

030 43
Z.ej.
N

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

U.A.C.P. Y P. DEL C.C.H.

I.I.M.A.S.

ANÁLISIS DE LA VARIACION INTRAESPECIFICA
DE CHIASHALGES SP. NOV. (ACARI)
Y DE LOS CARACTERES MORFOLÓGICOS ASOCIADOS A ÉSTA

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL DIPLOMA DE

ESPECIALIZACION EN ESTADISTICA APLICADA

PRESENTA

LUZ DEL CARMEN CALDERÓN ARAGÓN

MARZO 1986

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

INDICE

	Pags.
Indice de Figuras	ii
Indice de Tablas	v
RESUMEN	1
1. INTRODUCCION	3
2. ANTECEDENTES	5
3. METODOLOGIA	8
3.1. Análisis de Componentes Principales.....	15
3.2. Análisis de Conglomerados	18
4. ANALISIS ESTADISTICO	21
4.1. Análisis de la Variación.....	21
4.1.1. Análisis de Componentes Principales.....	24
4.1.2. Análisis de Conglomerados	39
4.2. Análisis de los Caracteres	42
5. RESULTADOS Y DISCUSION.....	46
6. BIBLIGRAFIA CITADA.....	48
7. APENDICE	50

INDICE DE FIGURAS

	Págs.
Figura 1. Distribución geográfica de <u>Aratinga canicularis</u> (L.).....	9
Figura 2. Vista dorsal del idiosoma del macho de <u>Chiasmalgés</u> sp.nov.	10
Figura 3. Vista ventral del macho de <u>Chiasmalgés</u> sp.nov.	11
Figura 4. Vista dorsal del idiosoma de la hembra de <u>Chiasmalgés</u> sp. nov.	13
Figura 5. Diagrama de la estrategia seguida en el análisis de los caracteres y de la variabilidad intraespecífica de <u>Chiasmalgés</u> ..	14
Figura 6. Gráfica de la VAR5 (Distancia del margen posterior de la placa propodosomal a las sedas SCE) contra VAR10 (Distancia entre las sedas D1). Machos.....	25
Figura 7. Gráfica de la VAR8 (Longitud de las sedas L3) contra la VAR4 (Distancia del margen anterior de la placa propodosomal a las sedas SCE). Machos.....	26
Figura 8. Análisis de componentes Principales. Proyección de los 16 caracteres medidos en los machos de <u>Chiasmalgés</u> , Y_1 contra Y_2 .	30

	Págs.
Figura 9. Análisis de Componentes Principales. Proyección de los 16 caracteres medidos en los machos de <u>Chiasmalgés</u> , Y_1 contra Y_3 .	31
Figura 10. Gráfica de la dispersión de 91 individuos machos de <u>Chiasmalgés</u> sobre los componentes principales, Y_1 (F_1) contra Y_2 (F_2)	32
Figura 11. Gráfica de la dispersión de 91 individuos machos de <u>Chiasmalgés</u> sobre los componentes principales, Y_1 (F_1) contra Y_3 (F_3)	33
Figura 12. Análisis de Componentes Principales. Proyección de los 9 caracteres medidos en las hembras de <u>Chiasmalgés</u> , Y_1 contra Y_2	
Figura 13. Análisis de Componentes Principales. Proyección de 9 caracteres medidos en las hembras de <u>Chiasmalgés</u> , Y_1 contra Y_3	36
Figura 14. Gráfica de la dispersión de 99 individuos hembras de <u>Chiasmalgés</u> , sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_2 (F_2)	37
Figura 15. Gráfica de la dispersión de 99 individuos hembras de <u>Chiasmalgés</u> , sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_3 (F_3)	38

	Págs.
Figura 16. Fenograma de los 91 OTUs (individuos) machos de <u>Chiasmalgés</u> , obtenido por el método de ligamiento completo	40
Figura 17. Fenograma de los 99 OTUs (individuos) hembras de <u>Chiasmalgés</u> , obtenido con el método de ligamiento completo.....	41
Figura 18. Fenograma de los 16 caracteres medidos en los machos de <u>Chiasmalgés</u> , obtenido con el método de ligamiento completo....	44
Figura 19. Fenograma de los 9 caracteres medidos en las hembras de <u>Chiasmalgés</u> , obtenido con el método de ligamiento completo.....	45

