

Métodos Ecológicos y de Análisis Estadístico
No Paramétrico en Parasitología



Gustavo A. Morales C

Dedicatoria

Luz Arelis Pino de Morales

A la memoria de mi compañera de vida desde que éramos jóvenes estudiantes universitarios ávidos de vivir, compartiendo nuestro espíritu aventurero con nuestra pasión por el estudio. Excelente esposa, amiga, compañera, investigadora y madre que supo inculcar valores y principios a nuestras queridas hijas Luz Aimara, Luz Ainai y Luz Alejandra y que hoy constituye para ellas, un ejemplo a seguir y gran motivo de orgullo, y para mí una huella imborrable de amor y admiración.

INTRODUCCIÓN	9
Capítulo I.....	13
Conceptos Básicos en Ecología de Parásitos	13
Objetivos	13
Conceptos.....	13
1. Sinecología:.....	13
2. Comunidad:	13
3. Nomocenosis:	14
4. Parasitocenosis:	14
5. Guilde:.....	14
6. Hábitat:.....	14
7. Biotopo:.....	15
8. Nicho:.....	15
9. Población y especie biológica:	15
10. Infra población:	16
11. Supra población:.....	16
12. Parasitismo:	16
13. Prevalencia:	17
14. Abundancia:	19
15. Intensidad Promedio:.....	20
16. Densidad:.....	20
17. Incidencia:	20
18. Frecuencia o dominancia:.....	21
19. Fidelidad o Bioíndice:	22
20.Índice de Dominancia de la Comunidad:	23
21.Índice de Importancia Relativa:	26
CAPITULO II	29
Distribución Estadística y Disposición Espacial	29
Objetivos	29
Distribución de los datos y su relación con la disposición o arreglo espacial de las poblaciones.....	29
1.Índices Para Evaluar la distribución estadística de los datos	32
1.1Razón Varianza / Media.....	32
1.2. Índice de dispersión de Morisita	34
1.3. Ley del poder de Taylor	37
2. Estimación de K a partir de la media y la varianza	37

3. Cálculo del coeficiente de agregación K y del coeficiente de agregación común Kc	40
4. Estimación del tamaño de la muestra usando el parámetro K de la distribución binomial negativa	41
5. Cálculo del coeficiente de variación de la media en datos con distribución binomial negativa.	43
6. Uso del Parámetro de Contagio K en la obtención de valores estimados de la Prevalencia y la Abundancia.....	44
6.1 Prevalencia Estimada	44
6.2 Abundancia Estimada.....	44
7. Importancia de la sobredispersión en hospedadores infestados en condiciones naturales ..	46
CAPITULO III	50
Modelos de Distribución de Abundancias.....	50
Objetivos	50
Modelos de distribución de abundancias	50
1. Medición de la Distribución de Abundancias	51
2. Modelos de Distribución de Abundancias.....	52
2.1 Modelo de la serie geométrica de Motomura	54
2.2 Modelo log normal de Preston	62
2.3 Modelo de MacArthur o modelo del bastón o de la vara partida.	70
CAPITULO IV	80
Medición de la Riqueza y de la Diversidad Especifica	80
Objetivos	80
1. Riqueza Especifica	80
2. Diversidad especifica:	81
3. Tipos de Diversidad	82
4. Índices de Abundancia Proporcional.....	83
4.1 Índices de Equidad	83
Índices basados en la Teoría de la Información	84
4.1.1 Diversidad Específica Índice de Shannon	84
4.1.2 Diversidad Máxima	86
4.1.3 Equitabilidad o Equidad de Pielou	86
4.1.4 Índice de Diversidad Especifica de Shannon e Índice Equitabilidad de Buzas y Gibson empleando logaritmos neperianos	91
4.1.5 Análisis SHE	93
4.1.6 Índice de diversidad de Margalef	94
4.2.1 Indices basados en la abundancia Proporcional	95
4.2.2 Índice de Gleason	98

4.2.3 Índice de Diversidad de Menhinic.....	98
4.3 Índices de Dominancia.....	99
4.3.1 Índice de Simpson.....	99
4.3.2 Índice D de McIntosh.....	101
4.3.3 Índice de Berger – Parker.....	102
5. Número efectivo de especies o Número Equivalente de Especies.....	103
5.1.1 Índice de Berger – Parker para el cálculo del Número Equivalente de Especies.....	105
5.1.2. Índice de Simpson para el cálculo del Número Equivalente de Especies.....	105
5.1.3. Índice de Shannon para el cálculo del Número Equivalente de Especies.....	106
6. Diversidad Beta.....	107
6.1 Coeficientes de Similaridad.....	108
6.1.1 Coeficiente de Similaridad de Sorensen.....	108
6.1.2 Coeficiente de Similaridad de Jaccard.....	109
6.1.3 Complementaridad.....	109
7. Medición Cualitativa de la Afinidad.....	110
7.1.1 Índice de Afinidad de Fager.....	110
Capítulo V.....	117
Estadística No Paramétrica.....	117
Objetivos.....	117
Métodos estadísticos no paramétricos en el análisis de datos parasitológicos.....	117
Ventajas y desventajas de los métodos estadísticos no paramétricos.....	118
1. Caso de una muestra:.....	121
1.1 Prueba de Ji-cuadrado de una muestra (Prueba de Bondad de ajuste).	121
1.2. Prueba de las rachas para una muestra basada en la mediana.....	125
2. Caso de dos muestras relacionadas:.....	127
2.1 Prueba de McNemar para evaluar la significación de los cambios.....	127
2.2 Prueba de los signos.....	129
2.3 Prueba de los rangos señalados y pares igualados de Wilcoxon.....	131
3. Caso de dos muestras independientes:.....	133
3.1 Prueba de Wald Wolfowitz (Prueba de las rachas para dos muestras independientes).....	133
3.2 Prueba de Ji-cuadrado para dos muestras independientes.....	136
Comparación entre dos reparticiones observadas.....	137
3.3. PRUEBA DE LA MEDIANA O PRUEBA DE MOOD.....	139
3.4 Prueba U de Mann y Whitney.....	141
3.5. Prueba para la diferencia de proporciones (Comparación entre dos porcentajes independientes).....	143

4. Caso de varias muestras relacionadas:	144
4.1 Prueba Q de Cochran.....	144
4.2 Análisis de varianza de dos clasificaciones por rangos de Friedman.....	147
5. Caso de Varias Muestras Independientes.....	149
5.1 Prueba de Ji-cuadrado para varias muestras independientes.....	149
5.2 Prueba de la mediana para dos o más muestras independientes (Prueba de Mood) (Realizada con MinitabR)	150
5.3 Análisis de varianza para una clasificación por rangos de Kruskal-Wallis.....	153
6. Pruebas de relación:	155
6.1 Coeficiente de correlación de rangos de Spearman (rs).....	155
7. Análisis Multivariado.....	160
Objetivos	160
7.1 Análisis de Correspondencia Lineal Simple	160
Bibliografía	168

Objetivos

Esta obra está dirigida a estudiantes e investigadores interesados en el análisis e interpretación de la información con una visión integradora entre parasitología - ecología y requiere un conocimiento sólido en estadística aplicada y en el manejo de paquetes estadísticos. En todos los análisis presentados propuestos, además de su definición teórica se incorpora un ejemplo con la información requerida para que el usuario pueda desarrollarlo y se familiarice con la metodología correspondiente y pueda ejecutarlo con sus datos personales. Los ejemplos aquí empleados son todos de parasitología, pero el desarrollo de los mismos permite a cualquier persona interesada en investigaciones con comunidades hacer sus cálculos e interpretación de resultados sin mayores dificultades.

La revisión bibliográfica incluye referencias que van desde 1940 hasta 2021, lo que indica respeto al trabajo de los que hoy podríamos llamar pioneros, así como de la imprescindible necesidad de estar lo más actualizado posible

Un pensamiento que mantiene su vigencia

Dedicado a los corruptos de ayer, de hoy y de siempre

“ ¿Que ojos tenían esos gobernantes? ¿Qué sentimientos los inspiraban?....torpeza, indiferencia, insensibilidad, inhumanidad, lujuria ,brutalidad y sed insaciable de oro y de cosas ; la concupiscencia, verdadera monstruosidad sumada , amontonada, que los hizo ciegos ante los cuadros más patéticos , sordos ante los quejidos más conmovedores e insensibles ante el montón de manos cadavéricas que se tendían suplicantes ¡Almas de chacales , corazones de hienas, pupilas de crótalos , manos de jaguares y de aves de rapiña que se ensañaron en las arcas y entrañas nacionales”

José Francisco Torrealba

(1896 – 1973)

INTRODUCCIÓN

La parasitología como la ecología, requieren en general de trabajo tanto a nivel de campo como de laboratorio, y los resultados obtenidos se enriquecen gracias al enfoque integrador entre ecología y epidemiología, lo cual requiere del investigador parasitológico una visión amplia y multidisciplinaria en sus investigaciones.

El presente manual, tiene sus antecedentes en los libros Parasitología Cuantitativa (Morales y Pino ,1987), publicado por el Fondo Editorial Acta Científica Venezolana y en Parasitometría (Morales y Pino, 1995), publicado por la Universidad de Carabobo. En ambos libros se contemplaron métodos de análisis de los datos con métodos clásicos de la ecología como de estadística no paramétrica ,así como en el trabajo de ascenso a profesor titular en la Universidad de los Andes "Epidemiología y Sinecología de los Helmintos Parásitos de Ovinos y Caprinos de Zonas Áridas del Estado Lara , Venezuela (Morales,1988) y en muchos de los trabajos de investigación del autor y su equipo , que tuvieron su inicio en el Laboratorio de Ecología de Parásitos del Núcleo Universitario Rafael Rangel de la Universidad de los Andes (Trujillo , Venezuela) y que luego fueron continuados en el Laboratorio de Parasitología del Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias del Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas en Maracay , Venezuela.

Un interesante y motivador enfoque deriva del otorgar a los parásitos valor ecológico (Bautista et al, 2015) aspecto que ya había sido abordado por Chabaud (1981), quien, al referirse a la especificidad parasitaria, la desmitifica al considerar que dicha relación se desprende de las leyes más generales de la ecología, que han atraído la atención de inmunólogos, biólogos moleculares, biogeógrafos y naturalistas entre algunas especialidades.

¿Porque escribir un manual de métodos ecológicos para parasitólogos?

Entre los parasitólogos es ampliamente conocido, que al realizar estudios sobre animales infestados en condiciones naturales, es muy frecuente encontrar en un solo hospedador a varias especies parasitas simultáneamente y ese conjunto de especies constituye una Comunidad , Nomocenosis o Parasitocenosis y la rama de la ecología

que se encarga del estudio de las comunidades es la Sinecología, lo que implica que al realizar necropsias de animales con fines helmintológicos estamos estudiando la infracomunidad de especies parásitas presentes en dicho hospedador, con un hábitat muy particular que es el hospedador.

Una comunidad es un sistema biológico complejo que posee propiedades colectivas de rango superior a las de la población, como la estructura trófica, la diversidad, la estabilidad (Blondel, 1979). En las relaciones parásito-hospedador, dicha comunidad tiene como hábitat al hospedador, el cual posee gran variedad de nichos en su interior y su población presenta gran heterogeneidad en cuanto a su resistencia a la infestación parasitaria, todo lo cual se traduce en una gran variabilidad de la distribución de las cargas parasitarias en el seno de la población de hospedadores, en la cual encontraremos individuos desde negativos, pasando por individuos con cargas leves o moderadas, hasta llegar a un grupo minoritario que acumula las mayores cargas, las cuales pueden ejercer una acción reguladora sobre la población de hospedadores (Anderson y Gordon, 1982; Morales, 1988; Bautista et al, 2012), y albergando el mayor número de especies distintas (algunas de ellas congénicas) en forma simultánea (Morales y Pino, 2003), estas infecciones parasitarias múltiples son la regla y no la excepción en climas templados, pero este fenómeno es aún más pronunciado en climas cálidos (Garnhan, 1982).

Partiendo del enfoque sinecológico, se desarrollaron los capítulos que describimos brevemente a continuación:

El manual incluye en su Capítulo I, conceptos básicos de ecología - epidemiología y su aplicación en parasitología.

En el Capítulo II, abordamos la Distribución de los datos (sentido estadístico) y su relación con la disposición espacial de los parásitos en el seno de la población hospedadora. Es bien conocido que la distribución de los parásitos en el seno de la población hospedadora, se ajusta a la binomial negativa (Croll et al, 1982; Anderson, 1982; Morales y Pino, 1987; 1995; 2009), de ahí que los datos requieran para ser analizados de una transformación normalizadora (usualmente logarítmica) o directamente del uso de métodos estadísticos no paramétricos, en este capítulo desarrollamos con ejemplos paso a paso métodos para su cálculo y las pruebas respectivas que nos permiten determinar la distribución estadística de los datos y la

correspondiente distribución espacial de los parásitos en el seno de la población hospedadora y su importancia para el desarrollo de estrategias de control racional.

En el Capítulo III, nos introducimos en la Distribución de Abundancias, como vía para tener un conocimiento preciso de la estructura de una comunidad y de su diversidad, y para su representación recurrimos a modelos matemáticos, que pueden ser desarrollados con el recurso de la mayoría de los paquetes estadísticos comerciales o gratuitos existentes actualmente. Específicamente trabajaremos los modelos de: 1) Motomura o modelo log- lineal 2) Modelo de Preston o modelo log- normal y el modelo de 3) MacArthur o modelo de la vara partida.

Al utilizar el término 'Modelo Matemático', en líneas generales hacemos referencia a una fórmula, una ecuación, un sistema de ecuaciones, una matriz de datos o incluso formulaciones más complejas, que permiten, con una adecuada aproximación describir un fenómeno o de condensar la información suministrada por un conjunto de datos (Daget et al ,1972; Daget,1979). En todos los casos, para el desarrollo de dichos modelos recurriremos al análisis de regresión lineal simple (Daget ,1979).

El Capítulo IV, está dedicado al estudio de Índices de Diversidad los cuales conjuntamente con la distribución de abundancias, nos permiten una mejor comprensión de la composición en especies y la estructuración de las mismas al interior de la comunidad, tanto desde el punto de vista cualitativo como cuantitativo. Las diferencias entre comunidad biológica y medidas de complejidad de dichas comunidades (como los índices de diversidad) se clarifican mediante la determinación del NEE o Número de Especies Equivalentes o Efectivas como medida de la diversidad verdadera

Por último, en el Capítulo V, presentaremos una serie de pruebas estadísticas no paramétricas de corriente uso en investigaciones parasitológicas (Morales y Pino ,1987; 1995) y en ciencias de la salud (Morales y Pino,2009), usando ejemplos sencillos y que permitan al usuario realizar los análisis sin mayores complicaciones.

Para el desarrollo de los diferentes capítulos, recurrimos al empleo de los paquetes estadísticos Minitab^R e Infostat^R ,aprovechando sus bondades y utilizándolos simultáneamente en los cálculos ,lo cual fue de gran utilidad en el desarrollo de los modelos de distribución de abundancias .Los gráficos , salvo el que aparece en el anexo 2 (Grafico 15) y en el capítulo sobre métodos no paramétricos (Grafico 18) en los que se

utilizo el Infostat, fueron realizados con Minitab , al igual que la prueba de Ji-cuadrado de bondad de ajuste y la repetición del análisis de correspondencias lineal simple y su correspondiente grafico.

El presente trabajo no tiene la presunción de ser original, pero si la aspiración de ser útil a estudiantes e investigadores interesados en la ecología de infracomunidades de parásitos, motivo por el cual y a pesar de abordar temas de cierta complejidad se ha tratado de presentar los casos de la forma más sencilla y estimulante para los lectores.

Considero importante destacar, que las referencias bibliográficas utilizadas van desde el año 1940 hasta el 2021, ya que es una cuestión de principios respetar el esfuerzo de los pioneros que sentaron las bases conceptuales de los métodos aquí expuestos y que aún se siguen utilizando ampliamente. Dichas referencias incluyen una amplia gama de investigaciones con una gran variedad de animales, tanto vertebrados como invertebrados y de ambientes acuáticos o terrestres e incluso sobre trabajos realizados con árboles, todo con la finalidad de brindar al lector una visión de la utilidad y amplitud de los temas abordados. En nuestro caso los ejemplos son básicamente con helmintos de interés veterinario, ya que la integración de la información de índole ecológica con la epidemiológica brinda herramientas útiles para la comprensión del sistema hospedador parásito y para el desarrollo de estrategias de control

Este manual fue elaborado pensando en el usuario y será mi mayor satisfacción si el mismo es incorporado como material de apoyo tanto en la formación académica como en actividades de investigación de aquellos interesados en el análisis ecológico y en el uso de métodos estadísticos no paramétricos de la información parasitológica

Capítulo I

Conceptos Básicos en Ecología de Parásitos

Objetivos

Conocer los conceptos básicos de ecología y epidemiología que son de utilidad en investigaciones parasitológicas con animales infestados en condiciones naturales

Conceptos

Para el desarrollo de este capítulo recurrimos entre otros a los artículos de Margolis et al (1982); Bush et al (1997); Bautista et al (2015), y de Morales y Pino (1987;1995) quienes incorporaron en dichas publicaciones definiciones ecológicas de interés en parasitología y que en esta nueva publicación actualizamos y ampliamos con referencias que consideramos de interés, independientemente de su fecha de publicación.

1. Sinecología:

Es la rama de la ecología que se encarga del estudio de las comunidades (Godman y Payne ,1979). Para Odum (1972), la Sinecología se interesa en el estudio de grupos de organismos que están asociados unos con otros formando una unidad , Una definición más amplia fue suministrada por Krebs(1972) , quien refiere que la Sinecología es la subdivisión de la ecología que se encarga del estudio de organismos en relación con su medio ambiente , incluye poblaciones , comunidades y ecología de ecosistemas .El hecho de que la sinecologia se encargue de estudiar las relaciones entre las comunidades biológicas con sus ecosistemas justifica el que sea denominada o conocida como ecología de las comunidades

2. Comunidad:

. La comunidad es un sistema o nivel de integración biológico complejo, que posee propiedades colectivas de rango superior a las de las poblaciones (especies) que la integran: diversidad, estructura trófica, estabilidad, relaciones interespecíficas (Blondel, 1979). También podemos definir a la comunidad como a grupos de individuos que viven en el mismo lugar, pertenecen a una misma jerarquía taxonómica y comparten el mismo sustrato. Las poblaciones que coexisten en un mismo ecosistema constituyen una biocenosis o comunidad (Barbault ,1981)

3. Nomocenosis:

Es una asociación de especies sometidas a la acción de los mismos factores del medio, tanto bióticos como abióticos e incluye poblaciones que presentan cierta homogeneidad, bien sea por el tamaño de los individuos, el grupo taxonómico al que pertenecen o por el microbiotopo que ellos ocupan (Daget et al ,1972;Daget ,1979). Para Castel (1980), este término es útil para caracterizar aquellos grupos de especies sometidos a un mismo conjunto de factores bióticos o abióticos, y reposa sobre la noción de la existencia de una jerarquía de funciones dentro de la medida en la que cada especie ocupa un solo nicho ecológico.

4. Parasitocenosis:

Equivale a la definición de nomocenosis, fue utilizada en los mismos términos, pero denominada “Parasitocenosis” en 1964 por Dogiel (citado por Aho y Bush ,1993).

5. Guilde:

El termino Guilde, cuya traducción al castellano es gremio, organización, grupo etc., ha sido y continúa siendo ampliamente utilizado en ecología (Koch et al, 2019). En términos generales se refiere a una fracción homogénea de una comunidad que reagrupa especies coadaptadas que se distribuyen de manera sutil un mismo tipo de recurso o una parte precisa del biotopo, lo cual no implica que pertenezcan a la misma unidad taxonómica (Root, 1967). Este término se refiere a un pequeño grupo de especies afines, que utilizan el mismo recurso y por consiguiente tienen una importante superposición del nicho trófico (Koch et al,2019). El concepto es particularmente útil para estudiar la segregación de nichos por radiación adaptativa y muy particularmente con especies congénicas, las cuales deben presentar similitudes eco morfológicas entre ellas, mayores que con otras especies pertenecientes a otros géneros (Blondel ,1979). El término ‘Guilde’ en francés significa corporación, confraternidad,gremio y fue introducido en la literatura ecológica según Blondel (1979) por Root (1967). Los “Gremios” o “Guildes” comprenden entidades que han coevolucionado debido a la alta competencia interespecífica. siendo importantes las relaciones filogenéticas (Blondel,2003; Koch et al ,2019).

6. Hábitat:

El hábitat, se define en relación a la especie, como el conjunto de los elementos del biotopo, al cual la especie utiliza para la satisfacción de sus necesidades y por extensión el conjunto de biotopos en donde la especie se encuentra (Blondel,1979). El hospedador

(hábitat) de los parásitos es un organismo vivo que muestra movimiento, su propia historia evolutiva y respuesta de defensa (Bautista ,2013)

7. Biotopo:

Es el espacio ocupado por una comunidad biótica o biocenosis, homogéneo en sus características físicas y biológicas, constituido por pequeñas unidades denominadas estaciones en las cuales se ubica una fracción de la comunidad (Blondel,1979).

8. Nicho:

Es un término usado en evolución, para designar un hábitat ocupado por determinadas especies que pueden reproducirse entre ellas (Valle ,1998). El nicho de un parasito ha sido definido como el papel que desempeña un parasito tanto en el medio en que se desarrolla e interactúa dentro de una comunidad (Bautista et al ,2015). Frecuentemente al definir nicho, se le designa “como la “profesión” o papel de una determinada especie al interior de una comunidad y al hábitat como su dirección (Odum, 1959). También ha sido utilizado para definir el rol y el lugar de un organismo al interior del ecosistema (Barbault, 1981). Hutchinson (1957; citado por Barbault ,1981) definió al nicho como el conjunto de condiciones en las cuales vive y se mantiene la población, correspondiendo ese hipervolumen al nicho potencial u optimo (nicho fundamental) de la especie. Por la estrecha relación entre Hábitat y Nicho, han sido representados bajo la imagen de una cerradura que sería el hábitat que comprende tanto factores bióticos como abióticos y la población, y el nicho en el que dicha población podrá ejercer su profesión seria la llave adaptada para abrir la cerradura (Blondel ,1979). El concepto de nicho aborda la forma en que la tolerancia y los requisitos interactúan para definir las condiciones y recursos que requiere una especie para desarrollarse y multiplicarse, ya que una especie puede encontrarse en una zona que le brinde condiciones y recursos favorables requeridos (Beltrán, 2015)

9. Población y especie biológica:

Desde el punto de vista biológico y para individuos con reproducción sexual se consideran integrantes de una misma población a aquellos individuos entre los que no existen barreras de aislamiento reproductivo y por lo tanto una población está constituida por individuos de la misma especie que son capaces de tener descendientes comunes fértiles y es comúnmente conocida como especie biológica (Mayr, 1981; Genermont ,1979).

Por lo tanto, pertenecen a la misma especie todos los individuos contemporáneos que tomados dos a dos, bajo condiciones naturales poseen una probabilidad no nula de engendrar en una generación ulterior de al menos un descendiente común fértil (Genermont, 1979).

Existe en la literatura una gran variedad de definiciones de especie, que Magurran (2004) discrimina y define como: biológica, cohesionada, ecológica, evolutiva, morfológica, filogenética, reconocimiento etc., y que en nuestro caso por fines prácticos y por adaptarse muy bien al material biológico utilizado en nuestros ejemplos, escogimos la definición de especie biológica .

10. Infra población:

Son todos los individuos de una especie parásita determinada que están presentes en un hospedador infestado (Aho y Bush, 1993; Bush, 1997)

11. Supra población:

Todos los individuos de una especie de parásitos, en todas las etapas de desarrollo dentro de todos los hospederos y en su medio ambiente (incluye fases exógenas y endógenas) (Margolis et al, 1982; Bush., 1997).

12. Parasitismo:

El parasitismo puede definirse como una asociación biológica hetero específica en la cual una de las especies (el parásito) depende metabólicamente de la otra (el Hospedador).

El hospedador, medio viviente, representa a la vez la fuente alimenticia para el parásito y le proporciona también el hábitat o biotopo donde este vive (Euzet y Combes, 1980).

Las infestaciones parasitarias por helminto generalmente son pluriespecíficas y se distribuyen en agregados en el seno de la población hospedadora, la cual tendrá solo una fracción con altas cargas parasitarias (Sensibles o Acumuladores), cuyos signos clínicos serán producto de la acción de la comunidad de parásitos que alberga. Las infestaciones parasitarias contribuyen con la regulación poblacional y con la selección, bien sea porque pueden ocasionar la muerte de una fracción de los individuos que albergan la mayor cantidad de parásitos o porque los hacen presa fácil de los depredadores al debilitarlos (Morales, 1988).

13. Prevalencia:

Es el número de hospedadores infestados por una especie parasita en particular, dividida entre el número total de hospedadores examinados. Se expresa como un porcentaje (Margolis et al, 1982; Beltrán ,2015: Bautista et al,2015).

$$P = (\text{Número de hospedadores infestados} \div \text{Número de hospedadores examinados}) \times 100$$

La prevalencia es ampliamente utilizada y nos da una idea rápida de la relación entre infestados y no infestados en una población de hospedadores, su discernimiento es dicotómico: positivos o negativos. La información aportada por la prevalencia es de gran importancia en protozoología, pero de valor limitado en la gran mayoría de las infestaciones por helmintos, que para su adecuada interpretación requieren de la información de la carga parasitaria (Abundancia) y mejor aún de la intensidad de la infestación. Esta debilidad de la información aportada por la prevalencia, es la que justifica que en las infestaciones por nematodos los integrantes de la muestra estudiada sean clasificados como negativos, leves, moderados y altos, indicando para cada grupo las respectivas cargas parasitarias específicas de acuerdo al grupo, constituyendo los negativos una información de gran interés epidemiológico (Morales y Pino,2009)

Ejercicio I.

Pino y Morales (1987), al realizar la necropsia helmintológica de 50 bovinos adultos, encontraron a 21 de ellos parasitados por *Mecistocirrus digitatus*, lo cual nos indica que la prevalencia de *M. digitatus*, es del 42%.

$$P = (21 \div 50) \times 100 = 42\%$$

Morales y Pino (2005), realizaron la necropsia helmintológica de 69 ovinos infestados en condiciones naturales en zonas áridas del Estado Lara, reportando las estadísticas epidemiológicas mostradas a continuación y de las cuales se hará la representación gráfica de las prevalencias de las diferentes especies identificadas:

Especies	Abundancia	Prevalencia
<i>H. contortus</i>	134,25 ± 28	69,6
<i>T. axei</i>	466,64 ± 83	75,4
<i>T. colubriformis</i>	882,51 ± 140	86,9

<i>C.curticei</i>	8,3 ± 3,1	17,4
<i>O.columbianum</i>	7,95 ± 2,1	57,9
<i>T.globulosa</i>	2,97 ± 0,9	36,2
<i>S.ovis</i>	7,5 ± 3,9	70,3
<i>B.trigonocephalum</i>	1,04 ± 0,7	5,8

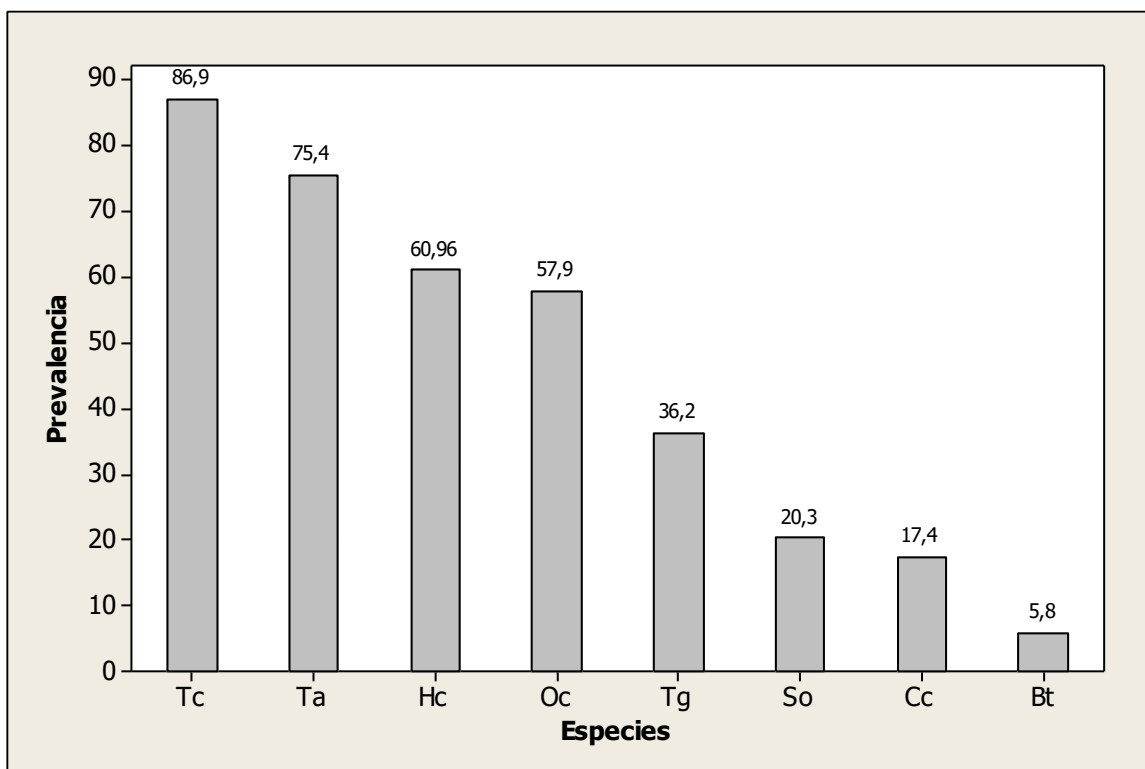


Figura 1. Prevalencia de las especies parasitas presentes en los ovinos examinados (n=69).

El valor de la prevalencia real, puede ser estimado conociendo la sensibilidad y la especificidad de la prueba de diagnóstico utilizada, mediante la siguiente fórmula (Málaga, 1990):

$$PR = (Pap + Esp - 1) \div (Esp + Sen - 1)$$

PR = Prevalencia Real

Esp = Especificidad

Sen = Sensibilidad

14. Abundancia:

Es el número promedio de parásitos de cada especie por hospedador examinado en una muestra. Se corresponde con la media aritmética y se obtiene al dividir la cantidad total de individuos de una especie parasita entre la cantidad de hospedadores en la muestra examinada (Margolis et al, 1982;Bautista et al,2015; Beltrán ,2016; Dueñas, 2018)

Abundancia = (Cantidad de Individuos de una especie parasita) ÷ (Cantidad de Hospedadores examinados).

Como alternativa para el uso del término abundancia, el comité Ad-Hoc de la Sociedad de Parasitólogos norteamericanos (Margolis et al ,1982), propuso el término de Densidad Relativa, pero el mismo tiene la desventaja de ser confundido con el de densidad, por lo cual el mencionado comité recomienda incluir una definición conceptual en el artículo.

Ejercicio II.

Morales y Pino (2005), al realizar la necropsia parasitaria de 69 ovinos, aislaron un total de 104.263 parásitos:

Especie	Cantidad	Abundancia
<i>Haemonchus contortus</i>	9263	134,25
<i>Trichostrongylus axei</i>	32198	466,64
<i>T.colubriformis</i>	60893	882,51
<i>Cooperia curticei</i>	568	8,23
<i>Oesophagostomun columbinum</i>	549	7,95
<i>Trichuris globulosa</i>	205	2,97
<i>Skrjabinema ovis</i>	515	7,46
<i>Bunostomum trigonocephalum</i>	72	1,04

La cantidad de individuos pertenecientes a cada especie puede ser expresada de diferentes formas, como densidad, frecuencias o como un índice de abundancia relativa (Blondel, 1979), por lo cual al usar este término se requiere de una definición precisa de cómo se está usando.

15. Intensidad Promedio:

Es el número promedio de parásitos de una especie en particular por hospedador infectado. Se obtiene al dividir la sumatoria de una especie parasita entre el número de hospedadores infectados con dicha especie (Margolis et al ,1982; Beltrán, 2015;Bautista et al,2015)

Ejercicio III

Especie	Cantidad	Positivo	Intensidad Promedio
<i>Haemonchus contortus</i>	9263	48	192,98
<i>Trichostrongylus axei</i>	32198	52	619,19
<i>T.colubriformis</i>	60893	60	1014,88
<i>Cooperia curticei</i>	568	12	47,33
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	549	40	13,73
<i>Trichuris globulosa</i>	205	25	8,20
<i>Skrjabinema ovis</i>	515	14	36,78
<i>Bunostomum trigonocephalum</i>	72	1	72

Los ejemplos I y II evidencian la importancia de suministrar la información tanto de la abundancia como de la intensidad promedio, ya que en investigaciones con helmintos el conocimiento de ambas estadísticas se complementa.

16. Densidad:

Número de especímenes de una especie parasita en particular por unidad de área, volumen o peso de los tejidos u órganos de un hospedador infestado, como sería por ejemplo la cantidad de *Trypanosoma cruzi* por milímetro cubico de sangre del dador (Margolis et al ,1982; Málaga ,1990;Bautista et al,2015)

17. Incidencia:

Es el número de nuevos hospedadores dentro de una población que son infectados por una especie parasita, dividido entre el número de hospederos de dicha población no infectados, durante un intervalo de tiempo conocido (Margolis et al ,1982; Málaga, 1990;Bautista et al,2015)

Es importante resaltar la diferencia con el concepto de prevalencia, ya que en este último no se hacen consideraciones de si se trata de un caso reciente o antiguo.

La medición de la incidencia, a nivel de poblaciones silvestres es de muy difícil ejecución, debido a que es prácticamente imposible el conocimiento del número de individuos infectados al comienzo del periodo de tiempo (Morales y Pino ,1995)

18. Frecuencia o dominancia:

Es la proporción o porcentaje de una especie parásita en relación con la comunidad de parásitos presentes en el o los hospedadores examinados. Se calcula dividiendo la cantidad de cada especie en particular entre la sumatoria de las cantidades de todas las especies presentes en el o los hospedadores examinados (Margolis et al, 1982; Cabaret ,1977). Este índice ha sido definido como Abundancia Relativa (AR) y es de gran utilidad para evidenciar mediante porcentajes, las especies más importantes en la estructura de la comunidad (Rodríguez et al ,2011; Barjau,2012). Para su cálculo se divide la cantidad total de una especie (n) entre la cantidad total de individuos de todas las especies consideradas (NT).

$$AR = (n /NT)100$$

Ejercicio IV.

Utilizaremos los resultados de Diaw (1976), quien al realizar la necropsia parasitaria de un rabipelado (*Didelphis marsupialis*), encontró las especies de nematodos señaladas a continuación:

Nematodos Trichostrongyloidea parásitos de *Didelphis marsupialis*

Especie	Cantidad Parásitos Colectados	Frecuencia
<i>Moennigia dessetae</i>	3	0,0171 (1,7%)
<i>Viannaia viannai</i>	85	0,485 (48,5%)
<i>Travassostrongylus orlofi</i>	51	0,291 (29,1%)
<i>Travassostrongylus callis</i>	36	0,205 (20,57%)
Total	175	1 (100%)

Frecuencia de *Viannaia viannai* = $(85 \div 175) = 0,485$ (48,5%)

19. Fidelidad o Bioíndice:

Es un valor que se obtiene al dividir la cantidad de individuos de una especie entre el número total de especies (Cabaret ,1977).

Para fines comparativos, utilizaremos los datos del ejemplo anterior

Ejercicio V

Nematodos Trichostrongyloidea parásitos de *Didelphis marsupialis*

Especie	Cantidad de especímenes	Bioíndice
<i>Moennigia dessetae</i>	3	0,75
<i>Viannaia viannai</i>	85	21,25
<i>Travassostrongylus orlofi</i>	51	12,75
<i>Travassostrongylus callis</i>	36	9

Bioíndice de *Viannaia viannai* = $(85 \div 4) = 21,25$

En la figura 2, se observa como el Bioíndice de *Viannaia vannai* es el más alto y el de *Moennigia dessetae* el más bajo.

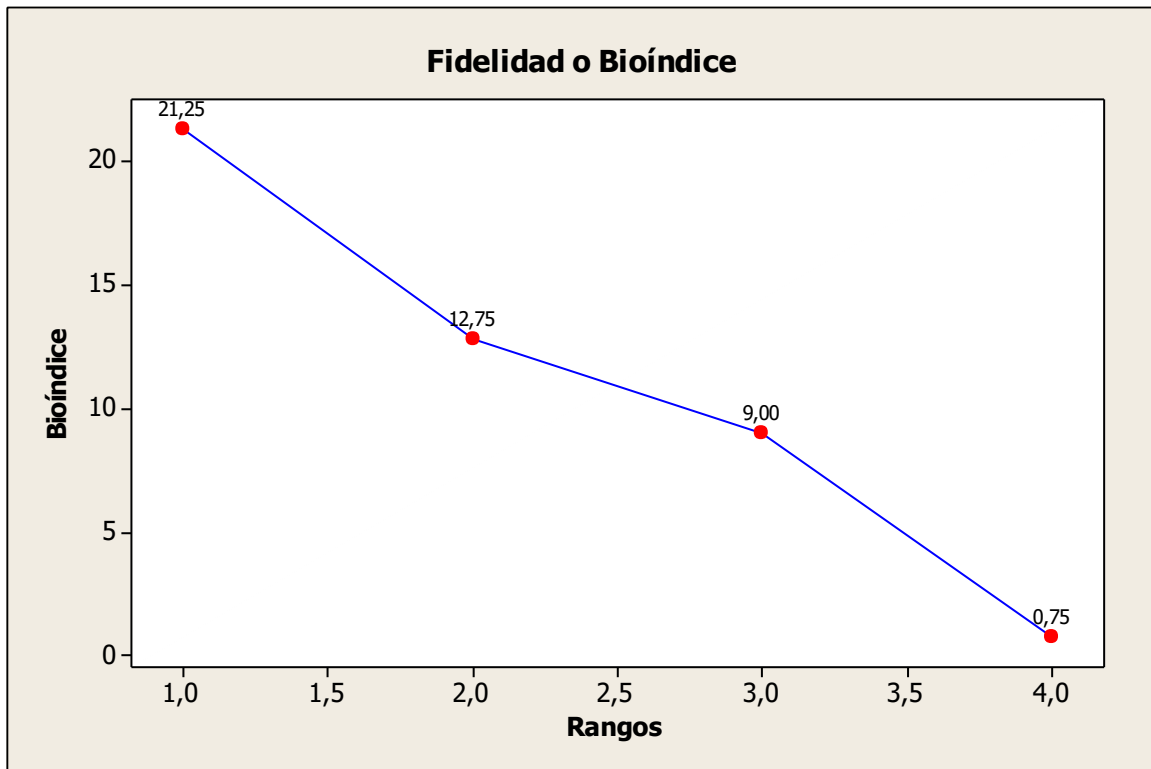


Figura 2. Fidelidad o Bioíndice de la comunidad de nematodos parásitos de *Didelphis marsupialis*.

20. Índice de Dominancia de la Comunidad:

Al interior de todo ecosistema existe una organización que se expresa mediante un equilibrio demográfico no aleatorio de las poblaciones y la coexistencia de especies dominantes, subdominantes y de especies raras. La dominancia de un pequeño número de especies es particularmente neta en medios difíciles (Castel, 1980) y muy frecuente en las infestaciones naturales por helmintos (Morales y Pino, 1987; 1995)

El cálculo de este índice puede realizarse con la abundancia, la intensidad promedio o con la sumatoria de las cargas de cada especie recuperadas en la muestra de hospedadores examinados y por consiguiente es de suma importancia definir cuál información se está utilizando para la realización de los cálculos. En el presente ejemplo, utilizaremos la sumatoria de las cargas parasitarias totales discriminadas por especie.

Su fórmula de cálculo es tomada de Krebs (1972)

$$\text{I.D.C} = (Y_1 + Y_2 \div Y) 100$$

Y_1 = es la cantidad de individuos de la especie más abundante

Y_2 = la cantidad de individuos de la segunda especie más abundante

Y = es la sumatoria de las cantidades de todos los individuos de todas las especies presentes en la muestra de hospedadores examinados

Ejercicio VI

Morales y Pino (2005), mediante necropsia helmintológica realizada en 69 ovinos infestados en condiciones naturales y provenientes del Distrito Torres del Estado Lara (Venezuela), obtuvieron los siguientes resultados:

Especies de Nematodos	Σ Abundancias Absolutas	Identificación
<i>Haemonchus contortus</i>	9263	H.c
<i>Trichostrongylus axei</i>	32198	T.a
<i>T.colubriformis</i>	60893	T.c
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	549	O.c
<i>Trichuris globulosa</i>	205	T.g
<i>Skrjabinema ovis</i>	515	S.o
<i>Bunostomum trigonocephalum</i>	72	B.t
TOTAL	104263	

$$Y_1 = 60893$$

$$Y_2 = 32198$$

$$\Sigma Y_1 + Y_2 = 93091 \quad \text{y} \quad Y = 104263$$

$$\text{I.D.C} = (93091 \div 104263)100$$

$$\text{I.D.C} = 89,28 \%$$

La representación gráfica de la distribución de las sumatorias de las cargas parasitaria (abundancias absolutas) expresadas como frecuencias acumuladas es mostrada en la Figura 3.

