

**Relação entre o número de espécies e o número de táxones de alto nível para a fauna de artrópodes dos Açores**

P. A. V. Borges<sup>1</sup>, C. Aguiar, G. André, H. Enghoff, C. Gaspar, C. Melo, J. A. Quartau, S. P. Ribeiro, A. R. M. Serrano, L. Vieira, A. Vitorino & J. Wunderlich.

<sup>1</sup> Universidade dos Açores – Dep. de Ciências Agrárias, Terra-Chã, 9700-851 Angra do Heroísmo, Terceira, Açores, Portugal; E-Mail de P. A. V. Borges para correspondência: pborges@angra.uac.pt.

Projecto de Red Iberoamericana de Biogeografía y Entomología Sistemática **PRIBES 2002**. C. COSTA, S. A. VANIN, J. M. LOBO & A. MELIC (Eds.)

ISBN: 84-922495-8-7

**m3m**: Monografías Tercer Milenio vol. 2, SEA, Zaragoza, Julio-2002. pp.: 55-68.

**RIBES**: Red Iberoamericana de Biogeografía y Entomología Sistemática. <http://entomologia.rediris.es/pribes>  
Coordinadores del proyecto:  
Dr. Jorge LLorente Bousquets (coord.)  
Dra. Cleide Costa (coord. adj.)

Coeditores del volumen:

**Sociedad Entomológica Aragonesa -SEA**  
<http://entomologia.rediris.es/sea>  
Avda. Radio Juventud, 37  
50012 Zaragoza (ESPAÑA)  
amelic@retemail.es

**CYTED**— Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo. Subprograma Diversidad Biológica. Coordinador Internacional: Dr. Peter Mann de Toledo

**RELAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE ESPÉCIES E O NÚMERO DE TÁXONES DE ALTO NÍVEL PARA A FAUNA DE ARTRÓPODES DOS AÇORES**

P. A. V. Borges<sup>1</sup>, C. Aguiar<sup>2</sup>, G. André<sup>2</sup>, H. Enghoff<sup>3</sup>, C. Gaspar<sup>2</sup>, C. Melo<sup>1</sup>, J. A. Quartau<sup>2</sup>, S. P. Ribeiro<sup>4</sup>, A. R. M. Serrano<sup>2</sup>, L. Vieira<sup>1</sup>, A. Vitorino<sup>1</sup> & J. Wunderlich<sup>5</sup>

**Use of Higher Taxa Richness as surrogate of Species Richness for the Azorean Arthropods**

**Summary**

In this contribution we examine the predictive power of numbers of higher taxa (orders, families and genera) as surrogates of species richness ("RESTAN" models – models based on linear relationship between species and higher taxa numbers) for the Azorean arthropod fauna. Recently, two large entomological and ecological studies were performed in the Azores, using standardized sampling protocols to estimate the diversity of arthropods in grassland and native forests. We use datasets available from those studies to address a few technical questions:

- what is the impact of using several measures of diversity (alpha, gamma and beta species diversity; Shannon-Wiener index of diversity; Evenness) based on numbers of families and genera for canopy arthropods? For instance, could be predicted that values of beta-diversity decrease with the use of higher-taxa estimates. All the measures of diversity could be used, being the genera the best predictor;
- how well behave the RESTAN models for functional groups of species like grass-feeding and web-building spiders in grasslands? The predictive power of higher-taxa is low using web-building spiders, due to few families being involved and some genera having many species locally represented;
- assuming at least one sample with no species then there will be also no higher-taxa in that sample. Consequently, the curve of the relationship between higher-taxa richness and species richness should be anchored to the origin ( $y = bx$ ). What is the predictive value of this model in comparison with the linear ( $y = a + bx$ ), log-log ( $\log y = a + b \log x$ ) and exponential ( $y = A \cdot e^{bx}$ ) models? The best fit was obtained with the linear model for the genus-species relationship, but the variables are not normally distributed and the log-log model should be preferable. For the family-species relationship the exponential model is the best. The linear model anchored to the origin ( $y = bx$ ) has some statistical pitfalls and was of less predictive value;
- in conservation studies what is the predictive value of higher-taxa in ranking protected areas? We found that the numbers of arthropod genera could successfully rank the Natural Forest Reserves as well as numbers of species (using endemic species dataset).

We found that in the Azores the predictions of species richness using higher-taxa are quite reasonable, mainly because of low levels of diversity. Therefore, cost-effective studies could use only genera, since the species richness of arthropods could be predicted reasonably closely from their genus-level richness. Family and order-level data were less informative for all datasets. We suggest that in the Azores as a consequence of the low levels of species diversification with a great proportion of monospecific genera, the use of parataxonomists trained in genus-level identification could be appropriate for sorting large numbers of ecological samples.

Endereço dos autores:

<sup>1</sup> Universidade dos Açores – Dep. de Ciências Agrárias, Terra-Chã, 9700-851 Angra do Heroísmo, Terceira, Açores, Portugal; E-Mail de P.A.V. Borges para correspondência: pborges@angra.uac.pt.

<sup>2</sup> Faculdade de Ciências de Lisboa (DZA), Centro de Biologia Ambiental, R. Ernesto de Vasconcelos, Ed. C2, 3º Piso, Campo Grande, P-1749-016 Lisboa.

<sup>3</sup> Zoologisk Museum, Universitetsparken 15, DK-2100 Koebenhavn, OE, Dinamarca.

<sup>4</sup> Dep. Biologia Geral/ICB, Universidade Federal de Minas Gerais, C.P. 486 CEP 30.161-970, Belo Horizonte, MG, Brasil

<sup>5</sup> Hindenburgstr. 94, D-75334 Straubenhardt, Alemanha.

## Resumo

Nesta contribuição pretendemos avaliar a aplicação dos modelos RESTAN, “Relação entre o número de Espécies e o número de Táxones de Alto Nível”, à fauna de artrópodes de vários habitats das ilhas dos Açores. Utilizamos várias bases de dados recentemente obtidas baseadas em amostragens estandardizadas de artrópodes epigeos do solo em florestas de áreas protegidas, artrópodes fitófagos e predadores de pastagens semeadas e semi-naturais e artrópodes da copa da árvore endêmica *Juniperus brevifolia*. Os modelos RESTAN são aplicados não só usando dados puramente taxonómicos, mas igualmente agrupando os taxa em termos de estratégias ecológicas (e.g. herbívoros, predadores) e de colonização das ilhas (e.g. endémicos). Deste modo pensamos poder avaliar a aplicabilidade destes modelos em estudos de estrutura de comunidades e de conservação. Para os Açores, a aplicação dos modelos RESTAN constitui uma forma muito prática e eficaz de obter estimativas de diversidade. De facto, em todas as matrizes de dados analisadas a riqueza de espécies pode ser estimada eficazmente usando apenas a riqueza em géneros, sendo a relação linear. Ao nível da família, os modelos estimadores possuem um menor poder explicativo e são melhor explicados por uma função exponencial. O escalonamento de Reservas Florestais Naturais dos Açores em termos de biodiversidade de artrópodes endémicos pode ser efectuado usando informação taxonómica ao nível do género. A aplicação de métodos de estimativa rápida de biodiversidade fica assim facilitada, podendo usar-se parataxonomistas bem treinados para o processo de triagem do grande número de amostras geralmente necessárias em estudos ecológicos. Discute-se igualmente a aplicabilidade dos modelos RESTAN a dados de diversidade alfa, beta e gama.

## Introdução

Os artrópodes e em particular os insectos são um grupo hiper-diverso e com grande importância para o funcionamento dos ecossistemas (May, 1988). No entanto, a aquisição de informação sobre a sua diversidade constitui uma tarefa deveras difícil não só pela falta de taxonomistas especializados como pelo tempo e custos que geralmente envolve (Weeks & Gaston, 1997; Wilson, 2000).

Uma tentativa para ultrapassar a primeira dificuldade consiste em usar parataxonomistas (*sensu* Basset & Novotny, 1999), para triar grande número de amostras em morfoespécies (Beattie & Oliver, 1994; Oliver & Beattie, 1996a, 1996b; Pik *et al.*, 2000).

O uso de táxones de níveis hierárquicos superiores aos da espécie (e.g. géneros, tribos, famílias) como preditores da diversidade relativa de locais tem vindo a ser proposta como uma alternativa mais eficaz em estudos desta índole sobre vários grupos de organismos (Gaston & Williams, 1993; Williams & Gaston, 1994; Williams *et al.*, 1994; Andersen, 1995; Gaston & Blackburn, 1995; Gaston *et al.*, 1995; Balmford *et al.*, 2000; Martín-Piera, 2000). Parece ser também razoável o uso da diversidade de géneros para seleccionar áreas para conservação (Vanderklift *et al.*, 1998; Balmford *et al.*, 2000; Polasky *et al.*, 2000). Esta situação é também corroborada pelo facto de que áreas ricas em espécies ameaçadas de extinção possuem, igualmente, elevada riqueza em géneros (Gaston & Blackburn, 1996). Foi igualmente encontrada uma relação positiva entre a riqueza em morfoespécies e de géneros com a riqueza em espécies, gerando padrões similares de hierarquização de habitats (Pik *et al.*, 1999). Por outro lado, a utilização de géneros e famílias varia em eficácia entre continentes para a selecção de “áreas quentes” (*hotspots*) em espécies de primatas (Harcourt, 2000) e nem sempre os taxa de nível hierárquico superior à espécie constituem bons indicadores de diversidade (Reyers *et al.*, 2000).