INDICE DE TABLAS

		Págs.
Tabla 1.	Matriz de correlación simplificada (machos).....	22
Tabla 2.	Matriz de correlación simplificada (hembras)	23
Tabla 3.	Eigenvalores y porcentaje de varianza explicada por los tres primeros componentes principales. Machos.....	27
Tabla 4.	Eigenvalores y porcentaje de varianza explicada por los tres primeros componentes principales. Hembras.....	27
Tabla 5.	Coefficientes de los 3 primeros componentes principales. Machos.....	28
Tabla 6.	Coefficientes de los 3 primeros componentes principales. Hembras.....	34

RESUMEN

El presente trabajo tiene como objetivo el análisis preliminar de la variación instraespecífica detectada en una especie del género Chiasmalgas sp.nov., un ácaro plumícola que vive alrededor del cañón de las plumas de todo el cuerpo del perico Aratinga canicularis (L.); además se pretende analizar las relaciones entre los caracteres morfológicos medidos tanto en los machos (16 caracteres), como en las hembras (9 caracteres).

La variación detectada en Chiasmalgas no ha sido reportada para ningún ácaro plumícola, por lo que las preguntas de interés son las siguientes:

i) Si se tiene una sola población de Chiasmalgas ó existe evidencia para suponer la presencia de subpoblaciones.

ii) Si los caracteres morfológicos empleados en el estudio son adecuados ó sería posible reducir su número.

Para contestar las preguntas anteriormente planteadas se llevó a cabo un análisis de componentes principales, con objeto de finalmente hacer un análisis de coordenadas principales empleando los primeros tres componentes. Por otro lado y con el mismo propósito se realizó un análisis de conglomerados, usando como medida de distancia entre los individuos la distancia Euclidiana y usando los métodos de ligamiento simple, completo y promedio.

Los resultados indican que ninguno de los dos métodos de análisis proporcionan evidencia de la existencia de subpoblaciones dentro de la especie de Chiasmalgas, por lo que se concluye que se trata de una sola especie con un amplio grado de variación, tanto en el caso de los machos, como en el de las hembras.

Las relaciones entre los caracteres fueron analizadas mediante un análisis de conglomerados, empleando el coeficiente de correlación como medida de similitud y los métodos para obtener el fenograma citados anteriormente.

En los caracteres estudiados se observó que hay algunos como es el caso del ancho de la placa propodosomal y la distancia entre las sedas SCe, que miden prácticamente la misma característica, en ambos sexos, por lo que no es necesario emplear las dos. Se recomienda conservar otros caracteres, sobre todo, el ancho y largo de ambas placas, en ambos sexos. En los machos, la longitud de la pata III y de

su tarso y en las hembras, la distancia entre las sedas D1, que son invariantes con respecto a las modificaciones en tamaño de la placa histerosomal.

1. INTRODUCCION

Una parte muy importante del trabajo de un biólogo es la descripción de la diversidad de los organismos encontrados en la naturaleza y la ordenación de esta diversidad en un sistema que refleje la información acerca de las relaciones entre los individuos que el investigador supone relevante. Sin embargo, en innumerables ocasiones es difícil tener un panorama general de dichas relaciones ya que los organismos presentan muchas características que el investigador no es capaz de evaluar simultáneamente, aunque se trate de los caracteres morfológicos usuales.

Por esta razón son cada vez más empleadas las técnicas estadísticas multivariadas, que permiten la cuantificación de las observaciones tanto para propósitos de análisis como de comunicación a otras personas interesadas. Lo anterior, aunado a la disponibilidad de computadoras y paquetes estadísticos ha resultado en un aumento exponencial, en años recientes, de la aplicación de análisis multivariados en sistemática y otras áreas de la biología (Neff y Marcus, 1980).

Los métodos multivariados nos permiten analizar - una gran cantidad de datos obtenidos a partir de la observación de los individuos desde varios puntos de vista, entre los que podríamos mencionar reducción de dimensión, búsqueda de estructura ó discriminación entre poblaciones. Estos análisis se basan, en el caso de la taxonomía y la sistemática, frecuentemente en caracteres fenotípicos y por esta razón se les denominan análisis morfométricos (Blackith y Reyment, 1971).