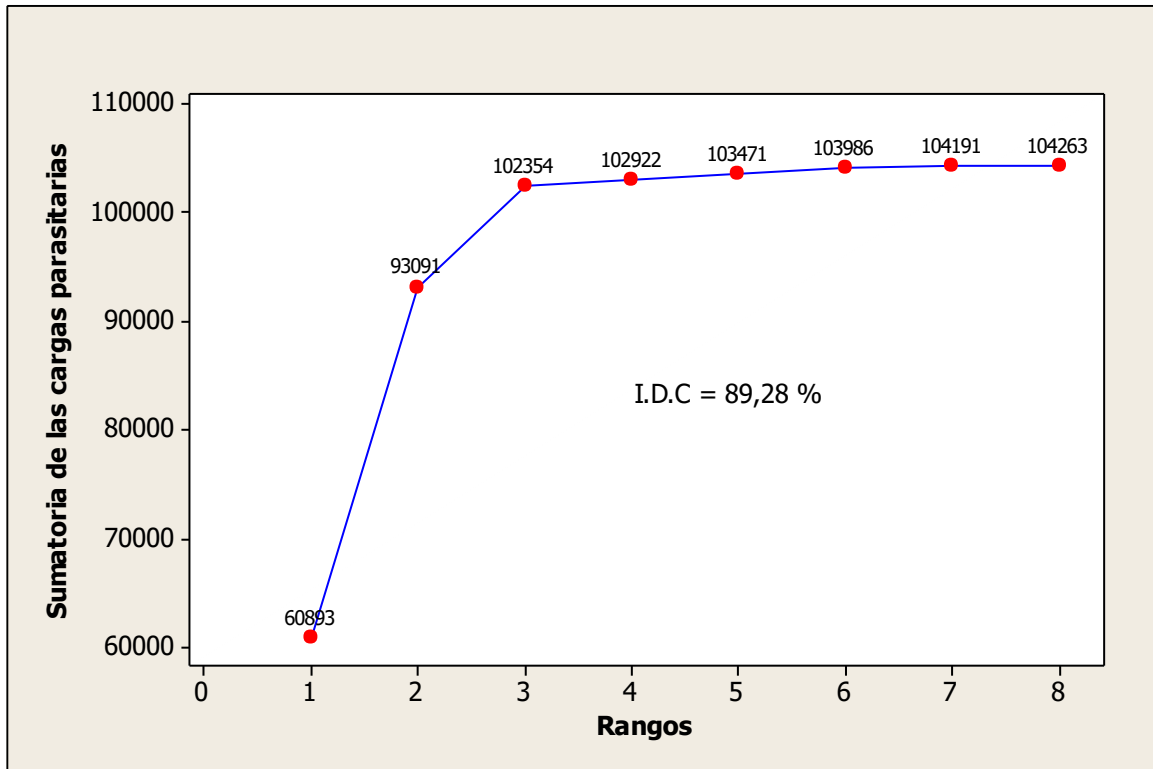


Figura 3. Distribución de las abundancias absolutas parasitarias acumuladas de la comunidad de especies de nematodos presentes en ovinos de zonas áridas de Venezuela.

Especies	Rangos
T.c	= 1
T.c + T.a	= 2
T.c + T.a + H.c	=3
T.c + T.a + H.c + C.c	= 4
T.c + T.a + H.c + C.c + O.c	= 5
T.c + T.a + H.c + C.c + O.c + S.o	= 6
T.c + T.a + H.c + C.c + O.c + S.o + T.g	= 7
T.c + T.a + H.c + C.c + O.c + S.o + T.g + B.t	= 8

En la Figura 4, elaborado con la distribución de las frecuencias relativas acumuladas, muestra claramente como muy pocas especies son numéricamente dominantes al interior de la comunidad, ya que la sumatoria de dos de ellas, representó el 89,28 % del gran total

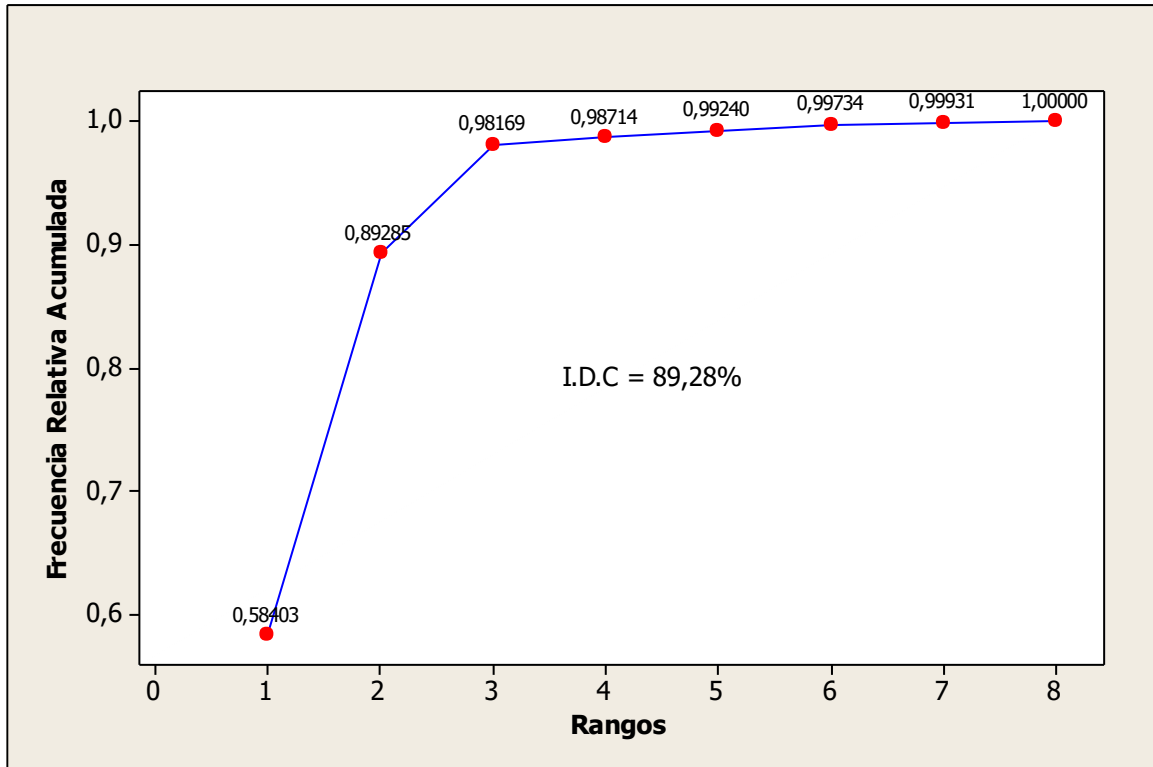


Figura 4. Distribución de la frecuencia relativa acumulada de las especies de nematodos integrantes de la comunidad parasitaria de ovinos de zonas áridas de Venezuela

Este gráfico es similar al anterior, pero muestra claramente el valor del Índice de Dominancia de la Comunidad y a las dos especies más numerosas (valor de Y correspondiente al rango 2) y aunque aporta la misma información que el anterior, lo preferimos por la claridad en la expresión de los resultados y por su fácil interpretación.

21. Índice de Importancia Relativa:

Para el cálculo del índice de importancia relativa por especie, el cual fue propuesto inicialmente por Pinkas et al (1971), se utilizó la modificación propuesta por Sulbaran (1993) y que nosotros adaptamos a la terminología utilizada en el presente manual.

$$I.I.R = (\text{Prevalencia}) \times (\text{Frecuencia})$$

Ejercicio VII

Morales, Pino y Perdomo (1985), suministraron los resultados de una encuesta helmintológica realizada en 76 caprinos infestados en condiciones naturales, provenientes del Distrito Torres en el estado Lara (Venezuela)

Especie	Prevalencia (%)	Frecuencia	I.I. R	R
<i>Haemonchus contortus</i>	68,42	0,1242	8,49	2
<i>Trichostrongylus axei</i>	57,89	0,1397	8,08	3
<i>T.colubriiformis</i>	84,21	0,6641	55,92	1
<i>Cooperia curticei</i>	9,21	0,0123	0,113	7
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	44,74	0,0066	0,295	5
<i>Trichuris globulosa</i>	56,63	0,0030	0,169	6
<i>Skrjabinema ovis</i>	51,32	0,05	2,56	4

La especie con el Índice de Importancia Relativa más elevado fue *Trichostrongylus colubriiformis* , lo cual es indicativo de su importancia en la epidemiología del parasitismo gastrointestinal en los caprinos de la localidad (Figura 5)

I.I.R = Índice de Importancia Relativa

R = Rangos

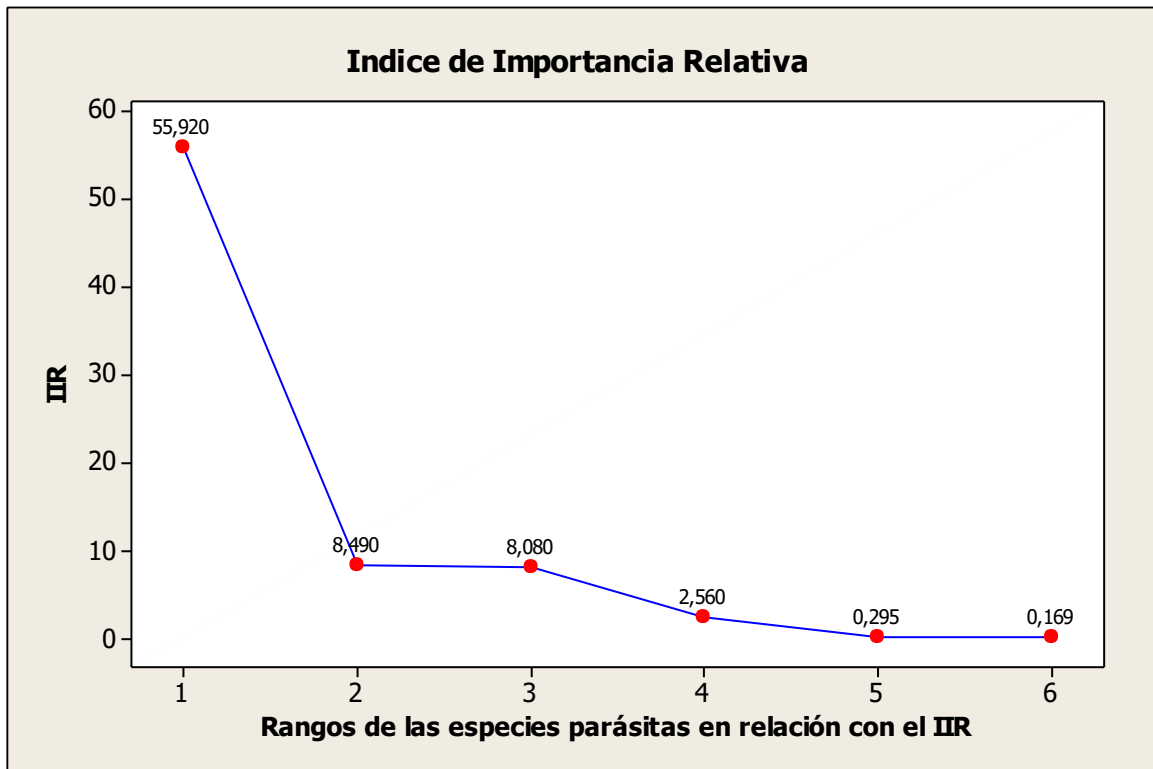


Figura 5. Índice de Importancia Relativa de las especies de nematodos parásitos de caprinos de zonas áridas de Venezuela.

Especie	Rangos
<i>Haemonchus contortus</i>	2
<i>Trichostrongylus axei</i>	3
<i>T.colubriformis</i>	1
<i>Cooperia curticei</i>	7
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	5
<i>Trichuris globulosa</i>	6
<i>Skrjabinema ovis</i>	4

CAPITULO II

Distribución Estadística y Disposición Espacial

Objetivos

Aplicar los métodos que permiten determinar el tipo de distribución de los datos y su relación con la disposición espacial de los organismos estudiados.

Utilizar el conocimiento de la distribución de los datos como elemento básico para el cálculo del tamaño de la muestra.

Distribución de los datos y su relación con la disposición o arreglo espacial de las poblaciones

El término disposición (dispersión), en nuestro caso se refiere al tipo de arreglo espacial de las poblaciones de parásitos en el seno de la población de hospedadores, mientras que el de distribución será utilizado en su concepción estadística, es decir para definir la forma como los posibles valores de una variable se distribuyen con diferentes frecuencias en un cierto número de clases posibles (Rabinovich ,1980). Estrechamente relacionado con el índice de dispersión, está el parámetro K de la distribución binomial negativa, la cual provee de un buen modelo para explicar la disposición espacial de los parásitos, lo cual ha conllevado a que dicho parámetro se haya convertido en una medida común expresada como medida inversa de la agregación.

Existen tres modelos básicos para referir a la dispersión espacial de las poblaciones:

1) En agregados, contagiosa, apiñada o gregaria 2). Al azar y 3). Uniforme, las cuales a su vez se corresponden con la distribución binomial negativa, distribución de Poisson y distribución normal o uniforme, respectivamente (Pedigo y Rice ,2006; Silva et al, 2016).

Si la población de hospedadores se pudiera considerar un espacio habitable continuo, los parásitos pertenecientes a una población específica se podrían disponer de manera aleatoria, uniforme o agregada en el seno de dicha población de hospedadores.

En el caso de observar una distribución aleatoria la que se corresponde con una disposición al azar, implicaría que todos los puntos en el espacio (hospedadores disponibles) tienen la misma oportunidad de ser infestados por los parásitos, lo cual en el caso del parasitismo indicaría que la susceptibilidad de los hospedadores es homogénea y que la presencia de un individuo en un punto no afecta la presencia de otro. Mientras que en el caso de la distribución normal, que se corresponde con una

disposición espacial uniforme, los parásitos deberían mostrar una interacción negativa, expresada por la competencia por algún recurso, que significaría requerir la misma fuente alimenticia y ocupación del mismo nicho, sin embargo en helmintología observamos la presencia de especies congénicas en un mismo hospedador, pero con una clara separación de nichos, como sucede por ejemplo con *Trichostrongylus axei* (ubicado en el cuajo o abomaso de rumiantes) y *T. colubriformis*, localizado en el intestino delgado, lo cual hace difícil observar este tipo de distribución en animales infestados en condiciones naturales, mientras que en el caso la distribución binomial negativa la cual se corresponde con la disposición espacial agregada o contagiosa, es un reflejo de la heterogeneidad de la susceptibilidad de los integrantes de la población hospedadora frente a la infestación parasitaria, también integrada por poblaciones heterogéneas y con variabilidad en su capacidad para infestar al hospedador (Morales, 1989, Anderson, 1982; Anderson y Gordon, 1982; Croll et al, 1982; Berger, 1985; Bautista et al, 2015; McVinish y Lester, 2020)

En poblaciones naturales de hospedadores, el principal factor responsable de la generación de la sobredispersión de los parásitos, está vinculado a la heterogeneidad que existe entre dichos hospedadores en relación a su exposición y susceptibilidad a la infestación (Anderson, 1982)

La población de hospedadores (habitats) son un medio heterogéneo similar a un hábitat con gradientes que oscilan desde espacios continuos, intermedios hasta discontinuos, lo cual se traduce que al interior de la población hospedadora, existirán algunos individuos que brindan las mejores condiciones a los parásitos para su ingreso y supervivencia y que constituyen la fracción de susceptibles o acumuladores de parásitos, en los cuales se concentran las mayores cargas parasitarias (Morales et al, 1998), que a su vez pueden ser divididos como sensibles (manifiestan enfermedad parasitaria) y resilientes (acumuladores sanos) (Morales et al, 2010). Luego, tenemos otra fracción de hospedadores con condiciones de resistencia intermedia, cuyas cargas parasitarias son moderadas y por último los resistentes, que albergan cargas parasitarias leves o están negativos, información de gran utilidad para el desarrollo de programas de control bajo el esquema de tratamientos selectivos (Morales et al, 2008; 2010; 2012), plenamente justificados, ya que existen evidencias de que cuando la agregación es intensa, el tratamiento de un bajo porcentaje de hospedadores ocasiona una elevada reducción de las poblaciones parasitarias (Anderson y May, 1982, Barger, 1985).

Para Boulinier et al (1996), el proceso que permite la disposición en agregados de los parásitos, puede ser dividida en dos categorías: 1) Procesos que producen variabilidad entre los hospedadores en relación con su exposición a los parásitos, 2) Procesos que generan variabilidad de la aceptabilidad de los hospedadores a los parásitos o en su respuesta inmunológica

La sobredispersión o agregación de los parásitos en el seno de la población de hospedadores es un factor de equilibrio en la relación hospedador – parasito vinculada a una serie de procesos biológicos que favorecen este tipo de disposición espacial. La heterogeneidad en la susceptibilidad del hospedador puede ser debida a diferencias relacionadas con la edad, sexo, estado fisiológico e inmunológico (Anderson y Gordon ,1982; Lyons, 1978) o genéticas (Wakelin, 1985), así como a la variabilidad de la capacidad infectante de las formas de invasión de los parásitos (Morales et al, 1986).

Lo anteriormente expuesto se traduce en que, bajo condiciones naturales, la mayor parte de las poblaciones parasitarias (cargas), son albergadas por pocos individuos lo que indica que su disposición espacial es en agregados (Williams ,1944; Anderson ,1978; Cabaret y Morales, 1983, Anderson y Gordon ,1982; Gil et al ,2007; Martella et al, 2012a, Beltrán ,2015; Minaya et al ,2021). Por lo tanto, la distribución binomial negativa representa un magnifico descriptor empírico para comprender la distribución estadística de los helmintos y los artrópodos parásitos en sus hospedadores (Rojas ,1964; Anderson ,1978; Croll et al ,1982; Boulinier et al ,1996; Gil et al ,2007; Beltrán ,2015). El gregarismo o disposición espacial tipo contagiosa de los parásitos en el seno de la población hospedadora es un fenómeno común en infestaciones bajo condiciones naturales y en la cual se observa como una pequeña fracción de la población hospedadora concentra las mayores cargas parasitarias , lo cual puede conducir a una relación denso dependiente que puede ocasionar la muerte de los hospedadores más parasitados y por consiguiente la remoción de gran número de parásitos del sistema (Morales , 1989 ; Beltrán, 2015).

Vinish y Lester (2020), consideran que el sistema hospedador parasito A es más agregado que el sistema hospedador parasito B, si la proporción de la población parasitaria está concentrada en una proporción menor en la población del hospedador A que la correspondiente a la población del hospedador B, lo cual los autores antes

mencionados relacionan con la curva de Lorenz y el índice de Hoover, ampliamente utilizados en sociología y economía.

Entre las distribuciones de contagio tenemos la binomial negativa, la de Neyman tipo A, la de Poisson doble de Thomas, la de Polya y la Poisson binomial (Rojas ,1964). Para Fisher (1963) la binomial negativa se corresponde con una gran variedad de fenómenos biológicos y es fácil de manejar, requiriendo cálculos muy sencillos.

La distribución binomial negativa, también conocida como Distribución Poisson Logarítmica (el primer nombre refiere la distribución del número de agregados por muestra y el segundo, la distribución del número de individuos por agregado), tiene dos parámetros, m y K en el cual m se corresponde con la media (Abundancia) y K es el parámetro de contagio (Rabinovich ,1980; Gil et al ,2007; Moreno et al 2017, Hernandez et al, 2017).

Rabinovich (1980) dijo textualmente “ La binomial negativa a diferencia de la de Poisson, en la que la varianza es igual a la media, aquí la varianza es siempre mayor que la media, en una medida que depende de K , por eso K refleja el grado de contagiosidad o apiñamiento y cuanto menor es K , más contagiosa es la distribución y viceversa” , es decir el parámetro K varía inversamente con el grado de agregación de los parásitos en el seno de la población hospedadora (McVinish y Lester ,2020)

A manera de conclusión, expondremos lo dicho por Poulin (2007) “ La agregación de los macro parásitos al interior de la población de hospedadores es una ley general en parasitología: la mayoría de los hospedadores están infestados por pocos o ningún parásito y una pequeña proporción lo están por muchos parásitos ”.

A lo anteriormente expuesto debemos resaltar la importancia del conocimiento de la dispersión espacial, como un prerequisite de primordial importancia para la realización del muestreo (Badii et al ,2011)

1. Índices Para Evaluar la distribución estadística de los datos

1.1 Razón Varianza / Media

Existen varios índices para evaluar la distribución estadística de los datos, siendo uno de los más sencillos el referido por Cancela Da Fonseca (1966); Rabinovich (1980); De Souza et al (2016); Vanish y Lester (2020); Badii et al (2011), basado en la relación Varianza / Media (S^2/\bar{x}). Al índice obtenido mediante la razón varianza /media,

también se le conoce como Índice de Cox (Hernández et al ,2017). En vista de la dificultad para conocer la μ y la σ^2 poblacional, simplemente utilizamos los estadísticos correspondientes obtenidos de la muestra (\bar{x} y S^2)

$S^2 / \bar{x} = 1$ Distribución Poissoniana (Disposición espacial al azar)

$S^2 / \bar{x} < 1$ Distribución Normal (arreglo uniforme)

$S^2 / \bar{x} > 1$ Distribución Binomial Negativa (Disposición espacial en agregados)

Para evaluar la significación de que la distribución de los datos bajo la hipótesis nula de que no es diferente de la distribución de Poisson, se puede realizar con una prueba de "t" o con una prueba de ji – cuadrado (Brower y Zar ,1977)

Prueba de t

$$t = (S^2 / \bar{x} - 1) / \sqrt{2 (n-1)}$$

El valor de t tabulado, se busca en la Tabla de t con n-1 grado de libertad y si el valor de t calculado es inferior al de t tabulado, se concluye en no diferencia estadísticamente significativa con una distribución poissoniana.

Otra forma de hacer dicha evaluación es mediante la prueba de Ji- cuadrada, empleando la fórmula siguiente:

Prueba de Ji – cuadrado

$$X^2 = S.C / \bar{x}$$

S.C = suma de cuadrados

\bar{x} = media

Para evaluar la significación, se recurre a la tabla de X^2 con n-1 grado de libertad y si X^2 tabulado $>$ X^2 calculado se acepta la hipótesis nula y la conclusión sería que los datos siguen una distribución al azar.

Ejercicio VIII

Estadísticas descriptivas de las cercarías de *Fasciola hepatica* en una población silvestre de *Lymnaea cubensis* (Morales y Pino, ,1987;1995)

Talla de <i>L.cubensis</i>	N	\bar{x}	s	s ²	s ² /x
2 < 3	21	0.57	2.62	6.85	12,02
3 < 4	55	3.65	12.54	157.26	43,08
4 < 5	30	11,10	19,61	384,78	32,61

Los cálculos los haremos con la talla (3<4), por ser el tamaño de n más grande (n=55). Los valores de la relación varianza / media, son indicativo de una distribución binomial negativa, sin embargo y para fines didácticos haremos la prueba "t"

T = estadístico de prueba

S² = Varianza

√= raíz cuadrada

$$t = (s^2 / \bar{x}) - 1) / \sqrt{2(n-1)}$$

$$t = (42,08) / \sqrt{108}$$

$$t = 42,08 / 10,39$$

$$t = 4,05$$

El valor de t para n – 1 g.l es 1,96 y el valor de t calculado es 4,05, como t calculado > t tabulado, podemos concluir que la distribución de los datos no es poissoniana y que se corresponde con la distribución binomial negativa.

1.2. Índice de dispersión de Morisita

La información concerniente al cálculo del índice de dispersión de Morisita, su interpretación y evaluación de su significación con respecto a la distribución de Poisson fue tomada de varios autores(Poole ,1974;Brower y Zar; 1977; Southwood ,1975; Cabaret ,1977; Vivas y Notz ,2011, Badii et al ,2011; Hernández et al 2017). El cálculo del índice se hace por separado para cada especie parasita.

$$I_s = N [(\sum X^2 - \sum X) \div (\sum X)^2 - (\sum X)]$$

I_s = Índice de dispersión de Morisita

N = número de animales examinados

\bar{x} = media aritmética (abundancia de las cargas parasitarias de la especie considerada)

X = número de parásitos observados de una determinada especie encontrados en una muestra examinada.

Σ = Sumatoria

Se considera que:

Si $I_s = 1$, la distribución es poissoniana

Si $I_s < 1$, la distribución es regular

Si $I_s > 1$, la distribución es binomial negativa

Para evidenciar, si el valor obtenido de I_s , es realmente diferente de 1 (distribución poissoniana), empleamos la prueba de "F", de acuerdo a la siguiente fórmula:

$$F_o = I_s [(\Sigma X) - 1] + N - \Sigma X \div N - 1$$

Con $n_1 = n - 1$ y $n_2 = \infty$ grados de libertad

Si el valor de $F_o > F$ tabulado, a un nivel de confianza preestablecido, se concluye que I_s es realmente diferente de 1, y que por consiguiente la distribución estadística de los datos no se corresponde con una distribución al azar.

Ejercicio IX

Como ejemplo utilizaremos unos datos ficticios utilizados por Cabaret (1977)

Cantidades de parásitos del género *Oesophagostomum* spp., obtenidos mediante necropsia de un bovino:

37 - 30 - 14 - 0 - 0 - 15 - 8 - 0 - 0 - 0 - 16 - 2 - 30

Cálculos previos:

$$\bar{x} = 11,69$$

$$\Sigma = 152$$

$$\Sigma X^2 = 3914$$

$$\Sigma(X)^2 = 23104$$

$$S^2 = 178,06$$

Sustitución en las fórmulas

$$I_s = 13[(3914 - 152) / (23104 - 152)]$$

$$I_s = 13 (3762/22952)$$

$$I_s = 13 (0,1639) \dots\dots\dots I_s = 2,13$$

Evaluación de la significación estadística de la desviación de un arreglo de las condiciones de aleatoriedad

Prueba de F

H₀: no existe diferencia con una distribución aleatoria

H₁: no se corresponde con una distribución aleatoria

$$F_o = 2,13 [(152) - 1] + (13 - 152) / 12$$

$$F_o = 2,13 (151) - 139 / 12 \dots\dots\dots F_o = 15,22$$

F tabulado para grados de libertad infinito y 12 gl = 2,72

$$2,72 < 15,22$$

F_o > F_t, la diferencia es significativa y el I_s, es realmente diferente de 1 y se corresponde con una distribución binomial negativa.

Otra forma de realizar esta evaluación de la significación de las hipótesis antes planteadas, es mediante la prueba de X², para lo cual se utiliza la siguiente fórmula:

$$X^2 = S.C \div \bar{x}$$

S.C = suma de cuadrados

\bar{x} = media aritmética

Luego, el valor de X² calculado se compara con el de X² tabulado con n-1 grados de libertad y si X² tabulado > X² calculado, se acepta la H₀ de que la distribución de los datos no es diferente de una distribución al azar.

1.3. Ley del poder de Taylor

Taylor describió una relación potencial que sugiere una relación empírica entre la media y la varianza muestral (Taylor ,1961), la cual se conoce como la ley de la potencia de Taylor (Gil et al ,2007; Badii et al ,2011; Vivas y Notz ,2011; Vanish y Lester ,2020). Para Badii et al (2011), este método es de gran confiabilidad. Para Taylor (1961), Vanish y Lester, 2020), la pendiente es un índice de agregación, que describe una propiedad intrínseca de los organismos involucrados.

La cual puede expresarse mediante la función $s^2 = a \bar{x}^{(b)}$, en donde a y b se estiman mediante una regresión entre el logaritmo de las varianzas y el logaritmo de las medias

$$\log s^2 = \log a + \log b$$

$$s^2 = \text{Varianza}$$

$$\bar{x} = \text{media}$$

a = coeficiente que corresponde al antilogaritmo de la intersección con la ordenada

b = pendiente de la línea de regresión que determina el tipo de disposición espacial que puede considerarse como una medida de la agregación.

Si el valor de la pendiente $b < 1$, la distribución es normal y la disposición espacial de la especie estudiada sería uniforme.

Si el valor de la pendiente $b = 1$, la distribución de los datos se corresponde con la ley de Poisson y la disposición espacial de los individuos sería al azar.

Si el valor de la pendiente $b > 1$, la distribución de los datos se corresponde con la ley binomial negativa y la disposición espacial sería de tipo agregado o contagioso.

Para el cálculo del parámetro K, se recurre a la media muestral y a la varianza derivada del muestreo (Landeros et al, 2004, Vivas y Notz ,2011)

2. Estimación de K a partir de la media y la varianza

El parámetro m de la binomial negativa se estima eficientemente con la media aritmética (\bar{x}) de las observaciones y la varianza (σ^2), empleando los estadísticos muestrales, así que σ^2 se estima por medio de S^2 (Rojas, 1964; Rabinovich, 1980; Landeros et al ,2004; Vivas y Notz ,2004; Hernández et al ,2017):

$$S^2 = \sum (X_i - \bar{x})^2 / (n-1)$$

Al considerar a la varianza y la media muestrales, como una estimación de la verdadera media y de la verdadera varianza, la estimación de K, se puede realizar con la fórmula siguiente (Ascombe ,1949; Southwood, 1975; Cancela da Fonseca, 1966; Vivas y Notz, 2011):

$$K = \bar{x}^2 / S^2 - \bar{x}$$

Si además de tener el valor de K en relación con la población hospedadora discriminada por tallas como en el caso de *Lymnaea cubensis* y las cercarías de *F. hepatica* o en el Ejemplo IX de la disposición espacial de *Ascaris lumbricoides* en el seno de la población hospedadora discriminada por edad, deseamos tener el valor de un K común (Kc), procedemos de la siguiente manera (Southwood ,1975; Badii et al,2011)

Calculamos $Y_1 = S^2 - \bar{x}$

$$X_1 = \bar{x}^2 - (S^2/N)$$

$$Kc = X_1 \div Y_1$$

La aplicación de la distribución binomial negativa es muy útil cuando la población de hospedadores puede ser subdivididos en subpoblaciones de diferentes tipos (edad, sexo, genotipo, hábitats etc.), sin embargo, el resultado correspondiente a la población total no debe extrapolarse a las subpoblaciones que la integran, en vista de que los efectos no son aditivos.

El valor del parámetro de contagio **K** de la binomial negativa, es próximo a cero cuando la distribución de frecuencias es altamente sobredispersada y al infinito, en el caso de la distribución de Poisson (Grafen y Woolhouswe ,1993), por consiguiente, cuanto menor sea el valor de K, más contagiosa será la disposición espacial de los individuos (Cabaret ,1977; Rojas ,1964; Southwood, 1975, Croll et al ,1982; Gil et al ,2007 ; Moreno et al , 2017; Vivas y Notz , 2011;Hernandez et al ,2017; McVinish y Lester ,2020). El parámetro K de la distribución binomial negativa, tiene valores cercanos a 2 (Rabinovich, 1980) y para el caso específico de las poblaciones parasitarias, su valor es casi siempre inferior a 1 (cabaret ,1977). Morrill et al (2017), mediante modelos de simulación, exploraron los efectos de la agregación en la coinfección con especies parasitas herero o conespecíficas, caracterizadas por diferentes abundancias promedios, encontrando que el aumento de la agregación aumento la

probabilidad de coocurrencia conespecífica para parásitos con abundancias promedios bajas y con el aumento del número promedio de parásitos conespecíficos en todas las especies.

Ejercicio X

A manera ilustrativa presentamos la información suministrada por Croll et al (1982), sobre la infestación por *Ascaris lumbricoides*, en humanos de una localidad rural de Irán (n=252), con los cálculos de prevalencia, abundancia y K, realizados con 111 personas).

Clase de Edad	Prevalencia	Abundancia	K
0 – 4	65,9	14,4	0,27
5 – 9	93,3	14,6	0,97
10 – 14	94,3	21,6	0,89
15 – 19	100	11,2	2,93
20 – 24	86,7	24,3	0,53
25 – 29	76,9	26,2	0,34
35 – 39	87,8	25,3	0,55
30 – 34	85,7	17,3	0,57
40 – 44	91,7	26,0	0,70
45	76,9	16,7	0,35
Total	85,7	19,8	-----

Se observa que independientemente del grupo de edad, el valor de K osciló de 0,27 a 2,93, con un valor promedio de 0,8, indicando la disposición en agregados del parásito en la muestra examinada y la gran variabilidad de dichas cargas parasitarias entre los individuos. Podemos observar, que cuando la prevalencia fue del 100%, la agregación disminuyó, como lo indica el valor de K más elevado y esto ocurrió con el grupo de edad entre 15 a 19 años, sin embargo y a pesar de que la prevalencia en todos los grupos de edad fue elevada, la disposición espacial contagiosa del parásito se mantuvo, reflejando la heterogeneidad de la resistencia a la infestación de los hospedadores.

3. Cálculo del coeficiente de agregación K y del coeficiente de agregación común Kc

Para la realización de los cálculos del coeficiente de agregación K (Ascombe ,1949, Rojas ,1964, Southwood, 1975; Rabinovich, 1980, Cancela da Fonseca,1966;Martella et al, 2012) y del coeficiente de agregación común (Southwood ,1975, Badii et al ,2011), utilizaremos la información de base suministrada en el ejercicio VII.

Ejercicio XI

$$K(2-3 \text{ mm}) = (0,57)^2 / (6,85 - 0,57) \quad ; \quad K(2-3 \text{ mm}) = 0,052$$

$$K(3-4 \text{ mm}) = (3,65)^2 / (157,26 - 3,65) \quad ; \quad K(3-4 \text{ mm}) = 0,087$$

$$K(4-5 \text{ mm}) = (11,10)^2 / (384,78 - 11,10); \quad K(4-5 \text{ mm}) = 0,329$$

$$K(> 5 \text{ mm}) = (40,50)^2 / (2140,90 - 40,50); \quad K(> 5 \text{ mm}) = 0,780$$

Cálculo del Coeficiente de Agregación Común Kc

S^2	\bar{x}	$=$	Y_1
6,85	0,57		6,28
157,26	3,65		153,61
384,78	11,10		373,68
2140,90	40,50		2100,4
$\Sigma 2633,97$			
\bar{x}^2	—	(S^2/N)	X_1
0,325		0,299	0,026
13,320		2,859	10,461
123,320		12,826	110,384
1640,020		214,090	1425,930
$\Sigma 1546,800$			

$$Kc = X_1 / Y_1; \quad Kc = 1546,80 / 2633,97 = 0,587$$

$$Kc = 0,587$$

Interpretación

A medida que aumenta el tamaño del molusco gasterópodo *Lymnaea cubensis* disminuye la sobredispersión de las cercarías de *Fasciola hepatica*, lo cual es evidenciado por el valor de K para cada grupo de tallas.

El valor de K_c , nos indica que la disposición espacial de las cercarías de *F.hepatica* en el seno de la población de *L.cubensis* es de tipo contagiosa, lo cual es indicativo de que las mayores cargas se restringen a unos pocos individuos en el seno de los hospedadores.

4. Estimación del tamaño de la muestra usando el parámetro K de la distribución binomial negativa

Esta fórmula ha sido empleada para estimar el tamaño de una muestra cuando los datos de un sondeo previo y después de evaluar la distribución de los datos con cualquiera de los índices antes mencionados y de la aplicación de la respectiva prueba de significación, se determina que la distribución de los datos se corresponde con la distribución binomial negativa ,como ocurre con las cargas parasitarias en la población hospedadora (Ascombe ,1949 ;Anderson , 1982 ; Cabaret ,1977 ;1981 ; Anderson y Gordon ,1982 ; Blis ,1953 ; Morales ,Pino y Pereira ,1988 ; Badii et al ,2011), la fórmula empleada será la propuesta por Rojas (1964) :

$$N = (1/K + 1/\bar{x} \div (C.V)^2$$

N: número de individuos necesarios

K: coeficiente de agregación

\bar{x} = media aritmética

C.V: coeficiente de variación fijado por el investigador (0,01; 0,05; 0,10 etc.)

Ejercicio XII

Paso 1.

Establecer el tipo de ley de distribución de los datos

Los datos son tomados de Araujo (1981) y corresponden a las cargas de *Aspicularis tetraptera* en ratones del Bioterio Experimental del Núcleo Universitario Rafael Rangel de La Universidad de Los Andes, Trujillo, Venezuela.

Ratones	<i>A.tetraptera</i>	
1	11	
2	5	
3	7	
4	113	
5	155	
6	32	Cálculos previos
7	25	$\bar{x}=29,75$
8	0	$\sum X=357,00$
9	2	$\sum X^2=38671,00$
10	5	$(\sum X)^2=127449,00$
11	0	N=12
12	2	
\sum	357	

Con la información anterior, se procedió a calcular el valor del índice de Morisita (I_s) y obtuvimos: $I_s = 3,62$ como $I_s > 1$, asumimos que se corresponde con la distribución binomial negativa.

$$I_s = 12 (38671 - 351) \div (127449 - 357); I_s = 3,62$$

Luego se procede a la realización de una prueba de F, para verificar si estadísticamente el valor del Is, corresponde o no a una distribución al azar, y obtuvimos que $F_o = 85,72$, es superior al valor de F tabulado (g.l infinito y 11) es igual $F_t = 3,10$

Como $F_o > F_t$, la diferencia es estadísticamente significativa ($p < 0,001$)

Conclusión: La diferencia altamente significativa, nos indica que los datos no siguen una distribución al azar y que las cargas parasitarias siguen una distribución binomial negativa ($I_s = 3,62 > 1$), lo que indica una disposición espacial de tipo contagiosa.

Paso 2

Calcular el valor del parámetro de contagio de la distribución binomial negativa

$$K = (29,75)^2 \div (2550,02 - 29,75)$$

$$K = 0,351 \text{ y su recíproco } 1/K = 2,85$$

$$\bar{x} = 29,75 \text{ y su recíproco } 1/\bar{x} = 0,0336$$

Paso 3

Calcular el tamaño de la muestra, para estimar la carga promedio de *A.tetraptera*, aceptando un coeficiente de variación del 20%.

Sustituyendo en la fórmula y tolerando un coeficiente de variación del 20% (0,20), tenemos:

$$N = (1/K + 1/\bar{x} \div (C.V)^2$$

Tenemos:

$$N = (0,0336 + 2,85) \div (0,20)^2$$

$$N = 72 \text{ ratones}$$

A medida que somos más exigentes con el coeficiente de variación tolerado, el tamaño de la muestra se incrementa considerablemente.

5. Cálculo del coeficiente de variación de la media en datos con distribución binomial negativa.

Para los cálculos que realizaremos a continuación utilizaremos la fórmula preconizada por Rojas (1964) y Cabaret (1977,1981; 1982):

Partimos de La fórmula: $N = (1/K + 1/\bar{X} \div (C.V)^2$ y despejamos C.V

$$C.V^2 = (1/k + 1/\bar{x}) \div N$$

$$C.V = \sqrt{(1/K+1/\bar{x}) \div N}$$

$$C.V = \sqrt{(2,85+ 0,0336) \div 12}$$

$$C.V = \sqrt{0,2403}$$

$$C.V = 0,4902 \text{ o sea } 49,02 \%$$

Si mantenemos los mismos valores de \bar{x} y K, pero asumimos que el tamaño de la muestra fue de 72 ratones, el porcentaje de variación se reduce a un 20%, que se corresponde con el error tolerado al estimar un tamaño de muestra, aceptando un coeficiente de variación del 20%.

6. Uso del Parámetro de Contagio K en la obtención de valores estimados de la Prevalencia y la Abundancia.

6.1 Prevalencia Estimada

La prevalencia estimada o prevalencia teórica se basa en el conocimiento de que la distribución de frecuencias de las cargas parasitarias se corresponde con la distribución binomial negativa, requiriendo para su cálculo del conocimiento del valor del coeficiente de agregación o parámetro de contagio de la distribución binomial negativa y de la abundancia observada. Para su determinación, emplearemos la fórmula empleada por diversos autores (Anderson ,1978; Croll et al ,1982; Cabaret ,1982).

$$Pe = 100 [1 - (K / K + A)^K]$$

Pe = Prevalencia estimada

K = Coeficiente de Agregación

A= Abundancia

6.2 Abundancia Estimada

El valor estimado de la prevalencia, es utilizado para hacer el cálculo de la Abundancia Estimada (Croll et al, 1982).

$$A.E. = K [1 / (1-P.E.)^{1/K}] -k$$

A.E. = Abundancia estimada.

k = Coeficiente de Agregación.