Os modelos RESTAN, “Relação entre o número de Espécies e o número de Táxones de Alto Nível” (RESTAR, *sensu* Martín-Piera, 2000), foram inicialmente propostos como uma forma de estimar a diversidade relativa em áreas de elevada riqueza de espécies ou para organismos hiper-diversos usando níveis hierárquicos de menor resolução. Em ilhas oceânicas isoladas, em que a fauna é geralmente menos diversa, estes modelos poderão ser muito úteis

evitando-se os custos inerentes a uma inventariação exaustiva ao nível específico. Por outro lado, está inerente de um modo geral ao género uma maior diversidade genotípica do que à espécie e por sua vez uma diversidade genotípica superior da família relativamente ao género, pelo que estes níveis podem constituir indicadores de diversidade potencialmente de grande valor em termos de biodiversidade.

Restam, no entanto, algumas questões por esclarecer e que constituem objectivos da presente contribuição: a) como variam diversas medidas de diversidade com a utilização dos géneros ou das espécies como estimadores de diversidade? Por exemplo, em princípio, a Beta diversidade deverá diminuir com a utilização de níveis hierárquicos superiores à espécie; b) como funcionam os modelos RESTAN para grupos ecológicos, como insectos comedores de gramíneas ou aranhas construtoras de teias em pastagens?; c) se não houver nenhum táxone superior à espécie num local, também não pode haver nenhuma espécie, pelo que a curva da relação riqueza de espécies - riqueza de táxones hierarquicamente superiores à espécie deverá passar pela origem. Consequentemente, qual a utilidade de modelos em que a curva passa pela origem ( $y = bx$ ) em comparação com o modelo linear ( $y = a + bx$ ), log-log ( $\log y = a + b \log x$ ) e exponencial ( $y = A \cdot e^{bx}$ )?; d) em estudos de conservação, qual é o valor dos géneros e das famílias no escalonamento de Reservas?

## Material e Métodos

### Área de estudo

Situado no Oceano Atlântico o arquipélago dos Açores é formado por nove ilhas e estende-se segundo uma linha NW/SE, com cerca de 615 km entre a ilha de S. Miguel e a ilha do Corvo. As ilhas que constituem este arquipélago estão distribuídas por três grupos: o Oriental, constituído pelas ilhas de São Miguel e Santa Maria; o Central, constituído pelas ilhas do Pico, Faial, S. Jorge, Graciosa e Terceira; e o Ocidental que engloba as ilhas do Corvo e das Flores. Geograficamente estas ilhas encontram-se numa latitude entre os 36° 55' N ( Santa Maria) e os 39° 43' N (Corvo) e em longitude entre os 24° 25' W (Ilhéus das Formigas) e os 31° 17' W (Flores). Esta localização coloca

o arquipélago no extremo N da Macaronésia, região biogeográfica que para além dos Açores, inclui os arquipélagos da Madeira, Canárias e Cabo Verde. O arquipélago, com uma superfície total aproximada de 2350 Km<sup>2</sup>, é constituído por ilhas de dimensões muito variadas. A maior ilha é S. Miguel com cerca de 759 Km<sup>2</sup>, enquanto que a ilha do Corvo, a menor, tem apenas 17 Km<sup>2</sup>. Para mais detalhes sobre este arquipélago ver Borges & Brown (1999) e sobre as suas Reservas Florestais Naturais ver Borges *et al.* (2000).

### As bases de dados

Recentemente vários estudos de comunidades de artrópodes têm vindo a ser realizados nos Açores (Borges, 1997; Borges & Brown, 1999, 2001; Borges *et al.*, 1999, 2000; Gaspar *et al.*, em prep.). Estes estudos permitem-nos o acesso a uma série de base de dados e matrizes de distribuição de espécies de artrópodes de elevado valor pelo facto de se basearem em amostragens padronizadas. Por outro lado, temos diferentes escalas de amostragem, desde a copa de árvores em transectos (Gaspar *et al.*, 2000), fauna de pastagens recentemente semeadas e semi-naturais em três ilhas (Borges, 1997; Borges & Brown, 1999, 2001) e fauna de artrópodes endémicos epígeos em Reservas Florestais Naturais (Borges *et al.*, 1999) de sete ilhas dos Açores.

As espécies de artrópodes foram classificadas sempre que possível em três categorias de colonização: nativas, endémicas e introduzidas. As espécies nativas chegaram às ilhas por meios próprios de dispersão a longa distância e são conhecidas igualmente de outras regiões. As espécies endémicas são aquelas que ocorrem apenas no arquipélago Açoreano como resultado quer da extinção nas regiões de origem (paleo-endemismos) ou por processos de especiação *in situ* (neo-endemismos).

### Análise estatística

Para a aplicação dos modelos RESTAN optou-se por testar vários modelos de regressão aos dados: o modelo linear simples ( $y = a + bx$ ); o modelo linear constrangido pela origem ( $y = bx$ ); o modelo log - log ( $\log y = a + b \log x$ ); e o modelo exponencial ( $y = A \cdot e^{b \cdot x}$ ). No presente estudo a variável dependente ou resposta é a riqueza de espécies ( $S$ ), enquanto que as variáveis independentes ou preditoras são as categorias taxonómicas hierarquicamente superiores, ou seja, a riqueza em número de géneros, famílias e ordens. O grau de predição de cada modelo foi avaliado usando o coeficiente de determinação  $r^2$ , o declive e o seu erro padrão da relação entre o número de espécies e o valor obtido pelas categorias taxonómicas hierarquicamente superiores em amostras padronizadas. Para todos os modelos aplicou-se o método de regressão ordinário dos quadrados mínimos.

Normalmente podem-se considerar vários tipos de riqueza de espécies, ou seja, riqueza alfa, gama e beta (*sensu* Whittaker, 1972; Magurran, 1988). No presente estudo iremos avaliar estas várias formas de quantificar a diversidade seguindo as seguintes definições operacionais: riqueza alfa como sendo o número médio de espécies (ou géneros, ou famílias) por amostra (no presente caso temos

20 amostras por local ou transecto na árvore *Juniperus brevifolia*); riqueza gama como sendo o número acumulado ou total de espécies (ou géneros, ou famílias) em 20 amostras (num transecto na árvore *Juniperus brevifolia*); a riqueza beta será calculada seguindo a razão entre riqueza gama e alfa através da expressão (Magurran, 1988; Harrison *et al.*, 1992):

$$\text{Beta} = (\text{Gama} / \text{alfa}) - 1$$

Para a mesma base de dados (fauna de artrópodes da copa de *Juniperus brevifolia*) iremos testar igualmente outras duas medidas de diversidade:

Índice de Diversidade de Shannon ( $H'$ )

$$H' = - \sum p_i \ln p_i,$$

em que  $p_i$  é  $n_i / N$ , ou seja, proporção de indivíduos de cada espécie (ou género, ou família) num transecto (Magurran, 1988).

Equitabilidade (E):

$$E = H' / \ln(S),$$

sendo  $H'$  o valor do índice de Shannon e  $S$  o número de espécies, géneros ou famílias.

Para tentar estabelecer as relações entre locais em termos de composição de espécies dos artrópodes das pastagens obtidos por Borges (1997), através de uma matriz de espécies de outra de géneros, fez-se uma análise de aglomerativa ("cluster") com o método agrupamentos de WARD (CAP, 1999). Com este método, em cada análise, todos os pares possíveis de locais são comparados entre si, e os dois grupos escolhidos para fusão são aqueles que produzem a menor variância (CAP, 1999).

Para estimar o número de espécies e géneros de artrópodes que ocorrem nas pastagens dos Açores utilizaram-se vários métodos de reamostragem:

– a curva de acumulação simples mas com reamostragem;

– o estimador de Presença/Ausência de Chao, método não paramétrico (Colwell & Coddington, 1995; Colwell, 1997; Anónimo, 1998):

$$S_{\max} = S_{\text{obs.}} + (a^2 / 2b)$$

em que,  $a$  = número de espécies ou géneros apenas encontradas numa amostra e  $b$  = número de espécies ou géneros apenas encontradas em duas amostras;

– o estimador JACKKNIFE (Colwell & Coddington, 1995; Colwell, 1997; Anónimo, 1998):

$$S_{\max} = S_{\text{obs.}} + a(n - 1 / n)$$

em que,  $n$  = número de locais e  $a$  = número de espécies ou géneros apenas encontradas numa amostra;

– estimação paramétrica da assíntota de Michaelis-Menten (Colwell & Coddington, 1995; Colwell, 1997; Anónimo, 1998):

$$S(n) = S_{\max} (1 - e^{-kn})$$

em que,  $k$  é a constante estimada e  $n$  o número de locais ou amostras.

Em todos os casos, fez-se correr o modelo 12 vezes de forma a remover o efeito da ordem das amostras (pastagens) e a ter uma melhor estimativa média do  $S_{\max}$ .

**Tabela I.**

Valores do declive e seu erro padrão (e.p.) assim como a percentagem de variância explicada ( $R^2$  ajustado) de quatro tipos de funções (linear; linear através da origem; log-log; exponencial) relacionando a riqueza em espécies (variável dependente ou resposta) com as estimativas de riqueza obtidas com os níveis taxonómicos géneros, famílias e ordens (variáveis independentes ou explicadoras) para a fauna de artrópodes de pastagens dos Açores, usando uma matriz com todas as espécies e outra apenas com as espécies endémicas (dados adaptados de Borges, 1997).