El problema aquí presentado es en cierto modo típico en los estudios taxonómicos, ya que después de haber trabajado un cierto grupo, con base en sus caracteres morfométricos, surgen dos preguntas importantes:

i) Si los caracteres morfológicos empleados en el estudio son los adecuados ó si sería posible reducir el número de éstos.

ii) Si se tiene una sola población como se supuso al iniciar el estudio ó si hay evidencia para suponer que se trata de más de una población.

El presente trabajo tiene como objetivo el análisis preliminar de los datos obtenidos en un estudio taxonómico del género Chiasmalgus, el cual es un ácaro que vive al rededor del cañón de las plumas del perico Aratinga canícula

ris (L.), para tratar de responder las preguntas anteriormente planteadas.

2. ANTECEDENTES

Los organismos estudiados pertenecen al género -- Chiasmalgés, forman parte de un diverso grupo de ácaros del Orden Astigmata y son comúnmente conocidos como ácaros plumfcolas. Son simbioses obligatorios de las aves y viven sobre ó dentro de las plumas. Chiasmalgés se encuentra durante su ciclo de vida, que consta de huevo, prelarva, larva, protoninfa, tritoninfa y adulto, en la parte externa del cañón de todas las plumas del cuerpo del ave. Existen diversas especies de este género, todas ellas restringidas a Psittacidae neotropicales (pericos, loros y guacamayas).

Pérez y Atyeo (1984) estudiaron los ácaros plumfcolas encontrados sobre el perico Aratinga canicularis encontrando 16 especies de ácaros, de las cuales 15 fueron identificadas satisfactoriamente. Sólo la identificación de la especie perteneciente al género Chiasmalgés fué dudosa ya que no fue posible precisar si era una sola especie ó un complejo de ellas, debido a la gran variación observada en estos organismos.

Es conocido entre los taxónomos del grupo (Alavez, 1984), que la variación encontrada de cualquier estructura de los ácaros plumfcolas es en general de aproximadamente -- 2%; los ejemplares de Chiasmalgés mostraban una gran variación en tamaño de varios de los caracteres empleados en el trabajo taxonómico y es interesante analizarla ya que las causas podrían ser de varios tipos:

1° Se trata de dos ó más especies hermanas (crípticas), cada una con una variación pequeña, sin sobreposición de sus rangos de variación.

2° Se trata de dos ó más especies hermanas (crípticas), son sobreposición de sus rangos de variación.

3° Se trata de una sola especie con una gran variación. (Alavez, 1984).

La aplicación de métodos multivariados a la taxonomía se ha llevado a cabo desde hace al menos 30 años. La publicación del libro de Sneath y Sokal, Principios de Taxonomía Numérica en 1963, inició el gran auge de este tipo de análisis, aunado a la cada vez mayor disponibilidad de computadoras y programas adecuados a este tema. Sneath y Sokal (1973) proporcionan una lista de publicaciones en el campo

de la sistemática realizadas con este enfoque.

Cuando se trabaja en taxonomía, un objetivo primordial es cuantificar de algún modo la semejanza (ó la diferencia) entre los diversos organismos ó taxa bajo estudio; esto permitirá no solamente evaluar los caracteres empleados sino en determinado momento, separar poblaciones. Los métodos más usados con este fin han sido el análisis de componentes principales y el análisis de conglomerados.

Boyce (1969) comparó tres métodos de análisis de conglomerados, 5 coeficientes de similaridad y el análisis de componentes principales con objeto de estudiar la diversidad en 4 grupos de homínidos, tomando en cuenta diferentes estados morfométricos, es decir, machos, hembras, juveniles y algunos grupos fósiles. Concluye que los diagramas producidos por el análisis de componentes principales reproducen los valores de similitud originales con mayor fidelidad y proporcionan mayor información de las relaciones individuales que los fenogramas, que considera son una guía más pobre para entender las relaciones entre los miembros de un grupo y los de cualquier otro.