P.E. = Prevalencia estimada

Ejercicio XIII

Estadísticas epidemiológicas de la infestación natural por nematodos de los ovinos criados en zonas áridas del Estado Lara, Venezuela (Morales ,1988)

Especies	Ao	Ae	Po	Pe	Is	K
<i>H.contortus</i>	136,1±28	136,2	69,6	87,67	3,8	0,351
<i>T.axei</i>	462,3±83	439,4	75,4	95,4	3,0	0,444
<i>T.colubriformis</i>	860,6±140	842,3	86,9	98,3	2,8	0,551
<i>C.curticei</i>	8,3±3,1	8,4	17,4	36,8	10,4	0,105
<i>O.columbianum</i>	7,9±2,1	7,9	57,0	54,7	5,3	0,219
<i>T.globulosa</i>	2,9±0,9	2,9	36,2	39,0	5,5	0,169
<i>S.ovis</i>	7,5±3,9	7,5	20,3	23,3	19,4	0,054
<i>B.trigonocephalum</i>	1,0±0,7	1,3	5,8	9,5	37,5	0,027

Usaremos la información de *H.contortus* para desarrollar el ejemplo:

Calculo de la Prevalencia estimada

$$P.E = 100 [1 - (0,351 / 0,351 + 136,1)^{0,351}]$$

$$P.E = 100 [1 - (431,451)^{0,351}]$$

$$P.E = 87,67$$

Cálculo de la Abundancia Estimada

$$A.E = 0,351[1/(1 - 0,876)^{2,84} - 0,351]$$

$$A.E = 0,351[(1/0,123318)^{2,84} - 0,351]$$

$$A.E = 0,351 [388,75] - 0,351$$

$$A.E = 136,1$$

En el cuadro utilizado como ejemplo XI podemos observar que la disposición espacial de las diferentes especies de nematodos integrantes de la comunidad parasitaria albergada por los ovinos examinados es de tipo contagiosa , tal como lo evidencian los bajos valores del coeficiente de agregación K , el cual fue siempre muy inferior a 1 , a esta interpretación podemos agregar el hecho de que la prevalencia teórica resultó en la mayoría de los casos superior a la observada ,lo cual es indicativo de la concentración de los parásitos en menos hospedadores de los esperados.

La comparación entre valores observados versus los valores teóricos se realiza mediante la prueba de bondad de ajuste de X^2

7. Importancia de la sobredispersión en hospedadores infestados en condiciones naturales

La disposición de los parásitos en el seno de una población hospedadora infestada bajo condiciones naturales es de tipo contagiosa o en agregados (Barger ,1985) , para Anderson y Gordon (1982), la agregación de los parásitos aumenta la regulación denso-dependiente tanto de parásitos como de hospedadores , ya que en aquellos pocos hospedadores que albergan las mayores cargas, el proceso denso dependiente ejerce su función reguladora, bien sea mediante la disminución de la fecundidad y la sobrevivencia de los parásitos o del hospedador.

Crofton (1971), considera que la distribución en agregados, es de gran interés para el mantenimiento del equilibrio hospedador – parásito y para la autorregulación de dicho sistema, ya que la muerte de un hospedador portador de elevadas cargas parasitarias, se traduce en la remoción de un número importante de parásitos en dicho sistema.

Para Anderson y May (1982), el tratamiento selectivo de un 8% de los hospedadores más altamente infestados, puede reducir en un 50% las cargas parasitarias promedios de *Ascaris lumbricoides*, cuando su disposición espacial es sobredispersada, en esta misma

línea de acción, Barger (1985), trabajando con rumiantes, llegó a la conclusión que el tratamiento del 21% del rebaño con elevadas cargas parasitarias, ocasiona la reducción del 50% de las cargas parasitarias.

Este enfoque del tratamiento selectivo en el control parasitario, revela lo injustificado de los tratamientos en masa e implica una reducción de los costos y de la presión de selección de cepas de parásitos quimio resistentes (Mandonnet , 1995 ;F.A.O ,2003 ; Morales et al ,2010), además de ser una práctica amigable con el medio ambiente (Iglesias,2002;Mandonnet,1995) , y de interés en salud pública al disminuir la presencia de residuos químicos en derivados alimenticios de origen animal nocivos para la salud humana (Sundlof,1989 ; Mandonnet ,1995))

El sistema hospedador parásito es un conjunto dinámico de ingresos y egresos y la enfermedad es la consecuencia de un desbalance entre ellos y por consiguiente el análisis de los factores que ejercen influencia sobre dicho balance, es básico para la elaboración de programas racionales de control (Thomas, 1987). La sobredispersión de los parásitos en animales de interés zootécnico garantiza la formación de paquetes o agregados de parásitos en dos grupos al interior del rebaño , unos que además de los resultados de laboratorio , como la coproscopía exteriorizan sintomatología clínica de enfermedad parasitaria (sensibles) y otros que aún con elevados recuentos de huevos por gramo de heces (h.p.g) , están en buenas condiciones corporales y productivas (resilientes) y cuyo tratamiento , conjuntamente con los sensibles , garantiza la remoción del sistema de la mayor cantidad de las especies integrantes de la infracomunidad parasitaria (Anderson y May, 1982 ;Anderson y Gordon ,1982;Morales ,1988 ;Morales et al ,2007 ; 2008 ;2010 ; 2012)

Anexo 1

Fórmulas generales para calcular el tamaño de una muestra

Para estimar una media

Fórmula preconizada por Schwartz (1981)

$$n = (Z^2) (s^2) / (i^2)$$

En la cual:

Z = número de desviaciones estándar correspondientes a un nivel de riesgo preestablecido por el investigador, para un nivel del 5% el valor es de 1,96 (valor tomado de la tabla de distribución normal estandarizada).

s = Desviación estándar

i = Intervalo de confianza a un nivel σ determinado. Si establecemos que sea del 95%, es necesario tomar 1,96 errores estándar (E.E), puesto que el 95% de las observaciones se encuentran en el intervalo de $X \pm 1,96 E.E$

$$i = 1,96 (s/\sqrt{n})$$

Fórmula de Barreto, Ferreira y Braga (1974)

$$n = (t) (C.V) / F)^2$$

t = valor suministrado por la tabla t de Student con n-1 grados de libertad a un nivel de confianza preestablecido por el investigador

C.V = coeficiente de variación [C.V = (s/X)100

F = porcentaje de variación en torno a la media, tolerado por el investigador.

Estimación de la prevalencia (Camel, 1974; Domenech, 1982)

$$n = (Z^2) (p)(q) / i^2$$

Z = número de desviaciones estándar correspondientes a un nivel de riesgo preestablecido por el investigador, para un nivel del 5% el valor es de 1,96 (valor tomado de la tabla de distribución normal estandarizada).

P = porcentaje de positivos en el muestreo piloto

q = porcentaje de negativos en el muestreo piloto

i = error tolerado por el investigador (comúnmente del 5%)

Determinación del intervalo de confianza de un porcentaje

Al suministrar información expresada en porcentajes, se debe especificar el número de sujetos de la muestra examinada y establecer la precisión del porcentaje, es decir su intervalo de confianza a un nivel prefijado por el investigador (1%; 5% etc.).

Para un nivel σ del 5%: $p_o \pm 1,96 sq_o$

sqo = desviación estándar estimada de la distribución de porcentajes

$$sqo = \sqrt{(p_o q_o / n)}$$

p_o = proporción de positivos

q_o = proporción de negativos

n = número de individuos examinados

$\sqrt{\quad}$ = raíz cuadrada

El artículo de Badii et al (2011), contiene amplia información sobre diversos métodos para evaluar la disposición espacial con sus respectivos ejemplos y es por consiguiente de interés para todos aquellos interesados en profundizar en lo concerniente a la disposición espacial y el tamaño óptimo de las muestras.

CAPITULO III

Modelos de Distribución de Abundancias

Objetivos

Describir la estructura y composición de una comunidad en base a la integración de la información aportada por la riqueza específica y por la abundancia de cada una de las especies presentes en la comunidad.

Analizar la información mediante un modelo lineal y evaluar el ajuste entre la distribución observada y la teórica mediante la prueba de bondad de ajuste de ji- cuadrado.

Modelos de distribución de abundancias

Los índices y modelos empleados para evaluar la distribución de abundancias de las especies tienen como finalidad describir la estructura y composición de la comunidad analizada y ver si las abundancias de las especies decrecen rápidamente con grandes diferencias entre el número de individuos de la especie o especies más abundantes con respecto a las especies raras (medio especializado, extremo, inestable o degradado), o si por el contrario decrecen lentamente con número de individuos poco diferentes entre taxones (medio armonioso o equilibrado) (Cagniant, 1989; Moreno, 2001; Gracia, 2014; Magurran, 2004).

Las medidas de la diversidad alfa, pueden dividirse en tres categorías (Martella et al, 2012; Moreno, 2001):

- A) Índices de riqueza de especies: consideran número de especies en una unidad de muestreo definido, es la más sencilla de todas, constituye el atributo más frecuentemente utilizado para describir una comunidad, por ser rápido y sencillo (Lopez et al, 2017)
- B) Modelos de distribución de abundancias de especie, mediante los modelos clásicos mencionados a continuación: Modelo geométrico, modelo logarítmico, modelo Log normal y modelo del palo o vara quebrada, de los cuales abordaremos tres en el presente capítulo.

C) Índices basados en la abundancia proporcional de especies y la riqueza específica, los cuales serán estudiados en el capítulo IV.

La diversidad alfa ha sido definida como la riqueza en especies al interior de una comunidad a la que consideramos homogénea, la medición de su estructura y composición puede realizarse mediante índices que consideran la abundancia de cada especie (estructura), como la riqueza específica (composición) y que en este capítulo abordaremos mediante modelos paramétricos de clásico uso en ecología, conocidos como Modelos de Distribución de Abundancias (Daget,1979 ;Daget et al,1972 ; Krebs,1972; Gracia ,2014; Moreno ,2001)

1. Medición de la Distribución de Abundancias

La estructura de las comunidades considerando la abundancia proporcional de cada especie puede realizarse mediante modelos matemáticos que describen la relación gráfica entre el valor de importancia de las especies en función de un arreglo secuencial por intervalos de las especies de la más importante a la menos importante (Daget,1979,Blondel,1979 Daget et al ,1972; Uribe y Orrego , 2001:Magurran,2005) , tal como se presenta en La ley de Mandelbrot (Frontier,1981) es descrita por un diagrama rangos – frecuencia, el diagrama representa una distribución acumulada o retro acumulada, ya que se construye con frecuencias decrecientes .Esta ley es de mucha importancia en el análisis de comunidades en el cual encontramos comúnmente que las especies integrantes se reparten en diferentes frecuencias relativas verificando la ley de Mandelbrot (Frontier,1981) , que tiende a demostrar la existencia de un costo (energético por ejemplo) de las diferentes especies dentro de la comunidad. La forma de una gráfica de rango/abundancia se puede utilizar para deducir cuál de los modelos de distribución de abundancias describe mejor los datos, cuando las gráficas son empinadas indican comunidades con alta dominancia, mientras que, si la inclinación es poca o débil, implica alta uniformidad y se podría corresponder o bien con la normal logarítmica o con el modelo del bastón roto (Gracia ,2014; Daget ,1979, Blondel ,1979).

Si los rangos y las frecuencias son expresados en logaritmos, la distribución óptima es bien determinada por la ecuación:

$\log p_i = \log A - Y \log i$, lo cual como veremos más adelante es de gran interés para el desarrollo de los modelos matemáticos de la distribución de abundancias.

Estos modelos permiten evaluar la diversidad basados en la estructura de la comunidad, es decir en la distribución proporcional del valor de importancia de cada especie, o sea su abundancia relativa o de sus frecuencias absolutas (Moreno, 2001; Daget ,1979; Blondel ,1979; Gracia, 2014, Uribe y Orrego,2001; Magurran ,2004).

La diversidad específica, tiene dos componentes que revisten gran importancia: la riqueza en especies y la equidad o equirepartición de las especies al interior de la comunidad (Krebs, 1999; Uribe y Orrego, 2001), que en la mayoría de las investigaciones helmintológicas está referida a la infracomunidad (Aho y Bush ,1993; Morales y Pino, 1995; Bautista et al ,2015).

Al conocerse los efectivos de cada especie integrante de la comunidad, se puede definir a la distribución de abundancias de las especies como la distribución de frecuencias obtenida al clasificar las especies por orden de frecuencia absolutas o relativas decrecientes (Daget et al, 1972; Daget, 1979, Uribe y Orrego, 2001; Magurran,2004).

En la distribución de abundancias, se utiliza mucho el término de especies raras, las cuales han sido definidas como aquellas especies que caen en el extremo inferior de la distribución de abundancias de especies (Ezcurra, 1990, Gracia, 2014)

Es común para hacer la representación gráfica colocar en el eje de las abscisas el rango de las especies y en el eje de las ordenadas, los logaritmos de las frecuencias relativas o absolutas correspondientes (Daget, 1979; Blondel ,1979). El ajuste entre los datos empíricos y los estimados, puede evaluarse mediante la prueba de bondad de ajuste de X^2 (Daget, 1979; Blondel, 1979; Uribe y Orrego, 2001).

2. Modelos de Distribución de Abundancias

Los modelos de distribución de abundancias se consideran como la descripción matemática más completa de los datos de una comunidad, los cuales se pueden interpretar como el reparto de los recursos disponibles (Magurran, 2004; Uribe y Orrego, 2001), donde la abundancia de una especie equivale a la porción de nicho que ocupa (Whittaker ,1972; Uribe y Orrego, 2001).

La diversidad específica , tiene dos componentes fundamentales que son la riqueza en especies y la equidad (Daget , 1979 ; Krebs , 1999 ; Uribe y Orrego, 2001; Gracia,2014 ; Moreno,2001; Martella et al ,2012) y al organizar a los integrantes de la comunidad de acuerdo a sus abundancias, de la más a la menos abundantes , surgen unos patrones que

pueden ser ajustados a un modelo de distribución (Daget , 1979, Blondel ,1979 ; Moreno , 2001 , Gracia , 2014 ; Uribe y Orrego,2001; Martella et al ,2012)

En la literatura existen muchos modelos con diferentes grados de complejidad, y teóricamente el mejor modelo es aquel que muestra el mejor ajuste con los datos. Entre los más comúnmente utilizados y que basan sus cálculos en los criterios antes mencionados, se encuentran los siguientes modelos (Magurran ,2004; Moreno, 2001, Gracia, 2014; Martella et al ,2012) y que seleccionamos por su interés en estudios tanto de flora como de fauna .

- 1) Modelo Log Lineal de Motomura o Modelo de las series geométricas
- 2) Modelo Log Normal de Preston
- 3) Modelo del bastón partido de MacArthur

En la serie geométrica o Modelo de Motomura, unas pocas especies son abundantes y las restantes casi todas son raras o escasas, mientras que, en el modelo de la vara quebrada o Modelo de MacArthur, las especies presentan abundancias similares y podríamos decir que no existe dominancia de ninguna. En el rango intermedio están las series o Modelo logarítmico de Fisher y el log normal de Preston, en los cuales existen pocas especies dominantes, una mayoría con abundancias medias y un grupo pequeño de especies raras (Blondel, 1979; Uribe y Orrego, 2001; Magurran, 2004).

Al realizar los gráficos de dispersión, en el caso de un modelo de Motomura los puntos se alinean en una recta de pendiente negativa, que será más empinada cuando la diversidad es baja (Daget et al ,1972 ; Daget , 1979 , Blondel , 1979), en general aparece como una línea recta de empinado gradiente , en el caso del modelo de Preston, la pendiente tiene forma sigmoidea y en el modelo de Mac Arthur, se obtiene una curva en "S" disimétrica, que se correspondería a una curva más plana (Blondel ,1979) , este modelo es comúnmente observado en los grupos de especies denominados "guildes" (Blodel,1979; Magurran,2005) , termino ampliamente analizado en sus implicaciones y usos en ecología por Koch et al (2019)

Los modelos de distribución de abundancias pueden dividirse en dos categorías: 1). Los modelos estadísticos, que procuran describir los patrones observados (modelo de Fisher)

y 2) Los modelos biológicos, que intentan explicarlos (serie geométrica y modelo del bastón roto (Gracia ,2014)

Los modelos de Motomura y de Preston, dependen de tres parámetros: el efectivo total, el número de especies y de la constante del medio, mientras que el modelo de MacArthur solo depende de los dos primeros parámetros (Daget et al ,1972; Daget ,1979).

Para Daget (1979) un modelo matemático permite con aproximación suficiente describir un fenómeno, o de condensar la información extraída de un conjunto de datos, destacando que en la práctica son siempre los modelos más simples los más eficaces y que en la medida de lo posible lo ideal es ajustar los datos a un modelo lineal.

Los efectivos teóricos ajustados, son comparados a los efectivos observados, comúnmente mediante la prueba de bondad de ajuste de X^2 (Daget et al ,1972; Daget, 1979; Magurran ,2004).

2.1 Modelo de la serie geométrica de Motomura

Esta serie es también conocida como Hipótesis del Nicho Preferencial, lo cual indica una relación determinada de prioridad entre unas especies con respecto a otras y se corresponde con mayor frecuencia con ambientes pobres en especies (García ,2014). En este modelo, el número de individuos de cada especie, ordenados por rangos decrecientes, se ajustan a una ley de progresión geométrica y la relación entre dos especies consecutivas cualesquiera constituyen el llamado índice de Motomura (Castel ,1980; Moreno,2001; Magurran ,2004; Gracia ,2014). La representación gráfica se realiza colocando en el eje de la abscisa el rango de las especies y en el de las ordenadas, el logaritmo (\log_{10}) de las abundancias (Daget ,1979; Daget et al, 1972, Castel, 1980; Moreno ,2001; Gracia, 2014)

En este modelo encontramos que la distribución de unas especies con respecto a las otras responde a una fuerte jerarquía, lo que se traduce que en la comunidad unas pocas especies son dominantes, mientras que las otras están débilmente representadas e incluso son raras o escasas, lo que conlleva a una situación opuesta al modelo de MacArthur (Blondel,1979).

En este modelo La curva del logaritmo de las abundancias en función del rango de las especies, aparece como una línea recta, en la cual la pendiente es más empinada

mientras menor sea la diversidad (Daget, 1979; Blondel, 1979; Lair et al, 1985; Moreno,2001, Gracia ,2014).

El procedimiento matemático, requiere que las especies se ordenen de la más abundante a la menos abundante, luego se estima el valor de la constante K a partir de iteraciones empleando la siguiente ecuación suministrada en detalle por Moreno (2001):

$$N_{\min} / N = [K/(1-K)](1-K)^S \div 1 - (1 - K)^S$$

N_{\min} : es la cantidad o número de la especie menos abundante

N : sumatoria de las abundancias de todas las especies presentes

S : número de especies

Luego, con el valor de K , se estima el valor de $CK = [1 - (1 - K)^S]^{-1}$; luego mediante la fórmula siguiente: $n(e) = N CK K(1 - K)^{i-1}$, se obtienen los valores esperados para cada especie.

La fórmula de Motomura, puede ser simplificada mediante una ecuación de regresión lineal simple del logaritmo de la abundancia ordenadas por rango descendente en la ordenada (Y) y las especies en el eje de las abscisas(X), correspondiéndole el rango 1 a la especie más abundante, el rango 2 a la siguiente especie más abundante y así sucesivamente:

$$\text{Log}_{10} \text{ Abundancias} = a - \log_{10} q_i$$

La ecuación de regresión permite calcular los valores teóricos de la abundancia y determinar si esos efectivos siguen una progresión geométrica de acuerdo a la constante del medio o constante de Motomura 'm'.

El valor de la constante de Motomura se obtiene fácilmente al obtener el logaritmo (\log_{10}) de la pendiente de la recta de la ecuación de regresión lineal (Daget et al,1972; Daget,1979), que, al desarrollar el ejemplo, identificaremos como Ecuación 1

A menor diversidad, mayor es el valor absoluto de la pendiente, puesto que al haber ordenado los efectivos en orden decreciente, la pendiente de la recta es siempre negativa y por consiguiente inferior a la unidad .Siendo el Modelo de Motomura una progresión geométrica , está totalmente determinado por el valor del parámetro "m" y es

independiente del tamaño de la muestra (Daget,1979) , una disminución de la pendiente \hat{a} (aumento de \hat{m}) se traduce en un mejor equilibrio demográfico dentro de la comunidad (Castel ,1980)

Normalmente la sumatoria de los efectivos teóricos o estimados mediante la ecuación son diferentes a los valores observados utilizados en la que llamaremos Ecuación 1, lo que se debe a que la recta pasa por el punto de la abscisa en posición mediana y el valor correspondiente en la ordenada se corresponde con la media geométrica de los efectivos, puesto que es la media de valores de efectivos expresados en logaritmos y no la media aritmética de dichos efectivos (Daget,1979).Para lograr que la suma de los efectivos teóricos sea igual a la suma de los efectivos observados , se procede a hacer la transformación \log_{10} de ambas sumas y luego se hace la diferencia entre ambos logaritmos (\log_{10} Observados – \log_{10} Teóricos) y el resultado de dicha diferencia se agrega a los logaritmos teóricos (Daget ,1979) .Estos logaritmos teóricos ajustados son utilizados en una nueva regresión lineal (Ecuación 2)y con dicha ecuación se estiman los valores teóricos ajustados ,que son sometidos a transformación anti logarítmica y así obtenemos los efectivos teóricos ajustados, los cuales son comparados a los efectivos observados mediante la prueba de bondad de ajuste de X^2 (Daget,1979), la cual será realizada empleando el paquete estadístico MINITAB^R y cuya realización es mostrada en el Capítulo V : Pruebas no paramétricas > una muestra > Prueba de Bondad de Ajuste.

Ejercicio XIV

Mediante una encuesta helmintológica realizada en 69 ovinos infestados en condiciones naturales y provenientes del Distrito Torres del estado Lara (Venezuela), obtuvo los siguientes resultados (Morales,1989):

Especie	Abundancia Absoluta	Rangos	Proporción
<i>T.colubriformis</i>	60893	1	0,584033
<i>T.axei</i>	32198	2	0,308815
<i>H.contortus</i>	9263	3	0,0888426
<i>C.curticei</i>	568	4	0,0054478

<i>O.colombianum</i>	549	5	0,0052655
<i>S.ovis</i>	515	6	0,0049394
<i>T.globulosa</i>	205	7	0,0019662
<i>B.trigonocephalum</i>	72	8	0,0006906
Σ Totales	104263		

Abundancia Absoluta: Sumatoria de las cargas por ovino discriminadas por especie parasita.

Pasos

Modelo de Distribución de Abundancias de Motomura

El Procedimiento general es muy similar en los tres modelos analizados, con sus diferencias al nivel de las transformaciones empleadas (Probit, \log_{10} , \log_2) o en el empleo de porcentajes y en el cálculo de la constante de Motomura (presente ejemplo) y el de Preston, cuyas particularidades se indican al requerirlas.

- 1) Las cantidades se ordenan por orden descendente
- 2) Se colocan los rangos de las especies en forma ascendente, a la cantidad mayor le corresponde el rango 1, a la siguiente el rango 2 y así sucesivamente.
- 3) Se le extrae el \log_{10} a las cantidades, en este caso a las Abundancias Absolutas
- 4) Se hace la regresión lineal simple entre el \log_{10} de las Abundancias Absolutas como variable dependiente (Y) y los correspondientes rangos de posición de las especies como variable regresora (X)
- 5) Se obtiene la ecuación de regresión lineal entre ambas variables y los correspondientes coeficientes de determinación (R) y del coeficiente de correlación (r), el cual siempre será negativo.
- 6) Se le extrae el \log_{10} de la pendiente de la recta y de esta manera obtenemos el coeficiente o constante del medio "m" de Motomura.
- 7) Con la ecuación de regresión se calculan los valores predichos del \log_{10} de las abundancias
- 8) Se le extrae el antilogaritmo a los valores predichos y de esta forma obtenemos los valores teóricos de los efectivos.

- 9) Si la sumatoria de estos efectivos teóricos no da una cantidad igual a la sumatoria del efectivo observado, se les extrae el \log_{10} al total de los efectivos observados y al total de los efectivos teóricos.
- 10) Se calcula la diferencia entre ambas sumatorias de efectivos transformados logarítmicamente y el valor de dicha diferencia se le agrega al \log_{10} de los efectivos predichos o estimados para hacer el respectivo ajuste.
- 11) Se hace la regresión lineal entre los rangos ascendentes o de posición (comenzando con la especie más abundante a la cual le corresponde el rango 1) como variable regresora (X) y el \log_{10} de los valores predichos ajustados y se calculan los correspondientes coeficientes de determinación (R) y de correlación (r).
- 12) Ajustar un modelo de Motomura a una distribución de abundancias o efectivos observados, equivale a estimar la pendiente de la recta de regresión del \log_{10} de dichos efectivos (Y) en relación con los rangos correspondientes (i).
- 13) Se calculan los valores predichos ajustados y a estos valores se les extrae el antilogaritmo y así obtenemos los efectivos teóricos ajustados y luego se establecen las proporciones correspondientes para estos valores teóricos ajustados en relación al gran total.
- 14) Se realiza la prueba de bondad de ajuste de X^2 entre los efectivos observados y los efectivos teóricos ajustados (proporciones)
- 15) Esta prueba, en caso de aceptar la H_0 , nos indica que al menos con la información analizada no tenemos evidencias para rechazar el ajuste de nuestros efectivos al modelo propuesto.

Cálculos	Efectivos	Log ₁₀ E	Rangos	Log ₁₀ T	E . T	Log ₁₀ T.A	E. T. A
Especies	2	3	4	5	6	7	8
T.c	60893	4,78	1	4,67	46773,5	4,81055	64647,6
T.a	32198	4,51	2	4,25	17782,8	4,39055	24578,3
H.c	9263	3,97	3	3,83	6760,83	3,97055	9344,43
C.c	568	2,75	4	3,41	2570,40	3,55055	3552,65
O.c	549	2,74	5	2,99	977,237	3,13055	1350,68
S.o	515	2,71	6	2,57	371,535	2,71055	513,514

T.g	205	2,31	7	2,16	144,544	2,30055	199,780
B.t	72	1,86	8	1,74	54,9541	1,88055	75,9544
Σ	104263				75435,8		104263
Log ₁₀	5,01813				4,87758		

$$\text{Diferencia} = 5,01813 - 4,87758 = 0,140553$$

Leyenda

Log₁₀ de los efectivos observados (3)

Log₁₀ de los efectivos teóricos (5)

Efectivos teóricos (6)

Log₁₀ de los efectivos teóricos ajustados (7)

Efectivos teóricos ajustados (8)

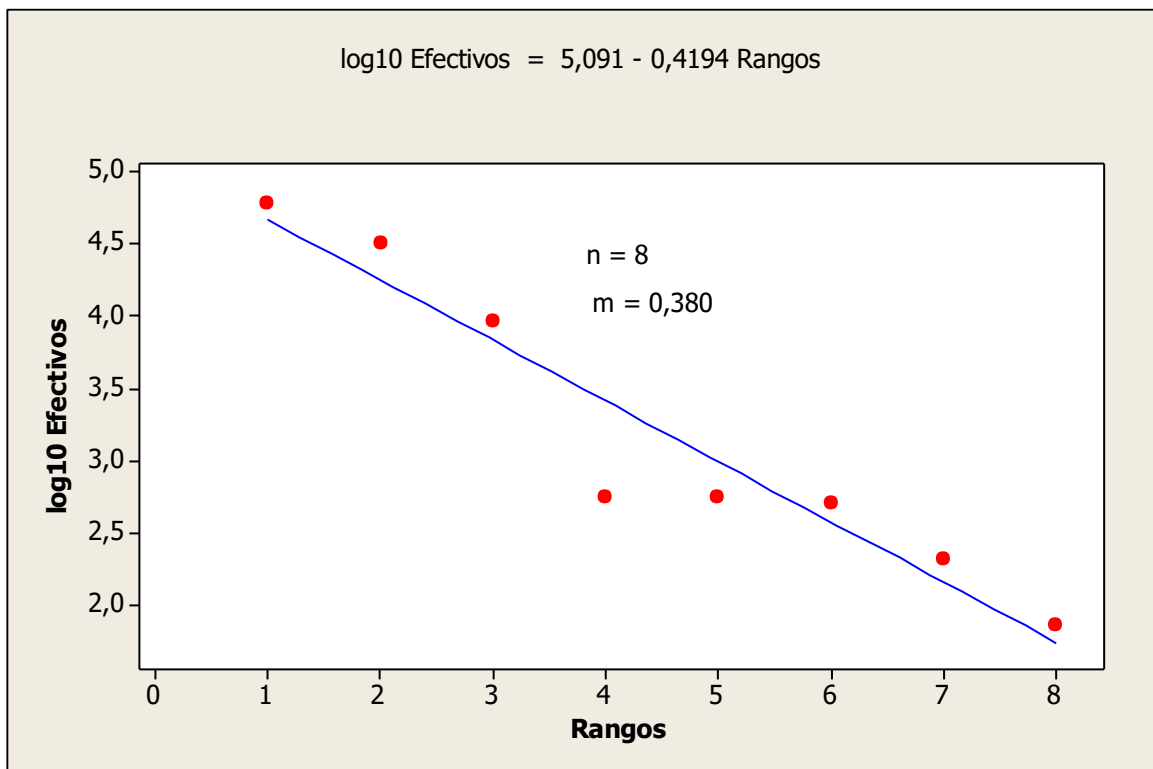


Figura 6. Regresión lineal simple entre los rangos de las especies y el logaritmo (log₁₀) de las abundancias

Ecuación 1

$$\text{Log}_{10} \text{Efectivos Observados} = 5,091 - 0,4194 \text{ rangos} \quad r = -0,95$$

$$\text{Log}_{10}(0,4194) = 0,380$$

$$\text{Constante m de Motomura} = 0,380$$

Para Inagaki (1967), el valor del coeficiente de correlación puede ayudar a apreciar el ajuste de los datos al modelo de Motomura y considera que un $r = -0,95$ puede ser considerado un umbral, por encima del cual el ajuste es aproximado, con un $r = -0,98$ el ajuste es satisfactorio y con un $r = -0,99$, lo considera como un ajuste riguroso, de acuerdo al autor antes mencionados, nuestros datos están en el valor umbral del coeficiente $r (-0,95)$.

Con la ecuación 1, procedimos a obtener los valores predichos de los efectivos (columna 5), cuya transformación anti logarítmica se muestra en la columna 6, vemos que la sumatoria resultó en un gran total de 75435,8 muy diferente de la correspondiente a los efectivos observados, que fue de 104263, razón por la cual se procedió a hacer el ajuste respectivo de acuerdo a los pasos 9 y 10. Luego ejecutamos el paso 11 y la Ecuación 2, con la cual estimamos los valores predichos o estimados ajustados (Efectivos Teóricos Ajustados = $5,227 - 0,441$ rangos), que son mostrados en la columna 8 de la sección de cálculos en base al Ejemplo XII. Con la información aportada en las columnas 2 (Efectivos Observados) y en la columna 8 (Efectivos Teóricos Estimados), se realiza la prueba de bondad de ajuste de X^2 .

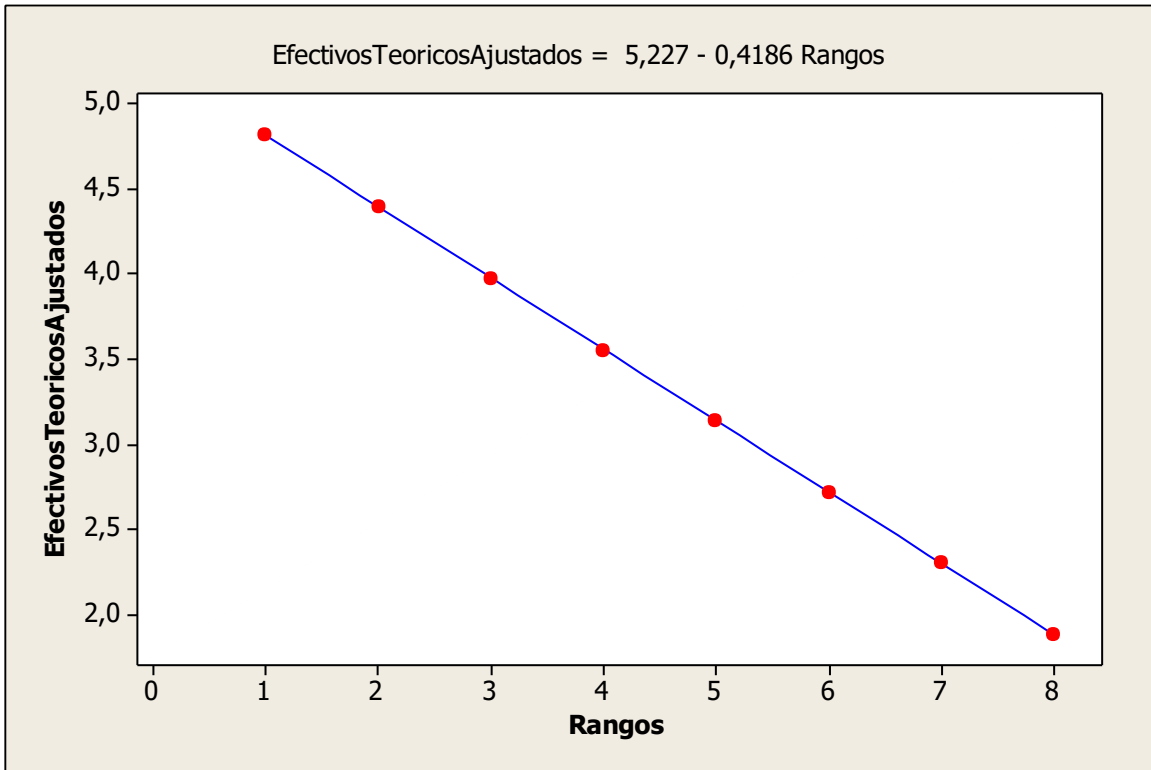


Figura 7. Regresión lineal simple entre los rangos de las especies y el logaritmo (\log_{10}) ajustado de las abundancias

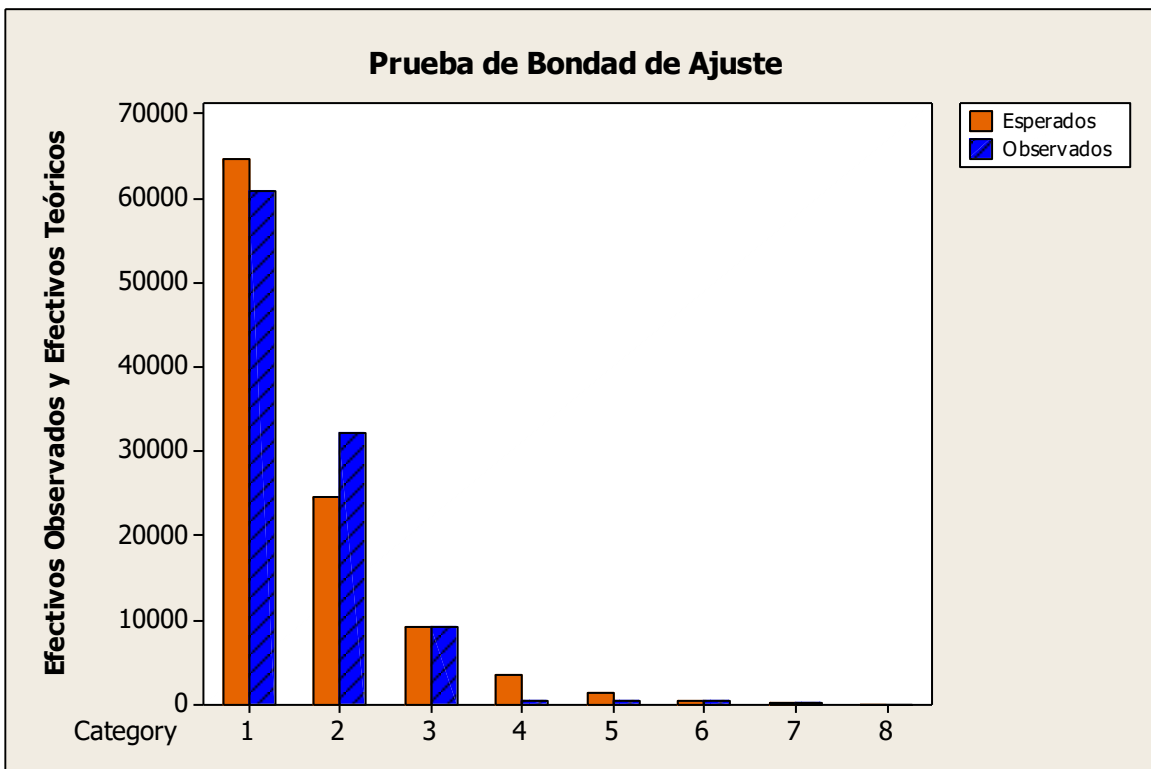


Figura 8. Prueba de bondad de ajuste entre valores observados y teóricos ajustados de las abundancias.

El valor de X^2 ($p < 0,0001$), indica el rechazo de la H_0 , lo cual indica que los datos analizados (distribución de abundancias absolutas), no se ajustan al modelo de

Motomura.				
Especies	Observados	Proporciones	Esperados	Contribución X^2
1	60893	0,620044	64647,6	218,06
2	32198	0,235734	24578,3	2362,20
3	9263	0,089624	9344,4	0,71
4	568	0,034074	3552,7	2507,46
5	549	0,012955	1350,7	475,83
6	515	0,004925	513,5	0,00
7	205	0,001916	199,8	0,14
8	72	0,000728	76,0	0,21

N	G.L	X^2	P
104263	7	5564,62	0,000

Conclusión: El coeficiente de correlación ($r = - 0,95$), nos indicó que el ajuste no era bueno, ya que su valor estaba en el umbral de aproximado y los resultados de la prueba de X^2 evidenciaron la existencia de diferencias estadísticamente significativa entre los valores observados con respecto a los teóricos y por consiguiente al rechazo de la H_0 de un buen ajuste con respecto al modelo.

2.2 Modelo log normal de Preston

Este modelo considera que pocas especies son muy abundantes o muy raras, mientras que la gran mayoría tiene abundancias medianas (Preston ,1949; Daget et al, 1972; Daget, 1979, Blondel, 1979; Moreno, 2001)

En este modelo, la distribución de las abundancias de las especies es log normal y a medida que el tamaño de la muestra aumenta, también aumenta la colecta de las especies raras y entonces, la distribución normal se hace visible (Aguilar, 2008).

El punto en el que las especies raras no son muestreadas es conocido como Línea de Velo de Preston, las especies raras se evidencian a medida que el muestreo aumenta y entonces más de la curva normal se hace visible (Daget, 1979; Aguilar ,2008)

La distribución log normal refleja el teorema del límite central (Daget ,1979), mientras que en modelos tales como el de la vara quebrada o la serie logarítmica, está implícito algún aspecto de la biología de la comunidad

Preston (1948) expresa el modelo log-normal de la forma:

$$Y = Y_0 \exp(-\sigma^2 R^2)$$

Y = número de especies en la R-iesima octava (clase) a la derecha y a la izquierda de la curva simétrica (moda), Y_0 es el número de especies en la octava modal.

$a = 1/2\sigma^2$, es la amplitud inversa de la distribución

a = constante arbitraria

σ = desviación estándar logarítmica.

La fórmula de Preston, puede ser modelizada mediante una ecuación de regresión lineal simple del logaritmo de la abundancia (Y) y en valores Probit (X) de los porcentajes acumulados de los rangos (1/10; 2/10.....9/10). Estos porcentajes en forma de proporción (0,10; 0,30.....0,90), son sometidos a transformación Probit y luego se le adiciona 5, para evitar la presencia de valores negativos.

Para calcular esos porcentajes se considera para el límite superior $(N + 0,5/N+1)$ y $(0,5/N+1)$ para el límite inferior, lo cual se logra de una manera sencilla sumando 1 al total de intervalos considerados (Rangos ascendentes de las abundancias ordenadas en forma descendente) y luego dividiendo cada intervalo entre el total de especies más 1, o sea si hay 16 especies para el cálculo de los porcentajes cada intervalo se divide entre 17 (1/17 , 2/17.....16/17)

Este modelo puede expresarse en forma lineal mediante la siguiente ecuación:

$$\text{Log abundancias} = - \text{Probit (Porcentajes acumulados)} + \text{constante}$$

(Ver ecuaciones en el ejemplo)

De acuerdo a este modelo, cuando un gran número de factores determinan el número de Individuos por especie (estandarizado por una transformación log), la variación al

azar de estos factores (los procesos que regulan la ecología de la comunidad) dará por resultado la distribución normal del número de individuos por especie (Magurran, 1988; Moreno, 2001).

La curva de las abundancias (eje Y) en relación con el rango de las especies (eje X), presenta una forma sigmoidea cuando la distribución de abundancias se corresponde con el modelo log normal de Preston.

En el eje de las abscisas o eje X se utilizan los porcentajes acumulados con transformación Probit (Daget ,1979) y en el eje de las ordenadas se puede utilizar el \log_2 o el \log_{10} de la abundancia (Daget, 1979). Preston (1948) en su modelo empleo logaritmos de base 2 y llamo a las clases resultantes octavas, pero como lo puntualizamos anteriormente no es obligatorio hacerlo, siendo válido el uso de cualquier base logarítmica, teniendo presente que en caso de hacer comparaciones se deben hacer utilizando la misma base logarítmica (Moreno, 2001; Gracia, 2014; Daget ,1979).