	Modelo	Declive	e.p.	$R^2$ ajustado	Significância
<b>Spp. vs. Géneros</b>					
<b>Todas as espécies</b>	Linear	1,06	0,0195	0,996	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,11	0,0071	0,904	$p < 0,001$
	log-log	0,95	0,0183	0,996	$p < 0,001$
	Exponencial	0,01	0,0004	0,990	$p < 0,001$
<b>Endemismos</b>	Linear	1,02	0,0506	0,973	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,05	0,0231	0,883	$p < 0,001$
	log-log	0,91	0,0691	0,940	$p < 0,001$
	Exponencial	0,16	0,0111	0,951	$p < 0,001$
<b>Spp. vs. Famílias</b>					
<b>Todas as espécies</b>	Linear	2,14	0,1970	0,914	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	2,42	0,0650	0,813	$p < 0,001$
	log-log	0,86	0,0784	0,915	$p < 0,001$
	Exponencial	0,03	0,0022	0,918	$p < 0,001$
<b>Endemismos</b>	Linear	1,16	0,0605	0,971	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,12	0,0257	0,881	$p < 0,001$
	log-log	0,98	0,0797	0,931	$p < 0,001$
	Exponencial	0,19	0,0113	0,961	$p < 0,001$
<b>Spp. vs. Ordens</b>					
<b>Todas as espécies</b>	Linear	15,39	6,1552	0,323	$p = 0,03$
	Linear (pela origem)	7,86	0,5891	0,201	n.s.
	log-log	1,98	0,7771	0,332	$p = 0,03$
	Exponencial	0,18	0,0712	0,334	$p = 0,03$
<b>Endemismos</b>	Linear	2,76	0,4882	0,737	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,99	0,1549	0,606	$p < 0,001$
	log-log	1,42	0,2092	0,803	$p < 0,001$
	Exponencial	0,46	0,0680	0,804	$p < 0,001$

Uma ordem de prioridade das Reservas Florestais Naturais foi desenvolvida por Borges *et al.* (1999, 2000), usando dados de riqueza de espécies de artrópodes. Esta ordem de prioridade foi correlacionada com outras baseadas em diferentes categorias taxonómicas utilizando-se um método não paramétrico, a correlação de Spearman ( $r_s$ ).

## Resultados

### Artrópodes de pastagens

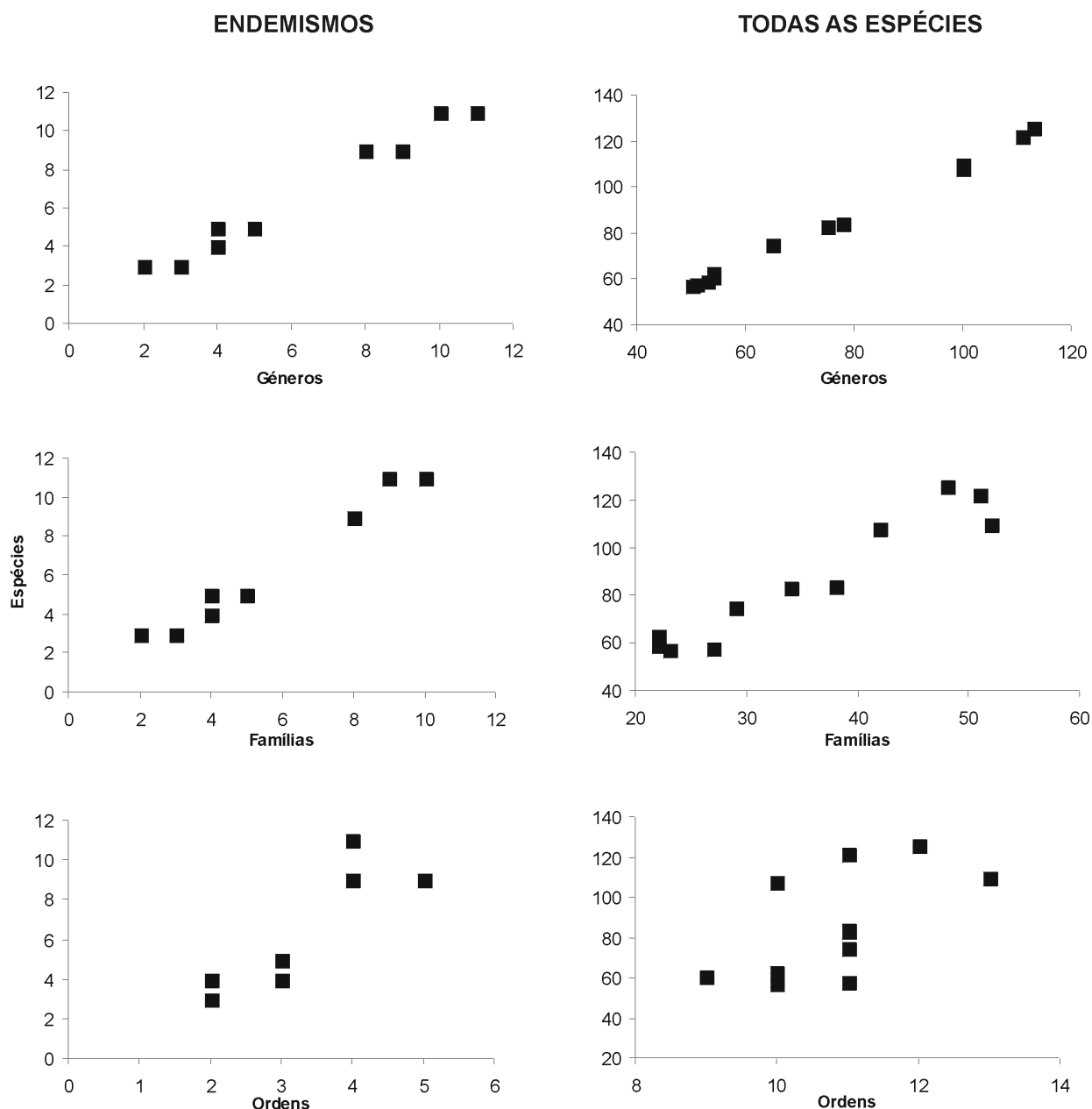
As relações entre a riqueza de espécies de artrópodes de pastagem (endémicos,  $S = 26$ ; totais,  $S = 237$ ) e os três táxones hierarquicamente superiores (variáveis independentes ou preditoras) são apresentadas na Fig. 1. Todas as relações são estatisticamente significativas (ver Tabela I), mas a percentagem de variação explicada diminui largamente na relação espécies vs. ordens. Em relação ao modelo que melhor descreve a relação, o modelo linear comporta-se bem, mas não segue os pressupostos da normalidade com os resíduos das regressões mostrando padrões. Em nenhuma situação a regressão através da origem possui um  $r^2$  superior (Tabela I). Os modelos log-log e exponencial comportam-se bem. Os géneros e famílias são bons preditores do número de espécies endémicas e totais, mas as

ordens não estão correlacionadas com a riqueza de espécies (ver Tabela I). Em consequência destes resultados, optou-se por excluir a categoria taxonómica ordens das análises que se seguem.

Como se pode observar na Fig. 2, ordenando as pastagens por ordem crescente de riqueza de espécies de artrópodes, o mesmo resultado foi obtido para as espécies e para os géneros em termos de percentagem acumulada destas categorias taxonómicas. Na Fig. 3 observa-se um padrão semelhante de agrupamento das pastagens com as matrizes de espécies e géneros, ou seja, ambas as matrizes são capazes de gerar o mesmo padrão estrutural de composição das comunidades de artrópodes.

As diferentes curvas de acumulação com reamostragem obtidas (Fig. 4) mostram dois tipos de resultados para as matrizes de espécies e géneros, ou seja, uma saturação mais evidente para os géneros do que para as espécies (Chao presença/ausência; Michaelis-Menten) e um mesmo padrão de incremento para as duas categorias taxonómicas (Jackknife; acumulação simples).

Quando se analisaram os dois grupos ecológicos de artrópodes, insectos comedores de gramíneas e aranhas construtoras de teias (Fig. 5; Tabela II), detectou-se uma ausência de poder preditivo das famílias, mantendo-se os géneros como bons preditores da riqueza de espécies



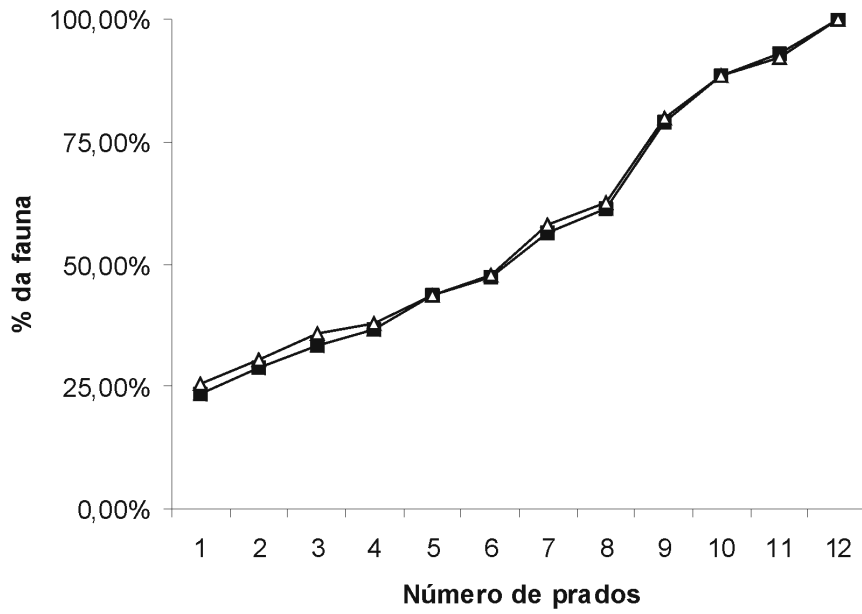
**Fig. 1.** Gráficos do número de espécies versus o número de taxa de nível hierárquico superior para os artrópodes de pastagens dos Açores usando uma matriz de espécies endêmicas e outra com todas as espécies (Borges, 1997) (ver Tabela I com análise estatística).

