com/seccionblog/articulos.html>
- Morrone, J. J. 2004. Panbiogeografía, componentes bióticos y zonas de transición. *Revista Brasileira de Entomologia* 48:149-162.
- Morrone, J. J. y J. V. Crisci. 1995. Historical biogeography: Introduction to methods. *Annual Review Ecology and Systematics* 26: 373-401.
- Núñez, M., J. Liria, y J. C. Navarro. 2007. Áreas de endemismo y panbiogeografía en *Psorophora* Robineau-Desvoidy (Diptera: Culicidae). *Entomología Mexicana* 6:1178-1181.
- Page, R. 1987. Graphs and generalized tracks: Quantifying Croizat's panbiogeography. *Systematic Zoology* 36:1-17.
- Prevedello, J. y C. J. B. Carvalho. 2006. Conservação do cerrado Brasileiro: o método pan-biogeográfico como ferramenta para seleção de áreas prioritárias. *Natureza & Conservação* 4:39-57.
- Rangel, T. F. L. V. B., J. A. F. Diniz-Filho y L. M. Bin. 2007. *SAM: Spatial analysis in macroecology, ver. 2.0*. Disponible en: <http://www.ecoevol.ufg.br/sam/history.html>
- Rojas-Parra, C. A. 2004. Una herramienta automatizada para realizar análisis panbiogeográficos. *Biogeografía* 1:31-33.
- Rosenberg, M. S. 2001. *PASSaGE: Pattern analysis, spatial statistics, and geographic exegesis, ver. 1.0*. Department of Biology, Arizona State University, Tempe. Disponible en: <http://www.passagesoftware.net/index.php>
- Sherman, G. E., T. Sutton, R. Blazek, S. Holl, O. Dassau, T. Mitchell, B. Morely y L. Luthman. 2007. *Quantum GIS ver. 0.8 'TITAN'*. Disponible en: <http://qgis.org>
- Sistemas abiertos de información geográfica. 2006. *KOSMO ver. 1.1*. Disponible en: <http://www.saig.es>
- Soares, E. D. G. 2005. Como gerar mapas e aplicar métodos biogeográficos no programa ArcView GIS 3.2a. Pós-Graduação em Entomologia, Departamento de Zoologia, Universidad Federal do Paraná. Brasil. Disponible en: <http://zoo.bio.ufpr.br/diptera/bz023/>
- Vílchez, J. G. 2000. *Introducción a los sistemas de información geoespacial*. Consejo de Desarrollo Científico y Humanístico, Universidad de los Andes, Talleres Gráficos Universitarios, Mérida. 203 p.