En este modelo se recurre al uso de la transformación Probits , que son desviaciones equivalentes normales y son porcentajes acumulativos codificadas mediante la adición de 5 ,lo cual se hace para evitar los números negativos (Frontier ,1981) .La transformación Probit tiene por efecto el de transformar en una recta la curva de repartición normal y obtener una recta conocida como recta de Henry , en la cual la pendiente de dicha recta es inversamente proporcional a la desviación estándar ($1/\sigma$) (Frontier ,1981) . El proceso de transformación Probit se ha simplificado enormemente, ya que la misma sido incorporada en la opción transformar en paquetes estadísticos, como el InfoStat (Di Rienzo et al ,2019).

El modelo de Preston, predice que la cantidad de especies presentes en una comunidad tendrá una distribución normal o Gaussiana en el logaritmo de sus abundancias. La distribución log normal es la esperada cuando los datos dependen del producto de variables aleatorias (Daget ,1979; Blondel, 1979; Halffter y Escurra ,1992 citados por Gracia ,2014; Moreno,2001; Magurran ,2004).

Constante de Preston

La constante del medio "m" de Preston es definida como el reciproco del cuadrado de la desviación tipo de la distribución y es la pendiente de la recta de Probits (Daget et al ,1972; Daget, 1979). La información para obtener la constante del medio "m" de Preston, es aportada por la ecuación de regresión (Daget ,1979), que en nuestro ejemplo identificamos como Ecuación 1:

$$\text{Log Abundancia Teórica Ajustada} = 3,56 - 0,265 \text{ Probit. (Ecuación 1)}$$

La constante del medio de Preston es $m = 1/ \sigma^2$

$$m = 1/ (0,265)^2$$

$$m = 1/ 0,070 \quad ; \quad m = 14,29, \text{ pero como}$$

la verdadera constante del medio "m" de Preston se obtiene usando logaritmos de base 2, procedemos de la siguiente manera: $m = \sigma/\text{Log}2 \quad ; \quad \sigma = 0,265/0,30103; \sigma = 0,88031$

$$\sigma^2 = 0,775; \quad m = 1/ 0,775; \quad m = 1,29$$

Constante "m" de Preston es igual a 1,29

Ejercicio XV

Evaluación del ajuste del modelo log-normal de Preston a una comunidad de nematodos Strongyloidea obtenidos mediante necropsia helmintológica en ovinos (n= 10 y \sum abundancias= 1722).

Especie	Rangos	P.A	A.O	L.A.O	Probits	L.A.T	A.T	L.A.T.A	A.T.A
---------	--------	-----	-----	-------	---------	-------	-----	---------	-------

<i>H.contortus</i>	1	0,10	400	2,60	3,72	2,57	371,536	2,57439	375,312
<i>T.circumcincta</i>	2	0,20	270	2,43	4,16	2,45	281,84	2,45439	284,703
<i>T.colubriiformis</i>	3	0,30	258	2,41	4,48	2,37	234,423	2,37439	236,806
<i>T.axei</i>	4	0,40	200	2,30	4,75	2,30	199,526	2,30439	201,554
<i>C.curticei</i>	5	0,50	154	2,19	5,00	2,23	169,824	2,23439	171,551
<i>B.trigonocephalum</i>	6	0,60	135	2,13	5,25	2,16	144,544	2,16439	146,013
<i>O.colombianum</i>	7	0,70	120	2,08	5,52	2,09	123,027	2,09439	124,277
<i>T.gobulosa</i>	8	0,80	100	2,00	5,84	2,01	102,329	2,01439	103,369
<i>S.ovis</i>	9	0,90	85	1,93	6,28	1,89	77,6247	1,89439	78,4138

$$\text{Ecuación 1 } \log \text{ Abundancia Observada} = 3,56 - 0,26 \text{ Probit} \quad r = -0,99$$

Leyenda

P.A = Porcentaje Acumulado

A.O = Abundancia

L.A.O = Logaritmo de la Abundancia Observada

L.A.T = Logaritmo de la Abundancia Teórica

A.T = Abundancia Teórica

L.A.T.A = Logaritmo de la Abundancia Teórica Ajustada

A.T.A = Abundancia Teórica Ajustada

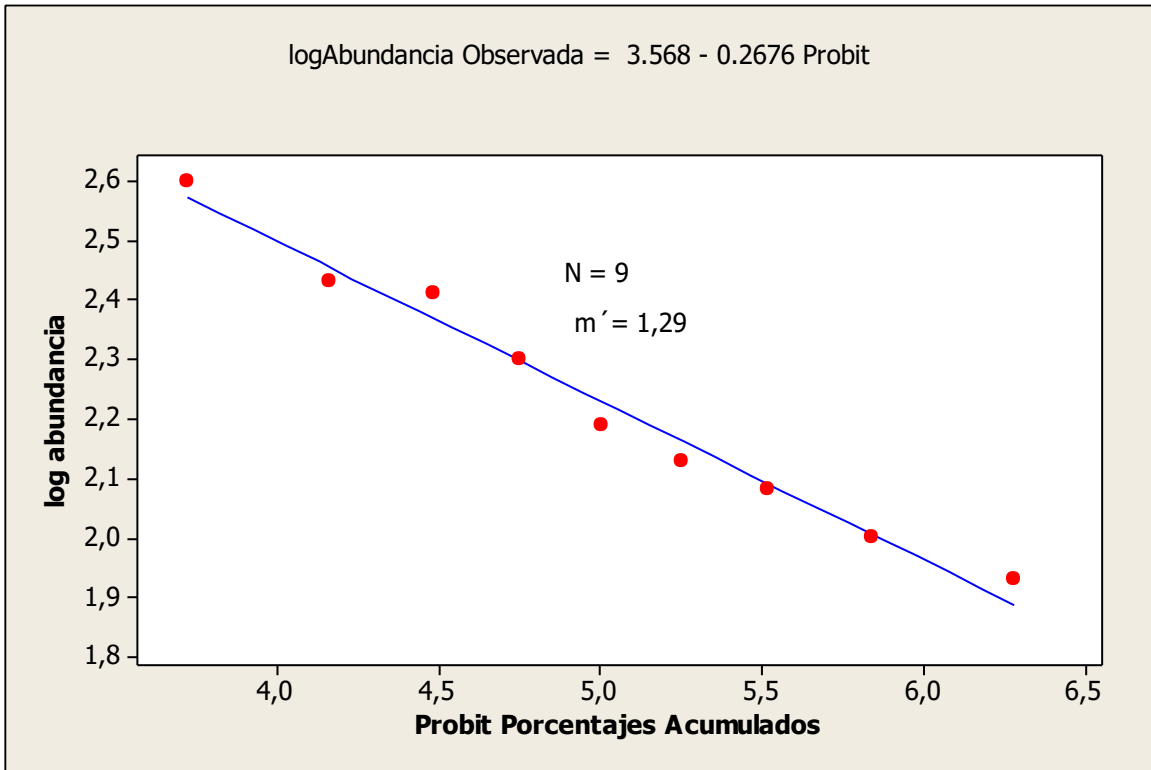


Figura 9. Regresión Lineal Simple entre el logaritmo de las abundancias (\log_{10}) y el valor Probit del porcentaje acumulado

La ecuación de regresión 1 arrojó un coeficiente de determinación $R = 0,98$ y un coeficiente de correlación $r = -0,99$, lo cual sugiere un buen ajuste de los datos al modelo log normal de Preston. Sin embargo, al realizar la sumatoria de las abundancias teóricas, estas dieron un total de 1704,67, mientras que las observadas son de 1722, por consiguiente, se requirió ajustar dichos efectivos de tal manera que la distribución manteniendo la misma frecuencia relativa, su suma sea igual al efectivo total de la muestra de datos observados. Para lograr este ajuste se procede de la manera siguiente:

Suma Observados	Logaritmo de base 10	Suma Teóricos	logaritmo de base 10	Diferencia
1722	3,23603	1704,67	3,23164	0,0043924

Como la diferencia es de signo positivo (+), el valor 0,0043924, se suma a los valores del logaritmo de abundancias teóricas y luego se extrae el antilogaritmo y se realiza con esos nuevos valores, la sumatoria respectiva, que debe dar el mismo valor que la sumatoria de Valores observado (ver Ejemplo XV)

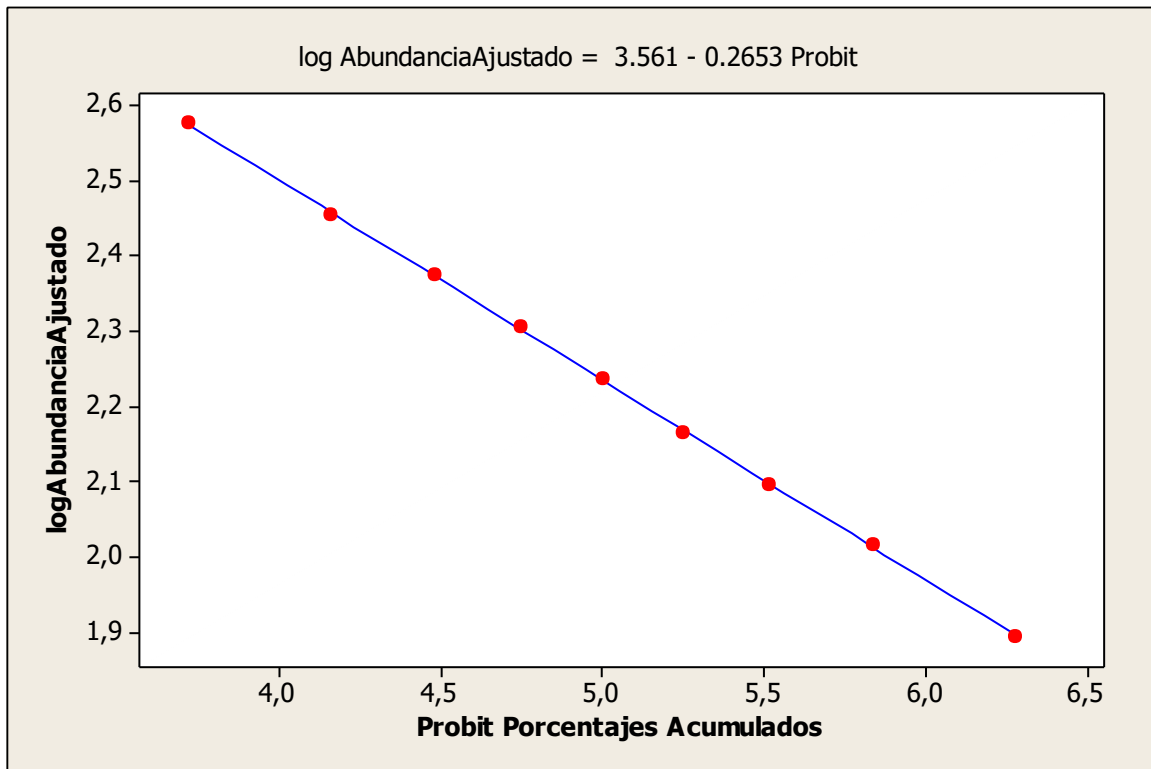


Figura 10. Regresión Lineal Simple entre el logaritmo de las abundancias (\log_{10}) ajustado y el valor Probit del porcentaje acumulado

$$\text{Ecuación 2 Log Abundancia Teórica Ajustada} = 3,56 - 0,265 \text{ Probit}$$

$$(R^2=1 \quad r = - 1)$$

Se realiza nuevamente un análisis de regresión lineal simple, empleando estos logaritmos como variable dependiente (ordenada) y los valores de la transformación Probit del porcentaje acumulado en el eje de las abscisas (X). A partir de esta segunda ecuación, se calculan los valores de la abundancia teórica ajustada.

Luego se realiza la Prueba de Bondad de Ajuste de χ^2 , entre dichos valores y si no hay diferencia estadísticamente significativa, se asume que la distribución de abundancias se ajusta al modelo de Preston (Daget et al ,1972; Daget, 1979; Magurran ,2004)

Prueba X² de Bondad de Ajuste

Especie	A.O	A.T.A	C X ²
<i>H.contortus</i>	470	375,312	1,62399
<i>T.circumcincta</i>	270	284,703	0,75933
<i>T.colubriiformis</i>	258	236,806	1,89689
<i>T.axei</i>	200	201,554	0,01199
<i>C.curticei</i>	154	171,551	1,79553
<i>B.trigonocephalum</i>	135	146,013	0,83069
<i>O.colombianum</i>	120	124,277	0,14722
<i>T.globulosa</i>	100	103,369	0,10983
<i>S.ovis</i>	85	78,414	0,55320
Totales	1722	1722	7,73 p= 0,46 (N.S)

Leyenda

A.O = Abundancia Observada

A.T.A = Abundancia Teórica Ajustada

C. X² = Contribución X²

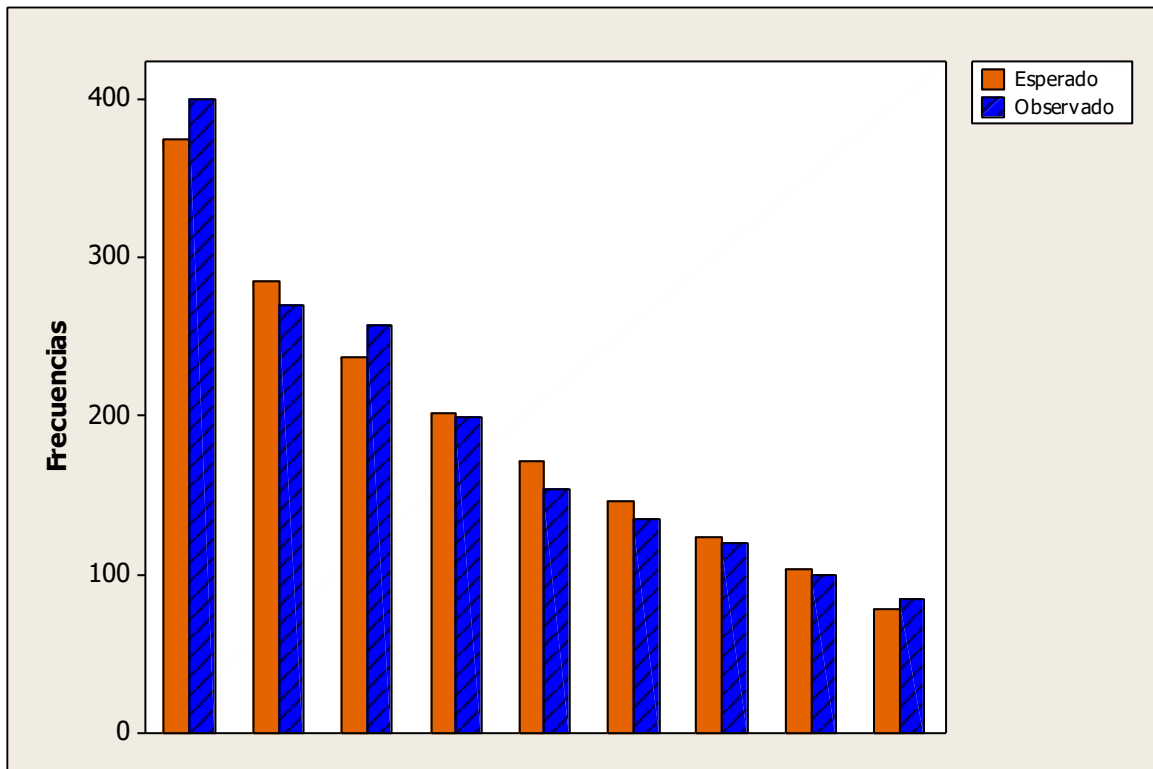


Figura 11. Prueba de bondad de ajuste de χ^2 entre los valores observados y teóricos ajustados

Valor de $X^2 = 7,73$ g.l = 8 $p = 0,46 > 0,05$ (no significativo)

La no existencia de diferencias estadísticamente significativas entre las frecuencias observadas versus las Frecuencias teóricas ajustadas de la distribución de abundancias no permite rechazar de la normalidad de la distribución de dichos datos, a lo cual debemos agregar el alto valor del coeficiente de regresión ($r = -0,99$), lo cual sugiere un buen ajuste al modelo.

2.3 Modelo de MacArthur o modelo del bastón o de la vara partida.

En la descripción original de MacArthur (1957) del modelo del Bastón Roto, hace la similitud con un bastón que se rompe simultáneamente en S trozos de longitudes aleatorias y cuyos tamaños son proporcionales a las abundancias relativas de las especies presentes (Gracia,2014; Magurran ,2004).

Este modelo se aplica a un tipo de distribución muy estructurada en el cual un pequeño grupo homogéneo de especies (Gilde cuya traducción sería gremio) vecinas comparten un recurso importante del medio y establece que la posición respectiva de las especies en la comunidad es gobernada por dicho recurso (Blondel, 1979; Koch et al ,2019). En

este modelo se supone que el rango de las especies en relación con sus abundancias en la muestra, es idéntico al de la comunidad de donde proviene la muestra (Daget, 1979; Gracia,2014).

El modelo de MacArthur, es válido en comunidades en las cuales el efectivo total es constante y cuando los nichos ecológicos ocupados por las diferentes especies se tocan, pero no se solapan (Daget, 1979). El modelo de MacArthur ha sido muy utilizado para representar la distribución de abundancias a partir de muestras con pocos individuos y pocas especies, por consiguiente, existe el riesgo de que la distribución de abundancias observadas en una muestra pequeña no sea representativa de la comunidad de la cual se extrajo la muestra (King, 1964; Daget, 1979; Gracia ,2014).

La fórmula matemática del modelo es la siguiente:

$$a = \frac{m}{n} \sum_{i=1}^r (1/n - i + 1)$$

a = abundancia relativa de cada especie

m = número total de individuos

n = número de especies presentes

r = rango de la especie considerada, en relación con la especie más rara.

Si el número de individuos como una proporción o porcentaje del total es colocado en el eje de las Y, y el logaritmo de los rangos en términos de abundancia en el eje de las X, los datos ajustados a este modelo serán descritos por una línea recta (Southwood, 1975).

La comparación entre los valores observados y estimados para evaluar el ajuste de los datos al modelo, se realiza frecuentemente mediante la prueba de X² y se asume que existe concordancia (buen ajuste), cuando se acepta la Ho de no diferencia estadísticamente significativa entre dichos valores (pasos 13 a 15)

Como ejemplo para el desarrollo del modelo utilizaremos unos datos ficticios sobre una comunidad de parásitos obtenidos mediante necropsia helmintológica de 6 ovinos. Para los cálculos emplearemos la regresión lineal (Y= Porcentajes y X = logaritmo₁₀ de los rangos) (Daget, 1979).

La fórmula anterior se puede simplificar mediante la ecuación de la recta de regresión del Porcentaje o proporción de la abundancia (Y) en logaritmo de base 10 de los rangos descendentes de la abundancia (X).

$$\text{Porcentaje} = \text{Porcentaje} - \log_{10} \text{ Rangos}$$

Ejemplo XVI

Ajuste del modelo de MacArthur a una comunidad de nematodos Strongyloidea obtenidos mediante necropsia helmintológica (datos ficticios).

Especies	Abundancia Observada	Porcentaje Observado	Porcentaje Estimado	Abundancia Estimada
<i>H.contortus</i>	42	35,59	34,61	41,30
<i>T.circumcincta</i>	25	21,19	23,27	27,14
<i>T.axei</i>	19	16,10	16,63	20,06
<i>T.colubriformis</i>	17	14,41	11,93	14,16
<i>C.curticei</i>	9	7,63	8,27	9,44
<i>B.phlebotomum</i>	6	5,08	5,29	5,90
	118	100	100	118

Prueba de Bondad de Ajuste de X²

Especies	A .observada	A. Estimada	Contribución X ²
<i>H.contortus</i>	42	41,30	0,0111864
<i>T.circumcincta</i>	25	27,14	0,168740
<i>T.axei</i>	19	20,06	0,056012
<i>T.colubriformis</i>	17	14,16	0,569605
<i>C.curticei</i>	9	9,44	0,020508
<i>B.phlebotomun</i>	6	5,90	0,001695
Totales	118	118	0,828424

A : abundancia

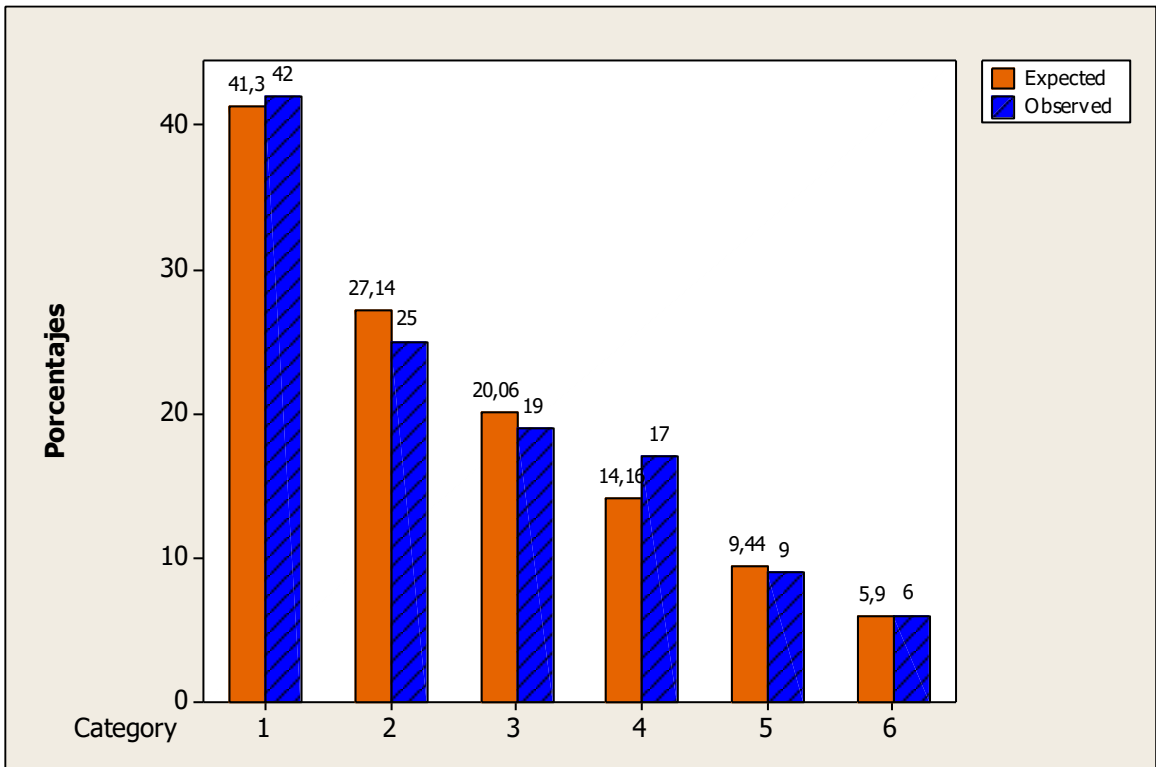


Figura 12. Prueba de bondad de ajuste entre las abundancias observadas y las abundancias esperadas ajustadas.

Valor de $X^2 = 0,828424$ $p = 0,975 > 0,05$ (no significativo)

Conclusión: La distribución de abundancias de las especies parásitas encontradas se ajusta al modelo de MacArthur.

En las Figuras 12 ,se muestra la distribución de los datos observados y estimados respectivamente y en la figuras 13 se suministra además , la información del coeficiente de determinación ($R^2=0,98$), cuya raíz cuadrada es el coeficiente de correlación ($r = 0,99$), lo cual evidencia que la distribución de abundancias de la comunidad de parásitos del ejemplo, se corresponde con el modelo de MacArthur , la prueba de bondad de ajuste de X^2 no evidenció diferencias estadísticamente significativas entre los valores de la abundancia observada y teóricos , lo cual ratifica el adecuado ajuste de la distribución de los datos con el modelo de MacArthur.

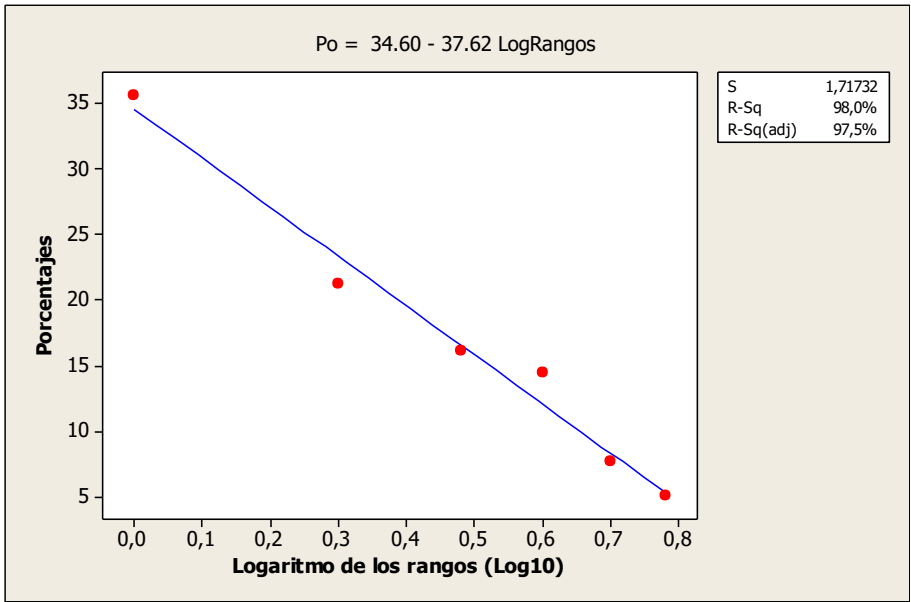


Figura 13.Regresion lineal simple entre el logaritmo (\log_{10}) de los rangos de las abundancias de las especies(X) y el porcentaje observado de las abundancias

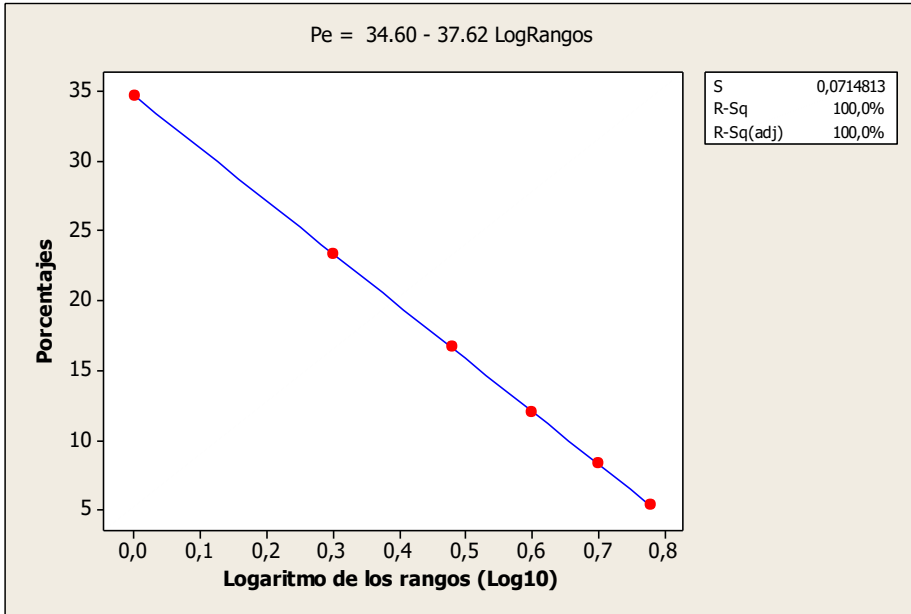


Figura 14.Regresion lineal simple entre el logaritmo (\log_{10}) de los rangos de las abundancias de las especies(X) y el porcentaje teórico ajustados de las abundancias

En la parte superior de cada grafico se suministra la ecuación de regresión que se utilizó para la elaboración de los gráficos empleando el porcentaje de abundancia de cada especie y el logaritmo del rango correspondiente. El coeficiente de correlación fue de r

= -0,99 ($R^2 = 0,98$) para los valores observados, lo que indica un buen ajuste con el modelo de MacArthur.

Es importante conocer que la comparación entre la diversidad de la muestra (valores observados) , con la diversidad del modelo (valores estimados), se puede realizar calculando los respectivos índices de diversidad de Shannon y la razón entre ambos índices nos da el valor de la equitabilidad ,equitatividad o equidad (Daget,1979),lo que indica que en este cálculo el valor de la diversidad máxima (\log_2), es sustituido por el H' calculado para la diversidad de los datos del modelo , siendo su interpretación ,que mientras el valor se aproxime más a la unidad , la equirepartición de las especies entre abundancias observadas y estimadas es más similar.

La comparación entre la estructura y composición entre muestra y modelo, la podemos también realizar con el coeficiente de correlación de rangos de Spearman (Morales y Pino, 1987,1995)

ANEXO 2.

Transformación Probit

Consiste en transformar un porcentaje en unidades de probabilidad

Menú DATOS > Transformar > Ventana Transformaciones > Ingresar variable a transformar (debe ser cuantitativa) > Aceptar > Elegir la Transformación Probit > Aceptar.

Los datos a ingresar deben estar en forma de proporción (0,20; 0,60 etc.) y luego de ser sometidos a la transformación Probit , se le suma 5 para evitar valores negativos.

Por ejemplo

Transformar en Probit el Dato 0,10

Menú Datos > Transformar > Variable a Transformar > Ingreso Dato > Aceptar > Seleccionar Probit > Aceptar

Salida

El valor transformado se incorpora automáticamente a la hoja de cálculo del paquete

Dato	PROBIT_ Dato	Probit_Dato + 5
0,10	- 1,28	3,42

Análisis de Regresión Lineal Simple

Menú > ESTADÍSTICAS > REGRESIÓN LINEAL, permite estudiar la relación funcional entre una variable respuesta Y (variable dependiente) y una variable regresora X (variables independiente o predictora). Mediante la regresión se estudia cómo los cambios en la variable predictora afectan a la variable respuesta, mediante el ajuste de un modelo para la relación funcional entre ambas

InfoStat usa el método de mínimos cuadrados para obtener estimaciones de los coeficientes de la ecuación que explica la relación entre las variables. A partir de estos coeficientes se construye la ecuación de predicción que permite conocer el valor

predicho de Y para cualquier valor de la/s variable/s regresora/s dentro del dominio de los valores experimentados.

Menú > ESTADÍSTICAS □ REGRESIÓN LINEAL, permite realizar este análisis donde las variables involucradas son declaradas en la ventana Análisis de regresión lineal. La variable Y se debe colocar como Variable dependiente y las variables X se asigna como Variable regresora

La ventana de la prueba muestra las solapas General, Diagnóstico, Polinomios, Hipótesis y Selección de modelo. Solapa General: permite seleccionar la información que se mostrará en los resultados

Solapa Diagnóstico: permite seleccionar elementos de diagnóstico, indicar el cálculo de los valores predichos y solicitar los intervalos de confianza y de predicción, eligiendo un nivel de confianza. La información solicitada se guardará como nuevas variables en el archivo original.

Utilizaremos la información empleada al desarrollar el modelo log normal de Preston

Evaluación del ajuste del modelo log-normal de Preston a una comunidad de nematodos Strongyloidea obtenidos mediante necropsia helmintológica en ovinos (n= 10 y Σ abundancias= 1722).

Especie	Rangos	Porcentaje Acumulado	Abundancia	LogAbundancia	Probits	logAbundancia	Abundancia Teorica	LogTeorica	Abundancia
				Observada		Teorica		Ajustada	Teorica Ajustada
<i>H.contortus</i>	1	0,10	400	2,60	3,72	2,57	371,536	2,57439	375,312
<i>T.circumcincta</i>	2	0,20	270	2,43	4,16	2,45	281,84	2,45439	284,703
<i>T.colubriformis</i>	3	0,30	258	2,41	4,48	2,37	234,423	2,37439	236,806
<i>T.axei</i>	4	0,40	200	2,30	4,75	2,30	199,526	2,30439	201,554
<i>C.curticei</i>	5	0,50	154	2,19	5,00	2,23	169,824	2,23439	171,551
<i>B.trigonocephalum</i>	6	0,60	135	2,13	5,25	2,16	144,544	2,16439	146,013
<i>O.colombianum</i>	7	0,70	120	2,08	5,52	2,09	123,027	2,09439	124,277
<i>T.gobulosa</i>	8	0,80	100	2,00	5,84	2,01	102,329	2,01439	103,369
<i>S.ovis</i>	9	0,90	85	1,93	6,28	1,89	77,6247	1,89439	78,4138

Ecuación 1 $\text{Log Abundancia Observada} = 3,57 - 0,27 \text{ Probit}$ $r = - 0,99$

Menú > Estadística > Regresión lineal > Ventana Regresión Lineal Ingresar en Variable Regresora Probit(X) y en Variable dependiente Log Abundancia observada (Y) > Aceptar

En Ventana de la prueba > Seleccionar Diagnostico > Valores Predichos

SALIDA

Análisis de regresión lineal

Variable	N	R ²	R ² Aj
LogAbu	9	0,98	0,98

Coefficientes de regresión y estadísticos asociados

Coef.	Est.	E.E.	LI (95%)	LS (95%)	T	Valor p	CpMallows
const	3,57	0,07	3,40	3,74	49,22	<0,0001	
Probit	-0,27	0,01	-0,30	-0,23	-18,68	<0,0001	306,33

Tabla de análisis de la varianza

FV	SC	gl	CM	F	Valor p
Modelo	0,38	1	0,38	348,81	<0,0001
Probit	0,38	1	0,38	348,81	<0,0001
Error	0,01	7	0,00		
Total	0,39	8			

R² es el coeficiente de determinación, cuya raíz cuadrada es el coeficiente de correlación de Pearson. El coeficiente de determinación siempre es positivo, por ser un número elevado al cuadrado. La raíz cuadrada de 0,98 es 0,99 (r = - 0,99).

Este coeficiente puede ser obtenido directamente usando el Menú del paquete estadístico.

Menú > Estadística > Análisis de Correlación > Coeficientes de Correlación > Ingresar Variables > Selección Coeficiente correlación > Pearson > Aceptar

Coefficientes de correlación

Correlación de Pearson: coeficientes\probabilidades

	LogAbu	Probit
LogAbu	1,00	0,00
Probit	-0,99	1,00

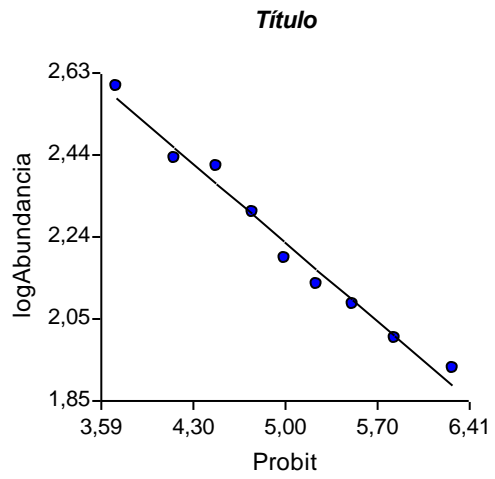


Figura 15. Representación gráfica del Análisis de Regresión Lineal Simple entre los valores Probit (X) y el logaritmo de la abundancia.

CAPITULO IV

Medición de la Riqueza y de la Diversidad Especifica

Objetivos

Para la Diversidad Alfa:

Utilizar índices de diversidad específica y de Equidad para explicar la desigual repartición de los individuos entre las especies integrantes de una comunidad.

Utilizar el SHE análisis para separar la contribución de la riqueza específica y la estructura de la comunidad en la diversidad alfa

Utilizar los índices de diversidad de Shannon, Simpson y Berger Parker en el cálculo de la especie equivalente

Para la Diversidad Beta:

Establecer la similaridad entre dos comunidades empleando los Índices de similaridad de Sorensen y de Jacard.

Evaluar la disimilitud entre comunidades mediante el Índice de Complementariedad Afinidad

Evaluar la afinidad entre especies parásitas por un espectro de hospedadores mediante el Índice de Fager

1. Riqueza Específica

El número de especies es la medida más sencilla de la diversidad y es conocida como Riqueza Especifica, considera únicamente al número de especies presentes sin considerar su importancia numérica (Daget, 1979; Blondel, 1979; Moreno, 2001) y constituye el atributo más utilizado en la descripción de una comunidad, ya que es una medida rápida y sencilla de la diversidad (López et al, 2017) Esta medida es de fácil obtención en las investigaciones helmintológicas, ya que al realizar la necropsia del hospedador (Morales y Pino, 2009), es posible recuperar a todas las especies de los helmintos integrantes de la infracomunidad y por consiguiente el valor de la riqueza es absoluto (completo), porque generalmente todos los individuos de cada especie son recuperados (Bautista, 2013). Con la información obtenida mediante necropsia en investigaciones helmintológicas podemos determinar la riqueza específica, la

distribución de abundancias, la diversidad y la regularidad, equidad o equirepartición de las especies al interior de la infracomunidad. La riqueza de especies, aunque no considera las abundancias de las especies constituye una importante referencia (máxima) del sistema al representar la diversidad máxima posible, en caso de que todas las especies tuvieran la misma abundancia (Fontenla,2018).

2. Diversidad específica:

Antes de referirnos a la diversidad específica, abordaremos el termino de Biodiversidad, la cual ha sido definida como” la variabilidad entre los organismos vivientes de todas las fuentes, incluyendo organismos terrestres, acuáticos (marinos y no marinos), así como los complejos ecológicos de los que forman parte; esto incluye diversidad dentro de las especies, entre especies y de ecosistemas” (UNEP,1992)

Para explicar la desigual repartición de los individuos entre las especies integrantes de una comunidad, los ecólogos introdujeron el concepto de “Diversidad Específica”, que es muy diferente al de “Riqueza Específica”, el cual es simplemente, el número de especies presentes, sin tomar en cuenta las diferencias que puedan existir entre sus abundancias (Daget, 1979; Legendre y Legendre, 1979; Magurran, 2004)

La diversidad específica puede ser definida como una medida de la composición en especies de un ecosistema, en términos del número de especies presentes y de sus abundancias relativas (Daget, 1979; Legendre y Legendre ,1979; Magurran, 2004; Moreno,2001).

Una de las características esenciales de toda comunidad es su grado de organización, el cual se traduce básicamente en una cierta distribución de las abundancias específicas y por el espectro de las frecuencias relativas desde la especie más abundante a la más escasa (Daget, 1979;Moreno,2001,Gracia ,2014).

Los índices de diversidad, también son conocidos como Índices de Heterogeneidad, porque consideran tanto la uniformidad o equirepartición de las especies como a la riqueza específica (Moreno, 2001; Gracia ,2014;).

La Regularidad , uniformidad o equitabilidad , es el cociente que resulta de dividir la Diversidad Específica entre la Diversidad Máxima y esta última es el logaritmo (\ln , \log_2 o \log_{10}) del número de especies identificadas (logaritmo de la Riqueza Específica).La

diversidad suele ser proporcional a la estabilidad del ecosistema y cuanto mayor es la diversidad , mayor es la estabilidad , lo cual sería indicativo que la comunidad está conformada por un gran número de especies que se distribuyen de manera uniforme , para lo cual el cálculo del índice de Equitabilidad es de gran utilidad (Daget ,1979 ;Barbault,1981;Magurran,2004)

La representación gráfica de los modelos de distribución de especies proporciona una información bastante completa de los datos de diversidad, pero aun conociendo el modelo al cual se adaptó, es necesario disponer de medidas de resumen que permitan caracterizar a la comunidad bajo estudio, o sea de algún índice de diversidad ,ya que la presentación conjunta de ambas informaciones es de enorme utilidad para la adecuada interpretación de los resultados ,puesto que ambos parámetros se complementan en la descripción de la diversidad (Moreno,2001;Martella et al ,2012)

Para Aguilar (2008), en el nivel jerárquico del componente de comunidad, la riqueza es un valor relativo, por ser el resultado de la acumulación de especies presentes en un conjunto de infracomunidades.

3. Tipos de Diversidad

Con el fin de facilitar su estudio, la diversidad ha sido dividida en tres componentes básicos: Diversidad Alfa, Beta y Gamma. (Whittaker, 1972 citado por Moreno, 2001; Martella et al ,2012; Magurran ,2004).

3.1 La diversidad alfa es la riqueza de especies de una comunidad particular a la que consideramos homogénea,

3.2 La diversidad beta es el grado de cambio o reemplazo en la composición de especies entre diferentes comunidades en un paisaje, y

3.3 La diversidad gamma es la riqueza de especies del conjunto de comunidades que integran un paisaje, resultante tanto de las diversidades alfa como de las diversidades beta

Antes de comenzar a desarrollar el Capítulo sobre los Índices de Diversidad, es importante hacer algunas consideraciones de interés, partiendo del conocimiento de que la frecuencia relativa de una especie es su probabilidad de captura, cuando la misma es efectuada al azar y con los métodos adecuados. La frecuencia relativa observada tiende hacia la probabilidad de captura, a medida que el tamaño de la muestra se incrementa

(Daget, 1979; Daget et al, 1972; Legendre y Legendre, 1979;Magurran,2004;Moreno,2001). El grado de incertidumbre está en función de las frecuencias relativas de las especies dentro de la comunidad, es decir de su diversidad (Daget, 1979;Pla,2006)

Si dentro de la comunidad hay una sola especie presente, no hay incertidumbre, si hay dos especies, una abundante y la otra escasa, la incertidumbre es débil y esta incertidumbre será máxima si las especies presentes, bien sea una comunidad con solo dos especies o una con varias especies, pero con frecuencias relativas similares (Blondel, 1979; Legendre y Legendre, 1979; Daget, 1979; Barbault, 1981; Pla,2006).