(Tabela II). Mais uma vez o modelo linear comporta-se bem em termos de percentagem de variação explicada mas mal em termos de distribuição dos resíduos. O constrangimento da recta pela origem não melhora os modelos de predição (Tabela II) e os modelos de predição funcionaram melhor para os insectos fitófagos do que para as aranhas construtoras de teias.

#### Artrópodes da copa

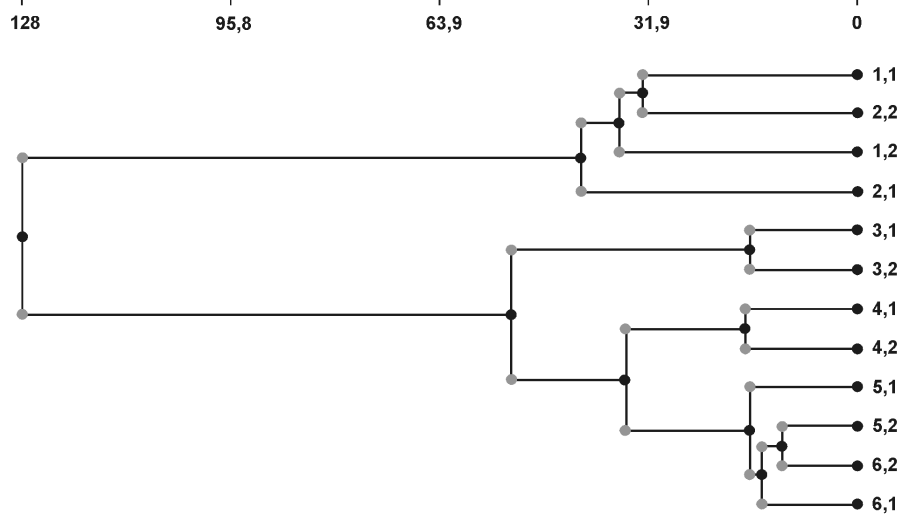
Para cinco medidas de diversidade, quer a matriz dos géneros quer a matriz das famílias mostraram uma elevada

correlação com a matriz das espécies ( $p < 0,001$ ) (Tabela III). Dos três modelos testados (linear, log-log, exponencial), os modelos log-log e exponencial foram os que melhor se aplicaram aos dados (Tabela III). Na Fig. 6 apresentam-se os modelos com um  $r^2$  maior para cada medida de diversidade. De realçar que, para quatro das cinco medidas de diversidade, a relação espécies vs. famílias é melhor explicada pelo modelo exponencial, enquanto que para a relação espécies vs. géneros o modelo exponencial apenas é mais significativo para duas medidas de diversidade (Fig. 6; Tabela III).

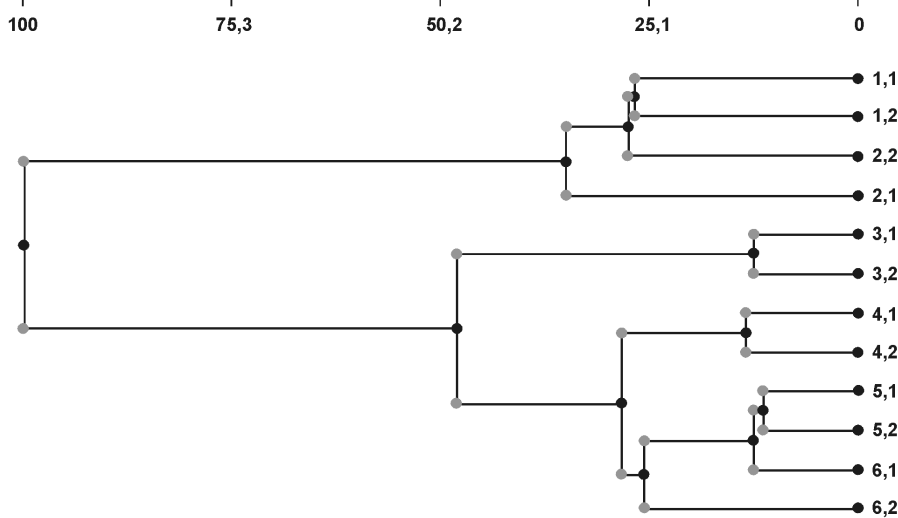


**Fig. 2.** Percentagem acumulada de espécies (quadrados escuros) e de géneros (triângulos abertos) ordenando as pastagens por ordem crescente de riqueza de espécies de artrópodes.