Sneath (1969) admite que una de las deficiencias más importantes del análisis de conglomerados es la falta de pruebas rigurosas para decidir la presencia de conglomerados y para probar la significancia de los subconjuntos encontrados. Se han sugerido numerosos métodos para subsanar este problema, pero hasta la fecha no hay consenso en como resolverlo (Moss, 1968).

Debido a estos problemas, es una práctica común entre los taxónomos emplear una combinación de componentes principales y análisis de conglomerados en sus estudios.

Con objeto de analizar la similitud y la estructura de los caracteres de la familia Syringophilidae (Acari), Johnston y Kethley (1973) llevaron a cabo un análisis de componentes principales sobre 43 especies (OTUs) y 83 caracteres, empleando hembras adultas. Este análisis no fue satisfactorio ya que la matriz de correlación presentaba muchos valores cercanos a cero. Para analizar la similitud entre las especies se empleó un análisis de conglomerados y encontraron que la interpretación de los fenogramas, aunque difícil, permitía revisar la taxonomía del grupo.

Moss y Wojcik (1978) revisaron la taxonomía de la Familia Harpyrhynchidae (Acari: Cheyletoidea), que son ectoparásitos de aves. El enfoque fue el usual, emplear técnicas R y Q combinadas para procesar los datos. La variación

observada era alta y por medio de un análisis de componentes principales se pudieron distinguir grupos discretos dentro de la familia, aunque éstos no son los mismos que los propuestos por el trabajo biológico.

El género *Dermanyssus* (Acari; Metastigmata) también fue analizado por Moss (1978), con objeto de generar una clave para la identificación de las especies presentes. Al igual que en el trabajo anterior se realizaron combinaciones de técnicas R y Q, con proyecciones en un espacio tridimensional generado por medio de un análisis de componentes principales, lo cual permitió estudiar las relaciones entre las especies. A partir de estos diagramas de ordenación y de un análisis de conglomerados se propone la clave para la identificación de las especies ya descritas y se describe una nueva especie.

Moss, Peterson y Atyeo (1977) estudiaron las relaciones fenéticas en la Familia Eustathiidae (Acari). Empleando una estrategia similar a las antes mencionadas, los autores proponen modificaciones a la clasificación de la familia, basadas en el análisis de componentes principales, escalamiento multidimensional y análisis de conglomerados.

En general puede verse que los métodos multivariados: análisis de componentes principales y análisis de conglomerados, han contribuido en forma importante a tratar de entender las relaciones entre los individuos ó los taxa, así como la estructura de los caracteres empleados en estos estudios.

3. METODOLOGIA

La muestra está compuesta de 99 ácaros hembras y 91 machos obtenidos en el rango completo de la distribución geográfica de la especie huésped *Aratinga canicularis* (Fig. 1), que es un perico de 24 cm. de longitud y de color verde con una distintiva banda frontal anaranjada. Esta ave habita selvas bajas caducifolias y matorrales espinosos desde Sinaloa hasta el sur de Costa Rica; es un perico muy abundante, frecuentemente nómada aunque no migratorio y de costumbres sociales, formando bandadas de más de 100 individuos, por lo que su captura es relativamente fácil.

Algunos ejemplares fueron colectados en el campo, en Sinaloa y Nayarit; el resto de los ácaros se obtuvo de pieles depositadas en el Museo de Historia Natural en Nueva York y en el Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias, UNAM.

Lo anterior obviamente no puede considerarse un esquema de muestreo, en realidad se emplean para el estudio los ejemplares disponibles ya sea por medio de captura o de revisión de las pieles; esto da como resultado que algunas zonas de la distribución del perico están ampliamente representadas mientras que otras no se contemplan (ver apéndice) y por tanto sería aventurado pensar en realizar una inferencia formal. Es por eso que el estudio es fundamentalmente exploratorio y en ningún momento se llevan a cabo pruebas de hipótesis. Aunque esto podría verse como una limitación de este trabajo, esta situación es común en trabajos de campo en las ciencias biológicas y el investigador debe aprender a sacar el mayor provecho que pueda de datos obtenidos, a veces de manera penosa y en períodos extensos, para lograr descripciones e hipótesis que le permitan en un futuro planear el muestreo adecuado a sus intereses.