La incertidumbre o indeterminación puede ser definida por el logaritmo del número de casos posibles e igualmente probables, si se utilizan \log_{10} , la unidad de indeterminación será obtenida para $N = 10$, puesto que $\log_{10} 10 = 1$ y se corresponde con una comunidad de 10 especies con igual probabilidad de captura y si utilizamos \log_2 , la unidad de indeterminación se refiere al caso de dos especies, cuya captura es igualmente probable (Daget,1979)

4.Índices de Abundancia Proporcional

Los índices de diversidad que abordaremos a continuación han sido divididos en dos grandes grupos (Moreno, 2001):

4.1 Índice de Equidad

4.2 Índice de Dominancia

4.1Índices de Equidad

Las fórmulas para calcular los índices de diversidad fueron tomadas de varios autores (Daget,1979; Southwood, 1975; Brower y Zar, 1977; Cabaret ,1977; Daget ,1979; Moreno, 2001;Martella et al,2012; Gracia, 2014). La diversidad depende por una parte de las frecuencias relativas de las especies, así como del número de cada una de ellas, el cual puede variar enormemente de una infracomunidad a otra, de ahí que para realizar las comparaciones se recurra a la equidad o equitabilidad, que ha sido definido como la razón entre la diversidad real y la diversidad máxima (Daget, 1979; Legendre y Legendre ,1979;Magurran ,2004). El cálculo del índice de Equidad, requiere que previamente se realice el cálculo del correspondiente índice de Diversidad.

Índices basados en la Teoría de la Información

4.1.1 Diversidad Específica Índice de Shannon

La función que es conocida generalmente como Índice de Shannon o Índice Informacional de Shannon, fue derivada por Shannon y Wiener de manera independiente y ha sido citada erróneamente como Índice de Shannon – Weaver, debido a que la fórmula original fue publicada en un libro de Shannon y Weaver en 1949 (Magurran, 2004)

El índice de Shannon mide el grado de incertidumbre en la identidad de la especie a la que pertenece un individuo seleccionado al azar de una comunidad, si en esa comunidad todas las especies tienen igual abundancia la diversidad será mayor al igual que la incertidumbre (entropía) (Moreno et al,2011; Daget,1979), razón por la cual se define como neguentropía o entropía negativa (Daget,1979)

Las medidas de diversidad más utilizadas, son las que provienen de la teoría de la información, entre las cuales destacan el Índice de Shannon y el de Margalef (Daget ,1979; Magurran ,2004). Tanto el Índice de Shannon como el Índice de Margalef , representan la cantidad de información , aportada por una muestra , sobre la estructura de la comunidad de la cual proviene dicha muestra y refleja como los individuos están distribuidos entre diferentes especies (Daget,1979, Moreno, 2001:Moreno et al ,2011;Magurran,2004; Pla,2006;Gracia,2014), tal como fue expresado por Margalef (1958) , para quien la medida de la diversidad en especies de una comunidad biológica es otro campo en el cual la teoría de la información encuentra su aplicación en ecología . Este índice está entre los más utilizados (Ibáñez y García, 2002; Jost y González ,2012; Minaya et al ,2021).

Para Legendre y Legendre (1979), la medida de la diversidad al interior de comunidades biológicas deriva del examen de curvas en las que se representan la cantidad o número de individuos de cada especie , siendo habitual observar a numerosas especies representadas por un solo o algunos pocos individuos , mientras que solo algunas pocas especies son muy abundantes , incluso si esas pocas especies abundantes están representadas por una cantidad de individuos superior al correspondiente al de todas las especies raras o escasas reunidas.

El Índice de Shannon puede ser calculado, calculado a partir de la fórmulas (1) o (2), en la fórmula 1, se utilizan logaritmos de base 2 y en la fórmula 2, empleamos logaritmos

de base 10 y el resultado final es multiplicado por 3,322 para transformarlo a log₂ y expresar el resultado en dígitos binarios o bits.

$$I_{sh} = - \sum p_i \log_2 p_i \quad (1)$$

$$I_{sh} = 3,322 [\log Q - (1/Q) \sum q_i \log q_i] \quad (2)$$

En la fórmula 1 p_i corresponde a la abundancia de una especie entre la sumatoria total de todas las especies presentes y en la fórmula 2 Q corresponde a la sumatoria de todos los individuos de todas las especies presentes y q_i es la abundancia de cada especie.

En ambas fórmulas, son utilizadas las frecuencias relativas observadas en lugar de las probabilidades de captura. Este índice mide el grado promedio de incertidumbre en predecir a que especie pertenece un individuo escogido al azar de una muestra (Daget, 1979, Moreno, 2001; Magurran .2004; Pla,2006). Cuando hay una sola especie y por lo tanto la incertidumbre es nula, su valor es de cero, valores cercanos a cero, son indicativos de baja diversidad y reflejan la dominancia de pocas especies al interior de la comunidad y cuando el valor del índice se aproxima al logaritmo del número de especies (Diversidad Máxima), es indicativo que todas las especies presentes están representadas por número o cantidades similares de individuos (Daget, 1979; Pino et al, 1986; Moreno, 2001; Gracia ,2014). El valor del I_{sh} o H depende de la base logarítmica empleada (2, e o 10 o cualquier otra), la cual deberá ser siempre especificada, puesto que la base logarítmica empleada, fija la unidad de medida (Legendre y Legendre ,1979). Sin embargo y en vista de la importancia biología del NEE (número especies equivalentes) , el índice de Shannon , aunque es considerado como una medida razonable de la complejidad biológica no lo es como medida de la diversidad propiamente dicha (Jost y Gonzalez,2012) , ya que es necesario distinguir entre la entropía de un sistema cualquiera y el NEE con la misma abundancia que componen dicho sistema , pues este último concepto está más ligado a la diversidad biológica (Jost , 2006 ; Jost y Gonzales ,2012). Esto no significa que los índices de diversidad que se calculan considerando la riqueza específica y la abundancia de las diferentes especies sean abandonados, sino que más bien se debe utilizar la información por ellos aportada y expresar la diversidad en número equivalente de especies (Jost y González ,2012)

4.1.2 Diversidad Máxima

Desde el punto de vista informacional, es considerada como aquel valor que obtendríamos en una comunidad en la cual todas las especies presentes tienen una abundancia similar (Daget, 1979, Blondel, 1979; Moreno, 2001; Magurran, 2004).

Su fórmula de cálculo es:

$$D_{\max} = \log_2 N$$

En donde:

N: número de especies presentes (riqueza específica)

4.1.3 Equitabilidad o Equidad de Pielou

Es la razón entre la diversidad específica (I_{sh}) y la diversidad máxima (D_{\max}), es también llamado índice de equidad o de regularidad (Legendre y Legendre (1979; Brower y Zar, 1977; Southwood, 1975; Magurran, 2004) y su fórmula de cálculo es:

$$E = I_{sh} / D_{\max}$$

Su valor oscila entre 0 y 1, se aproxima a 0 cuando al interior de la comunidad pocas especies son dominantes y el resto de las especies presentes están representadas por pocos individuos (baja diversidad) y se aproxima a 1 cuando la mayoría de las especies tienen abundancias similares (alta diversidad), es por lo tanto una medida de la equidistribución de especies al interior de la comunidad (Arroyo y Iturrondobeitia, 2006)

Ejercicio XVII

En el ejemplo mostrado a continuación, se observa que los valores del índice de Shannon – Wiener oscilaron entre 0,92 y 1,66 bits ($X = 1,23 \pm 0,16$ bits) y fueron siempre inferiores a los valores de la Diversidad máxima, los cuales fluctúan entre 2 y 2,80 bits ($2,56 \pm 0,16$ bits) en el análisis mensual. Esta tendencia se mantiene al analizar los datos agrupados en un solo bloque (Cuadro B). En cuanto a la Equidad, los valores oscilaron entre 0,64 a 0,68 ($0,49 \pm 0,068$) y de 0,48 para los datos agrupados. La riqueza específica varió de 4 a 7 especies.

A) Ciclo anual de variación de los índices de Diversidad Especifica, Diversidad Máxima y Equidad de la fauna helmíntica parasita de ovinos de zonas áridas de Venezuela (Pino et al ,1986).

Especie	Feb	Mar	Abril	Mayo	Junio	Ago	Sep	Oct	Nov	Dic	Ene	Feb
T.c	1564	7067	2420	1376	3420	6788	3720	4906	8576	7361	8025	5670
H.c	1105	3160	430	440	436	195	565	230	642	645	380	1135
T.a	220	4745	2390	3345	2013	1010	5860	6260	1480	640	3830	405
O.c	34	94	38	4	82	119	25	0	107	8	31	7
T.g	17	8	17	0	0	83	10	0	14	13	22	21
C.c	8	60	12	4	0	44	0	28	86	316	10	0
S.o	0	147	182	0	0	0	0	3	0	2	3	178
B.t	0	0	0	0	0	0	0	72	0	0	0	0
N	6	6	6	4	6	4	6	6	6	6	7	6
R	6	7	7	5	4	6	5	6	6	7	7	6
Q	2948	15281	5489	5169	5951	8239	10180	11499	10805	8985	12301	7416
Ish	1,43	1,66	1,58	1,22	1,36	0,92	1,25	1,19	1	0,96	1,12	1,12
D.max	2,58	2,80	2,80	2,32	2,0	2,58	2,32	2,58	2,58	2,80	2,80	2,58
E	0,55	0,59	0,56	0,52	0,68	0,35	0,54	0,48	0,39	0,34	0,46	0,43

Riqueza específica (R), Índice de Shannon, Diversidad máxima (D_{máx}) y Equidad (E) anual de la comunidad de nematodos parásitos de los ovinos de zonas áridas de Venezuela. (n = número de ovinos examinados; Q= sumatoria de las abundancias totales de cada especie parásita)

N	R	Q	Ish	D.máx	E
69	8	104263	1,43	3,00	0,48

Identificación del contenido del cuadro A (Ciclo anual de variación.....)

Especies

T.c = Trichostrongylus colubriformis

H.c = Haemonchus contortus

T.a = Trichostrongylus axei

O.c = Oesophagostomum columbianum

T.g = Trichuris globulosa

C.c = Cooperia curticei

S.o = Skrjabinema ovis

B.t = Bunostomum trigonocephalum

n = número de ovinos sometidos a necropsia helmintológica

R = Riqueza específica

Q = sumatoria de las abundancias totales de cada especie de helminto

I_{sh} = índice de diversidad de Shannon

D.máx = diversidad máxima

E = Equitabilidad

A continuación, desarrollaremos los cálculos respectivos para la obtención de estos índices, para lo cual utilizaremos la información empleada en el ejemplo del Modelo de Preston

Ejercicio XVIII

Cálculos empleando la fórmula 1 $I_{sh} = - \sum p_i \log_2 p_i$

Evaluación del ajuste del modelo log-normal de Preston a una comunidad de nematodos Strongyloidea obtenidos mediante necropsia helmintológica en ovinos (Datos usados en cálculo del modelo de Preston)

Especies	Abundancias (q_i)	Proporción q_i/Q	$-\log_2 q_i$	$-q_i \log_2 q_i/q$
<i>Haemonchus contortus</i>	400	0,23229	2,11	0,490132
<i>Teladorsagia circumcincta</i>	270	0,15679	2,67	0,418629
<i>Trichostrongylus colubriformis</i>	258	0,14983	2,74	0,410534
<i>Trichostrongylus axei</i>	200	0,11614	3,11	0,361195
<i>Cooperia curticei</i>	154	0,08943	3,48	0,311216
<i>Bunostomum trigonocephalum</i>	135	0,07840	3,67	0,287728
<i>Oesophagostomum colombianum</i>	120	0,06969	3,84	0,267610
<i>Trichuris globulosa</i>	100	0,05807	4,11	0,238668
<i>Skrjabinema ovis</i>	85	0,04936	4,34	0,214222
Σ Abundancias totales	1722			$\Sigma 2,9993$ bits

$$I_{sh} = 2,9993 \text{ bits}$$

Cálculos empleando la fórmula 2 $I_{sh} = 3,322 [\log Q - (1/Q)\Sigma q_i \log q_i]$

Especies	Abundancias (q_i)	$\log_{10} q_i$	$Q_i \log_{10} q_i$
<i>H. contortus</i>	400	2,60206	1040,82
<i>T. circumcincta</i>	270	2,43136	656,47
<i>T. colubriformis</i>	258	2,41162	622,20
<i>T. axei</i>	200	2,30103	460,21
<i>C. curticei</i>	154	2,18752	336,88
<i>B. trigonocephalum</i>	135	2,13033	287,60

<i>O.colombianum</i>	120	2,07918	249,50
<i>T.globulosa</i>	100	2	200
<i>S.ovis</i>	85	1,92942	164
Σ	$\Sigma 1722$	$\Sigma 23,3086$	$\Sigma 4017,67$
Log ₁₀	3,236		

$$I_{sh} = 3,322 [3, 3236 - (0, 000581) (4017, 67)]$$

$$I_{sh} = 3,322 (3, 3236) - (2, 3343)$$

$$I_{sh} = 3,322 (0, 9014)$$

$$I_{sh} = 2,999 \text{ bits}$$

$$\text{Diversidad máxima} = \log_2 N$$

$$D .\text{max} = 3,17 \text{ bits}$$

Si se hace con log₁₀ y luego llevamos a log₂ tendríamos:

$$D .\text{max} = (0,954243)(3,322) = 3,17 \text{ bits}$$

$$\text{Equidad o Equitabilidad} = I_{sh} \div D.\text{max}$$

$$E = 2,99 / 3,17$$

$$E = 0,94$$

Resultados: Observamos, como en el ejemplo utilizado, la Equidad resulto próxima a la unidad, indicándonos que no existe en esa infra comunidad ninguna especie que sea francamente dominante, lo cual es concordante con el Modelo de Preston del Ejercicio XV y cuya información fue utilizada para los cálculos. Recordamos que este modelo postula que pocas especies son abundantes o muy raras, mientras que la mayoría presenta abundancias cercanas al promedio. Con este ejercicio resaltamos la importancia de la integración de la información aportada por la distribución de abundancia con los índices de diversidad, ya que como vemos el índice de Equidad es de gran interés para la interpretación, como lo evidenciaron , Arroyo y Iturrondobeitia (2006) , al realizar la comparación de la diversidad entre dos comunidades de oribatidos proveniente de dos ecosistemas distintos y en caso de la flora , vemos como Laguna y

Ferrer ,2015), hicieron la propuesta de aplicación de los índices de diversidad para usos taxonómicos , fitosociológicos y listas rojas de flora amenazada.

4.1.4 Índice de Diversidad Especifica de Shannon e Índice Equitabilidad de Buzas y Gibson empleando logaritmos neperianos

Buzas y Gibson (Buzas y Gibson,1969 ; Buzas y Hayek ,1998),señalaron que el número de especies S , la función de información H y la medida de la equitabilidad E , están relacionadas por la descomposición de la ecuación $H = \ln S + \ln E$ y definieron la medida de equitabilidad con la siguiente fórmula $E = (e^H)/S$, en la cual E es la equitabilidad, e es la base de los logaritmos naturales, H es la función de información (Índice de Shannon – Wiener) y S , el número de especies presentes en la muestra. El valor de E en la fórmula de Buzas y Gibson (Buzas y Gibson ,1969; Buzas y Hayek, 1998) corresponde a la proporción en que el valor de especie equivalente representa al número de especies S , en la comunidad muestreada. El cálculo del Índice de Equitabilidad requiere previamente estimar el Índice de Shannon empleando logaritmos neperianos. Para Fontenla (2018), los NEE (número equivalente de especies), que abordaremos más adelante, están relacionados con la Equitabilidad, ya que esta última expresa la manera en la que se distribuyen las abundancias de las especies y el índice de Buzas y Gibson (1969), nos indica cual es la proporción de la comunidad ideal que produce su NEE, según el desvío de la distribución de abundancias. Si utilizamos como índice de diversidad de especies al NEE, entonces la Equitabilidad la obtendremos con la siguiente expresión: $E_{BG} = (e^H)/S$, ya que $D_{BG} = e^H$ y S = número de especies.

. Para el desarrollo del ejemplo y con fines comparativos, usaremos la información empleada para el cálculo del índice de Shannon con logaritmos de base 2 y que ahora serán realizados con logaritmos naturales o neperianos para determinar la Diversidad Especifica de Shannon y la Equitabilidad de Pielou, así como la Equitabilidad de Buzas y Gibson.

El cálculo del índice de diversidad de Shannon con la utilización de logaritmos naturales resulta bastante sencillo si arreglamos la información en una tabla como la presentada a continuación:

Especie	Abundancia	Pi	lnpi	pi lnpi	Ish = - \sum pi lnpi
H.contortus	400	0,232288	-1,45978	-0,339089	0,339086
T.circumcinta	270	0,156794	-1,85282	-0,290512	0,290512
T.colubriformis	258	0,149826	-1,89828	-0,284412	0,284412
T.axei	200	0,116144	-2,15292	-0,250049	0,250049
C.curticei	154	0,089431	-2,41429	-0,215912	0,215912
B.trigonocephalum	135	0,078397	-2,54597	-0,199597	0,199597
O.columbianum	120	0,069686	-2,66375	-0,185627	0,185627
T.globulosa	100	0,058072	-2,84607	-0,165277	0,165277
S.ovis	85	0,049361	-3,00859	-0,148508	0,148508
Totales	1722				Is-w =2,08

Índice de Shannon = 2,07898 nats/individuo

H = 2,07898 nats/individuo

(S = 9 especies)

Luego, el valor del Índice de diversidad obtenido es utilizado para el cálculo de la Equitabilidad, según Buzas y Gibson (1969)

Equitabilidad de Buzas y Gibson

$$E_{BG} = (e^H)/S ; E_{BG} = (e^{2,08})/9 ; E_{BG} = 8,08 / 9 ; E_{BG} = 0,89$$

$$E_{BG} = 0,89$$

Base Logaritmica	Diversidad Especifica	Equitabilidad
Logaritmo base 2	2,99 bits/Individuo	0,94 Pielou
Logaritmo neperiano	2,08 Nats/Individuo	0,89 Buzas y Gibson

Si calculamos la equitabilidad de Pielou utilizando logaritmos neperianos obtenemos:

$$E_{sw} = H / \ln S , E_{sw} = 2,07898 / 2,19722 ; E_{sw} = 0,95$$

El valor de la Equitabilidad empleando la fórmula de Buzas y Gibson (Buzas y Hayek, 1998) con logaritmos neperianos fue de 0,89, lo cual refleja una adecuada equirepartición de las especies al interior de la comunidad. La información aquí

obtenida y muy específicamente el valor de H, será utilizado en la sección correspondiente al estimar el valor del NEE o número de especies equivalentes, empleando el Índice de Shannon- Wiener calculado con logaritmos neperianos

4.1.5 Análisis SHE

El SHE análisis permite separar la contribución de la riqueza específica y la estructura de la comunidad en la diversidad alfa. En este análisis se descompone del índice de Shannon para obtener la contribución del número de especies (S) y la equidad de la comunidad (E), de forma que $H' = \ln S + \ln E$, como se puede observar en la fórmula, requiere que los cálculos se hagan en logaritmos naturales o neperianos. Este análisis está siendo muy utilizado para verificar el ajuste de la distribución de abundancias observadas a los modelos de la vara partida, logarítmico y log normal (Gracia ,2014; Moreno ,2001). Para Gracia (2014), la ventaja más obvia del análisis SHE, es que permite al usuario interpretar cambios en la diversidad y relacionarlos o bien a una pérdida de riqueza o de uniformidad, o a una combinación de ambas.

Para la interpretación, transcribimos la información aportada por Magurran (2004):

- 1) $S_1 = S_2$; $H_1 = H_2$; $E_1 = E_2$; riqueza idéntica, equitabilidad y abundancia relativa de las especies independientes del tamaño de la muestra .
- 2) $S_1 = S_2$; $H_1 \neq H_2$, $E_1 \neq E_2$; riqueza específica se mantiene constante porque los cambios en S y E se compensan entre si (uno compensa al otro).
- 3) $S_1 \neq S_2$; $H_1 = H_2$; $E_1 = E_2$ se mantienen constantes pero S y por lo tanto H cambia.
- 4) $S_1 \neq S_2$; $H_1 \neq H_2$; $E_1 \neq E_2$ cambian porque las diferencias en S y en E no se compensan entre si

Para una amplia discusión sobre el Análisis SHE, su utilidad e interpretación recomendamos también el artículo de Buzas y Hayek (1998), para quienes el análisis SHE es una metodología generalizada que utiliza un conjunto de procedimientos para el estudio de la estructura de poblaciones pluriespecíficas

Con los siguientes índices emplearemos la misma información del ejemplo anterior, que fue la utilizada para desarrollar el Modelo de Preston. La información sobre dichos índices fue extraída de varias fuentes (Gracia, 2014; Moreno, 2001, Southwood ,1975; Daget, 1979; Daget et al ,1972)

4.1.6 Índice de diversidad de Margalef

Margalef (1957), propuso como índice de diversidad la cantidad promedio de información dada por individuo. El cálculo del índice diversidad de Margalef se expresa en bits y se obtiene con la fórmula siguiente:

$$I_{mg} = 1/Q \log_2 (Q! / q_1! \dots q_2! \dots q_n!) \text{ Fórmula 1}$$

Los cálculos se pueden realizar con logaritmos vulgares y luego el resultado se multiplica por 3,322 para expresarlos en logaritmos de base 2 (\log_2) y así obtenerlos en bits

$$I_{mg} = 3,322 \log (Q! / q_1! \dots q_2! \dots q_n!), \text{ Fórmula 2}$$

Lo cual implica la obtención de logaritmos factoriales.

Ejemplo XIX

Especie	Abundancia (qi)	Logqi!
H.contortus	400	868,806
T.circumcincta	270	540,824
T.colubriiformis	258	511,755
T.axei	200	374,897
C.curticei	154	271,490
B.trigonocephalum	135	230,430
O.colombianum	120	198,825
T.globulosa	100	157,970
S.ovis	85	128,450
Σ	1722	3283,45
Logqi	4826,1	Σ 3283,45

$$I_{mg} = 3,322 \log (1722! / 400! \dots 85!)$$

$$\text{Log}1722! = 4826,61 - 3283,45)$$

$$\Sigma \log qi! = 3283,45$$

$$\text{Img} = (3,322/1722) [4826,61- 3283,45)$$

$$\text{Img} = 0,0019350 [1543,16)$$

$$\text{Img} = 2,98 \text{ bits}$$

Mediante el empleo de los índices de diversidad es posible comparar la estructura de varias comunidades, pero como la diversidad depende tanto de las frecuencias relativas de las especies como de la riqueza específica, que pueden variar entre comunidades, la comparación se realiza empleando el índice de Equidad o de Equitabilidad ($E = D.E / D.\text{max}$) (Daget,1979; Blondel,1979)

$$\text{Img} = 2,98 \text{ bits}$$

$$D.\text{max} = 3,17 \text{ bits}$$

$$E = 0,94$$

En este caso el valor obtenido resultó idéntico al suministrado por el Índice de Shannon

Como alternativa al Índice de Shannon, recomendamos el índice de Margalef basado en el cálculo de logaritmos factoriales.

El cálculo de los logaritmos de factoriales se ha simplificado enormemente gracias a las calculadoras científicas incorporadas en los paquetes estadísticos.

La siguiente fórmula para calcular el Índice de diversidad de Margalef, de ejecución más sencilla y no derivada de la teoría de la información, pero considerando la abundancia proporcional, es suministrada por diversos autores (Moreno, 2001, Southwood, 1975)

4.2.1 Índices basados en la abundancia Proporcional

El Índice de Margalef permite estimar la biodiversidad de una comunidad en base a la distribución numérica de los individuos de las diferentes especies, considerando el número total de individuos en la muestra. La fórmula propuesta por Margalef (Southwood ,1975), permite una estandarización de la riqueza específica por el número total de individuos presentes en la muestra.

A continuación, suministramos la fórmula 2, para el cálculo del índice de diversidad de Margalef que es frecuentemente utilizada y reseñada por muchos autores (Southwood, 1975; Gracia ,2014; Moreno ,2001):

$$D_{mg} = (S - 1)/\ln N$$

S = número total de especies

N = número total de individuos

Ln = logaritmo neperiano.

Este índice es también conocido como Índice de Riqueza específica de Margalef y entre sus ventajas destaca el reflejar los cambios del número de especies en relación al tamaño de la muestra (Barjau,2012).

Este índice disminuye a medida que el número de especies disminuye, por consiguiente, cuanto mayor sea el valor del índice mayor será la riqueza y diversidad de especies en la comunidad (Gracia ,2014; Moreno ,2001), su valor mínimo es cero y esto sucede cuando solo existe una especie en la muestra.

Ejercicio XX(A)

Cálculos empleando la información utilizada para el Índice de Shannon – Weaver: S = 9; N= 1722

$$D_{mg} = (S - 1)/\ln N; \quad S - 1 = 8$$

$$D_{mg} = (8 - 1)/7,45 \quad D_{mg} = 0,94 \quad \text{Cálculos con ln}$$

$$D_{mg} = (8 - 1)/10,75 \quad D_{mg} = 0,65 \quad \text{Cálculos con log}_2$$

$$D_{mg} = (8 - 1) / 3,24 \quad D_{mg} = 2,16 \quad \text{Cálculos con log}_{10}$$

El valor del índice se incrementara con el aumento de la riqueza específica y varia en relación con la base logarítmica empleada, lo cual es común para todos los índices que empleen logaritmos para su obtención.

Pino et al (1986), al examinar 6 tractos gastrointestinales de ovinos adultos, empleando logaritmos neperianos en los cálculos se obtuvo un valor para $D_{mg} = 0,6258470$

Ejercicio XX (B)

Especie	Σ Abundancias Absolutas
<i>Trichostrongylus colubriformis</i>	1564

<i>Haemonchus contortus</i>	1105
<i>Trichostrongylus axei</i>	220
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	34
<i>Trichuris globulosa</i>	17
<i>Cooperia curticei</i>	8
Total	2948

Cálculos

$$S = 6 - 1 ; S = 5$$

$$\text{Ln } 2984 = 7,988$$

$$D_{mg} = 5 / 7,988$$

$$D_{mg} = 0,6258470$$

Conversión de Logaritmos

A tal efecto se suministra a continuación la información para la conversión de logaritmos (Gracia, 2014)

	$\text{Log}_{10} \text{ y } \log_2$	$3,322 \log_{10} = \log_2$
Relación entre	$\text{Log}_n \text{ y } \log_2$	$1,443 \log_n = \log_2$
Relación entre	$\text{Log}_{10} \text{ y } \log_n$	$\text{Log}_{10} = (3,322/1,443) = \text{Ln}$

Los logaritmos vulgares o comunes tienen por base 10, los logaritmos naturales o neperianos tienen por base el número $e = 2,71828$ y generalmente se representan como Log. Para deducir el logaritmo neperiano del logaritmo vulgar, se divide el logaritmo vulgar entre 0,43429 y para pasar de logaritmo vulgar a logaritmo de base 2, se multiplica por 3,322 o dividiendo el logaritmo vulgar entre 0,30103 (Daget ,1979)

En los paquetes estadísticos Minitab^R (2010) en la opción Menú > Calc ofrece todas las facilidades para transformaciones logarítmicas , Anti logarítmica , Extracción de raíces cuadradas y una variada cantidad de operaciones de gran utilidad en los procedimientos abordados en este manual, además ofrece en la barra del Menú , la opción Tools > Microsoft Calculator , que posibilita variadas operaciones aritméticas y es muy útil en el caso del índice de Margalef para obtener el logaritmo de los factoriales.

En el caso de InfoStat^R (Di Rienzo et al ,2019), se ingresa desde el menú a la opción datos. > Transformar > Transformaciones, ofrece una amplia gama de posibilidades, que incluyen transformaciones logarítmicas, combinación de variables etc., todo lo cual facilita enormemente la realización de los procedimientos.

4.2.2 Índice de Gleason

Se define como el cociente entre el número total de especies y el logaritmo del número total de individuos (Gracia ,2014), utilizaremos la información empleada en el cálculo del Índice de Diversidad de Shannon:

Ejercicio XXI

$$I_g = S / \log N \quad S = \text{Número de Especies} \quad \text{y} \quad N = \sum \text{Abundancias}$$

$$S = 9 \quad \text{Ln} = \text{logaritmo neperiano}$$

$$N = 1722$$

$$\text{Ln}N = 7,45 \quad I_g = 9 / 7,45 \quad I_g = 1,21$$

$$\text{Log}_2 = 10,75 \quad I_g = 9 / 10,75 \quad I_g = 0,84$$

$$\text{Log}_{10} = 3,24 \quad I_g = 9 / 3,24 \quad I_g = 2,77$$

El resultado cambia, en relación con la base logarítmica utilizada, lo que indica que en caso de hacer comparaciones se debe emplear la misma base logarítmica. Para calcular la regularidad o equirepartición se debe calcular la Diversidad Máxima empleando la misma base logarítmica empleada en el cálculo de la diversidad específica.

4.2.3 Índice de Diversidad de Menhinic

Para su cálculo, se divide la riqueza específica observada entre el número total de individuos Su valor máximo se obtendrá cuando $D_{mn} = \sqrt{N}$

$$D_{mh} = S / \sqrt{N}; \quad D = 9 / \sqrt{1722} \quad ; \quad S = 9 / 41,49 \quad S = 0,22$$

Este índice se aproxima a cero, cuando 'N' es grande y puede ser considerado como un indicador de la riqueza en especies (Moreno ,2001; Gracia, 2014)

4.3 Índices de Dominancia

4.3.1 Índice de Simpson

Este índice es también considerado un índice de heterogeneidad, ya que considera tanto el número de especies o riqueza específica, así como la abundancia proporcional de cada una de ellas.

Este índice requiere de una exposición previa, porque en la literatura se presentan variadas fórmulas que se pueden prestar a confusión e interpretación de resultados y requieren de una interpretación específica en relación con la fórmula utilizada.

Este índice "D" mide la probabilidad de que dos individuos seleccionados al interior de la comunidad, pertenezcan a la misma especie (Moreno ,2001). Para facilitar la exposición denominaremos a las fórmulas 1a, 1b y 1c, índice de Simpson, a la Fórmula 2, Índice de Diversidad de Simpson y a la fórmula 3, Índice Reciproco de Simpson

Fórmulas comúnmente utilizadas

$$D = \sum p_i^2 \quad \dots \text{ (Fórmula 1a) que también puede ser escrita } D = \sum (n/N)^2 \dots \text{ (Fórmula 1 b)}$$

$$D = \sum n(n-1) / N(N-1) \quad \dots \text{ (Fórmula 1c), con las fórmulas 1a, 1b y 1c se obtiene el mismo resultado}$$

$$1 - D = \text{Diversidad (Fórmula 2)}$$

$$D = 1 / \sum p_i^2 \quad \text{(Índice Reciproco de Simpson) (Fórmula 3)}$$

p_i^2 = abundancia de cada especie, dividida entre la sumatoria de todas las especies y elevada al cuadrado.

n = número de individuos de una especie en particular

N = número total de individuos de todas las especies

Como ejemplo utilizaremos los mismos datos del ejercicio XIX de este capítulo:

Ejercicio XXIII

Para su cálculo se establece la proporción de cada especie en relación al total de individuos de todas las especies presentes y luego, dichas proporciones se elevan al cuadrado y luego se hace la sumatoria total

$$D = \sum p_i^2 = (0,232)^2 + (0,156)^2 + \dots + (0,049)^2 = 0,139$$

El valor de "D" oscila entre 0 y 1, mientras más próximo es dicho valor a cero, más elevada es la diversidad y su proximidad a uno indica baja diversidad y en caso de llegar a uno, tendríamos ausencia de diversidad. Su interpretación se hace complicada, ya que a mayor valor de "D" la diversidad es menor y esto indudablemente llama a confusión. Para solventar este problema se acordó restar al valor de "D" a 1, quedando (1- D), al realizar esta sencilla operación, el valor de "D" sigue oscilando entre 0 y 1, pero la interpretación se simplifica, por cuanto a medida que el valor de "D" se aproxima a 1, indica incremento de la diversidad (Moreno ,2001; Brower y zar ,1977 ;Gracia ,2014 ; Martella et al,2012)) en este caso, tenemos (Índice de Diversidad de Simpson =1 - D = 1 - 0,139 (D= 0,861), indicativo de elevada diversidad .

Este índice al permitir evaluar la dominancia de las especies al interior de la infracomunidad debido a que su valor inverso se utiliza para el cálculo de la Equidad y es conocido como Índice Recíproco de Simpson (I.R.S = 1 / D), y su interpretación es la siguiente : el valor de este índice comienza con 1 como la cifra más baja posible y en ese caso indicaría la presencia de una sola especie, por consiguiente mientras mayor sea la biodiversidad mayor será su valor y por lo tanto sería similar al número de especies en la muestra. El cálculo de este índice se hace con el recíproco del valor obtenido en :

$$D = \sum p_i^2; D = \sum (n/N)^2 \text{ o en } D = \sum n(n-1) / N(N-1)$$

Usando la fórmula B : $D = \sum n(n-1) / N(N-1)$, tenemos

Especie	Abundancia	N (n - 1)	Resultado
H.contortus	400	400(399)	159600
T.circumcincta	270	270(269)	72630
T.colubriformis	258	258(257)	66306
T.axei	200	200(199)	39800
C.curticei	154	154(153)	23562
B.trigonocephalum	135	135(134)	18090
O.columbianum	120	120(119)	14280
T.globulosa	100	100(99)	9900
S.ovis	85	85(84)	7140
Total =9 especies	$\sum 1722$		$\sum 411308$

Calculo del denominador de la fórmula (N(N-1))

$$N= 1722 ; N-1 =1721 \dots 1722(1721) = 2963562$$

$$D = 411308 / 2963562 = 0,139$$

$$\text{Índice de Diversidad de Simpson} = 1 - D = 0,861$$

Índice Reciproco de Simpson

$$\text{I.R.S} = 1/\sum p_i^2$$

$$\text{I.R.S} = 1 / 0,139 = 7,19$$

El número total de especies observadas en la comunidad examinada fue de 9 y el Índice Reciproco de Simpson arrojó un valor de 7,19, bastante próximo al valor observado.

El cálculo de la Equidad de Simpson se hace con la siguiente fórmula:

$$E = 1/\sum(p_i)^2 / D.\text{max}$$

En este caso, la diversidad máxima o número de especies observadas fue de 9, por lo tanto:

$$E = 7,19/9; E= 0,7988$$

4.3.2 Índice D de McIntosh

Es también un índice que mide la dominancia (Moreno, 2001), que requiere el cálculo del valor de $U = \sqrt{\sum n_i^2}$, luego este valor se sustituye en la fórmula:

$$D = (N - U) / N - \sqrt{N}$$

N = número total de individuos

n = número de individuos de cada especie parasita

Ejercicio XXIV

Cálculos:

$$U = \sqrt{(400)^2 + (270)^2 + \dots + (85)^2}$$

$$U = \sqrt{413030} = 642,674$$

$$\sqrt{N} = \sqrt{1722} = 41,4970$$

$$D = (1722 - 642,674) / (1722 - 41,497)$$

$$D = 1079,326 / 1680,50$$

$$D = 0,64$$

4.3.3 Índice de Berger – Parker

Este índice estima la abundancia proporcional de la especie más abundante y por consiguiente describe la importancia relativa de la especie dominante. Mientras más elevado sea su valor, menor será la diversidad de la infracomunidad, al usar su recíproco su incremento es indicativo de aumento en la diversidad y disminución de dominancia (Moreno, 2001; Magurran, 1989 citado por Gracia, 2014). Este índice es independiente del número de especies en comunidades grandes ($S > 100$), pero en comunidades pequeñas su valor tiende a disminuir cuando la riqueza en especies crece. Al tomar su recíproco el resultado se expresa en número de especies

$$I_{BP} = N_{max} / N$$

N = número total de individuos

N_{max} = número de individuos de la especie más abundante

Ejercicio XXV

$$I_{BP} = 400 / 1772; \quad I_{BP} = 0,23$$

Este valor obtenido indica que al interior de la infracomunidad no existe dominancia marcada por ninguna especie, ya que la más abundante represento solo un 23% del total.

5. Número efectivo de especies o Número Equivalente de Especies

La determinación de la diversidad de especies en una comunidad, equivale a determinar a cuál comunidad compuesta por especies con abundancias iguales, resulta equivalente, es decir conlleva a encontrar una comunidad de referencia, formada por especies igualmente comunes, de tal manera que la diversidad de un sistema resultaría equivalente a una referencia virtual de sí misma, donde todos sus componentes exhiben la misma abundancia (Fontenla, 2018). La especie equivalente equivale al número de especies que sería esperado encontrar en una comunidad, si todas las especies presentaran la misma abundancia, es decir tuvieran una equitabilidad máxima (Moreno et al, 2011). El término de diversidad verdadera fue propuesto por Jost (2006) y el número efectivo de especies constituye su unidad de medición (Moreno et al, 2011)

El número efectivo de especies como medida de la diversidad verdadera, constituye un sistema unificado para evaluar la diversidad, que permite obtener una interpretación intuitiva y fácilmente comparable de la diversidad de especies (Moreno et al, 2011). Según Ellison (2010), si el interés consiste en describir la diversidad de un ensamblaje (comunidad), entonces los NEE deben ser las medidas de diversidad elegidas y no la entropía

MacArthur (1965), convirtió los resultados de los índices de diversidad de Shannon y Simpson en números efectivos de especies, cuyos números equivalen al número de especies, igualmente abundantes, necesarias para producir el valor observado del índice. Los NEE permiten una interpretación sencilla del valor de la diversidad (Grabchak et al, 2017, citado por Fontenla, 2018). Para Fontenla (2018) "El cálculo de la diversidad consistiría en la determinación del NEE de un conjunto de datos o unidades de muestreo u observación. Cuando todas las especies de un conjunto exhiben la misma abundancia, la diversidad será máxima para ese conjunto y su NEE equivale a su riqueza de

especies. Cuando la abundancia entre especies difiere, el NEE será siempre menor al de la riqueza de especies”.

Los índices de diversidad comúnmente utilizados son considerados superfluos, mientras que los números equivalentes de especies igualmente comunes si tienen un significado real como medida de la diversidad (Jost y González ,2012)

El índice del número efectivo de especies (NEE), constituye una medida adecuada de la medida del número de especies efectivas de una comunidad con una distribución heterogénea de sus abundancias relativas (Baumgartner, 2005) y permiten comparar y evaluar las diferencias entre comunidades (Moreno et al ,2011).

La conversión de los índices de Shannon, Simpson y Berger Parker en índices de diversidad y expresarlos en números efectivos de especies es un procedimiento sencillo que se hace de la siguiente manera (Jost ,2006; Fontenla ,2018; Buzas y Gibson ,1969):

Índice de Shannon

$H = - \sum p_i \ln p_i$, se convierte fácilmente en una medida de diversidad al expresarlo como:

$$D^{SW} = e^H$$

e = base de los logaritmos neperianos ($\ln = 2,72$)

H = índice de Diversidad de Shannon-Wiener calculado con Ln

El Índice de Simpson:

$D = \sum p_i^2$, requiere solamente transformarlo en su recíproco :

$$D_s = 1 / \sum p_i^2$$

En el caso de Berger Parker, su transformación como índice para calcular el número efectivo de especies, se hace al igual que con el Índice de Simpson, o sea tomando su recíproco:

$I_{BP} = N_{max} / N$ si hacemos $N_{max}/N = p_i$ tenemos:

$$D_{BP} = 1 / (N_{max}/N)$$

La diversidad expresada en número efectivo o equivalente de especies permite comparar la magnitud de la diferencia entre comunidades, tal como lo plantean Moreno et al (2011), de una manera muy práctica al obtener la razón entre la comunidad con mayor diversidad dividida entre la comunidad con menor diversidad (D^+/D^-), entonces la comunidad D^+ tendrá (D^+/D^-) veces más diversidad que la comunidad D^- , o al dividir el NEE de la comunidad con menor diversidad entre el NEE de la comunidad con mayor diversidad [$(D^-/D^+)100$], y en este caso la comunidad con diversidad menor se expresara como una proporción o como un porcentaje ($\times 100$) de la comunidad con mayor número de especies.

5.1.1 Índice de Berger – Parker para el cálculo del Número Equivalente de Especies

El índice del número efectivo de especies de Berger Parker considera a todas las especies igualmente, independientemente de sus abundancias relativas. Su fórmula ya conocida es la siguiente (Jost y González, 2012):

$$I_{BP} = N_{max} / N$$

N = número total de individuos

N_{max} = número de individuos de la especie más abundante, en la cual $N_{max}/N = p_i$ y para obtener el NEE, simplemente usamos su recíproco, quedando su fórmula de Cálculo es $D^{BP} = 1/p_i$. Este índice puede ser interpretado como el número efectivo de especies, debido a que $1/p_i$ da el número equivalente de especies igualmente abundantes con igual abundancia relativa a la de la especie más abundante.