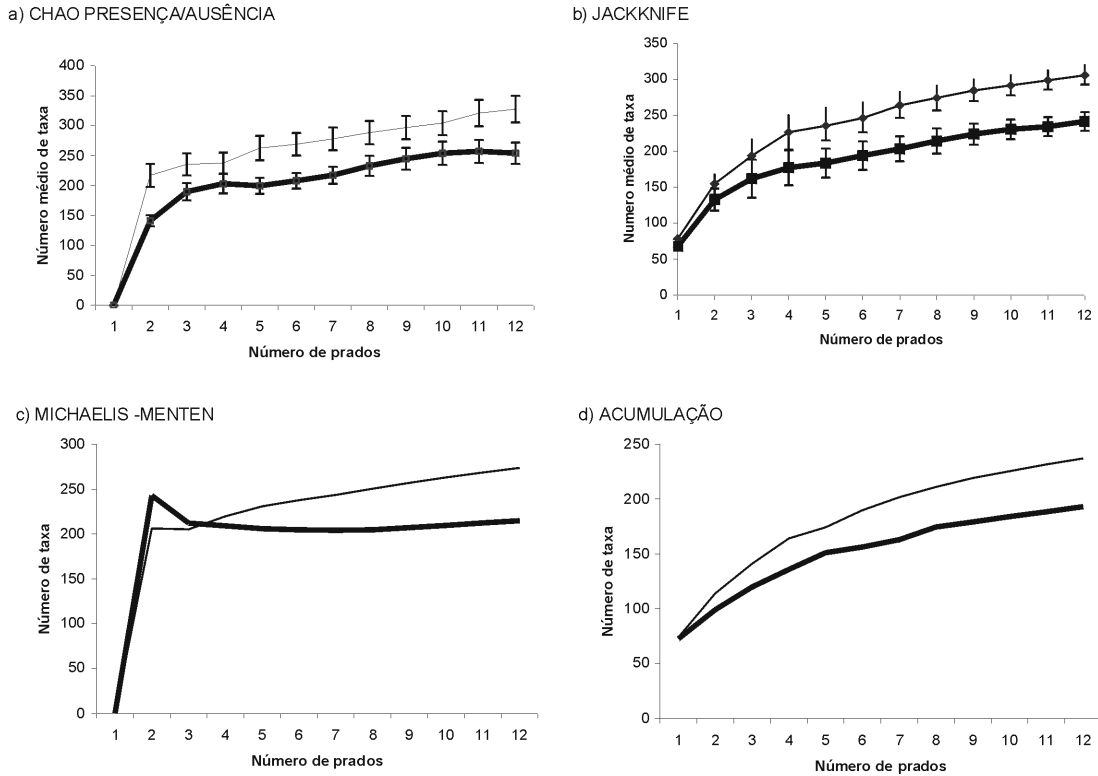
**a) ESPÉCIES**



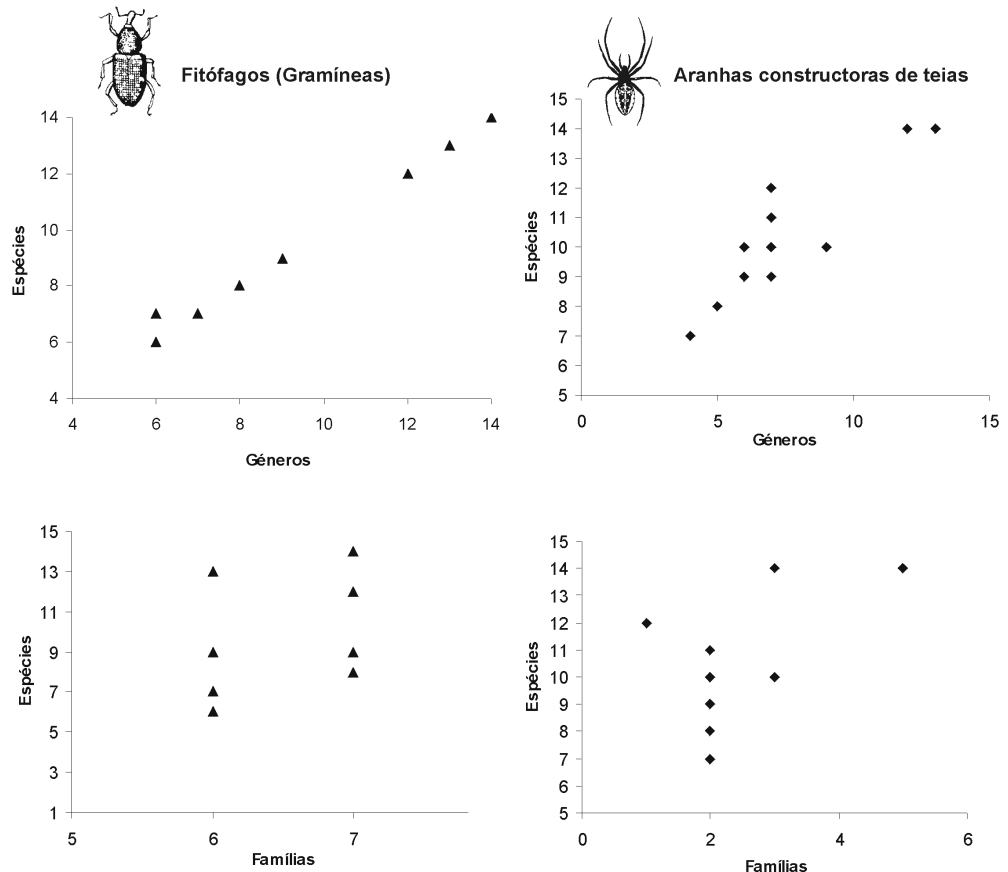
**a) GÉNEROS**



**Fig. 3.** Análise de agrupamentos (método de Ward) baseada na distribuição de espécies de artrópodes em 12 pastagens dos Açores (pastagens 1,1 a 6,2), usando uma matriz de presença ausência para as espécies (a) e para os géneros (b).

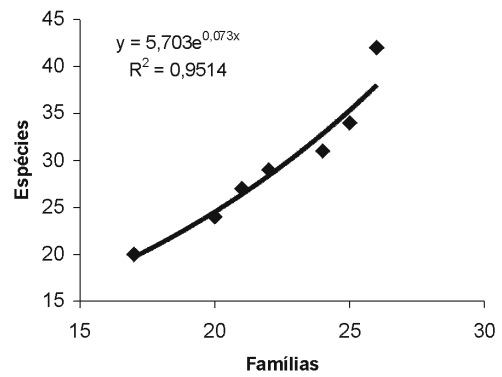
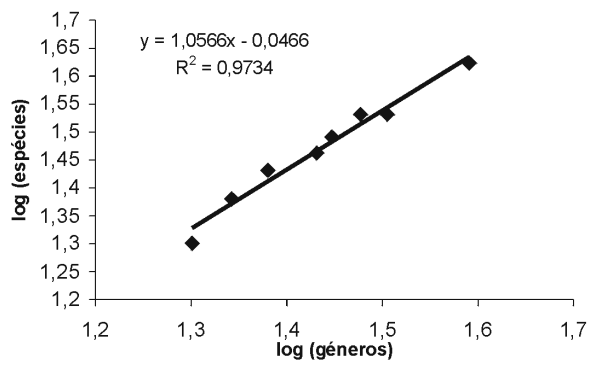


**Fig. 4.** Curvas de acumulação (número médio de taxa em 12 reamostragens  $\pm 1$  e.p.) incluindo todas as espécies de artrópodes amostradas em 12 pastagens dos Açores (Borges, 1997) correspondendo a curva mais fina a uma matriz de espécies e a curva mais grossa a uma matrix de géneros. Usou-se os estimadores não paramétricos Chao presença-ausência (a) e Jackknife (b), o estimador paramétrico Michaelis Menten (c) e uma curva de acumulação simples (d). Ver texto para mais explicações.

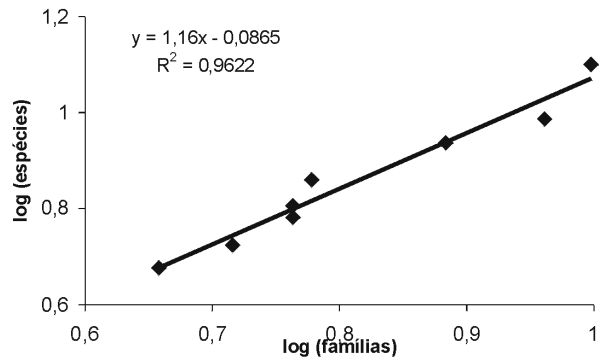
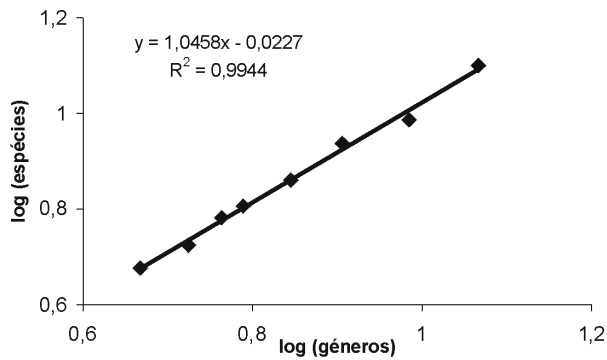


**Fig. 5.** Gráficos do número de espécies versus o número de taxa de nível hierárquico superior para os artrópodes de pastagens dos Açores usando uma matriz de espécies fitófagas comedoras de gramíneas e outra com aranhas constructoras de teias (dados de Borges & Brown, 2001) (ver Tabela II com análise estatística).

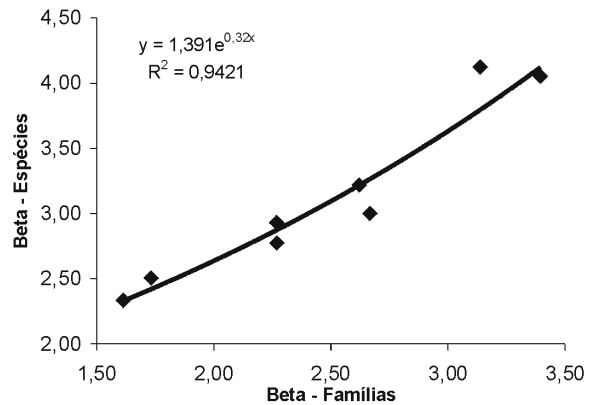
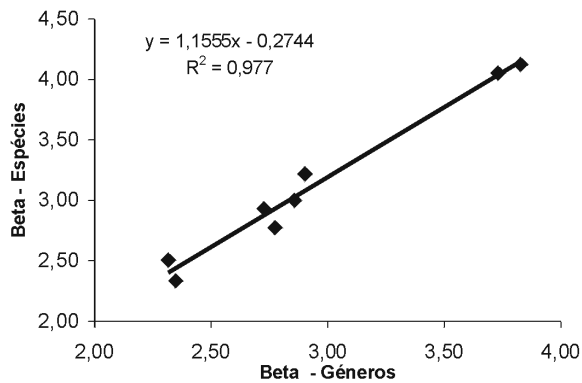
## RIQUEZA DE ESPÉCIES GAMA



## RIQUEZA DE ESPÉCIES ALFA



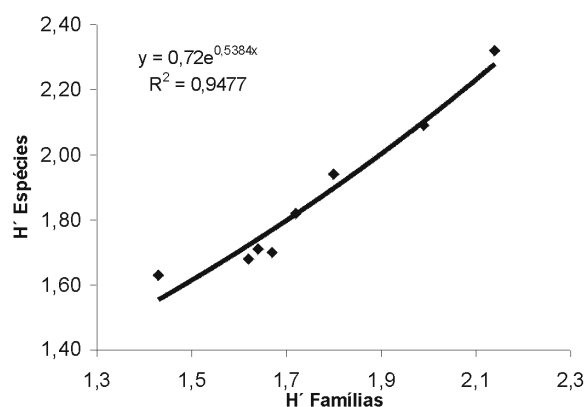
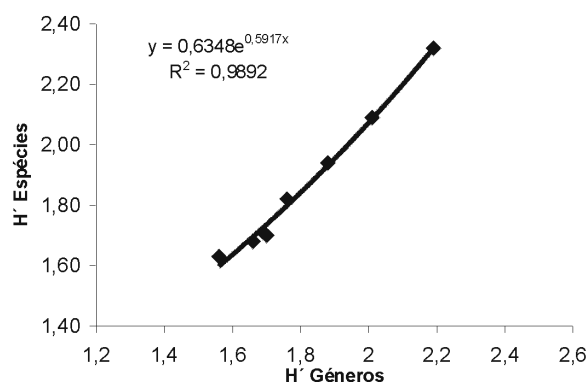
## BETA DIVERSIDADE (ÍNDICE DE WHITTAKER)



**Fig. 6.** Relação entre estimativas de várias medidas de diversidade obtidas para matrizes de espécies vs. géneros e espécies vs. famílias para a fauna de artrópodos da copa de *Juniperus brevifolia* nas ilhas Terceira e Flores (dados adaptados de Gaspar *et al.*, 2000) (ver Tabela III para mais detalhes).