Los caracteres seleccionados fueron 16 en los machos y 9 en las hembras. Se escogieron aquellos que según criterio de los taxónomos presentaban gran variación y que además eran considerados importantes en la determinación de la especie. No fueron incluidos los caracteres que sufrían alguna modificación como resultado de la preparación de los ejemplares (Alavez, 1984).

Los caracteres seleccionados en los machos fueron los siguientes (Figs. 2 y 3):

1. Ancho de la placa propodosomal
2. Largo de la placa propodosomal



Fig. 1. Distribución geográfica de Aratinga canicularis (L.)
Tomado de Alavez (1984)

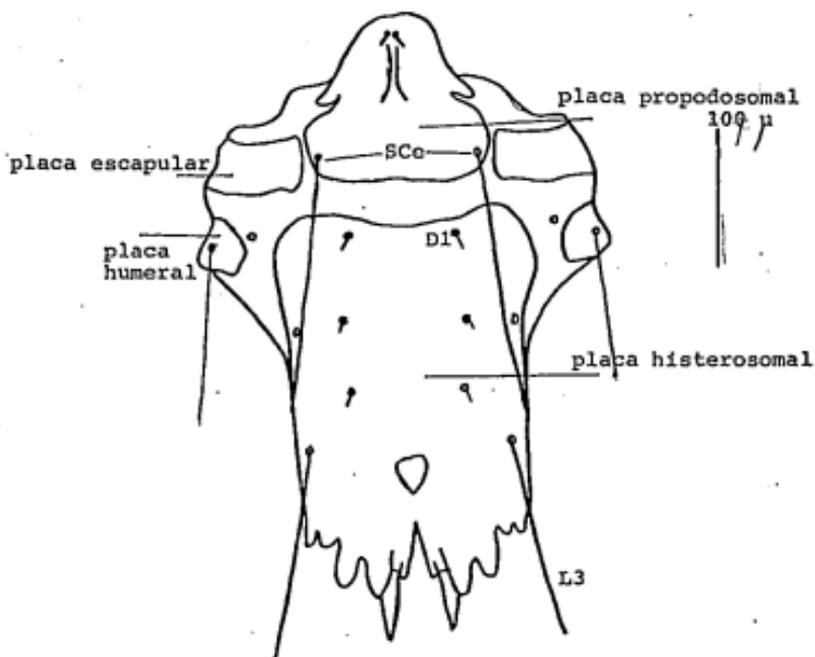


Fig. 2. Vista dorsal del idiosoma del macho de *Chiasmalgex* sp. nov. Tomado de Alavez (1984).