Ejercicio XXVI:

$$I_{BP} = 400 / 1772; \quad I_{BP} = 0,23$$

$$D^{BP} = 1/p_i ; \quad D^{BP} = 1/0.23 = 4,35 \text{ especies (NEE)}$$

5.1.2. Índice de Simpson para el cálculo del Número Equivalente de Especies

Su fórmula de cálculo es $D^s = 1 / \sum p_i^2$, este índice fue propuesto por Simpson (1949), basado en la idea de que la probabilidad de encuentro de dos individuos de diferentes especies es dado por la fórmula $\sum p_i^2$ y el inverso de esta expresión puede ser tomada como un índice de diversidad (Brower y Zar, 1977). Este índice aumenta con n , el número total de especies en la comunidad y alcanza su máximo valor cuando todas las especies integrantes de la comunidad tienen igual abundancia relativa, con abundancias desiguales este índice es inferior al valor de la riqueza específica y presenta su valor

mínimo cuando la comunidad es dominada por una sola especie y las especies restantes tienen baja relativa abundancia. Es conocido también como Índice Recíproco de Simpson y en la sección correspondiente se desarrolló el ejemplo respectivo, que anteriormente presentamos como Índice Recíproco de Simpson y ahora como Índice de Diversidad de Simpson que mostramos a continuación :

Ejercicio XXVII

$$D^s = 1/\sum p_i^2$$

$$D^s = 1 / 0,139 = 7,19 \text{ especies (NEE)}$$

5.1.3. Índice de Shannon para el cálculo del Número Equivalente de Especies

Su fórmula de cálculo es $H = - \sum p_i \ln p_i$ (Daget, 1979), vemos que en vez de logaritmo de base 2, empleamos logaritmos naturales y por consiguiente su resultado se expresa en nats /individuo y no en bits /individuo y su conversión en un NEE requiere expresarlo con la siguiente fórmula: $D^{SW} = e^H$ (Buzas y Gibson, 1969; Fontenla, 2018), en esta fórmula H, es el bien conocido Índice de Shannon, pero calculado con logaritmos neperianos y e, cuyo valor es 2,72 es la base de los logaritmos naturales o neperianos. El valor de D^{SW} puede ser interpretado como el número efectivo de especies en el sentido que suministra el número equivalente de especies con similar abundancia que puede reproducir el valor de H obtenido de la muestra. (Whittaker, 1972). Con datos muestrales el índice de diversidad máxima ($H_{max} = \ln S$), indica que el índice de diversidad de Shannon, podría haberse alcanzado con las especies presentes, mientras que $D^{SW} = e^H$, indica cuantas especies equiabundantes serían necesarias para obtener ese índice (Pla, 2006)

A medida que el valor del índice de diversidad específico aumenta, también se incrementa el valor de D^{SW} . Un ejemplo ilustrativo de esto es suministrado por Fontenla (2018), que muestra como un valor de $H=2,11$ no parece muy diferente de un valor de $H= 2,76$, sin embargo, sus NEE equivalen a 8 y 16 especies respectivamente, a pesar que la diferencia entre ambos valores fue de unas pocas décimas, la diferencia de una comunidad con respecto a la otra fue del doble, lo que indicaría que NEE de la segunda comunidad tiene el doble de especies que la primera.

$$D^{SW} = (2,72)^{2,11} ; D^{SW} = 8,26 \text{ especies (NEE)}$$

$$D^{SW} = (2,72)^{2,76} ; D^{SW} = 15,82 \text{ especies (NEE)}$$

Con la información obtenida al realizar los cálculos de la Equitabilidad de Buzas y Gibson (1969), realizados con logaritmos naturales o neperianos, disponemos de la información necesaria para realizar la estimación del número de especies equivalentes:

Ejercicio XXVIII

$$D^{SW} = e^H ; e = \text{base de los logaritmos neperianos (ln = 2,72)}$$

H = índice de Diversidad Especifica de Shannon calculado con ln

$$H = 2,07898$$

$$D^{SW} = (2,72)^{2,08} = 7,99 \text{ especies}$$

$D^{SW} = (2,72)^{2,08} = 7,99$ o sea 8 especies equivalentes, próximo al número de especies observadas que fue de 9. Para Heip et al (1998), el $D^{SW} = e^H$, este índice esta expresado en unidades más naturales indicadoras del número equivalente de especies, lo cual facilita la comparación entre comunidades, ya que el NEE equivale a una comunidad ideal en la cual todas las especies se encuentran igualmente representadas y permiten una interpretación sencilla de la diversidad (Grabchak et al, 2017 citado por Fontenla, 2018), a lo cual podemos agregar lo dicho por Jost (2006), quien considera que el índice mas adecuado de diversidad debe ser el de la conversión del índice de Shannon (e^H), por constituir el índice menos sesgado para el tratamiento de las abundancias proporcionales.

6. Diversidad Beta

Los índices de similitud/disimilitud evalúan la semejanza entre comunidades en relación a las especies que la componen y son en realidad una medida inversa de la diversidad beta, pues beta se refiere a la diferente composición en especies entre dos comunidades (disimilitud). Para calcular la disimilitud entre dos muestras, recurrimos a esta sencilla fórmula (Martella et al,2012):

$$\text{Disimilitud} = 1 - \text{Coeficiente}; \text{ sea este Sorensen o Jaccard}$$

6.1 Coeficientes de Similitud

Los coeficientes de similitud son útiles para expresar en términos porcentuales, el grado de semejanza entre comunidades, ya que expresan el grado de similitud o disimilitud entre dos comunidades basándose en las especies presentes. Para datos de presencia – ausencia se han utilizado los coeficientes de Jacard y Sorensen (De Mas Castroverde ,2007)

6.1.1 Coeficiente de Similitud de Sorensen

En parasitología, consideramos de gran interés, el coeficiente de similitud de Sorensen (Southwood ,1975; Cabaret ,1977; Brower y Zar, 1977; Morales y Pino,1995), por ser fácil de calcular y por otorgar más importancia a la doble presencia (especies comunes en ambas comunidades o infracomunidades comparadas) que a la doble ausencia (especies faltantes en ambas comunidades o infracomunidades). Su valor oscila entre 0 (ninguna especie común) y 1(las mismas especies presentes en ambas infracomunidades) Se determina según la fórmula siguiente:

$$C_{ss} = 2C / S_1 + S_2$$

C_{ss} = Coeficiente de Similitud de Sorensen

C = especies comunes a ambas infracomunidades

S_1 y S_2 = número de especies presentes (riqueza específica) en la comunidad 1 (S_1) y en la comunidad 2 (S_2)

Ejercicio XXIX

Morales et al (1986), al realizar la necropsia con fines helmintológicos de 69 ovinos y 76 caprinos procedentes de zonas áridas de Venezuela, encontraron las especies de nematodos siguientes:

Especie	Ovinos	Caprinos
T.colubriformis	Presente	Presente
T.axei	Presente	Presente
H.contortus	Presente	Presente
C.curticei	Presente	Presente
B.trigonocephalum	Presente	Ausente

O.columbianum	Presente	Presente
T.globulosa	Presente	Presente
S.ovis	Presente	Presente

Cálculos:

$$C = 7$$

$$S_1 = 8$$

$$S_2 = 7 \qquad I_{ss} = 2(7)/(8+7) = 0,93 \text{ (93\%)}$$

La similaridad entre ambas comunidades es del 93%

6.1.2 Coeficiente de Similaridad de Jaccard

A diferencia del Coeficiente de Similaridad de Sorensen, el de Jaccard, resta el número de especies comunes de las dos infracomunidades consideradas al total de la sumatoria de la riqueza específica de dichas comunidades y no le asigna doble importancia a las especies comunes. Su fórmula de cálculo es la siguiente (Daget, 1979):

Ejercicio XXX

$$C_{sj} = C / (S_1 + S_2) - C$$

$$C_{sj} = 7 / (15) - 7$$

$$C_{sj} = 7/8 = 0,875 \text{ (87,5\%)}$$

Al igual que el coeficiente de Sorensen, el de Jaccard, también oscila entre 0 y 1, el valor 1 indica completa similaridad y 0, que no existen especies en común entre las comunidades evaluadas.

6.1.3 Complementaridad

Se refiere al grado de disimilitud en la composición de especies entre las dos infracomunidades analizadas (Moreno ,2001; De Mas Castroverde ,2007).

Su fórmula de cálculo es:

$$C_{ab} = U_{ab} / S_{ab}$$

Se calcula la riqueza total combinada

$SAB = a + b - c$ donde a es el número de especies de la especie hospedadora A, b es el número de especies presentes en la especie hospedadora B, y c es el número de especies en común entre los hospedadores A y B.

Ejercicio XXXI

$$Sab = 8 + 7 - 7, \quad Sab = 8$$

Uab = número de especies únicas a cualquiera de los dos hospedadores

$$Uab = a + b - (2c)$$

$$Uab = 8 + 7 - (2 \times 7)$$

$$Uab = 1$$

$$Cab = Uab / Sab \quad ; \quad Uab = 1/8 = 0,125 \text{ (12,5\%)}$$

Este resultado expresa el porcentaje de especies de nematodos que son complementarias entre los ovinos y los caprinos de zonas áridas de Venezuela.

Así, la complementariedad varía desde cero, cuando ambos hospedadores son idénticos en composición de especies, hasta uno, cuando las especies de parásitos presentes en ambas especies de hospedadores son completamente distintas. Con este índice, al igual que con los anteriores es válido hacer comparaciones entre las mismas especies de hospedadores procedentes de sitios distintos.

7. Medición Cualitativa de la Afinidad

7.1.1 Índice de Afinidad de Fager

La coexistencia entre especies no sucede al azar y no puede ser interpretada únicamente de especies que se encuentran asociadas por tener requerimientos ambientales similares. Los agrupamientos de especies responden a un tipo de organización determinada que puede ser puesta en evidencia por alguno de los modelos demográficos analizados (Castel ,1980). En vista de su enorme utilidad y por ser un test cuya significación puede

ser evaluada estadísticamente, escogimos el Test de Fager (Fager ,1957; Southwood ,1975; Cabaret ,1977;Morales y Pino,1987 ;1995), descrito a continuación:

Este índice nos permite establecer las relaciones de afinidad entre una especie parásita y la especie hospedadora o entre especies parásitas considerando un variado espectro de hospedadores. Este índice es de gran utilidad para establecer si existe asociación real entre especies parásitas que se encuentran en forma simultánea en sus hospedadores, independientemente de la variación de sus abundancias, tal como ocurre con los nematodos polimórficos de la subfamilia ostertagiinae parásitos de rumiantes (Morales, 1983). La fórmula del índice de afinidad empleado es la de Fager (1957).

En la cual:

I_{AB} = Índice de Fager

J = número de hospedadores en los cuales las especies parásitas "A" y "B" están presentes simultáneamente.

N_A = número de hospedadores en los cuales está presente la especie "A"

N_B = número de hospedadores en los cuales está presente la especie "B"

Un test de "t" es necesario para determinar si el Índice de Afinidad obtenido es significativo a un nivel $\sigma = 5\%$, considerándose que existe una afinidad real entre las dos especies involucradas cuando el valor de "t" calculado es superior a 1,645 (Fager, 1957; Southwood ,1975; Cabaret ,1977; Morales, 1988, Morales y Pino ,1995)

$$t = [(N_A + N_B) - 1 / 2 N_A N_B] - 1 \quad [(\sqrt{N_A + N_B} - 1)]$$

En el caso de que se desee evaluar las asociaciones en el seno de una comunidad de parásitos, se procede a determinar los índices de afinidad por parejas de especies parásitas; posteriormente aquellos Índices de afinidad obtenidos que resulten significativos pueden ser representados gráficamente (Pino et al, 1986).

Ejercicio XXXII

Morales y Cabaret (1985), estudiaron las relaciones de afinidad entre los nematodos trichostrongyloidea :*Teladorsagia circumcincta* y *T. trifurcata* , por revisión bibliográfica , una lista de hospedadores en los cuales, uno o ambos nematodos habían sido señalados, en total se indagó en 33 especies de hospedadores y se obtuvo la información presentada a continuación :

N	J	N _A	N _B	I _{AB}	t
33	21(64%)	29(88%)	25(76%)	0,78	3,57*

IAB = Índice de Fager

J = número de hospedadores en los cuales las especies parásitas *T.circumcincta* y *T.trifurcata* están presentes simultáneamente.

NA = número de hospedadores en los cuales está *T.circumcincta*

NB = número de hospedadores en los cuales está presente *T.trifurcata*

t = estadístico de prueba

*significativo a un nivel $\sigma = 5\%$

Cálculos

$$I_{AB} = (2)(21)/(29 + 25) = 0,78$$

$$I_{AB} = 0,78$$

$$t = [(29 + 25)(2 \times 21 - 1) / (2 \times 29 \times 25) - 1] [(\sqrt{29 + 25 - 1})]$$

$$t = [(54)(40)/1450] - 1 [(\sqrt{53})]$$

$$t = [(2160/1450)] - 1 [(7,280)]$$

$$t = [(2160/1450) - 1] (7,280)$$

$$t = (0,49)(7,280)$$

$$t = 3,57$$

El valor del índice de afinidad encontrado fue de 0,78 y el test de "t", nos indica que el mismo es significativo ($p < 0,05$), es decir que *T.circumcineta* y *T.trifurcata* se encuentran en forma simultánea en un espectro de hospedadores similar. Es conveniente destacar que *T.trifurcata* es un morfotipo de *T.circumcineta* y en general su abundancia es muy inferior a la de *T.circumcineta* en aquellos hospedadores en los que están presentes ambos morfotipos, siendo muy raro encontrar a *T.trifurcata* en ausencia de *T.circumcineta*, pero muy común encontrar a *T.circumcineta* sola (Morales, 1983).

Ejercicio XXXIII

Morales et al (1986), emplearon el Índice de Fager para determinar las asociaciones entre diversas especies parasitas presentes en caprinos provenientes de zonas áridas de Venezuela. En dicho trabajo los valores del índice de afinidad y del estadístico de prueba "t" son suministrados indicando si son o no significativos.

Asociaciones	I _{AB}	T	Significancia
H.contortus-T.axei	0,72	4,21	Significativo
T.axei- T.colubriformis	0,75	5,70	Significativo
H.contortus- T.colubriformis	0,81	6,76	Significativo
T.globulosa-S.ovis	0,75	4,46	Significativo
H.contortus- O.colombianum	0,67	3,76	Significativo
T.axei-	0,58	1,48	No Significativo

O.columbianum			
T.colubriiformis- O.columbianum	0,55	2,46	Significativo
T.colubriiformis- S.ovis	0,73	5,31	Significativo
T.colubriiformis- T.globulosa	0,71	5,11	Significativo
O.colombianum- T.globulosa	0,47	0,46	No Significativo

No se observaron asociaciones inter específicas entre *T.axei* y *O.columbianum* ni entre *O.columbianum* y *T.globulosa* . Las asociaciones observadas reflejan que, en condiciones naturales, aun en zonas áridas las infestaciones pluriespecíficas son la regla.

De este cuadro se desprende un primer grupo conformado por: *T.axei* , *T.colubriiformis* y *H.contortus*.

Un segundo grupo integrado por: *T.colubriiformis*, *H.contortus* y *O.columbianum* y un tercer grupo integrado por *T.colubriiformis* , *T.globulosa* y *S.ovis*

Anexo 3.

El paquete estadístico Infostat^R (Di Rienzo et al ,2019; Balzarini et al ,2008), tiene incorporada una rutina para el cálculo de varios índices de diversidad y una sub ventana para índices de reciprocidad.

En InfoStat se puede solicitar los siguientes índices de Biodiversidad: riqueza (por conteo directo), riqueza de Chao, índice de Shannon-Wiener, índice de Simpson, índice de McIntosh, índice de Berger-Parker, índice de Bulla e índice de Kempton. El software permite aplicar transformaciones para el cálculo de expresiones derivadas de estos índices: identidad (I), recíproca (1/I), complemento (1-I), ponderación (I/ln(riqueza)). Por ejemplo, a partir de medidas de dominancia, como el índice de Shannon, el usuario puede obtener una medida de equidad utilizando la transformación ponderación.

En el Menú APLICACIONES > OTROS > ÍNDICES DE DIVERSIDAD, aparecerá la ventana Medidas de diversidad, donde el usuario debe indicar en el panel Variables las especies, o unidades que componen la biodiversidad, y en Criterios de clasificación identificar las variables del archivo que permiten diferenciar muestras

Software PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis (gratuito)

Mención especial merece el Paleontological Statistcs Software Package for Education and Data Analysis (Hammer et al, 2001) y us manual: Hammer (1999-2012). PAST. Paleontological Statistics. Versión 2.17. Reference Manual.<http://folk.uio.no/ohammer/past>

Se trata de un software que integra métodos estadísticos univariados y bivariados tanto paramétricos como no paramétricos, así como multivariados y graficadores

Para el caso específico de la ecología de comunidades permite el cálculo de diferentes índices de diversidad: modelos de distribución de abundancias, número de taxa, número de individuos, dominancia, índice de Simpson, Índice de Berger-Parker, índice de Menhinick, Índice de Margalef, índice de Shannon-Wiener (entropía), Equitabilidad, SHE análisis, "a "de Fisher, Índice de Jaccard etc. Permite trabajar con datos cargados en Excel, pero dispone de su propia hoja de cálculo y de una serie de ejemplos tutoriales de gran utilidad, es un paquete de manejo sencillo y amigable, sumamente útil en educación y en investigación.

En la bibliografía incorporamos la reseña del artículo mencionado y ahí el lector encontrara una detallada información del paquete PAST, que sin duda constituye una excelente alternativa frente a los comerciales.

La dirección electrónica para bajar de forma gratuita este magnífico software es:

<http://www.nhm.ujio.no/english/research/infrastruucture/past/>

Capítulo V

Estadística No Paramétrica

Objetivos

Comprender las diferencias entre las pruebas estadísticas no paramétricas y las pruebas estadísticas paramétricas.

Seleccionar la prueba estadística no paramétrica más adecuada en lugar de su correspondiente paramétrica, considerando el tipo de datos a analizar y su no correspondencia con la ley de distribución normal o cuando las varianzas poblacionales no son homogéneas.

Considerar las pruebas estadísticas no paramétricas como alternativa de las paramétricas, cuando se trabaja con muestras pequeñas.

Métodos estadísticos no paramétricos en el análisis de datos parasitológicos

La estadística puede definirse como un método de razonamiento para describir e interpretar información, cuya característica fundamental es la variabilidad de los datos (Doménech, 1982; Quispe et al ,2019; Bologna, 2011; Pérez, 2008)

Las pruebas estadísticas paramétricas son aquellas que hacen hipótesis sobre la distribución de probabilidades y los parámetros de las poblaciones, mientras que en las no-paramétricas no se requiere de este tipo de suposición, razón por la cual son también conocidas como de libre distribución (Domenech,1982 ;Pérez ,2008; Bologna , 2011) Estas pruebas, a pesar de ser consideradas menos potentes que sus equivalentes paramétricas, presentan varias ventajas, entre las que se cuentan, el no requerir del supuesto de distribución normal de los datos, sencillez de los cálculos, facilidad de interpretación, además de constituir la única alternativa válida cuando se trata de muestras pequeñas, excepto si el investigador conoce exactamente la naturaleza de la distribución de los datos en la población. Actualmente, la mayoría de los paquetes estadísticos, incluyen los métodos no paramétricos, lo cual ha favorecido un uso cada vez más amplio por parte de los investigadores científicos, sobre todo en aquellas áreas en la cual los datos no presentan una distribución normal o son de difícil normalización. (Doménech ,1982; Siegel ,1982; Siegel y Castellán ,1995; Perez, 2008; Morales y Pino,2009; Quispe et al, 2019)

En resumen, los métodos estadísticos no paramétricos, incluyen aquellas pruebas en las cuales no se puede asumir, ni conocer la distribución correspondiente a la población de origen y para datos medidos en escala “nominal” (datos cualitativos) o “ordinal”, es decir para datos inherentes a rangos, o a información numérica (datos continuos o discretos) con fuerza de rangos (Doménech , 1982 ;Siegel y Castellán ,1995;Quispe et al ,2019) y contempla un conjunto de métodos estadísticos inferenciales válidos para tipos de distribución de datos muy variados (Pérez , 2008).

Un interesante ejemplo del uso de los métodos estadísticos no paramétricos en el análisis de resultados ecológicos es suministrado por López et al (2017), al realizar diversas pruebas inferenciales (Kruskal- Wallis , Mediana , Signos) con los resultados obtenidos en la comparación de dos métodos para analizar la proporción de riqueza de especies entre comunidades de murciélagos de selvas y hábitats modificados y por Dueñas (2018) , al evaluar patrones de diversidad , dominancia y distribución de árboles en un bosque peruano.

Núñez (2018), realizó una comparación entre las pruebas de análisis de varianza no paramétrico de Friedman y de Kruskal – Wallis con sus contrapartes paramétricas correspondientes a los diseños en bloques al azar y completamente al azar, como la opción válida cuando los datos no cumplen con los supuestos requeridos en el análisis de varianza, considerando tanto la facilidad de cálculo, como la equivalencia de los resultados

Ventajas y desventajas de los métodos estadísticos no paramétricos

A continuación, presentamos los criterios más utilizados para justificar el uso de pruebas estadísticas no paramétricas de acuerdo a diversos autores (Siegel, 1982, Doménech, 1982; Siegel y Castellán ,1995; Castillo y Ojeda ,1994; Perez, 2008; Quispe et al, 2019)

1. Son menos exigentes que las pruebas paramétricas al no requerir del supuesto de distribución normal de los datos y son más eficientes cuando en la muestra hay datos atípicos o aberrantes.
2. En general, las probabilidades obtenidas de la mayoría de las pruebas no Paramétricas son probabilidades exactas, excepto cuando se usan aproximaciones para grandes muestras.

3. Si los tamaños de las muestras son pequeños ($n < 6$), las pruebas no paramétricas son la única alternativa razonable a menos que se conozca la distribución exacta de la población. La eficiencia de los métodos no paramétricos es alta cuando se trabaja con muestras pequeñas

4. Constituyen una herramienta analítica de gran utilidad en aquellos casos en los que es difícil establecer una escala de valores cuantitativos para los datos, por ejemplo, cuando estos se encuentran en un orden de clasificación como "mejor" o "peor", "mayor o menor que", "desagradable", "muy desagradable", "aceptable, entre otros, es decir, para el análisis de datos medidos en escala "nominal" y "ordinal", como ocurre con datos inherentes a rangos o a información numérica con fuerza de rangos

En el caso de las desventajas (Doménech, 1982, Siegel y Castellán ,1995; Morales y Pino, 2009); tenemos las siguientes:

1. Cuando las muestras son muy grandes y se cumplen los supuestos (Ley del Teorema central del Limite), la eficiencia de las pruebas paramétricas es superior).

2. Tienden a perder información, sobre todo cuando los datos numéricos son expresados en forma cualitativa, ya que al no tomar en consideración la magnitud de los datos se pierde información.

3. La diversidad de pruebas de rangos múltiples para la separación de medias a posteriori es amplia en el caso de las pruebas paramétricas (Mínima Diferencia Significativa; Duncan, Student Newman Keuls, Tukey; Bonferoni, Scheffé), mientras que en las no paramétricas se recurre básicamente a la Mínima Diferencia Significativa

4. En algunos casos, aunque la población de la cual se extrajo la muestra no esté normalmente distribuida su eficiencia es levemente menor a la de la alternativa paramétrica correspondiente

En este capítulo se desarrollará la teoría y la aplicación de los métodos estadísticos no paramétricos comúnmente utilizados y se hará énfasis en los criterios para seleccionar el método para el análisis más adecuado y en la interpretación de los resultados.

Considerando que la mayoría de los paquetes estadísticos contienen varias de las pruebas no paramétricas clásicas y más potentes (Quispe et al , 2019; Bologna,2011) desarrollaremos los ejemplos utilizando dichos recursos y para aquellos lectores

interesados en el desarrollo paso a paso de los ejercicios, los invitamos a revisar nuestras publicaciones (Morales y Pino ; 1987,1995 y 2009), así como publicaciones fundamentales del análisis estadístico con métodos no paramétricos como Maxwell (1966) , Siegel (1982) , Siegel y Castellán (1995).

En el presente manual las pruebas estadísticas fueron realizadas con el paquete estadístico InfoStat (Di Rienzo et al, 2019; Balzarini et al, 2008), excepto la prueba de bondad de ajuste que se ejecutó con Minitab (2010) y el ejemplo sobre el análisis de correspondencia lineal simple, el cual se desarrolló con ambos paquetes estadísticos para fines comparativos y de interpretación.

En este capítulo utilizaremos una serie de términos de manera frecuente y que mostramos a continuación (Nolberto y Ponce ,2008; Pérez ,2008; Domenech,1982):

Prueba de hipótesis estadística: es la aplicación de un conjunto de reglas (pruebas) para decidir si se rechaza o no la hipótesis nula. Este procedimiento divide los valores del estadístico de prueba en dos grupos: Región de no rechazo y Región de rechazo para la hipótesis nula.

Pruebas unilateral y bilateral: Si la hipótesis alternativa indica cambio en una sola dirección con respecto a la hipótesis nula, se dice que la prueba de hipótesis es unilateral (derecha o izquierda $>$ o $<$ que).

Errores de tipo I y de tipo II

Error de tipo I(alfa): consiste en rechazar la hipótesis nula siendo esta verdadera y es conocido como error tipo alfa. Este error se debe elegir antes de realizar la prueba de hipótesis y se corresponde con el nivel de significancia (0,001; 0,01; 0,05), los valores entre paréntesis

son los más comúnmente utilizados. El valor $1 - \alpha$ indica el nivel de confianza o probabilidad de cometer el error tipo I ,es el nivel de significación de la prueba y es asumido voluntariamente por el investigador.

Error de tipo II (beta): consiste en no rechazar la hipótesis nula, siendo esta falsa. Este error depende del tamaño de la muestra. A la probabilidad $1 - \beta$, se le denomina potencia e indica la probabilidad de cometer el error tipo II.

Estadístico de prueba: para tomar la decisión de rechazar o no la hipótesis nula se recurre a los estadísticos de prueba, los cuales evalúan las discrepancias entre la hipótesis nula con los resultados de los datos muestrales y dependen de que el valor del estadístico de prueba caiga en la región de aceptación o en la región de rechazo de la hipótesis nula.

1. Caso de una muestra:

1.1 Prueba de Ji-cuadrado de una muestra (Prueba de Bondad de ajuste).

Mediante esta prueba se realizan comparaciones entre las frecuencias observadas y las frecuencias teóricas preestablecidas y ayuda a decidir si los resultados obtenidos coinciden con los esperados de acuerdo con alguna ley, modelo o teoría científica (Perez,2008). La prueba de bondad de ajuste ya fue utilizada al evaluar si la distribución de abundancias observada era igual a la distribución de abundancias teóricas predichas por el modelo y de esta forma evaluamos el ajuste del modelo. (Wiedenhofer ,1993; Doménech ,1982; Siegel,1982; Siegel y Castellán ,1995; Di Rienzo et al ,2009; Bologna,2011)

El grado de disparidad entre la distribución de frecuencias teóricas esperadas y la distribución de frecuencias observadas, se establece a través de la Fórmula siguiente:

$$X^2 = (E - O)^2 / E$$

X^2 = estadístico de prueba de ji-cuadrado

E = Valores Esperados

O = Valores Observados

Para el desarrollo de este ejemplo, utilizaremos la información correspondiente al desarrollar el modelo de MacArthur y utilizaremos el paquete estadístico MINITAB^R (2010).

Ejercicio XXXIV (Utilizaremos la información empleada para explicar el Modelo de MacArthur)

Ajuste del modelo de MacArthur a una comunidad de nematodos Strongyloidea obtenidos mediante necropsia helmintológica (datos ficticios).

Especies	Abundancia Observada	Porcentaje Observado	Porcentaje Estimado	Abundancia Estimada
<i>H.contortus</i>	42	35,59	34,61	41,30

<i>T.circumcincta</i>	25	21,19	23,27	27,14
<i>T.axei</i>	19	16,10	16,63	20,06
<i>T.colubriformis</i>	17	14,41	11,93	14,16
<i>C.curticei</i>	9	7,63	8,27	9,44
<i>B.phlebotomum</i>	6	5,08	5,29	5,90
Totales	118	100	100	118

Las cantidades de las abundancias estimadas ajustadas (ver capítulo III), se dividen entre la abundancia total y de esta manera obtenemos las proporciones correspondientes, las cuales serán las utilizadas al realizar la prueba. Es decir, los datos a ingresar al cuadro de dialogo son los valores correspondientes a las abundancias observadas y los correspondientes a las proporciones.

Procedimiento

Al desplegarse la hoja de cálculo del programa, seleccionamos STAT y se despliega un menú de opciones, luego dentro de dicho menú seleccionamos Tables y del sub menú escogemos Chi- Square Goodness of Fit Test, lo cual nos lleva a un cuadro de dialogo en el que introducimos la información requerida.

El cuadro de dialogo solicita el ingreso de la información siguiente:

Observed counts (Valores Observados): la cantidad perteneciente a cada categoría

Category names (Categoría): Identificación de los distintos valores de los datos, por ejemplo, especies parasitas (no indispensable para la ejecución de la prueba).

Specific Proportion (Proporción Esperadas): la proporción estimada de cada categoría que se desea evaluar, dicha información se introduce en el rectángulo que se abre al seleccionar Specific Proportions.

Luego en el mismo cuadro de dialogo se selecciona la opción Graphs, la cual despliega un sub menú con tres opciones, que pueden ser seleccionadas todas o al gusto del usuario, luego se pulsa OK y podemos también seleccionar Results que da la opción Display the Results, pulsamos Ok y luego desde la caja de dialogo inicial, pulsamos

nuevamente Ok y obtenemos las salidas con Figuras y Tablas, como las vistas a continuación.

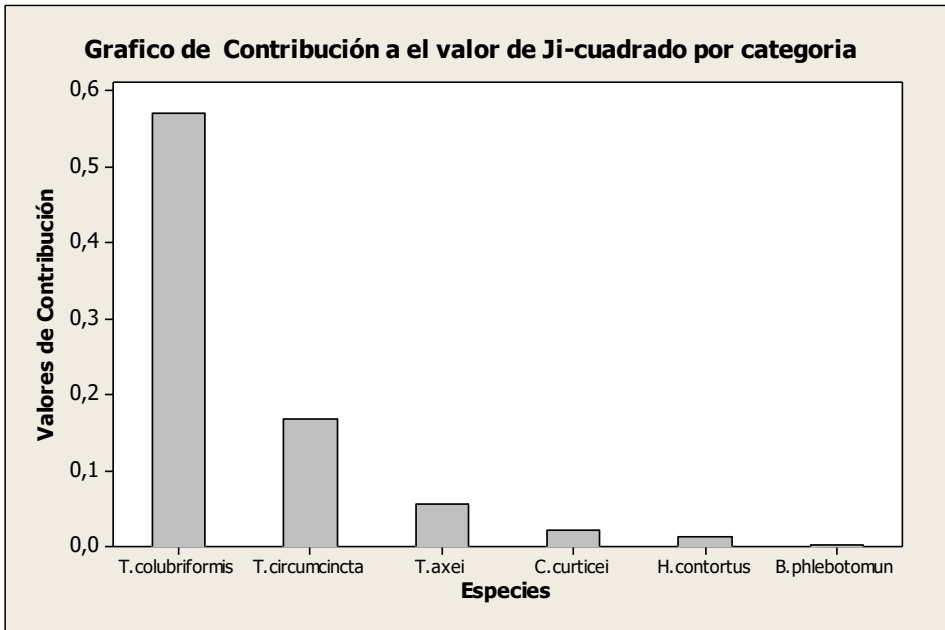


Figura 16. Contribución al valor de Ji-cuadrado por categoría



Figura 17. Histograma comparativo entre valores observados y esperados

Salida de Resultados numéricos:

Results for: ModeloMacArthur.MTW

Chi-Square Goodness-of-Fit Test for Observed Counts in Variable: Abundancia

Using category names in Especies

Category	Observed	Test		Expected	Contribution to Chi-Sq
		Proportion			
H.contortus	42	0,35		41,30	0,011864
T.circumcincta	25	0,23		27,14	0,168740
T.axei	19	0,17		20,06	0,056012
T.colubriformis	17	0,12		14,16	0,569605
C.curticei	9	0,08		9,44	0,020508
B.phlebotomun	6	0,05		5,90	0,001695

N DF Chi-Sq P-Value
118 5 0,828424 0,975

Resultado:

La prueba de bondad de ajuste de X^2 no evidenció diferencias estadísticamente significativas entre los valores de la abundancia observada y teóricos (se acepta la hipótesis nula H_0), lo cual indica el adecuado ajuste de la distribución de los datos con el modelo de MacArthur.

Cuadro con resumen de resultados
Prueba de Bondad de Ajuste de X^2

Especies	A .observada	B. estimada	Contribución X^2
H.contortus	42	41,30	0,0111864
T.circumcincta	25	27,14	0,168740
T.axei	19	20,06	0,056012
T.colubriformis	17	14,16	0,569605
C.curticei	9	9,44	0,020508
B.phlebotomun	6	5,90	0,001695
Totales	118	118	0,828424

Contribución al Ji-cuadrado =

$$X^2 = (E - O)^2 / E$$

1.2. Prueba de las rachas para una muestra basada en la mediana

Se define como racha a la sucesión de símbolos idénticos que pueden estar o no separadas por otros símbolos. La prueba de las rachas está basada en el número de rachas de una muestra y es de utilidad para determinar la aleatoriedad de la misma. Una muestra es aleatoria si cada elemento de la población tiene igual oportunidad de ser incluido en la muestra, lo cual es una suposición fundamental para todas las pruebas estadísticas. Esta prueba permite investigar la aleatoriedad de la muestra en base al orden en que se obtuvieron las observaciones individuales y no contempla ningún tipo de supuesto acerca de la distribución de los parámetros poblacionales (Siegel, 1982; Domenech,1982; Siegel y Castellán ,1995; Di Rienzo et al ,2019; Morales y Pino, 2009).

En esta prueba por disponer de información cuantitativa, los datos se ordenan en orden ascendente y se establece el valor correspondiente a la mediana, pero para establecer el número de rachas se conserva el orden original de los datos y se omiten aquellos valores que son iguales a la mediana (Siegel ,1982, Siegel y Castellán ,1995; Domenech,1982; Morales y Pino, 2009)

H_0 = la secuencia es aleatoria

H_1 = la secuencia no es aleatoria

Ejercicio X XXV

Con el fin de evaluar la eficacia de un antihelmíntico, se seleccionaron en una escuela rural a un grupo de niños y a cada uno de ellos se le realizó una coproscopía cuantitativa para establecer la carga parasitaria de cada uno de ellos, expresada en huevos por gramo de heces (h.p.g) de *Ascaris lumbricoides*. Para determinar si los niños habían sido escogidos al azar, lo cual era importante para el estudio, ya que ellos serían su propio grupo control en el ensayo. Los resultados de la coproscopía cuantitativa son presentados a continuación:

Sujeto N°	Recuento h.p.g	Sujeto N°	Recuento h.p.g
1	550	14	580
2	570	15	600

3	520	16	450
4	460	17	530
5	500	18	540
6	480	19	480
7	450	20	460
8	440	21	510
9	500	22	490
10	520	23	440
11	550	24	430
12	410	25	560
13	420		

.

Hipótesis

H_0 = la selección se hizo al azar

H_1 = la selección no se hizo al azar

Obtención de la Prueba

Elija de la barra de herramientas:

Estadísticas > Inferencia basada en una muestra > Prueba de Rachas

En el cuadro de dialogo, en el selector de variables indique la variable y partición deseada (opcional) y luego presione Aceptar.

En la ventana de la prueba elija la hipótesis a probar:

La secuencia dada es aleatoria, tiene tendencia respecto a la mediana (activada por defecto). En Mostrar la siguiente información, active las casillas correspondientes a la información que desea incluir en los resultados. Presione Aceptar

Prueba de rachas

Variable	Mediana	(n1+n2)	n1	n2	rachas E(R)	p(2 colas)
h.p.g A.1	500,00	25	11	14	10 13,32	0,1224

Variable = huevos por gramo de heces de *Ascaris lumbricoides*

$n_1 + n_2 = \sum$ valores por encima y valores por debajo de la mediana

n_1 = valores por debajo de la mediana

n_2 = valores por encima de la mediana

Rachas = estadístico de la prueba

$E(R)$ = esperanza del estadístico R

P = probabilidad

Resultado: Se acepta la H_0 de que la selección fue realizada al azar, ya que el valor de $p = 0,12 > 0,05$

2. Caso de dos muestras relacionadas:

2.1 Prueba de McNemar para evaluar la significación de los cambios

La comparación de dos proporciones observadas en grupos apareados o sea un diseño experimental en el cual los mismos individuos son sometidos a dos tratamientos diferentes, se efectúa mediante la prueba de McNemar, que permite evaluar la significación de los cambios (Doménech, 1982; Maxwell, 1966; Siegel, 1982, Siegel y Castellán, 1995; Morales y Pino, 1987, 2009)

Ejercicio XXXVI

Morales, Pino y Rodríguez (1989), realizaron la comparación entre las técnicas coproscópica clásica de Hapicch – Boray con la misma técnica modificada por los autores del artículo y obtuvieron los siguientes resultados:

Técnica clásica	Técnica Modificada	Frecuencia
Positivo	Positivo	21
Negativo	Negativo	6
Positivo	Negativo	9
Negativo	Positivo	11

H_0 = no existen diferencias entre ambas pruebas

H_1 = los resultados arrojados por ambas pruebas son diferentes.

Pasos

Elija Estadísticas

Datos Categorizados

Tablas de Contingencia

En el selector de variables, indique las variables de clasificación. La columna que posee las frecuencias observadas, se incluye en el cuadro frecuencias. Presione ACEPTAR. En la ventana de diálogo en la Etiqueta Selección de Filas et alumnas. En el lado derecho hay una lista que muestra las variables que se declararon como clasificatorias; seleccione la que representa a la columna y lo mismo para la fila. En la Etiqueta OPCIONES, elija la información que desea que contengan las celdas de la tabla (frecuencias absolutas, frecuencias relativas por fila, etc.) y la prueba que desea realizar, en este caso seleccione McNemar, activando la casilla correspondiente. Presione ACEPTAR.

Salida

Tablas de Contingencia

Frecuencias Absolutas

En columnas: Modificada

Clásica	Negativo	Positivo	Total
Negativo	6	11	17
Positivo	9	21	30
Total	15	32	47

Estadístico	Valor	p
McNemar	0,20	0,50

Resultado:

No se evidenció la existencia de diferencias estadísticamente significativas entre ambas técnicas (aceptación de la H_0)

2.2 Prueba de los signos

La prueba de los signos debe su nombre al uso de los signos '+' y '-' en lugar de las cantidades observadas y es aplicable al caso de dos muestras relacionadas, cuando el investigador desea evaluar si ambas condiciones son diferentes (Siegel, 1982; Doménech, 1982; Morales y Pino, 2009). Para Haber y Runyon (1973), una de las desventajas de esta prueba es que elimina completamente cualquier información cuantitativa inherente a los datos, además de no considerar ni la magnitud de la diferencia ni el orden que ellas ocupan.

Ejercicio XXXVII

Se evaluó la ganancia de peso en 25 bovinos a los 10 días de ser sometidos a un tratamiento con un antihelmíntico de amplio espectro (Morales et al, 1989). La información analizada, corresponde al peso previo al tratamiento (Peso Inicial) y pos tratamiento (Peso a los 10 días Pos tratamiento).

Peso Inicial (Kg) Pre tratamiento	Peso Final(Kg) Pos Tratamiento
220	230
200	190
300	310
180	300
240	250
210	220
400	380
450	460
420	430
320	330
360	390
260	300
250	260

330	340
240	250
260	260
320	300
300	290
450	420
400	410
480	500
500	510
215	220
315	300
600	600

H₀: el tratamiento antihelmíntico no tuvo efecto sobre el peso de los animales

H₁ = el tratamiento antihelmíntico si tuvo efecto sobre el peso de los animales.