## ÍNDICE DE DIVERSIDADE DE SHANNON (H')



## EQUITABILIDADE (E)

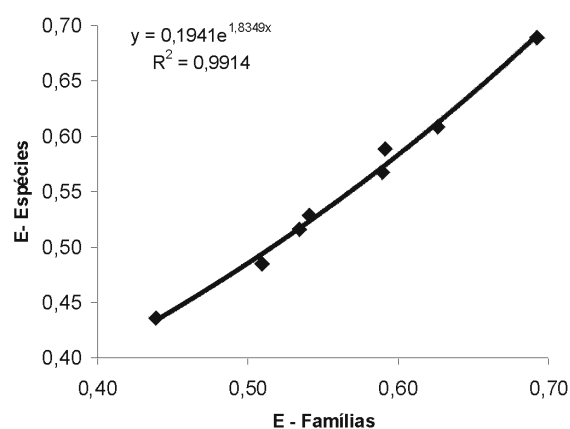
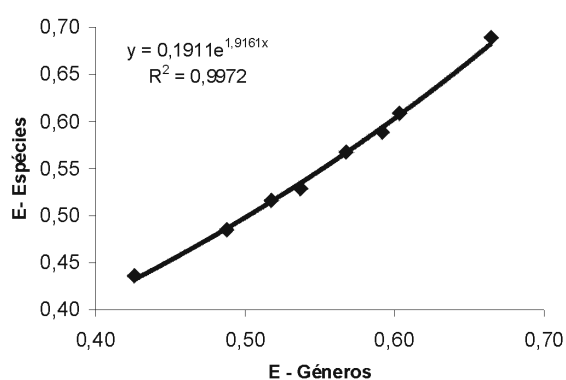


Fig. 6 (cont.)

Tabela II.

Valores do declive e seu erro padrão (e.p.) assim como a percentagem de variância explicada ( $R^2$  ajustado) de quatro tipos de funções (linear; linear através da origem; log-log; exponencial) relacionando a riqueza em espécies (variável dependente ou resposta) com as estimativas de riqueza obtidas com os níveis taxonômicos gêneros e famílias (variáveis independentes ou explicadoras) para a fauna de artrópodes de pastagens dos Açores, usando uma matriz com espécies fitófagas comedoras de gramineas e outra matriz com espécies de aranhas constructoras de teias (dados de Borges & Brown, 2001).

	Modelo	Declive	e.p.	$R^2$ ajustado	Significância
<b>Spp. vs. Gêneros</b>					
<b>Espécies Fitófagas</b>	Linear	0,96	0,033	0,99	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,01	0,009	0,89	$p < 0,001$
	log-log	0,92	0,046	0,97	$p < 0,001$
	Exponencial	0,10	0,005	0,97	$p < 0,001$
<b>Aranhas Constructoras de Teias</b>	Linear	0,71	0,115	0,77	$p < 0,001$
	Linear (pela origem)	1,32	0,073	0,06	n.s.
	log-log	0,55	0,086	0,78	$p < 0,001$
	Exponencial	0,07	0,012	0,73	$p < 0,001$
<b>Spp. vs. Famílias</b>					
<b>Espécies Fitófagas</b>	Linear	1,67	1,394	0,04	n.s.
	Linear (pela origem)	1,44	0,102	0,03	n.s.
	log-log	1,25	0,923	0,07	n.s.
	Exponencial	0,19	0,142	0,07	n.s.
<b>Aranhas Constructoras de Teias</b>	Linear	1,13	0,580	0,20	n.s.
	Linear (pela origem)	3,85	0,382	-1,66	n.s.
	log-log	0,18	0,158	0,03	n.s.
	Exponencial	0,10	0,057	0,16	n.s.

Tabela III.

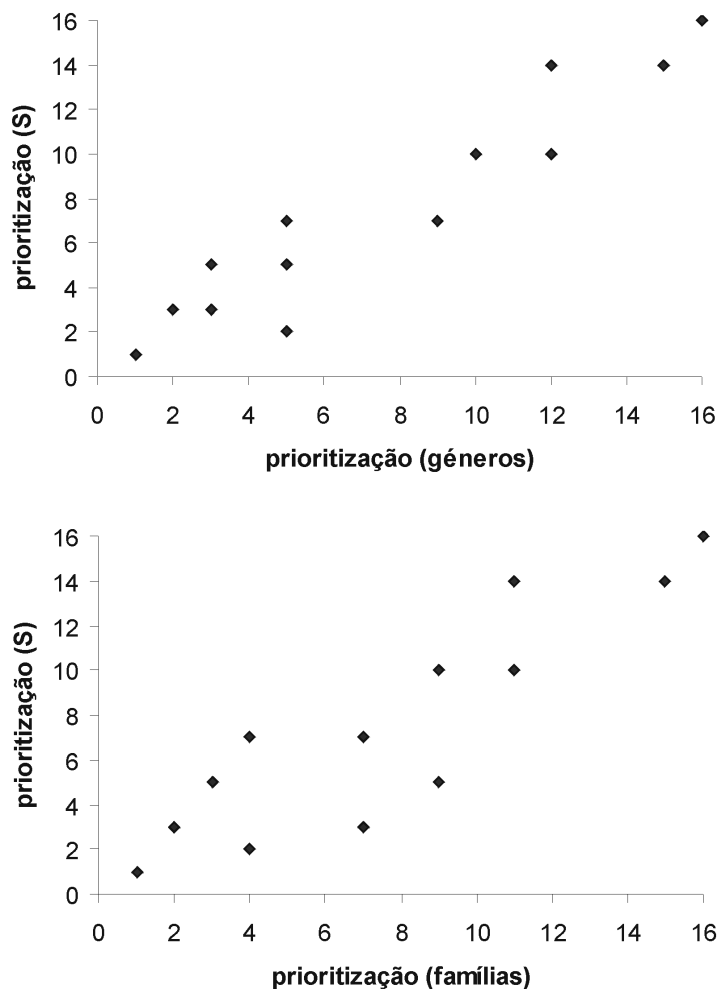
Valores do declive e seu erro padrão (e.p.) assim como a percentagem de variância explicada ( $R^2$  ajustado) de três tipos de funções (linear; log-log; exponencial) para cinco medidas de diversidade de artrópodes da copa de *Juniperus brevifolia*, relacionando estimativas obtidas com o nível taxonómico espécies (variável dependente ou resposta) com as estimativas obtidas com os níveis taxonómicos géneros e famílias (variáveis independentes ou explicadoras). A escuro os modelos com  $R^2$  superior.

	Modelo	Declive	e.p.	$R^2$ ajustado	Significância
<b>Riqueza Gama</b>					
Spp. vs. Géneros	Linear	1,018	0,07	0,96	<0,001
	<b>log-log</b>	<b>1,06</b>	<b>0,07</b>	<b>0,97</b>	<b>&lt;0,001</b>
	Exponencial	0,037	0,003	0,93	<0,001
Spp. vs. Famílias	Linear	2,09	0,29	0,88	<0,001
	log-log	1,55	0,16	0,93	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>0,07</b>	<b>0,006</b>	<b>0,94</b>	<b>&lt;0,001</b>
<b>Riqueza Alfa</b>					
Spp. vs. Géneros	Linear	1,09	0,04	0,99	<0,001
	<b>log-log</b>	<b>1,04</b>	<b>0,03</b>	<b>0,99</b>	<b>&lt;0,001</b>
	Exponencial	0,14	0,008	0,97	<0,001
Spp. vs. Famílias	Linear	1,31	0,12	0,94	<0,001
	<b>log-log</b>	<b>1,16</b>	<b>0,09</b>	<b>0,96</b>	<b>&lt;0,001</b>
	Exponencial	0,16	0,02	0,94	<0,001
<b>Beta Whittaker</b>					
Spp. vs. Géneros	<b>Linear</b>	<b>1,16</b>	<b>0,07</b>	<b>0,97</b>	<b>&lt;0,001</b>
	log-log	1,09	0,08	0,96	<0,001
	Exponencial	0,36	0,03	0,96	<0,001
Spp. vs. Famílias	Linear	1,01	0,13	0,90	<0,001
	log-log	0,75	0,09	0,90	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>0,32</b>	<b>0,03</b>	<b>0,93</b>	<b>&lt;0,001</b>
<b>Div. Shannon</b>					
Spp. vs. Géneros	Linear	1,15	0,05	0,98	<0,001
	log-log	1,09	0,06	0,98	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>0,59</b>	<b>0,03</b>	<b>0,99</b>	<b>&lt;0,001</b>
Spp. vs. Famílias	Linear	1,04	0,1	0,93	<0,001
	log-log	0,91	0,11	0,91	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>0,54</b>	<b>0,05</b>	<b>0,94</b>	<b>&lt;0,001</b>
<b>Equitabilidade</b>					
Spp. vs. Géneros	Linear	1,05	0,05	0,98	<0,001
	log-log	1,02	0,05	0,98	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>1,92</b>	<b>0,04</b>	<b>0,996</b>	<b>&lt;0,001</b>
Spp. vs. Famílias	Linear	1,01	0,04	0,98	<0,001
	log-log	1,02	0,05	0,98	<0,001
	<b>Exponencial</b>	<b>1,83</b>	<b>0,07</b>	<b>0,989</b>	<b>&lt;0,001</b>

Tabela IV.

Prioridade dada a 16 Reservas Florestais Naturais dos Açores em termos de fauna de artrópodes endémicos usando três categorias taxonómicas diferentes; espécies, géneros, famílias.

Reservas	Ilha	Categorias Taxonómicas		
		Espécies	Géneros	Famílias
Caveiro	Pico	1	1	1
Pico Alto	Santa Maria	2	5	4
Mistério da Prainha	Pico	3	3	7
Pico da Vara	São Miguel	3	2	2
Morro Alto e Pico da Sé	Flores	5	5	9
Graminhais	São Miguel	5	3	3
Lagoa do Caiado	Pico	7	9	7
Atalhada	São Miguel	7	5	4
Biscoito da Ferraria	Terceira	7	5	4
Caldeiras Funda e Rasa	Flores	10	10	9
Pico das Caldeirinhas	São Jorge	10	12	11
Picos do Carvão e da Esperança	São Jorge	10	12	11
Serra de St <sup>a</sup> Barbara e M. Negros	Terceira	10	10	11
Cabeço do Fogo	Faial	14	12	11
Pico do Arieiro	São Jorge	14	15	15
Vulcão dos Capelinhos	Faial	16	16	16



**Fig. 7.** Relação entre a prioridade dada a Reservas Florestais Naturais usando uma matriz de espécies com matrizes baseadas em géneros (a) e famílias (b) (dados extraídos de Borges *et al.*, 1999).