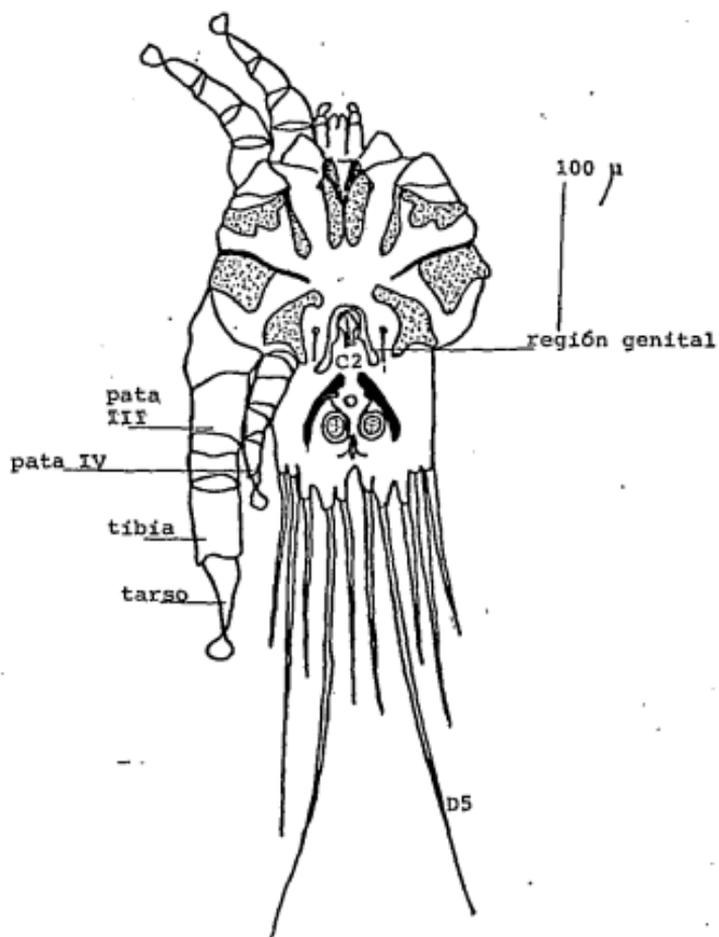


Fig. 3. Vista ventral del macho de *Chiasmalgae* sp. nov.
Tomado de Alavez (1984).

3. Distancia entre las sedas SCe: SCe
4. Distancia del margen anterior de la placa propodosomal a las sedas SCe
5. Distancia del margen posterior de la placa propodosomal a las sedas SCe
6. Ancho de la placa histerosomal
7. Largo de la placa histerosomal
8. Longitud de las sedas L3
9. Distancia entre las sedas L3:L3
10. Distancia entre las sedas D1:D1
11. Longitud de la tibia III
12. Longitud del tarso III
13. Longitud de la pata III
14. Longitud de la pata IV
15. Ancho de la región gonital
16. Distancia entre las sedas C2:C2

Los caracteres del 1 al 10 son dorsales, los restantes son caracteres ventrales.

En las hembras se midieron los siguientes caracteres (Fig. 4):

1. Ancho de la placa propodosomal
2. Largo de la placa propodosomal
3. Distancia entre las sedas SCe:SCe
4. Ancho de la placa histerosomal
5. Largo de la placa histerosomal
6. Longitud de las sedas L3
7. Distancia entre las sedas L3:L3
8. Distancia entre las sedas D1:D1
9. Distancia entre las sedas D5:D5

Con excepción del carácter 9, todos son dorsales.

La estrategia propuesta para analizar los datos se presenta en la Fig. 5, empleándose la misma tanto en el caso de los machos como en el de las hembras. El método de análisis sugerido es usual en este tipo de estudios, ya que nos permite analizar la matriz básica de datos desde dos puntos de vista: el de la asociación entre los caracteres, denominada técnica R y el de la asociación entre los individuos, llamada técnica Q. Esta clasificación, comunmente empleada en taxonomía numérica (Sneath y Sokal, 1973) no es aceptada por algunos autores, ya que a menudo se emplean ambos tipos de enfoques para analizar el mismo conjunto de datos (Chatfield y Collins, 1980).

Las variables (caracteres) empleados en el presente trabajo son todas numéricas, continuas y medidas en la --

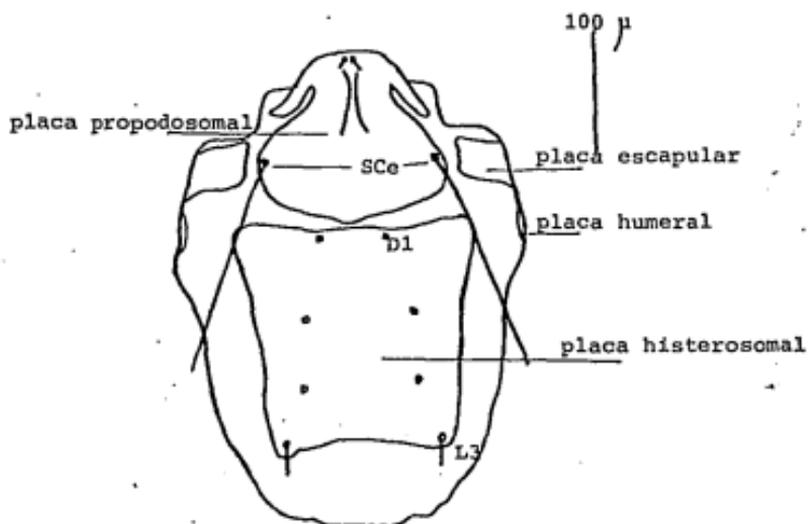


Fig. 4. Vista dorsal del idiosoma de la hembra de Chiasmalgas sp. nov. Tomado de Alavez (1984).