Prueba del signo Menú ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > PRUEBA DEL SIGNO, permite obtener una prueba para la igualdad de esperanzas distribucionales en situaciones donde se dispone de dos muestras con observaciones apareadas

Salida

Prueba del Signo

Obs (1)	Obs (2)	N	N(+)	N(-)	p(2 colas)
Peso Final (Kg)	Peso Inicial (Kg)	25	17	6	0,0347

Resultado:

En la tabla de resultados, constatamos que del total de animales evaluados (N=25), hay 17 con signo positivo (incremento de peso) y 6 con signo negativo (disminución de peso) y la prueba arrojo un valor de $p = 0,0347 < 0,05$, lo cual indica un efecto positivo del tratamiento (Rechazo de la H₀)

Obs = observado

2.3 Prueba de los rangos señalados y pares igualados de Wilcoxon.

Esta prueba es conocida como prueba del rango con signo de Wilcoxon para dos grupos apareados. La prueba de Wilcoxon, además de la información sobre la dirección de la diferencia entre los pares de observaciones, considera la magnitud de dicha diferencia (Siegel, 1982; Doménech, 1982; Siegel y Castellán, 1995; Schwartz, 1981; Nolberto y Ponce, 2008; Pérez, 2008)

Esta prueba es menos eficiente que las correspondientes pruebas paramétricas alternativas

Ejercicio XXXVIII

Bain, Durette-Desset y De León (1974), cuantificaron el número de microfilarias de *Onchocerca volvulus* ingeridas por simuliidos, mediante exámenes al fresco y en gota gruesa, obteniendo la información siguiente:

Examen Fresco	Gota Gruesa
6	3
17	5
13	8
22	18
22	18
40	28
32	26
2	1
9	24
3	13
11	28

H_0 = el número de microfilarias es similar en ambos métodos

H1 = el número de micro filarias contadas es diferente entre un método y otro.

Menú ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > PRUEBA DE WILCOXON

Salida:

Prueba de Wilcoxon (muestras apareadas)

Obs (1)	Obs (2)	N	Suma (R+)	E (R+)	Var (R+) Bt	p (2 colas)
Examen Fresco	Gota Gruesa	11	38,00	33,00	126,25	0,9540

$E(R+) =$ esperanza Rangos Positivos

$Var(R+) =$ varianza rangos positivos

P = probabilidad

Obs = observados

Resultado:

El valor de $p = 0,954 > 0,05$, nos indica que el número de microfilarias contadas resultó similar por ambos métodos.

Para complementar la información sobre el análisis de datos pareados, analizaremos el caso de el examen de un mismo hospedador, pero tomando la muestra de dos partes diferentes del cuerpo.

Ejercicio XXXIX

Realizaremos la comparación del número de microfilarias *Dipetalonema gracili* cuantificadas en muestras de sangre tomadas de la cola y de la oreja de *Saimiri sciureus* (Petit ,1985).

Cola	Oreja
161	326
268	224
263	126

454	219
414	160
414	274
756	570
885	752
873	724

Prueba de Wilcoxon (muestras apareadas)

Obs (1)	Obs (2)	N	Suma (R+)	E (R+)	Var (R+)	Bt	p (2 colas)
Cola	Oreja	9	39,00	22,50	71,25		0,2500

Resultado:

La toma de la muestra de sangre para la búsqueda de microfilarias y su cuantificación, no influye si dicha muestra es tomada a nivel de la oreja o de la cola.

3. Caso de dos muestras independientes:

3.1 Prueba de Wald Wolfowitz (Prueba de las rachas para dos muestras independientes)

Esta prueba es útil cuando deseamos probar la hipótesis nula que supone dos muestras independientes recogidas de la misma población, frente a una hipótesis alterna que supone algún tipo de diferencia entre ellas. Con muestras suficientemente grandes esta prueba puede rechazar la H_0 , si las dos muestras difieren de alguna manera: en tendencia central, variabilidad etc. Otras pruebas están dirigidas a clases particulares de diferencias entre dos grupos, mientras que la prueba de Wald Wolfowitz descubre cualquier clase de diferencia. El fundamento para la realización de esta prueba consiste en colocar los puntajes $N_1 + N_2$, en una serie ordenada y se determina el número de rachas. La determinación de la significación del valor observado de r (número de rachas) depende del tamaño de N_1 y N_2 (Siegel, 1982; Siegel y Castellán ,1995; Di Rienzo et al ,2019; Morales y Pino ,2009 ; Pérez ,2008)

Ejercicio XL

Ciclo anual de variación del índice de Pielou (Índice de Equidad) de las infracomunidades de nematodos parásitos de ovinos y caprinos.

Mes	Ovinos	Caprinos
Febrero	0,55	0,32
Marzo	0,59	0,67
Abril	0,56	0,61
Mayo	0,52	0,48
Junio	0,68	0,045
Julio		0,50
Agosto	0,35	0,49
Septiembre	0,54	0,45
Octubre	0,46	0,53
Noviembre	0,39	0,39
Diciembre	0,34	0,44
Enero	0,46	0,40
Enero	0,43	0,40

Ingreso de datos

Índice	Especie hospedadora
0,55	Ovina
0,59	Ovina
0,56	Ovina
0,52	Ovina
0,68	Ovina

0,35	Ovina
0,54	Ovina
0,46	Ovina
0,39	Ovina
0,34	Ovina
0,46	Ovina
0,43	Ovina
0,32	Caprina
0,67	Caprina
0,61	Caprina
0,48	Caprina
0,045	Caprina
0,50	Caprina
0,49	Caprina
0,45	Caprina
0,53	Caprina
0,39	Caprina
0,44	Caprina
0,40	Caprina
0,40	Caprina

Procedimiento:

Menú ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > WALD WOLFOWITZ

Variables > Índice

Criterio de clasificación > Especie Hospedadora

Presionar Aceptar

Seleccionar en el cuadro de dialogo la información deseada

Presionar Aceptar

Contenido del cuadro de resultados (seleccionado por usuario)

Clasificación: Especie hospedadora

Variable : Índice

Grupos : Especies Ovina y Caprina

$N_1 + N_2$: 25

Rachas : 13

E (R) : 13,48

Z : 0,20

P (2 colas) : 0,50

Resultado: El ciclo anual de variación del Índice de Equidad de la infracomunidad de nematodos parásitos de los ovinos y caprinos de zonas áridas de Venezuela resultó similar

3.2 Prueba de Ji-cuadrado para dos muestras independientes.

La prueba de Ji – cuadrado es utilizada como prueba de comparación de una repartición observada a una teórica y permite verificar si una muestra proviene de una población teórica dada, cuando se estudia un carácter cualitativo con K categorías (Maxwell, 1966; Siegel ,1982; Wiedenhofer ,1993; Siegel y Castellán ,1995; Morales y Pino ,1987;2009; Pérez ,2008; Di Rienzo et al ,2009; Bologna ,2011). Se utiliza en el análisis de datos consistentes en frecuencias o cuentas o de datos cualitativos categorizados. Esta prueba se utiliza con los efectivos de diversas categorías y jamás con los porcentajes de dichas

categorías , además exige que todos los efectivos estimados sean superiores a cinco , y cuando alguno de estos efectivos no cumpla con dicho requisito , se debe aplicar la corrección de Yates , aunque es más correcto utilizar otro tipo de prueba como la prueba de la probabilidad exacta de Irwing Fisher (Doménech ,1981; Siegel,1982) , la cual es realizada automáticamente por el paquete estadístico InfoStat^R cuando se emplean tablas de contingencia de 2x2. Esta prueba es frecuentemente empleada como una prueba de asociación, lo cual estadísticamente implica una comparación (Pérez, 2008)

Comparación entre dos reparticiones observadas

Se entiende por repartición observada al conjunto de todos los efectivos observados, cuando se estudia un carácter cualitativo en una muestra y se observan los efectivos correspondientes a cada una de las categorías del mencionado carácter (Doménech, 1982).En una prueba de independencia se estudia la relación entre los caracteres "X "y "Y ", mientras que en una de comparación se evalúa la relación entre el criterio Tratamiento y el criterio Respuesta (Doménech, 1982;Siegel,1982 ; Siegel y Castellán ,1995; Perez,2008 ; Morales y Pino ,2009)

Uso de la Prueba de Ji – cuadrado (2x2) para evaluar asociación

Ejercicio XLI

En el presente ejemplo mostramos la utilidad de la prueba de Ji^2 en la evaluación de la preferencia de un parásito por un hospedador determinado, para lo cual utilizaremos la información suministrada por Oliver (1982).

Frecuencia del trematodo monógeno *Lernantropus kroyeri* en peces del género *Dicentranchus* (*D.labrex* y *D.punctatus*) del golfo de Gascoña.

Forma de cargar la información en la hoja de cálculo de InfoStat^R

Hospedador	Parásito	Frecuencia
<i>D.labrex</i>	Presente	54
<i>D.labrex</i>	Ausente	77
<i>D.punctatus</i>	Presente	83

Menú > ESTADÍSTICAS > DATOS CATEGORIZADOS > TABLAS DE CONTINGENCIA, permite identificar en la ventana Tablas de contingencia las variables que serán utilizadas para conformar los criterios de clasificación de filas y de columnas. Para declarar las variables del Ejemplo se deberán indicar como Criterios de clasificación a las columnas “Hospedador” y “Parásito”. La variable “Frecuencia” debe ingresarse en la subventana Frecuencias. Al Aceptar, en la solapa Selección de filas y de columnas se deberá indicar que “Parásito” define las filas y “Hospedador” las columnas de la tabla.

Salida

Tablas de contingencia

Frecuencias: Frecuencia

Frecuencias absolutas

En columnas: Hospedador

Parásito	D.labrex	D.punctatus	Total
Ausente	77	30	107
Presente	54	83	137
Total	131	113	244

Estadístico	Valor	gl	p
Chi Cuadrado Pearson	25,59	1	<0,0001
Chi Cuadrado MV-G2	26,22	1	<0,0001
Irwin-Fisher bilateal..	0,33		<0,0001
Coef.Conting.Cramer	0,23		
Coef.Conting.Pearson	0,31		
Coeficiente Phi	0,32		

Cocientes de chance (odds ratio) y riesgos relativos

Estadístico	Estim	LI 95%	LS 95%
Odds Ratio 1/2	3,95	2,30	6,77
Odds Ratio 2/1	0,25	0,15	0,44

Análisis de la información suministrada como resultados

Los estadísticos de X^2 de Pearson, Prueba G de Máxima Verosimilitud y de Irwing Fisher , indica que existe asociación preferencial entre el parasito *Lernantropus kroyeri* y *D.punctatus* (74,45% de parasitados) con respecto a *D.labrax* (41,22 % de parasitados).

El valor del estadístico de prueba $X^2 = 25,59$ $p < 0,0001$, lo que nos indica la existencia de una mayor afinidad de la especie parasita *L.kroyeri* por *D.punctatus*.

En esta tabla también conseguimos información sobre índices que evalúan la intensidad de la asociación (Cramer , Pearson y Phi). El valor de J_i^2 , obtenido en una prueba de independencia no es indicativo de la intensidad de la relación entre las variables estudiadas, debido a que dicho valor aumenta con el número total de efectivos de la tabla y por lo tanto un valor del estadístico de prueba, más grande no significa que la relación es más intensa .Para medir la intensidad de esta relación en tablas de 2x2 se usan estadísticos como el coeficiente de contingencia cuadrática de Pearson (arriba mencionado), el cual es válido tanto con datos independientes como pareados. Para su interpretación se considera que cuando existe independencia perfecta su valor es cero y cuando la dependencia es perfecta su valor es uno.

Otra información de gran importancia suministrada en la tabla de resultados es el Odds Ratio o Razón de Ventajas, que indica que la oportunidad de *D.punctatus* de ser parasitado por *L.kroyeri* , es casi 4 veces superior a la de *D.labrax*.

El Odds Ratio, también conocido como Razón de Productos Cruzados o Razón de Momios, es un índice de amplio uso en investigaciones epidemiológicas, tanto en estudio de cohortes como en caso y controles, porque permite una rápida interpretación para evaluar el riesgo de padecer una enfermedad y al igual que el Riesgo Relativo, constituye una herramienta epidemiológica de gran importancia (Málaga ,1990)

3.3. PRUEBA DE LA MEDIANA O PRUEBA DE MOOD

La prueba de la mediana permite determinar si dos grupos independientes difieren en su tendencia central, en este caso con respecto a la mediana. La hipótesis nula postula que las muestras provienen de poblaciones con la misma mediana y la hipótesis alterna es que las poblaciones de origen difieren en sus medianas (Bologna,2011). Esta prueba requiere que los puntajes estén por lo menos en escala de medición continua y no requiere que las muestras sean de igual tamaño (Siegel, 1982; Siegel y Castellán, 1995; Perez,2008; Di Rienzo et al ,2019)

Utilizaremos la información suministrada por Morales et al (1985), correspondiente a la abundancia parasitaria mensual de *Haemonchus contortus* en ovinos y caprinos de Zonas Áridas de Venezuela.

La información será presentada bajo la forma en que se cargan los datos en la plantilla del paquete estadístico para su análisis

Hospedador	Abundancia
Ovino	184,2
Ovino	526,7
Ovino	71,7
Ovino	110
Ovino	72,7
Ovino	48,8
Ovino	94,2
Ovino	38,3
Ovino	90,3
Ovino	105,8
Ovino	54,3
Ovino	189,2
Caprinos	80
Caprinos	554,2
Caprinos	25,7
Caprinos	425
Caprinos	13,8
Caprinos	115,5
Caprinos	98,3
Caprinos	79,2
Caprinos	5

Caprinos	11,7
Caprinos	164,8
Caprinos	93,5
Caprinos	93,3

Menú ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > PRUEBA DE LA MEDIANA

Al salir el cuadro de dialogo ingresar en :

Criterio de Clasificación > Hospedador

Variable > Abundancia

En el siguiente cuadro de dialogo el usuario debe seleccionar la información de resultados requerida

Salida

Variable de clasificación: Hospedador

Variable: Abundancia

Grupo 1 : Caprinos (n = 13) ; Mediana = 93,30

Grupo 2 : Ovinos (n=12) ; Mediana = 92,25

Mediana General = 93,30

P (2 colas) > 0,99 (No significativo)

Resultado:

Se acepta la H_0 de no existencia de diferencias estadísticamente significativas entre las abundancias de *Haemonchus contortus* entre ovinos y caprinos.

3.4 Prueba U de Mann y Whitney

Esta prueba es considerada una de las más poderosas entre los métodos no paramétricos y constituye una alternativa útil frente a la prueba "t" de Student cuando la distribución de los datos no es normal y permite comparar la tendencia central de las poblaciones

origen de dos muestras independientes de tamaño respectivo n_1 y n_2 . No requiere que las muestras sean de igual tamaño y requiere de variables cuantitativas que para la ejecución de la prueba son transformadas en rangos (Siegel, 1982, Siegel y Castellán,1995; Doménech ,1982; Wiedenhofer,1993; Morales y Pino, 2009; Di Rienzo et al ,2019). Cuando las muestras son pequeñas o no se cumplen los requisitos inherentes a la prueba t de Student, la U de Mann y Whitney es la vía más eficiente para el correcto análisis de los datos (Perez,2008)

Ejercicio XLIII

Utilizaremos para el desarrollo de esta prueba la información utilizada en el ejercicio sobre la Prueba de la Mediana, bajo las mismas hipótesis nula y alternativa.

H_0 = la abundancia de *Haemonchus contortus* en ovinos y caprinos es similar.

H_1 = La abundancia de *Haemonchus contortus* en ovinos y caprinos es diferente.

Prueba de Wilcoxon (Mann-Whitney U)

Menú > ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > PRUEBA DE WILCOXON (MANN-WHITNEY U),

Al salir el cuadro de dialogo ingresar en:

Criterio de Clasificación > Hospedador

Variable > Abundancia

Luego sale el siguiente cuadro



Para que el usuario realice las selecciones de las casillas cuya información requiere.

Salida

Clasificación: Hospedador

Variable: Abundancia

Grupo 1 : Caprinos (n = 13) Media = 135,38 Mediana: 93,30

Grupo 2 : Ovinos (n = 12) Media : 132,18 Mediana : 92,25

W = 164 (Estadístico de Prueba)

P (2 colas = 0,66 > 0,05 (No significativo)

Resultado:

Al igual que con la prueba de comparación de medianas, con la de Wilcoxon (U de Mann y Whitney), llegamos a la misma conclusión de no diferencias estadísticamente significativas entre ovinos y caprinos con respecto a la abundancia de *Haemonchus contortus*.

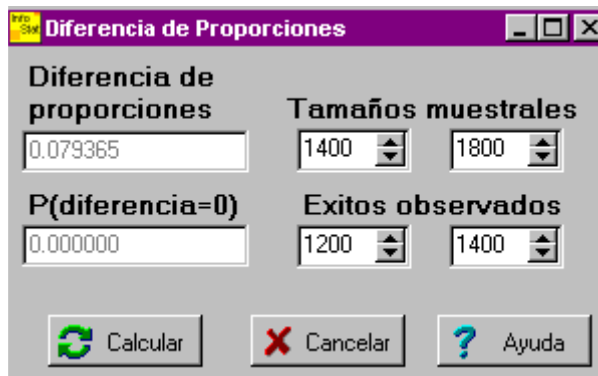
3.5. Prueba para la diferencia de proporciones (Comparación entre dos porcentajes independientes)

En investigaciones parasitológicas, gran parte de la información obtenida es en forma de porcentajes, provenientes, por ejemplo, de encuestas sobre prevalencias de especies parásitas en el seno de una población de hospedadores. Al analizar la proporción de casos entre dos muestras, podemos encontrar que los dos porcentajes observados son distintos, lo cual puede deberse a fluctuaciones de muestreo, en cuyo caso la comparación de porcentajes tendría por finalidad indicar si dicha diferencia es estadísticamente significativa (Di Rienzo et al,2019; Brower y Zar ,1977; Morales y Pino ,1987)

Prueba para la diferencia de proporciones

Menú ESTADÍSTICAS > INFERENCIA BASADA EN DOS MUESTRAS > DIFERENCIA DE PROPORCIONES

En este caso no se necesita tener un archivo de datos en InfoStat^R, simplemente se completan los campos de edición con la información requerida en cuanto a tamaños de las dos muestras disponibles y número de éxitos observados en cada uno de ellas. Al activar el botón Calcular se obtiene la diferencia de proporciones y el valor p, como puede verse en la pantalla.



Ejercicio XLIV

Utilizaremos los datos de Oliver (1982), empleados en el ejercicio de la Prueba de J_i^2 o X^2 , como prueba de asociación:

Hospedador	Parasitados	No Parasitados	Total
D.labrex	54	77	131
D.punctata	83	30	107

Al cargar los datos de la manera siguiente

Tamaños muestrales	
131	113
Éxitos Observados	
54	83

En la parte izquierda de la caja de dialogo arrojó

Diferencia de proporciones

-0,322300

P (Diferencia= 0,0000)

Resultado; La prevalencia del parásito *L.kroyeri* es diferente y estadísticamente significativa entre ambos hospedadores, dicha diferencia es de un 32,23 %.

4. Caso de varias muestras relacionadas:

4.1 Prueba Q de Cochran.

La prueba Q de Cochran es una extensión de la prueba de McNemar para varias muestras relacionadas y permite evaluar si tres o más conjuntos pareados de frecuencias difieren significativamente entre ellos (Lellouch y Lazar ,1974; Cabaret, 1977; Morales

y Pino,1987; Siegel ,1982; Siegel y Castellán ,1995). Este método requiere para ser aplicado unos veinte bloques, pero con fines didácticos trabajamos con solo 14.

La fórmula de cálculo es:

$$Q = K- 1[K\sum G_j^2 (\sum G_j)^2 \div K \sum L_i - Li^2$$

Q = estadístico de prueba

Gj es el total de la j- esima columna

Li es el total de la I – esima fila

K es el número de columnas (condiciones, métodos etc.)

Ejercicio XLV

Se desea conocer si tres métodos diferentes utilizados para el diagnóstico de la Fascioliasis hepatica concuerdan o no en sus resultados. Se tomó una muestra aleatoria de 14 sueros bovinos y se determinó por cada método su positividad. A continuación, presentamos los resultados obtenidos:

Muestra	Método 1	Método 2	Método 3	Li	Li ²
1	0	0	0	0	0
2	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0
5	1	0	0	1	1
6	1	0	0	1	1
7	1	0	0	1	1
8	1	1	0	2	4
9	1	1	0	2	4
10	1	1	0	2	4
11	1	1	0	2	4
12	1	1	1	3	9
13	1	1	1	3	9
14	1	1	1	3	9

	10	7	3	20	46
Gj²	100	49	9		

PASOS

La información se dicotomiza en Positivo o Negativo

Presente o Ausente

- 1) Se confecciona una tabla usando K columnas y N hileras o filas
- 2) Se coloca en dicha tabla el número "0" por negativo o ausente y el número "1" por positivo o presente.
- 3) Se realiza la sumatoria correspondiente a cada hilera o fila ($\sum Li$)
- 4) Se eleva al cuadrado el resultado de cada suma ($\sum Li$)²
- 5) Se realiza la sumatoria de cada columna ($\sum G_1, \sum G_2, \dots, \sum G_n$) y luego se hace la sumatoria de todas las G ($\sum G_1 + \sum G_2, \dots, \sum G_n$)
- 6) Se eleva al cuadrado el valor obtenido por cada G y se hace la sumatoria correspondiente $\sum G^2 = (G_1)^2 + (G_2)^2 + \dots + (G_n)^2$
- 7) Los valores obtenidos se sustituyen en la fórmula de "Q"
- 8) Los grados de libertad son iguales a K - 1, en donde K representa a el número de columnas
- 9) Para evaluar la significación de Q se compara el valor calculado, con el valor suministrado por la tabla de Ji² a un nivel σ predeterminado con K - 1 grados de libertad, si el valor de Q es mayor que el valor suministrado por la tabla, se rechaza la hipótesis nula y se acepta la hipótesis alternativa de la existencia de diferencias estadísticamente significativas entre los grupos estudiados.

Valores obtenidos con la información contenida en la tabla, utilizados para el cálculo de Q

$$\sum Li = 20; \quad \sum Li^2 = 46; \quad \sum Gj = 10+7+3 = 20; \quad \sum Gj^2 = 100+49+9 = 158$$

- $Q = K - 1 \left[\frac{K \sum Gj^2}{(\sum Gj)^2} - \frac{\sum Li^2}{\sum Li} \right]$
- $Q = [3 - 1] \left[\frac{3(158)}{(20)^2} - \frac{46}{20} \right]$

- $Q = 2 (474 - 400) \div (60 - 46)$
- $Q = 2(74) \div (14)$
- $Q = 148 \div 14 = 10,57$
- $Q = 10,57$

Interpretación de Resultados

El valor calculado se compara con el valor suministrado por la tabla X^2 con $K - 1$ grados de libertad ($g.l = 3 - 1 = 2$)

Para 2 gl y un nivel de probabilidad del 0,01% , el valor de $X^2 = 9,21$

Y como el valor calculado es de $10,57 > 9,21$, rechazamos la H_0 y aceptamos la H_1 de la existencia de diferencias entre los tres métodos empleados a un nivel de probabilidad = 0,01 %

4.2 Análisis de varianza de dos clasificaciones por rangos de Friedman.

El ANOVA de Friedman puede considerarse como una prueba "F" aplicada a los rangos de K observaciones dentro de cada bloque (Castro, 1990). Esta prueba se usa en diseños pareados, cuando los mismos sujetos o sujetos igualados, se desempeñan bajo tres o más condiciones (Greene y D'Oliveira ,1984). Requiere que se disponga de datos que estén al menos en escala ordinal y puedan arreglarse en una clasificación con dos criterios (Daniel ,1980). Por consiguiente, es de gran utilidad para probar la hipótesis de nulidad de que las K muestras han sido extraídas de la misma población y nos permite analizar el efecto de dos factores de clasificación en un diseño balanceado de dos vías (Cabaret ,1977; Siegel ,1982; Siegel y Castellán, 1995; Wiedenhofer ,1993; Morales y Pino, 2009). El análisis de varianza de Friedman es una extensión de la prueba no paramétrica con rangos de signos pareados de Wilcoxon (Doménech ,1982; Perez,2008)

Ejercicio XLVI

Se realizó un ensayo con el fin de determinar si existían diferencias en la cantidad de h.p.g de estróngilos digestivos excretados con las heces en las diferentes horas del día. Las heces de tres animales fueron analizadas mediante coproscopía cuantitativa a las 4 pm, 8 pm ,12 media noche ,4am ,8 am y 12 mediodía. (Datos ficticios)

Ovino	4 pm	8 pm	12 noche	4 am	8 am	12 día
1	187	166	126	112	276	114
2	183	150	135	90	255	92
3	185	158	132	102	265	100
4	178	155	120	95	270	84
5	190	160	140	100	280	90

H₀: la cantidad de huevos de estróngilos digestivos es similar en las diferentes horas del día

H₁: la cantidad de huevos de estróngilos digestivos varía de acuerdo a las horas del día.

Menú

ESTADÍSTICAS > ANÁLISIS DE LA VARIANZA NO PARAMÉTRICO > FRIEDMAN

En la ventana Prueba de Friedman se debe indicar cuales son las columnas del archivo que representan los tratamientos en Variables que definen tratamientos, en el ejemplo son: 4 pm ,8 pm ,12 noche, 4 am, 8am, 12 día. En la siguiente ventana se pueden requerir comparaciones múltiples “a posteriori” con el nivel de significación deseado.

Salida

Prueba de Friedman

C4 pm	C8 pm	C12 noche	C4 am	C8 am	C12 día	T2	p
5,00	4,00	3,00	1,60	6,00	1,40	141,83	<0,0001

Mínima diferencia significativa entre suma de rangos:2,285

Tratamientos	Suma (Ranks)	Media (Ranks)	n					
C12 día	7,00	1,40	5	A				
C4 am	8,00	1,60	5	A	B			
C12 noche	15,00	3,00	5			C		
C8 pm	20,00	4,00	5				D	
C4 pm	25,00	5,00	5					E
C8 am	30,00	6,00	5					F

Letras distintas indican diferencias significativas (p<=0,05)

Resultado:

El valor del estadístico de prueba fue T2 = 141,83 y un valor de p =0,0001 < 0,05, lo que indica diferencias estadísticamente significativas. Se observó la conformación de 6 grupos, de los cuales a la excreción de h.p.g de las 12 del día le correspondió el valor

más bajo, luego vemos un grupo intermedio que se ubicó a las 4am, hasta llegar a la hora de máxima excreción de h.p.g que fue a las 8 am y se identificó con la letra 'F'.

5. Caso de Varias Muestras Independientes

5.1 Prueba de Ji-cuadrado para varias muestras independientes

Esta prueba es utilizada como prueba de comparación de varias reparticiones observadas y permite verificar si un conjunto de K muestras proceden de una misma población, cuando se estudia una variable cualitativa con K categorías (Maxwell, 1966, Cabaret ,1977; Siegel, 1982, Doménech,1982; Siegel y Castellán ,1995)

Ejercicio XLVII

Emplearemos datos ficticios sobre la comparación entre tres grupos raciales diferentes en la relación a la susceptibilidad a la infestación parasitaria evaluada mediante coproscopía cuantitativa.

Raza	Nivel Infestación	Frecuencia
A	Bajo	215,00
A	Moderado	184,00
A	Alto	120,00
B	Bajo	209,00
B	Moderado	194,00
B	Alto	128,00
C	Bajo	162,00
C	Moderado	177,00
C	Alto	237,00

Menú > ESTADÍSTICAS > DATOS CATEGORIZADOS > TABLAS DE CONTINGENCIA, permite identificar en la ventana Tablas de contingencia las variables que serán utilizadas para conformar los criterios de clasificación de filas y de columnas. Para declarar las variables del Ejemplo se deberán indicar como Criterios de clasificación a las columnas “Raza” y “Nivel de Infestación”. La variable “Frecuencia” debe ingresarse en la sub ventana Frecuencias. Al Aceptar, en la solapa Selección de

filas et alumnas se deberá indicar que “Raza” define las filas y “Nivel Infestación” las columnas de la tabla.

Salida

Tablas de contingencia

Frecuencias: Frecuencia

Frecuencias absolutas

En columnas: Nivel Infestación

Raza	Alto	Bajo	Moderado	Total
A	120	215	184	519
B	128	209	194	531
C	237	162	177	576
Total	485	586	555	1626

Estadístico	Valor	gl	p
Chi Cuadrado Pearson	57,32	4	<0,0001
Chi Cuadrado MV-G2	56,38	4	<0,0001
Coef.Conting.Cramer	0,11		
Coef.Conting.Pearson	0,18		

Resultado:

El valor del estadístico de prueba $X^2=57,32$, con una probabilidad $p< 00001$, indica la aceptación de las hipótesis alternativas de que la excreción de h.p.g es diferente en las tres razas. El mismo resultado se obtuvo con la prueba G de máxima verosimilitud, aunque con un valor de X^2 levemente inferior.

5.2 Prueba de la mediana para dos o más muestras independientes (Prueba de Mood) (Realizada con MinitabR)

La prueba de la mediana de Mood, puede ser usada en casos de dos o más muestras y por consiguiente empleada en lugar de la U de Mann y Whitney (dos muestras) o tres o más (ANOVA de Kruskal-Wallis). Esta prueba es una alternativa no paramétrica frente al análisis de varianza de una vía (Siegel y Castellán ,1995).

Esta prueba es robusta en casos de datos aberrantes o anómalos (outliers), ya que clasifica los valores solo considerando si son superiores o inferiores a la mediana general, lo cual en casos de presencia de valores anómalos la hace superior a la de Kruskal – Wallis (Siegel y Castellán ,1995; Minitab,2010)

Stat > Nonparametrics > Mood's Median Test

Ingreso de la información al cuadro de dialogo

Response: ingrese la columna que contiene la variable respuesta.

Factor: Ingrese la columna que contiene la variable de clasificación.

H0: Las medianas de la población son iguales

H1: Las medianas no son iguales

Ejercicio XLVIII

Con el fin de evaluar la patogenicidad de cuatro cepas de *Angiostrongylus cantonensis*, se inocularon cuatro lotes de 10 ratones homocigotos seleccionados y distribuidos al azar y se evaluó en número de días el tiempo de sobrevivencia post inoculación.

Cepa 1	Cepa 2	Cepa 3	Cepa 4
6	7	6	7
5	9	12	4
5	6	9	5
2	8	13	3
1	4	10	2
5	7	11	0
4	11	10	9
2	8	8	7
4	7	11	6
6	3	10	7

El valor del estadístico de prueba $X^2 = 18,40$ y con 3 grados de libertad dio una probabilidad $p = 0,000$, indicando la existencia de diferencias estadísticamente significativas entre las cepas., la tabla informa además de la mediana y del valor de los rangos inter- cuartiles (Q1-Q3) para cada grupo.

El grafico muestra como la menor sobrevivencia se observó con las cepas 1 y 4 y la mayor a la cepa 3.

5.3 Análisis de varianza para una clasificación por rangos de Kruskal-Wallis.

La prueba de Kruskal – Wallis es la alternativa no paramétrica al análisis de varianza de una vía. Esta prueba constituye una extensión de la Prueba U de Mann y Whitney (Wilcoxon), que es la alternativa no paramétrica más potente frente a la prueba t de Student. Esta prueba evalúa la hipótesis nula de que las K muestras proceden de la misma población. El tamaño de los grupos a comparar no debe contener menos de cinco replicas cada uno y la variable en estudio debe ser continua o medida en escala ordinal (Cabaret ,1977; Siegel,1982, Siegel y Castellán ,1995; Wiedenhofer ,1993, Doménech,1982; Perez ,2008; Morales y Pino,2009)

El archivo de datos para ejecutar esta prueba, debe contener al menos dos columnas, una para el criterio de clasificación, que permite separar a los datos de la variable respuesta en tres o más grupos y otra específica para la variable respuesta

Prueba de Kruskal-Wallis

Menú > ESTADÍSTICAS > ANÁLISIS DE LA VARIANZA NO PARAMÉTRICO > KRUSKAL-WALLIS

Prueba de Kruskal-Wallis, ingresar en Variables la/s variable/s que actuarán como dependiente/s (Sobrevivencia en días) y como Criterios de clasificación, los factores a considerar, es decir, la o las columnas del archivo que definen los grupos para los cuales se comparan las medias (Cepas).

En la sub-ventana Comparaciones, se muestran las casillas para realizar la selección y el nivel de probabilidad deseado, las comparaciones a posteriori se realizan mediante la prueba de la Mínima Diferencia Significativa, cada grupo formado es identificado por

una letra o combinación de letras (grupos intermedios), letras distintas indican diferencias estadísticamente significativas.

Así mismo encontrará las casillas para escoger la información que desea visualizar en la tabla de resultados: medianas, desvío estándar (DE), rangos promedio y tamaño muestral (N) para cada tratamiento. Además, se puede requerir el estadístico de la prueba de Kruskal Wallis (H), el valor p asociado (p) y el factor de corrección que InfoStat utiliza para actualizar el estadístico en casos de empates (C).

Ejercicio XLIX

Como ejemplo utilizaremos la información empleada en la Prueba de Mood para varias muestras ejecutada en el anterior ejemplo.

Salida

Prueba de Kruskal Wallis

Variable	Cepa	N	Medias	Medianas	H	p
Sobrevivencia días	1,00	10	4,00	4,50	21,35	0,0001
Sobrevivencia días	2,00	10	7,00	7,00		
Sobrevivencia días	3,00	10	10,00	10,00		
Sobrevivencia días	4,00	10	5,00	5,50		

Trat.	Ranks	
1,00	10,55	A
4,00	15,40	A B
2,00	22,85	B
3,00	33,20	C

Letras distintas indican diferencias significativas ($p \leq 0,05$)

Resultados:

El estadístico de prueba $H = 23,35$ con una probabilidad de $p = 0,0001$, indica la existencia de diferencias estadísticamente significativas entre los días de sobrevivencia de acuerdo a la cepa, y mediante la prueba de la Mínima Diferencia Significativa vemos la conformación clara de cuatro grupos: A (menor tiempo de sobrevivencia); seguido del grupo AB (Intermedio); luego el grupo B y por último el grupo C (Mayor sobrevivencia)

Cepa 1 = Grupo A

Cepa 4 = Grupo AB

Cepa 2 = Grupo B

Cepa 3 = Grupo C

Salida con Minitab

Kruskal-Wallis Test: Sobrevivencia días versus Cepa

Kruskal-Wallis Test on " Sobrevivencia días "

Cepa	N	Median	AveRank	Z
1	10	4,500	10,6	-3,11
2	10	7,000	22,9	0,73
3	10	10,000	33,2	3,97
4	10	5,500	15,4	-1,59
Overall	40		20,5	

H = 21,35 DF = 3 P = 0,000

H = 21,55 DF = 3 P = 0,000 (adjusted for ties)

Suministra una salida general similar, pero no tiene la opción de la comparación a posteriori realizada en Infostat con la prueba de la Mínima Diferencia Significativa.

6. Pruebas de relación:

6.1 Coeficiente de correlación de rangos de Spearman (rs).

El coeficiente de correlación de Spearman es una medida no paramétrica de asociación basada en rangos, que puede ser usado para variables discretas o continuas no necesariamente normales (Siegel, 1982; Morales y Pino ,2009)

Es una medida de asociación, que requiere que ambas variables sean medidas, por lo menos, en una escala ordinal, de tal manera que dichas variables puedan colocarse en series ordenadas, lo que indica que este coeficiente puede ser usado para medir asociaciones en variables cualitativas ordinales (Siegel,1982; Siegel y Castellán ,1995, Doménech ,1982; Cabaret,1977;Perez ,2008)

Esta prueba nos permite determinar si unas asociaciones observadas entre los puntajes de dos variables están asociadas en la población de la cual provienen las muestras.

El coeficiente de correlación obtenido representa el grado de asociación y la prueba de significación de ese coeficiente nos da la probabilidad de ocurrencia de dicha asociación a un nivel σ preestablecido. El coeficiente de correlación de rangos de Spearman es un caso particular del coeficiente de correlación lineal de Pearson y cuando el tamaño de la

muestra es mayor que 10 su significancia puede ser evaluada empleando la misma fórmula empleada con el coeficiente de correlación de Pearson (Pérez ,2008):

$$t = \text{rho} \sqrt{n-2} / \sqrt{1- \text{rho}^2}$$

El resultado obtenido se contrasta con la tabla de la "t" de Student con n-2 grados de libertad al nivel de probabilidad alfa previamente seleccionado por el investigador.

Ejercicio L

Cargas parasitarias expresadas como promedio del recuento h.p.g (abundancia) y riqueza específica en ovinos infestados en condiciones naturales (Morales, Pino y Sandoval ,2005) (h.p.g = huevos por gramo de heces).

Riqueza Especifica Abundancia (h.p.g)

1	399
2	862
3	1274
4	1485
5	1947
6	2213
7	5093

Menú > ANÁLISIS DE CORRELACIÓN > COEFICIENTES DE CORRELACIÓN.

En la ventana Coeficientes de correlación, especificar las variables para las cuales desea obtener el coeficiente de correlación. La siguiente ventana permite optar entre los coeficientes de correlación de Pearson o de Spearman

Salida

Coeficientes de correlación

Correlación de Spearman: coeficientes\probabilidades

	Riqueza Específica	Abundancia (h.p.g)
Riqueza Especifica	1,00	(0,01)
Abundancia (h.p.g)	(1,00)	1,00

Correlación de Pearson: coeficientes\probabilidades

	Riqueza Especifica	Abundancia (h.p.g)
Riqueza Especifica	1,00	(0,01)
Abundancia (h.p.g)	(0,88)	1,00

Resultado:

En la salida superior vemos el coeficiente de correlación de rangos de Spearman ($\rho = 1$ y $p < 0,01$) y en la inferior la salida correspondiente al Coeficiente de Correlación de Spearman ($r = 0,88$ y $p < 0,01$). En ambos constatamos una correlación positiva entre las cargas parasitarias expresadas en recuentos de h.p.g , aunque con un menor valor en el de Pearson , lo cual se debe a que en el coeficiente de Spearman se convierten los valores observados en rangos y no importa la magnitud de la diferencia , la cual si tiene mucho peso en el de Pearson , lo cual se traduce en que la alteración de un solo valor puede afectar fuertemente el valor de r , mientras que con el coeficiente de rangos de Spearman , también conocido como ρ , si este valor continua en su mismo rango . su valor no es afectado. En cuanto a la probabilidad, en ambos casos fue similar:

$P = 0,01 < 0,05$, lo que indica que la correlación es significativa y positiva, o sea que la riqueza especifica es mayor en aquellos animales con mayor recuento de h.p.g.

Este coeficiente también puede ser utilizado para la evaluación de la composición y estructura de infracomunidades de parásitos presentes es hospedadores de diferentes especies, pero que comparten una fauna parasitaria similar o del mismo hospedador pero proveniente de localidades distintas.

Ejercicio LI

Composición y Estructura de las Comunidades de Nematodos Parásitos de Ovinos y Caprinos Infestados En Condiciones Naturales y Provenientes De Zonas Áridas de Venezuela (Morales y Pino ,1987).

Especie Parasita	Ovinos	Caprinos
<i>Trichostrongylus colubriformis</i>	60893	80990
<i>Trichostrongylus axei</i>	32198	9458
<i>Haemonchus contortus</i>	9263	11927
<i>Cooperia curticei</i>	568	1193
<i>Bunostomum trigonocephalum</i>	72	0
<i>Oesophagostomum columbianum</i>	549	629
<i>Trichuris globulosa</i>	205	273
<i>Skrjabinema ovis</i>	515	3030

Salida

Coeficientes de correlación

Correlacion de Spearman: coeficientes\probabilidades

	Ovinos	Caprinos
Ovinos	1,00	(0,02)
Caprinos	(0,90)	1,00

Resultado

El coeficiente de correlación de rangos de Spearman ($\rho = 0,90$) con una probabilidad $p=0,02 < 0,05$, indica la existencia de correlación significativa y positiva, lo que nos permite concluir que la composición y estructura de las infracomunidades de nematodos parásitos en ovinos y caprinos son similares. Es decir, poseen una riqueza específica y estructura similar, o sea que las especies más abundantes al interior de la infracomunidad de los ovinos, también son las más numerosas en la infracomunidad de los caprinos.

7. Análisis Multivariado

Objetivos

Emplear el Análisis de Correspondencia Lineal simple para establecer, graficar e interpretar los resultados adecuadamente.

7.1 Análisis de Correspondencia Lineal Simple

Es un método de análisis multivariado basado en la prueba de J_i^2 de gran utilidad para precisar la relación entre variables y observaciones. No requiere de ningún tipo de normalización. Este método funciona bajo los mismos principios de los componentes principales (Legendre y Legendre ,1979 b) y en el caso de InfoStat^R (Di Rienzo et al,2019; Balzarini et al ,2008) el ingreso de los datos se hace de la misma manera que para la realización de la prueba de J_i^2 en las tablas de $N \times K$.

El objetivo de un análisis de correspondencia es mostrar la relación entre variables cualitativas a partir de una tabla de contingencia (filas et alumnas) al proveer las herramientas para analizar las asociaciones entre las filas y las columnas de dicha tabla , mediante el desarrollo de índices simples que proveen las coordenadas de cada fila y de cada columna, las cuales son representadas en el mismo gráfico .La construcción de los índices parte de un principio similar al empleado en el análisis de componentes principales. Como veremos al desarrollar el ejemplo, el análisis de correspondencia descompone el valor del estadístico X^2 , usado en la evaluación de independencia entre variables (Legendre y Legendre ,1979b, Daget, 1979, Hardle y Simar ,2003).