### Prioridade das Reservas Florestais Naturais (RFNs)

Existe uma boa correlação entre as matrizes de géneros e espécies ( $r_s = 0,94$ ;  $p = 0,0003$ ) e entre as matrizes de famílias e espécies ( $r_s = 0,88$ ;  $p = 0,0006$ ) para a ordem de prioridade obtida para as RFNs com base na sua fauna de artrópodes endémicos epígeos (Fig. 7). No entanto, uma análise em detalhe dos resultados obtidos (Tabela IV) mostra que a RFN do Pico Alto em S. Maria, segunda em termos de prioridade usando a riqueza em espécies, passa para quinta e quarta em termos de géneros e famílias respectivamente. As RFNs do Mistério da Prainha (Pico) e Morro Alto (Flores) perdem também (alguma) prioridade na matriz de famílias.

### Discussão

Os modelos RESTAN (= RESTAR *sensu* Martín-Piera, 2000) podem constituir uma forma prática e com custos financeiros mais baixos para executar estudos de estimativas da biodiversidade. Vários autores já demonstraram a

sua aplicabilidade (Gaston & Williams, 1993; Williams & Gaston, 1994; Williams *et al.*, 1994; Andersen, 1995; Gaston & Blackburn, 1995; Gaston *et al.*, 1995; Balmford *et al.*, 2000; Martín-Piera, 2000), embora o modelo de regressão a aplicar deva ser determinado para cada tipo de dados.

A utilização de categorias taxonómicas de nível hierárquico superior ao da espécie, como os géneros ou as famílias, para prever a diversidade de áreas naturais só terá interesse se demonstrada empiricamente a sua aplicabilidade com redução de custos sem comprometer a qualidade dos resultados obtidos (Williams & Gaston, 1994; Gaston & Blackburn, 1995). No presente estudo demonstrámos que, pelo menos, a riqueza em géneros pode ser usada como medida de diversidade para os artrópodes de pastagens e da copa de árvores dos Açores. Assim, qualquer necessidade futura de estimar rapidamente o valor da diversidade de vários fragmentos de floresta natural dos Açores pode ser efectuada com o uso de parataxonomistas treinados a identificar os principais géneros de grupos de artrópodes indicadores. Para tal, basta construir boas

coleções de referência e fazer uma identificação tipo “morfogénero”, uma analogia com o termo morfoespécie (Oliver & Beattie, 1996a, b; Pik *et al.*, 2000).

Para os Açores, em que a diversidade de artrópodes é relativamente baixa, pode-se questionar a aplicabilidade dos modelos RESTAN, já que com um pouco mais de esforço se consegue identificar a maior parte das espécies. No entanto, tal implica sempre um acréscimo de esforço de um ou mais taxonomistas experimentados. A vantagem dos modelos RESTAN reside também na possibilidade de se usar mão de obra menos especializada na triagem de grandes quantidades de amostras, tarefa muito morosa em estudos ecológicos e de conservação.

A escala em que os estudos são efectuados deve ser igualmente equacionada. No presente estudo demonstrámos que, estudando a fauna de artrópodes de pastagens espalhadas por diferentes ilhas ou a fauna de artrópodes na copa de uma árvore, não foi alterada a eficácia dos modelos RESTAN.

Quanto aos modelos de regressão a utilizar, o modelo linear tem a vantagem de nos permitir uma predição mais directa da riqueza de espécies, mas como sucedeu com os dados investigados no presente estudo, tem como desvantagem o facto de, na maior parte das situações, as variáveis não possuírem uma variância constante e não serem lineares, possuindo os resíduos padrões de distribuição que não são ao acaso. Deste modo, o modelo log-log ao normalizar as variáveis, possui largas vantagens em termos de rigor estatístico, sendo mais poderoso nas previsões que permite.

Quanto à possibilidade de compelir a curva à origem ( $y = bx$ ), este modelo tem lógica em termos biológicos, ou seja, o número de espécies deve ser zero quando o número de géneros ou famílias for zero para uma determinada amostra e a curva deve passar pela origem. No entanto, este modelo mostrou-se pouco eficaz para as bases de dados investigadas. De facto, mesmo em termos analíticos o modelo pode ser alvo de várias críticas por diversas razões: a) forçando a curva pela origem podemos estar a aumentar de forma irreal o declive da recta principalmente se a ordenada na origem for realmente maior do que zero. Como consequência, estamos a ampliar a relação positiva entre duas variáveis; b) se os dados não contêm valores da variável independente e dependente igual a zero ou próximo de zero, então estaremos a extrapolar para além dos limites dos dados o que pode ser perigoso em regressão (Fry, 1992); c) se houver uma amostragem insuficiente nas comunidades mais ricas haverá uma tendência para a ordenada na origem não passar pelo ponto zero-zero (Griffiths, 1999). Consequentemente, podemos estar a criar uma relação curvilínea nos dados que não é real. Deste modo, não se pode aconselhar o modelo  $y = bx$  em futuras aplicações dos modelos RESTAN (= RESTAR).

Tal como em Martín-Piera (2000), o modelo exponencial parece comportar-se bem, principalmente se as famílias forem consideradas a variável preditora da riqueza de espécies.

No presente estudo tentámos aplicar os modelos RESTAN a grupos ecológicos como os insectos comedores de gramíneas e as aranhas construtoras de teias. Os resultados obtidos não foram tão bons como os conseguidos para

a comunidade global de artrópodes das pastagens dos Açores. As razões para tal circunstância derivam do facto de a matriz de espécies de aranhas construtoras de teias ser constituída por vários géneros com muitas espécies, estando poucas famílias envolvidas. Assim, para estudos detalhados de hábitos ecológicos, os modelos RESTAN devem ser utilizados com alguma restrição. Estes padrões poderão implicar que poderá haver alguma dificuldade na aplicação dos modelos RESTAN em comunidades com alta radiação de espécies por género. No entanto, tal não é necessariamente verdade, pois depende da distribuição espacial dessas espécies.

No presente estudo investigou-se igualmente a aplicabilidade dos modelos RESTAN ao sub-grupo das espécies endémicas das pastagens. Os modelos apresentaram um elevado valor preditivo, principalmente para os géneros e famílias. No entanto, algumas questões pertinentes podem-se colocar, já que se para os hábitos ecológicos a identificação do género e família nos dá uma boa indicação, no caso dos endemismos a identificação de um género e de uma família não nos dá nenhuma pista se o táxone em causa é endémico ou não de uma fauna. No caso dos Açores, em que existem muitos géneros com apenas espécies endémicas e monoespecíficos por ilha (Borges 1990, 1992; Borges *et al.*, 2000), esta dificuldade pode ser superada. No entanto, tendo sido efectuado um estudo prévio de uma determinada comunidade, pode depois aferirse acerca da possibilidade de utilizar os géneros como preditores da riqueza de espécies endémicas.

Um outro aspecto que explorámos no presente ensaio teve a ver com o poder preditivo dos modelos RESTAN em termos de eleger o grau de prioridade de áreas protegidas tendo como base os artrópodes epígeos do solo, das RFNs dos Açores. Os resultados não foram completamente satisfatórios, embora aceitáveis. De facto, em termos de riqueza em géneros, foram penalizadas as RFNs com géneros com várias espécies endémicas. No entanto, as cinco RFNs prioritárias baseadas na riqueza de espécies mantiveram-se do mesmo modo nos cinco primeiros lugares, tendo em consideração a riqueza de géneros (ver Tabela IV).

Ficou igualmente demonstrada a possibilidade de usar a riqueza de géneros em estudos de ecologia de comunidades (ver Figs. 3 e 4) e, em termos práticos, os modelos RESTAN podem ser aplicados igualmente a várias medidas de riqueza de espécies, nomeadamente à riqueza alfa, gama e beta.

## Conclusões

Com base nos resultados obtidos podemos retirar as seguintes conclusões:

- Por razões diversas, em termos analíticos não se aconselha a utilização nem do modelo linear nem do modelo linear com constrangimento pela origem;
- o modelo log-log e o modelo exponencial resolvem grande parte dos problemas, recomendando-se as funções curvilineares para a relação espécies vs. famílias;

- os modelos RESTAN (= RESTAR) devem ser usados com cuidado em estudos de grupos ecológicos restritos, ou em situações em que haja a necessidade de diferenciar entre táxones endémicos, nativos e exóticos, e onde a identificação apenas do género torna muito difícil o conhecimento do estatuto de origem do táxone em questão;
- é também necessário conhecer um pouco sobre a taxa de especiação local dos géneros alvo, já que o poder de predição diminui com o aumento local de espécies por género;
- os modelos RESTAN funcionam bem para várias medidas de diversidade (alfa, gama, beta, índice de Shannon);
- pode-se aplicar os modelos RESTAN a estudos de estimação rápida da biodiversidade em que se pretenda obter o grau de prioridade de áreas a proteger, desde que se assuma um certo intervalo de confiança e se seleccione como mais prioritárias uma fracção importante das mesmas;
- com o uso dos modelos RESTAN a aplicação de métodos de estimativa rápida de biodiversidade fica assim facilitada, podendo usar-se parataxonomistas bem treinados para o processo de triagem do grande número de amostras geralmente necessárias em estudos ecológicos.