Ejercicio LII

Emplearemos datos ficticios sobre la comparación entre tres grupos raciales diferentes en la relación a la susceptibilidad a la infestación parasitaria evaluada mediante coproscopía cuantitativa utilizado en Comparación de varias muestras independientes mediante la prueba de J_i^2 , en este ejemplo utilizaremos primero el paquete estadístico Infostat^R (Di Rienzo et al,2019; Balzarini et al ,2008) y luego el MINITAB (2010)

Raza	Nivel Infestación	Frecuencia
------	-------------------	------------

A	Bajo	215,00
A	Moderado	184,00
A	Alto	120,00
B	Bajo	209,00
B	Moderado	194,00
B	Alto	128,00
C	Bajo	162,00
C	Moderado	177,00
C	Alto	237,00

Análisis de correspondencias

Frecuencias absolutas

En columnas: Nivel Infestación

En filas: Raza

	Alto	Bajo	Moderado	Total
A	120	215	184	519
B	128	209	194	531
C	237	162	177	576
Total	485	586	555	1626

Tabla 1

Perfiles fila (frecuencias relativas por filas)

En columnas: Nivel Infestación

En filas: Raza

	Alto	Bajo	Moderado	Total
A	0,23	0,41	0,35	1,00
B	0,24	0,39	0,37	1,00
C	0,41	0,28	0,31	1,00
Total	0,30	0,36	0,34	>

Tabla 2

Valores de Probabilidad Incondicional

Perfiles columna (frecuencias relativas por columnas)

En columnas: Nivel Infestación

En filas: Raza

	Alto	Bajo	Moderado	Total
A	0,25	0,37	0,33	0,32

B	0,26	0,36	0,35	0,33
C	0,49	0,28	0,32	0,35
Total	1,00	1,00	1,00	1,00

Tabla 3

Contribuciones por celda al estadístico chi-cuadrado

En columnas: Nivel Infestación

En filas: Raza

	Alto	Bajo	Moderado	Total
A	7,83	4,18	0,26	12,27
B	5,83	1,62	0,90	8,35
C	24,74	10,01	1,95	36,70
Total	38,39	15,81	3,12	57,32

Tabla 4

Contribución a la Chi cuadrado

Auto valor Inercias	Chi cuadrado	(%)	% acumulado
1(X)	0,19	0,04	57,05 99,53
2(Y)	0,01	0,00	0,27 0,47 100,00

Tabla 5

Coordenadas fila

	Eje1	Eje2
A	-0,15	0,02
B	-0,12	-0,02
C	0,25	0,00

Tabla 6

Coordenadas columna

	Eje1	Eje2
Alto	0,28	0,00
Bajo	-0,16	0,01
Moderado	-0,07	-0,02

Tabla 7

Interpretación de los resultados

La tabla 1 muestra la información contenida en la tabla de contingencia de NxK empleada en el análisis.

La tabla 2, muestra los valores correspondientes a las probabilidades condicionales, que se obtienen al dividir cada valor contenido en la celdilla de la tabla 1 entre el total de la fila

$$120/519 = 0,23$$

$$215/519 = 0,41$$

$$184/519 = 0,35$$

$$\dots\dots\dots 177/576 = 0,31$$

Y el valor de las probabilidades Incondicionales que se obtienen al dividir el total de cada columna entre el gran total

$$485/1626 = 0,30$$

$$586/1626 = 0,36$$

$$555/1626 = 0,34$$

Luego se verifica casilla por casilla cuales son las probabilidades condicionales con respecto valor de la probabilidad incondicional. Cuando el valor de la probabilidad condicional es superior al de la probabilidad incondicional, indica correspondencia entre los dos descriptores

En este ejemplo observamos que el valor más elevado de la columna 1(Alto)se corresponde con la letra C ($0,41 > 0,30$), Bajo con la letra B ($0,41 > 0,36$) y Moderado con la letra B ($0,37 > 0,34$), lo cual se refleja en la figura correspondiente.

En la tabla 5, vemos la descomposición del valor del X^2 y el aporte de cada eje (Eje 1 = 57,05 y el Eje 2 = 0,27) $\sum 57,05 + 0,27 = 57,32$, que es el valor del estadístico de prueba X^2 que obtuvimos al realizar la comparación entre las frecuencias de varias muestras independientes y que copiamos a continuación

Chi Cuadrado Pearson $X^2=57,32$ 4g. 1 $p<0,0001$

Análisis de Correspondencia Lineal Simple

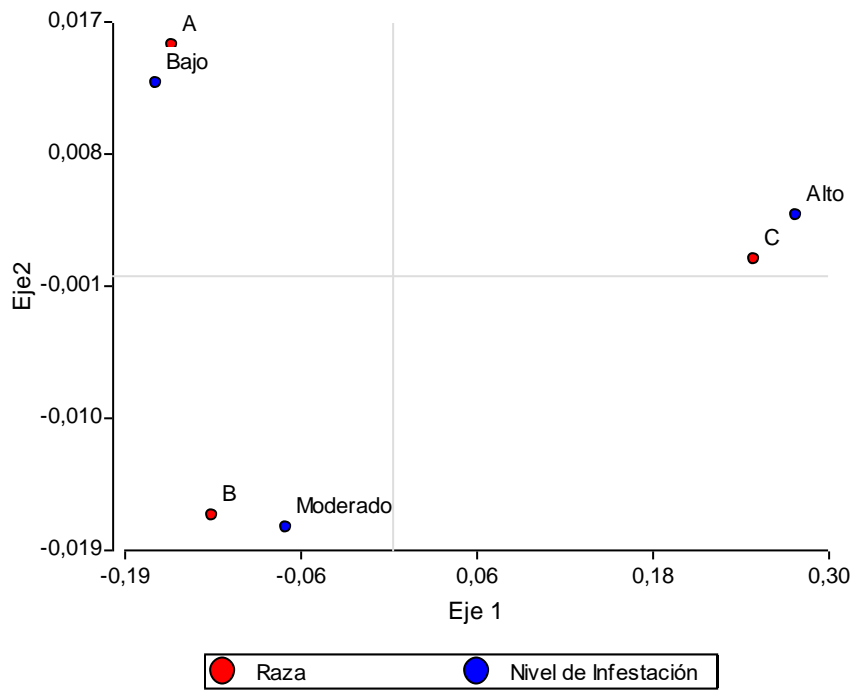


Figura 18 Análisis de Correspondencias Lineal Simple entre las razas y el nivel de infestación parasitaria.

Figura elaborada con Infestar

Análisis de Correspondencias Lineal Simple realizado con Minitab^R

Choose Stat > Multivariate > Simple Correspondence Analysis.

Choose Columns of a contingency table, and enter *CT1-CT3*. In Row names, enter RowNames. (A, B, C) In Column names, enter ColNames. (Bajo, Moderado, Alto)

Click Results and check Row profiles. Click OK.

Click Graphs. Check Show supplementary points in all plots. Check Symmetric plot showing rows only and columns. (A criterio del usuario)

Click OK in each dialog box

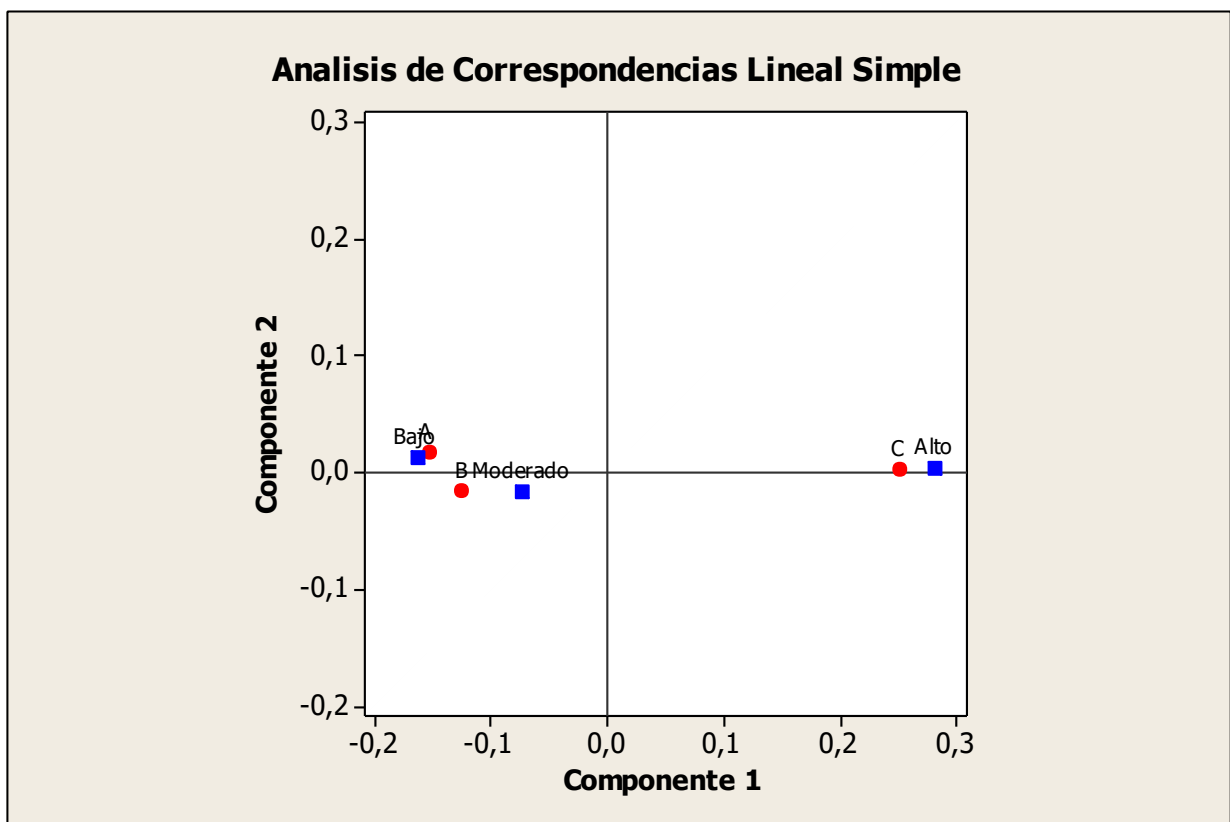


Figura 19 Análisis de Correspondencias Lineal Simple entre las razas y el nivel de infestación parasitaria.

Figura elaborada con Minitab^R

Salidas Análisis de Correspondencia Lineal Simple con Minitab^R

Simple Correspondence Analysis: C1. C2. C3

Contingency Table

	Bajo	Moderado	Alto	Total
A	215,000	184,000	120,000	519,000
B	209,000	194,000	128,000	531,000
C	162,000	177,000	237,000	576,000
Total	586,000	555,000	485,000	1626,000

Tabla 1

Row Profiles

	Bajo	Moderado	Alto	Mass
A	0,414	0,355	0,231	0,319
B	0,394	0,365	0,241	0,327
C	0,281	0,307	0,411	0,354
Mass	0,360	0,341	0,30	

Tabla 2

Valores de probabilidad incondicional

Column Profiles

	Bajo	Moderado	Alto	Mass
A	0,367	0,332	0,247	0,319
B	0,357	0,350	0,264	0,327
C	0,276	0,319	0,489	0,354
Mass	0,360	0,341	0,298	

Tabla 3

Chi-Square Distances

	Bajo	Moderado	Alto	Total
A	4,178	0,265	7,826	12,269
B	1,624	0,898	5,829	8,351
C	10,011	1,955	24,737	36,703
Total	15,814	3,117	38,392	57,323

Tabla 4

Descomposición Estadístico Prueba

Relative Inertias

	Bajo	Moderado	Alto	Total
A	0,073	0,005	0,137	0,214
B	0,028	0,016	0,102	0,146
C	0,175	0,034	0,432	0,640
Total	0,276	0,054	0,670	1,000

Analysis of Contingency Table

Axis	Inertia	Proportion	Cumulative	Histogram
1	0,0351	0,9953	0,9953	*****
2	0,0002	0,0047	1,0000	

Total 0,0353

Row Contributions

ID	Name	Qual	Mass	Inert	Component 1			Component 2		
					Coord	Corr	Contr	Coord	Corr	Contr
1	A	1,000	0,319	0,214	-0,153	0,990	0,213	0,016	0,010	0,468
2	B	1,000	0,327	0,146	-0,124	0,983	0,144	-0,016	0,017	0,530
3	C	1,000	0,354	0,640	0,252	1,000	0,643	0,001	0,000	0,002

Column Contributions

ID	Name	Qual	Mass	Inert	Component 1			Component 2		
					Coord	Corr	Contr	Coord	Corr	Contr
1	Bajo	1,000	0,360	0,276	-0,164	0,994	0,275	0,013	0,006	0,364
2	Moderado	1,000	0,341	0,054	-0,073	0,947	0,052	-0,017	0,053	0,607
3	Alto	1,000	0,298	0,670	0,281	1,000	0,673	0,004	0,000	0,029

Luego se verifica casilla por casilla cuales son las probabilidades condicionales con respecto valor de la probabilidad incondicional. Cuando el valor de la probabilidad condicional es superior al de la probabilidad incondicional, indica correspondencia entre los dos descriptores

En row profiles, tabla 2, observamos que el valor más elevado de la columna 1(Alto)se corresponde con la letra C ($0,411 > 0,2988$), Bajo con la letra A ($0,414 > 0,360$) y Moderado con la letra B ($0,365 > 0,341$), lo cual se refleja en la figura correspondiente. Las tablas identificadas bajo los números 1 y 2 las utilizamos para interpretar el grafico y en la tabla 4 podemos observar la descomposición del estadístico de prueba.

Bibliografía

Aguilar, R (2008).Gusanos parásitos de fauna silvestre :algunas formas de estudio. Elementos. Ciencia y Cultura ; 15 :55 – 61.

Aho , J ; Bush , A(1993).Community richness in parasites of some freshwater fishes from North America. In: Species diversity in ecological communities. Historical and geographical perspectives. (Edited by R. Riclefs and D.Schluter) , pags 185 – 193. The University of Chicago Press, Chicago, USA.

Anderson, R (1978). The regulation of host population growth by parasitic species. Parasitology ; 76 :119 – 157.

Anderson, R (1982). Parasite dispersión patterns : generative mechanisms and dynamic consequences . In Aspects of Parasitology (Edited by Meerovicht, E)pp 1- 140. Institute of Parasitology , McGill University , Montreal , Canada.

Anderson, R ; Gordon , D (1982). Processes influencing the distribution of parasite numbers within host population with special emphasis on parasite induced host mortalities. Parasitology ; 85:373 – 398.

Anderson, R ; May ,R (1982). Populations dynamics of human helminth infections: Control by chemotherapy . Nature , 297:557 – 563

Arroyo , J ; Iturrondobeitia ,J (2006).Differences in the diversity of oribatid mite communities in forest and agrosystems lands.european Journal of Soil Biology ; 42 : 259 – 269.

Ascombe , F .J (1949).The statistical analysis of insect counts base don the negative binomial distribution. Biometrics , 5:165 – 173.

Badii ,M ; Guillen , A ; Cerna , E , Landeros , J(2011).Dispersión espacial :El prerrequisito esencial para el muestreo. Daena : International Journal of Good Conscience. 61 (1):40 – 71.

Bain, O ; Durette , M.C ; De león , R (1974). Onchocercose au Guatemala : l'ingestión des microfilaires par *Simulion ochraceum* et leur passage dans l'hémocoel de ce vecteur. *Ann.Parastol.Hum. et Comp* ; 49 :467-487.

Balzarini, M ; Gonzalez ,L ; Tablada , M ; Casanoves , F ; Di Rienzo ,J ; Robledo , C (2008). *Infostat ,Manual del Usuario*. Editorial Brujas, Córdoba, Argentina

Barbault , R (1981). *Écologie des populations et des peuplements* , Massons , Paris.

Barjau , E (2012). *Estructura comunitaria y diversidad taxonómica de los peces en la Bahía de La Paz y la isla de San José, Golfo de California* . Tesis para obtener el grado de Doctor en Ciencias. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste , S.C , La Paz ,Baja California Sur , Mexico.

Barger, I (1985). The statistical distribution of trichostrogylid nematodes in grazing lambs. *International Journal for Parasitology* ; 15: 645 – 649.

Barreto, A; Ferreira , R ; Braga , J (1974). *Determinacao estatistica do número de amostras simples de solo por área para avaliacao de sua fertilidade* . *Rev. CERES* ,21 :142 – 147.

Baumgartner , S(2006). *Measuring the diversity of what ?And for what purpose ? A conceptual comparison of ecological and economic biodiversity indices*.
<https://ssrn.com/abstract=894782>

Bautista , Ch (2013). *Los parasitos y el estudio de su biodiversidad : un enfoque sobre los estimadores de riqueza de especies* .<http://digitalcommons.unl.edu/hidalgo/4>

Bautista, Ch; Monks , S ; Pulido , G ; Rodriguej , A (2015). *Revisión bibliográfica de algunos términos ecológicos usados en parasitología y su aplicación en estudios de caso. Estudios en biodiversidad* .2.<http://digitalcommons.unl.edu/biodiversidad/2>

Bliss, C (1953). *Fitting the negative binomial distribution to biological data*. *Biometrics* ; 9: 176 – 196.

Blondel, J (1979). *Biogéographie et écologie* .Masson , Paris

Blondel , J(2003). *Guilds or functional groups : Does it matter ?* *Oikos* ; 100 (2):223 – 231 <https://doi.org/10.1034/j.1600-0706.2003.12152.x>

- Bologna , E (2011). Estadística para psicología y educación .Editorial Brujas , Córdoba , Argentina.
- Boulinier, T ; Ives , A ; Danchin , E (1996).Measurin aggrgation of parasites at different host population levels. *Parasitology* ;112 : 581 – 587.
- Brower, J; Zar ,J (1977). Field and laboratory methods for general ecology .W.M.C Brown Company Publisher, U.S.A
- Bush, A. O., K. D. Lafferty, J. M. Lotz, y A. W. Shostak. (1997). Parasitology meets ecology on its own terms: Margolis et al revisited. *Journal of Parasitology* 83:575-583
- Buzas ,M ; Gibson, T (1969).Species diversity: Benthonic forminifera in Western North Atlantic ; 163 :72 - 75
- Buzas , M ; Hayek , L (1998) .SHE analysis for biofacies identification. *Journal of Foraminiferal Research*; 28 (3) :233 - 239
- Cabaret, J (1977).Analyse des données d´observation en parasitologie. II. Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, Rabat-Agdal ,Maroc.
- Cabaret, J (1981). Receptivitedes mollusques terrestres de la region de Rabat a l´infestation par les protostrongles dans les conditions experimentales et naturelles. These pour obtenir le grade de Docteur D´Etat , mention Sciences présentée a L´Universite Pierre et Marie Curie et au Museum National d´Histoire Naturelle , Paris.
- Cabaret, J (1982).L´appréciation de l´infestation des mollusques par les protostrongylidés : des paramètres utilisés et de leurs interrelations. *Ann.Parasitol.Hum.Comp* ; 57 : 367 - 374
- Cabaret, J ; Morales, G (1983). Strategie comparée des infestations naturelles par *Teladorsagia circumcincta* et *T.trifurcata* chez les ovins. *Parassitologia* ; 25 :171 – 177.
- Cagniant, H (1989). Essai d´applications de quelques indices et modèles de distributions d´abondances á trois peuplements des fourmis terricoles, *Orsis* ,4 :113 – 124.
- Castel, J (1980). Description des peuplements de copépodes méiobenthiques dans un système lagunaire du bassin D´Arcachon . Utilisation de modèles de distribution D´Abondance. *Cahiers de Biologie Marine* , Tome XXI :73 – 89.

Castillo, A ; Ojeda , M (1994). Principios de estadística no paramétrica. Edit. Universidad Veracruzana, México.

Castro, C (1990). Pruebas no paramétricas más utilizadas en experimentación agrícola. Trabajo de Ascenso a la categoría de Profesor Titular, Facultad de Agronomía , Universidad del Zulia , Maracaibo , Venezuela.

Chabaud, A (1982).Introduction sur les parasites. Deuxieme symposium sur la spécificité parasitaire des parasites de vertébrés .Série A , Zoologie , Tome 123 :11. Mémoires du Muséum National D´Histoire Naturelle. Paris

Crofton , H (1971). A model of host – parasite relationships. Parasitology ; 63:343 – 364.

Croll , N ; Anderson , R ; Gyorkos , T ; Ghadirian , E (1982).The population biology and control of *Ascaris lumbricoides* in a rural community in Iran. Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene; 2:187 – 199.

Daget , J ; Lecordier , C ; Levecque , C (1972).Notion de nomocenose : ses applications en écologie. Bull.Soc.Ecol ; 3(4) :448 – 462

Daniel, W (1980). Bioestadística. Base para el análisis de las ciencias de la salud. Editorial Limusa , México.

De Mas Castroverde , E (2007).Evaluación y predicción de la biodiversidad.Un modelo con arácnidos en el Parque Natural de Cadi-Moixeró. Memoria para optar al grado de Doctor en Ciencias Biologicas , Universidad de Barcelona , España.

De Souza ,A ; Mota , Th ; Piñeyro ,N; Fernandes ,M ; Fagundes ,F (2016).Distribución espacial de *Vatiga* spp (Hemiptera:Tingidae)en el cultivo de yuca. Acta Biologica Colombiana ; 21(1):195 - 200

Diaw O.T (1976).Trichostrongyloidea parasites des mammiferes néotropicaux. These de Docteur de 3eme cycle. Université Pierre et Marie Curie, Paris.

Di Rienzo , J ; Casanoves , F ; Gonzalez , L ; Tablada , E ; Díaz , M ; Robledo , C ; Balzarini , M (2009). Estadística para las ciencias agropecuarias .Septima Edición , Editorial Brujas , Argentina.

Di Rienzo , J ; Casanoves , F ; Balzarini,M ; Gonzalez , L ; Tablada , M ; Robledo , C . (2019). Infostat Versión 2019. Centro de Transferencia Infostat; FCA. Universidad Nacional de Cordoba , Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>

Dogiel , V.A (1964) . Citado por Aho y Bush (1993)

Doménech , J (1982). Bioestadística. Métodos estadísticos para investigadores.Editorial Herder , Barcelona , España.

Dueñas , L (2018). Patrones de diversidad , dominancia y distribución de arboles en los bosques del departamento de Madre de Dios, Perú. tesis para optar al grado de Doctor en Ciencias Biologicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos , Perú.

Ellison , A.M (2010).Partitioning diversity .Ecology ; 91:1962 – 1963.

Euzet , L ; Combes ,C (1980).Les problémes de l'éspece chez les animaux parasites. En :Bocquet ,Ch , Genermont , J ; Lamotte , M. Les problémes de l'éspece dans le regne animal .Tome 2.Memoire de la Societé Zoologique de France N°40, Paris ,pp 239- 285

Ezcurra, E (1990). ¿Por qué hay tantas especies raras? .La riqueza y rareza biológicas en las comunidades naturales .Ciencias ,4: 83 – 88.

Fager, E (1957). Determination and analysis of recurrent groups. Ecology ; 38 :586 – 595.

F.A.O (2003). Resistencia a los antiparasitarios: Estado actual con énfasis en America Latina. Dirección de Producción y Sanidad Animal ; N°157, Roma.

Fisher, R.A (1963). The negative binomial distribution. Annals of Eugenics ; 11 :182 – 187.

Fontenla, J.L (2018) Entre diversidades ecológicas. Poeyana; 507: 23-39 . <http://revistas.geotech.cu/index.php/poy>

Frontier, S (1981).Méthode statistique .Masson , Paris

Garnham, P(1982).Multiple infections of parasites. . Deuxième symposium sur la spécificité parasitaire des parasites de vertébrés .Série A ,Zoologie , Tome 123 :39 - 46. Mémoires du Muséum National D'Histoire Naturelle. Paris

- Grabchak et al (2017). Citado por Fontenla (2018)
- Gracia, H (2014). Aportaciones sobre las distribuciones del bastón roto y de Pielou. Tesis de Doctorado .Universidad de Salamanca, España
- Génermont , J(1979).Les mécanismes de l'évolution. Dunod Université, Paris.
- Godman ,A ; Payne ,E (1979). Logman. Dictionary of scientific usage. Logmang Group Ltd, Harlow and London.
- Grafen, A; Woolhouse ,M (1993). Does the binomial distribution add up ?. Parasitology Today ; 9 :475 – 477.
- Greene, J; D'Oliveira , M (1984). Pruebas estadísticas para psicología y ciencias sociales. Editorial Norma, Colombia
- Haber, A; Runyon, R (1973). Estadística General. Fondo Educativo Interamericano S. A, México.
- Halter , G ; Escurra ,E (1992) citado por Gracia (2014)
- Hammer, O; Harper, D ; Ryan , P (2001).PAST : Paleontological statistics software package for education and data analysis. Paleontologia Electronica http://paleo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm
- Hammer ,O (1999-2012).PAST. Paleontological Statistics. Version 2.17.Reference manual. <http://folk.uio.no/ohammer/past>
- Hardle , W ; Simar , L (2003).Applied multivariate statistical analysis (e-book).
- Heip , C ; Herman , P ; Soetaert , K (1998). Indices of diversity and evenness .Oceanics ; 4 : 61 – 87.
- Hernandez , F ; Navarro , C ; Peña , R Nájera , A (2017).Patrón de distribución espacial de las especies arbóreas de la región de El Salto, Durango.Revista Mexicana de Ciencias Forestales; 9 (47). <https://doi.org/10.29298/rmcf.v9i47>
- Hutchinson (1957; citado por Barbault ,1981)
- Ibáñez, J; García , A (2002).Diversidad : Biodiversidad edáfica y Geodiversidad. Edafología; 9(3): 329 – 385

Iglesias, L (2002). Impacto ambiental de efecto prolongado. Reunión de especialistas en parasitología veterinaria de Argentina, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay .11° Encuentro de veterinarios endoparasitólogos rioplatenses, Tandil, Argentina.

INFOSTAT (ver Di Rienzo et al (2019) y Balzarini et al (2008)

Jost , L (2006). Entropy and diversity. *Oikos* ; 113 :363 – 375

Jost ,L ; González , J (2012). Midiendo la diversidad biológica : más allá del índice de Shannon. *Acta Zoológica Lilloana* ; 56(1-2):3 – 14.

Koch ,E ; Castaño , G ; Delabie , J (2019). El cocepto de gremio:Del feudalismo a la ecología de comunidades. *Acta Biologica Colombiana* ; 24(2) Bogotá May/Aug 2019 <https://doi.org/10.15446/abc.v24n2.74726>

Krebs, C (1972). *Ecology :the experimental analysis of distribution and abundance* . Harper and Ron Publishers . New York, U.S.A

Kreb , C (1999). *Ecological methodology* .Benjamin/Cummings ,Menlo Park , U.S.A

Krebs, C (1980), citado por Moreno (2001)
King ,S (1964), Relative abundance of species and Mac Arthur´s model . *Ecology* ; 45 :716 – 727.

Laguna ,E ; Ferrer, P (2015). Propuestas de aplicación de los índices de diversidad para usos taxonómicos , fitosociológicos y listas rojas de flora amenazada.*Flora Montiberica* ; 60:18 -31.

Lair , N ; Amanieu , M ; Lam ,T ; Lasserre ; G (1985). Applications des modèles de distribution d´abondances aux communautés zooplanctoniques .II.Structure du peuplement d´un lac subantarctique. *Vie et Milieu* ; 35(2) :69 - 78

Landeros , J ; Cerna , E ; Badii ,M ; Varela , S ; Flores , A (2004). Patrón de distribución espacial y fluctuación poblacional de *Eutetranychus banksi* (McGregor) (Acary:Tetranychidae) y su depredador *Euseius mesembrinus* (Dean)(Acari:Phytoseiidae) en una huerta de naranjos. *Acta Zoológica Mexicana* ;20(3):147 – 155.

Legendre, L ; Legendre, P (1979). *Écologie numérique. 1. Le traitement multiple des données écologiques*. Masson, Paris.

Lellouch , J ; Lazar , P (1974). *Méthodes statistiques en expérimentation biologique*. Flammarion Médecine Sciences , Paris.

Lopez , M ; Moreno ,C ; Zuria , I ; Sanchez , G ; Rojas , A (2017). Comparación de dos métodos para analizar la proporción de riqueza de especies entre comunidades : Un ejemplo con murciélagos de selvas y hábitats modificados. *Revista Mexicana de Biodiversidad* ; 88: 183 – 181 <http://dx.doi.org/10.1016/j.rmb.2017.01.008>

Lyons , K (1978). *The biology of helminth parasites*. Edwards Arnold , Londres.

MacArthur, R.H (1965). Patterns of species diversity. *Biological Reviews*,40:510 – 533

Magurran , A (1988), citado por Moreno (2001)

Magurran , A (2004). *Measuring biological diversity* .Blackwell Publishing Company , U.K

Magurran , A (2005). Species abundances distributions: patterns or process. *Functional Ecology* ;19:177-181

Málaga, H (1990). *Epidemiologia Veterinaria* .Ediluz, Maracaibo, Venezuela.

Mandonnet , N (1995). *Analyse de la variabilité génétique de la résistance aux strongles gastrointestinaux chez les petits ruminants. Eléments pour la définition d'objectifs et de critères de sélection en milieu tempéré ou tropical*. Thèse Docteur en Sciences. Université de Paris XI.

Margalef, R (1958). Information theory in ecology. *Gen. Syst*; 3:36- 71

Margolis, L Esch, G ; Holmes , J ; Kuris , A ; Schad , G (1982). The use of ecological terms in parasitology .*J. Parasitol* ; 68:131 – 133.

Martella ,M ; Trumper , E ; Bellis ,L ; Reninson , D; Giordano , P ;Bazzano , G ; Gleiser , G (2012a). *Manual de ecología de poblaciones: Introducción a las técnicas para el estudio de las poblaciones silvestres*. Reduca (Biología). Serie Ecología ; 5(1):1-31.

Martella , M ; Trumper , E ; Bellis , L ; Renison , D ; Giordano , P ; Bazzano ,G ; Gleiser , R (2012). Manual de Ecología. Evaluación de la biodiversidad. Reduca (Biología). Serie Ecología; 5(1):71 – 115.

Mayr ,E (1981). La biologie de l ´évolution. Hermann , Paris

Maxwell, A (1966). Análisis estadístico de datos cualitativos. UTEHA, México.

McVinish ; Lester , R.J (2020). Measuring aggregation in parasite population .J.R.Soc.Interface 17:20190886 <http://dx.doi.org/10.1098/rsif.2019.0886>

Minaya , D ; Alvariño , L ; Urbano , R ; Iannaccone , J (2021).Community structure of metazoan parasites in the Splittal bas Hemanthias peruanus (Serranidae)from northern Peru. Journal MVZ Cordoba .26 (3):e 2125 <https://doi.org/10.21897/rmvz.2125>

Minitab INC (2010).Data analysis and quality tools , release 16.1.1 for Windows Adobe Systems Incorporated. State College. Pennsylvania, USA.

Moreno, C (2001). Métodos para medir la biodiversidad. M & T- Manuales y Tesis S.E.A. Volumen 1, Zaragoza, España.

Moreno, C; Barragán, F; Pineda, E; Pavón, N (2011). Reanálisis de la diversidad alfa: alternativas para interpretar y comparar información sobre comunidades ecológicas .Revista Mexicana de Biodiversidad; 82:1249 – 1261.

Moreno , V ; Jimenez , A ; Hernandez ,F ; Flores , C ; Perez , M (2017). Distribución de termiteros de Nasutitermes spp(Insecta:Isoptera) en una selva baja inundable de Tintal (Haematoxylum campechianum L) en Tabasco , Mexico. Revista Nicaraguense de Entomología , 121 :1 – 14.

Morales , G (1983).Caractérisation morphologique , biologique et epidemiologique de Teladorsagia trifurcata et T.circumcincta. These Doctorat . Université Pierre et Marie Curie (Paris VI) , Paris , Francia.

Morales , G (1989). Ecoepidemiología y sinecología de los helmintos parásitos de ovinos y caprinos de zonas áridas del estado Lara (Venezuela), Rev.Fac.Cienc.Vet ; 36(1/4) :9 – 52.

Morales, G ; Pino, L.A ; Perdomo, L (1985). Comparación de la infestación natural por helmintos en ovinos y caprinos de zonas áridas de Venezuela. Rev.Fac.Ciencs.Vet, UCV ; 32: 63 – 76.

Morales, G ; Pino , L.A ; Aldana ,E ; Perdomo , L ; Molina , E (1986).Caracterización micro ecológica de nematodos parásitos presentes en caprinos de zonas áridas de Venezuela. Mem. Inst. Oswaldo Cruz; 81:199 – 205.

Morales, G; Pino, L.A (1987).Parasitología Cuantitativa. Fondo Editorial Acta Científica Venezolana, Caracas, Venezuela.

Morales, G ; Pino ,L.A ; Pereira , R (1988).Distribución estadística y disposición espacial de *Mecistocirrus digitatus* (Nematoda:Trichostrongylidae) en bovinos infestados en condiciones naturales.Parasitol. al día ; 12 :68 – 71.

Morales ,G ; Pino , L.A ; Rodriguez , L (1989).El coprodiagnóstico de trematodos de rumiantes mediante la técnica de Happich-Boray modificada.Parasitol. al Día, 13:37-43.

Morales, G; Pino, L. A (1995).Parasitometría. Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela.

Morales, G; Pino, L.A; Sandoval, E; Moreno, L (1998). Importancia de los animales acumuladores de parásitos (Wormy Animals) en rebaños de ovinos y caprinos naturalmente infectados. Analecta Veterinaria; 18(1/2):1-6.

Morales, G; Pino, L.A (2003).Relación entre la carga parasitaria de nematodos gastrointestinales y la riqueza específica de la infra comunidad parasitaria en ovinos infectados en condiciones naturales. Veterinaria Argentina; 20(192):19 – 26.

Morales, G ; Sandoval , E ; Pino , L.A ; Balestrini , C ; Garcia , F (2007). El control de la infestación por estróngilos digestivos en rumiantes domésticos bajo principios de la "Agricultura de Precisión".REDVET8 (8). [Internet].Disponible en: <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/nº080807/080716.pdf>

Morales, G ; Sandoval , E ; Pino ,L.A ; Rondón , Z (2008). Evaluación de dos criterios de utilidad en un programa de control de la infección por nematodos gastrointestinales

en ovinos mediante tratamiento antihelmíntico selectivo. *Zootecnia Trop* ; 26 (2):141 – 150.

Morales, G; Pino, L.A (2009).Estadística no paramétrica aplicada a las ciencias de la salud. Universidad Católica Andrés Bello, Caracas, Venezuela.

Morales, G ; Pino , L.A (2009)Nematodos parásitos de los rumiantes domésticos en Venezuela. Diagnóstico y control. Dot Print , Caracas.

Morales , G ; Guillen , A ,Pinho , A ; Pino , L. ;Barrios , F (2010). Clasificación por el método Famacha y su relación con el valor hematocrito y recuento de h.p.g de ovinos criados en condiciones de pastoreo *Zootecnia Trop* ; 28 (4):545 : 555.

Morales, G; Pino, L.A; Sandoval, E; Jiménez, D ; Morales ,J (2012). Relación entre la condición corporal y el nivel de infestación parasitaria en bovinos a pastoreo como criterio para el tratamiento antihelmíntico selectivo. *Rev. Inv. Vet . Perú* ;23(1):80 – 89.

Morril , A ; Dargent , F ; Forbes ,M (2017). Explaining parasite aggregation : more than one parasite species at a time. *International Journal For Parasitology* . <http://dx.doi.org/10.1016/j.ijpara.2016.11.005>

Nolberto , V ; Ponce , M (2008).Estadística inferencial aplicada. Unidad de Postgrado de la Facultad de Educación de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos , Lima.

Núñez , C (2018).Análisis de varianza no paramétrica :un punto de vista a favor para utilizarla. *Acta Agrícola y Pecuaria*; 4(3):69 – 79 <https://doi.org/10.30973/aap/2018.4.3/1>

Odum, E.P (1959). *Fundamentals of ecology* (2nd Ed.).W.B Saunders Company, Philadelphia, U.S.A.

Odum, E.P (1972).*Ecología*.(Tercera Edición). Nueva Editorial Interamericana, México.

Oliver, G (1982) Quelques aspects de la spécificité parasitaire chez les Diplectanidae Bichowsky, 1957 (Monogena , Monopisthocotylea).*Memoires du Museum National d'Histoire Naturelle de Paris , Série A.Zoologie*,123 :295-301.

Pedigo ,L ; Rice , M (2006). *Entomology and pest management*.Prentice Hall , New Jersey , U.S.A.

Perez , H (2008).Estadística para las ciencias sociales, del comportamiento y de la salud. 3ª.edición. Cengage Learning Editores S. A , Mexico.

Petit , G(1985).Ingestión des hematozoaires par le vecteur.Analyse de quatre filaires parasites d'un saimiri. Ann.Parasitol.Hum.Comp ; 60 : 247-297

Pouulin ,R (2007). Are there general law in parasite ecology ?. Parasitology ; 134 : 763 – 776.

Pino, L.A; Morales, G ; Aldana , E ; Perdomo , L ; Molina , E (1986).Caracterización microecológica de los nematodos parásitos de ovinos de zonas áridas de Venezuela.(Un nuevo criterio para el control).Rev .Ibér.Parasitol.; 46 (4): 395 - 401

Pinkas , L ; Oliphant , S ; Iverson , I (1971).Food habits of albacore , Bluefin tuna , and bonito in California Waters.Calif.Dept.Fish & Game. Fish Bull; 152 :105.

Pla ,L (2006). Biodiversidad : Inferencia basada en el indice de Shannon y la riqueza .INCI ; , 31(8):583 – 590.

Poole , R (1974).An introduction to quantitative ecology. Mc Graw Hill Inc. U.S.A

Preston, F.W (1948).The commonness and rarity of species.Ecology; 29:254 – 283.

Quispe ,A ; Calla , K ; Yangali ,J ; Rodriguez , J ; Pumacayo ,I (2019).Estadística no paramétrica aplicada a la investigación científica. Con software SPSS , MINITAB y EXCELL. Enfoque práctico.Colección : Resultado de Investigación. Eidec Editorial ,Colombia.

Rabinovich, J (1980).Introducción a la ecología de poblaciones animales. Consejo Nacional Para La Enseñanza De La Biología A.C, Mexico.

Rodriguez , J ; Lopez , I ; Galván , F ; Sánchez , F ;Gutiérrez , F; Inohuye , R ; Pérez , J(2011).Seasonal changes in a fish assemblage associated with mangroves in a coastal lagoon of Baja California Sur , Mexico. Lat.Am. J.Aquat.Res ; 39 (2): en prensa.

Root, R.B (1967). The niche exploitation pattern of the blue-gray Gnatcatcher. Ecol. Monogr ; 37 :317 – 350 <https://doi.org/10.2307/1942327>

Rojas, B (1964). La binomial negativa y la intensidad de plagas en el suelo. Fitotecnia Latinoamericana; 1:27 – 37.

- Siegel , S(1982). Estadística no paramétrica. Editorial Trillas, México.
- Siegel , S ; Castellán ,N (1995). Estadística no paramétrica. Editorial Trillas, México.
- Silva , A ; Mota , T ; Piñeyro , N ; Fernandez , M ; Pereira , F (2016). Distribución espacial de *Vatiga* spp (Hemiptera:Tingidae) en el cultivo de yuca . *Acta Biol. Colomb.* ; 21(1):195 – 200.
- Southwood, T (1975). *Ecological methods*. Chapman and Hall, Londres.
- Sulbaran, M (1993).Estudio de la comunidad de peces en el saco de la isla de Coche, Venezuela. Trabajo de grado para optar al título de Licenciado en Biología de la Universidad de Oriente, Cumana, Venezuela.
- Sundlof , S.F (1989). Drug and chemical residues in ,Livestock . *Veterinary Clinical North America, Food Animal Practice*; 5:411 – 449.
- Thomas, R (1982).The ecological basis of parasite control: nematodes. *Veterinary Parasitology*, 11:9 – 24.
- UNEP (1992). *Convention on biological diversity*. United Nations Environmental Program , Environmental Law and Institutions Program Activity Centre , Nairobi.
- Uribe, J ; Orrego , O (2001).Modelos de distribución de abundancias en comunidades de briofitos. *Caldasia* ,23(1):261 – 267.
- Vivas , L ; Notz ,A (2011). Distribución espacial en poblaciones de *Oebalus insularis* Stal (Hemiptera: Pentastomidae) en el cultivo de arroz en Calabozo . estado Guárico , Venezuela. *Revista Científica UDO Agrícola* , 11(1) : 109 – 125.
- Wiedenhofer, S (1993). *Pruebas no paramétricas para las ciencias agropecuarias. Muestras pequeñas*. Editorial Talleres Gráficos del FONAIAP, Maracay, Venezuela.
- Whittaker, R (1972).Evolution and measurement of species diversity.*Taxon* , 21:213 - 251
- Williams, C (1944). Some applications of the logarithmic series and the index of diversity to ecological problems. *J. of Ecology* , 32 :1 – 44.