### Agradecimento

Este trabalho não teria sido possível sem a contribuição de um grande grupo de taxonomistas que contribuíram para a identificação das morfoespécies: A. Baz (Depto. de Biologia Animal, Univ. de Alcala, Espanha), J. Hollier (Glebe, U.K.), J. Ribes (Barcelona, Espanha), G. Watson, R. Booth e G. J. du Heaume (International Institute of Entomology, Londres, U.K.), F. Ilharco (Estação Agronómica Nacional, Portugal), R. Blackman (The Natural History Museum, Londres, U.K.), R. zur Strassen (Forschungsinstitut und Naturmuseum Senckenberg, Frankfurt, Alemanha), V. Vieira (Depto. Biologia da Universidade dos Açores, Portugal), D. Erber (Giessen-Lahn, Alemanha), V. J. Monserrat (Universidad Complutense de Madrid, Espanha).

P. A. V. Borges foi bolseiro da JNICT (“Junta Nacional de Investigação Científica e Tecnológica”, Lisboa, Portugal) (1993-1997), C. Melo foi bolseira da FCT (Fundação da Ciência e Tecnologia) (2000). O Governo Regional dos Açores através de dois Projectos, uma bolsa oferecida a P. A. V. Borges (1994-1996) e projecto “Reservas Florestais dos Açores: Cartografia e inventariação dos Artrópodes endémicos dos Açores” (Proj. 17.01 – 080203) (1998-2001). Os meus mais sinceros agradecimentos a Serviços Florestais e Ambiente dos Açores (Secretaria Regional da Agricultura e Pescas) pelo apoio logístico.

## Bibliografia

- ANDERSEN, A. N. 1995. Measuring more of Biodiversity: Genus richness as a surrogate for species richness in Australian ant Faunas. *Biological Conservation* **73**: 39-43.
- ANÓNIMO 1998. *Species diversity & Richness -Projecto Mami-raua, Version 2*. Pisces Conservation Ltd.
- ASTON, K. J. & T. M. BLACKBURN 1996. The Spatial distribution of threatened species: macroscales and New World birds. *Proceedings of the Royal Society of London B* **263**: 235-440.
- BALMFORD, A., A. J. E. LYON & R. M. LANG 2000. Testing the higher-taxon approach to conservation planning in a megadiverse group: the macrofungi. *Biological Conservation* **93**: 209-217.
- BASSET, Y. & V. NOVOTNY 1999. Species richness of insect herbivore communities on Ficus in Papua New Guinea. *Biological Journal of the Linnean Society* **67**: 477-499.
- BEATTIE, A. J. & I. OLIVER 1994. Taxonomic minimalism. *Trends in Ecology and Evolution* **9**: 488-490.
- BORGES, P. A. V. 1990. A checklist of Coleoptera from the Azores with some systematic and biogeographic comments. *Boletim do Museu Municipal do Funchal* **42**: 87-136.
- BORGES, P. A. V. 1992. Biogeography of the Azorean Coleoptera. *Boletim do Museu Municipal do Funchal* **44**: 5-76.
- BORGES, P. A. V. 1997. *Pasture arthropod community structure in Azorean islands of different geological age*. Ph.D. Thesis, Imperial College, University of London
- BORGES, P. A. V., C. AGUIAR, G. ANDRÉ, H. ENGHOFF, C. GASPAR, C. MELO, F. PEREIRA, J. A. QUARTAU, S. RIBEIRO, I. ROSÁRIO, L. SCHMIDT, A. R. M. SERRANO, A. B. SOUSA, L. VIEIRA, A. VITORINO & J. WUNDERLICH 1999. *Reservas Florestais dos Açores: Cartografia e Inventariação dos Artrópodes Endémicos dos Açores (Relatório do 2º Ano)*. Universidade dos Açores, Angra do Heroísmo.
- BORGES, P. A. V. & V. K. BROWN 1999. Effect of island geological age on the arthropod species richness of Azorean pastures. *Biological Journal of the Linnean Society* **66**: 373-410.
- BORGES, P. A. V. & V. K. BROWN 2001. Phytophagous insects and web-building spiders in relation to pasture vegetation complexity. *Ecography* **24**: 68-82.
- BORGES, P. A. V., A. R. M. SERRANO & J. A. QUARTAU 2000. Ranking the Azorean Natural Forest Reserves for conservation using their endemic arthropods. *Journal of Insect Conservation* **4**: 129-147.
- CAP 1999. *Community analysis package (CAP) - a program to search for structure in ecological community data, Version 1.1*. Pisces Conservation Ltd.
- COLWELL, R. K. 1997. *EstimateS, statistical estimation of species richness and shared species from samples*. Version 5. User's Guide & application published at <http://viceroy.eeb.uconn.edu/estimates>.
- COLWELL, R. K. & J. A. CODDINGTON 1995. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. In D. L. HAWKSWORTH (ed.) *Biodiversity, Measurement and estimation*. Pp. 101-118, Chapman & Hall, London.
- FRY, J. C. 1992. Bivariate regression. In J. C. FRY (ed.) *Biological Data Analysis - a Practical Approach*. Pp 81-122. Oxford University Press, Oxford.
- GASPAR, C., P. A. V. BORGES & J. A. QUARTAU 2000. Testing the area and nested subset hypotheses on arthropods in the Natural Forest Reserves of Terceira and Flores islands (Azores). Tese de Licenciatura, Faculdade de Ciências de Lisboa, Lisboa.
- GASTON, K. J. & T. M. BLACKBURN 1995. Mapping biodiversity using surrogates for species richness: macro-scales and New World birds. *Proceedings of the Royal Society of London B* **262**: 335-341.
- GASTON, K. J. & P. H. WILLIAMS 1993. Mapping the world's species - the higher taxon approach. *Biodiversity Letters* **1**: 2-8.
- GASTON, K. J., P. H. WILLIAMS, P. EGGLETON & C. J. HUMPHRIES 1995. Large scale patterns of biodiversity: spatial variation in family richness. *Proceedings of the Royal Society of London B* **260**: 149-154.
- GRIFFITHS, D. 1999. On investigating local-regional species richness relationships. *Journal of Animal Ecology* **68**: 1051-1055.
- HARCOURT, A. H. 2000. Coincidence and mismatch of biodiversity hotspots: a global survey for the order, primates. *Biological Conservation* **93**: 163-175.
- HARRISON, S., S. J. ROSS & J. H. LAWTON 1992. Beta diversity on geographic gradients in Britain. *Journal of Animal Ecology* **61**: 151-158.
- MAGURRAN, A. E. 1988. *Ecological Diversity and Its Measurement*. Princeton University Press, London
- MARTÍN-PIERA, F. 2000. Estimaciones prácticas de biodiversidad utilizando táxones de alto rango em insectos. In MARTÍN-PIERA, F., J. J. MORRONE & A. MELIC (Eds.). *Hacia un Proyecto CYTED para el Inventario y Estimación dela Diversidad Entomológica en Iberoamérica: PrIBES-2000*. Pp. 35-54. M3m: Monografías Tercer Milenio, Vol.1 SEA, Zaragoza.
- MAY, R. M. 1988. How many Species are There on Earth?. *Science* **241**: 1441-1449.
- OLIVER, I. & A. J. BEATTIE 1996a. Invertebrate Morphospecies as Surrogates for Species: a case study. *Conservation Biology* **10**: 99-109.
- OLIVER, I. & A. J. BEATTIE 1996b. Designing a Coast-Effective Invertebrate survey: A test of Methods for rapid assessment of biodiversity. *Ecological Applications* **6**: 594-607.
- PIK, A. J., I. OLIVER & A. J. BEATTIE 1999. Taxonomic sufficiency in ecological studies of terrestrial invertebrates. *Australian Journal of Ecology* **24**: 555-562.
- POLASKY, S., J. D. CAMM, A. R. SOLOW, B. CSUTI, D. WHITE & R. DING 2000. Choosing reserve networks with incomplete species information. *Biological Conservation* **94**: 1-10.
- REYERS, B., A. S. VAN JAARSVELD & M. KRUGER 2000. Complementarity as a biodiversity indicator strategy. *Proceedings of the Royal Society of London B* **267**: 505-513.
- VANDERKLIFT, M. A., T. J. WARD & J. C. PHILLIPS 1998. Use of assemblages derived from different taxonomic levels to select areas for conserving marine biodiversity. *Biological Conservation* **86**: 307-315.
- WEEKS, P. J. D. & K. J. GASTON 1997. Image analysis, neural networks, and the taxonomic impediment to biodiversity studies. *Biodiversity and Conservation* **6**: 263-274.
- WHITTAKER, R. H. 1972. Evolution and measurement of species diversity. *Taxon* **21**: 213-251.
- WILLIAMS, P. H. & K. J. GASTON 1994. Measuring more of biodiversity: Can higher - taxon richness predict wholesale species richness?. *Biological Conservation* **67**: 211-217.
- WILLIAMS, P. H., C. J. HUMPHRIES & K. J. GASTON 1994. Centres of seed-plant diversity: the family way. *Proceedings of the Royal Society of London B* **256**: 67-71.
- WILSON, E. O. 2000. On the future of Conservation Biology. *Conservation Biology* **14**: 1-3.