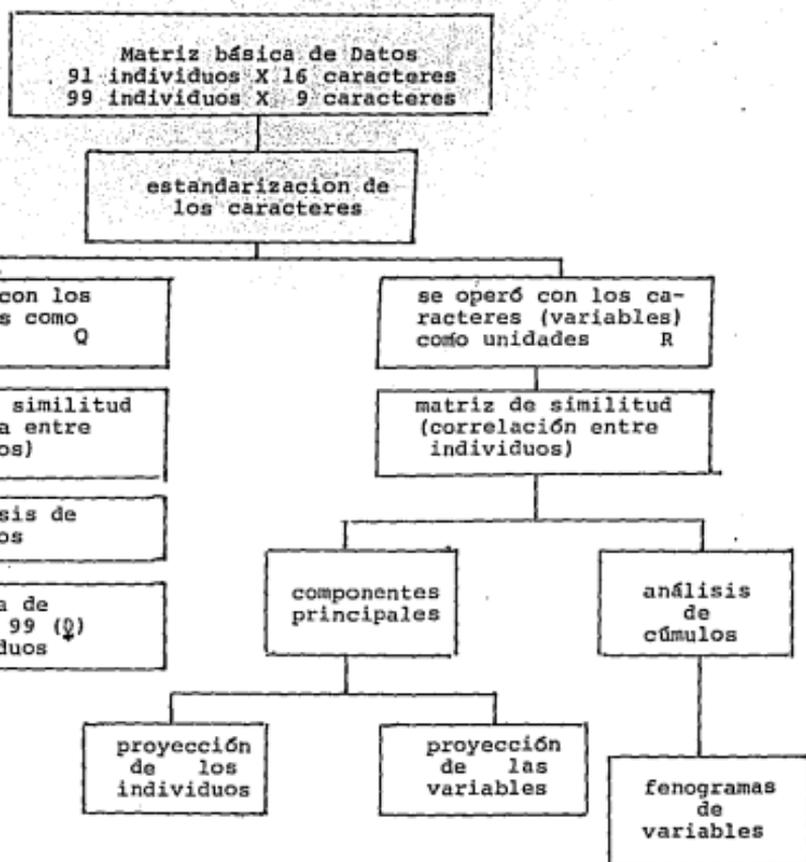


Fig. 5. Diagrama de la estrategia seguida en el análisis de los caracteres y de la variable intraespecífica de Chiasmalgas sp. nov.

misma escala (micrómetros).

3.1. Análisis de Componentes Principales

El método de análisis de componentes principales - es ampliamente usado como una técnica de reducción de dimensión, con objeto de resumir la mayor cantidad de información (variación) presente en los datos, en pocas dimensiones (Gnanadesikan, 1977).

Lo anterior es útil cuando en una gran serie de mediciones realizadas sobre gran cantidad de individuos se sospecha que existe cierto grado de redundancia, pero que estos caracteres medidos contienen información acerca de algunos "factores" importantes relacionados con la morfología de los organismos, como podrían ser, por ejemplo, el tamaño ó la forma.

En estos casos, los primeros dos o tres componentes principales podrían servir para tratar de explicar una porción importante de la variabilidad observada en los datos y los componentes restantes podrían considerarse como una medida del error ó de variación individual de poco interés ó ambas cosas (Neff y Marcus, 1980).

La técnica de análisis de componentes principales no es un procedimiento cuyo objetivo central sea probar hipótesis, sino que es un método de análisis de datos que nos permite visualizar las interrelaciones entre individuos, ó variables con base en los caracteres medidos sobre ellos. Debido a lo anterior no se han generado un gran número de pruebas aplicables a los resultados obtenidos de un análisis de componentes principales, por esta razón es un método empleado principalmente con propósitos descriptivos (Morrison, 1976).

El análisis de componentes principales se encuentra descrito en gran variedad de libros (Blackith y Reyment, 1971; Gnanadesikan, 1977; Chatfield y Collins, 1980) por lo que solamente se dará una breve descripción del mismo.

La idea básica del análisis de componentes principales es reducir el conjunto de variables X correlacionadas, en otro conjunto de variables no correlacionadas Y de menor dimensión, de tal modo que se retenga la mayor información esencial de la muestra.

Es decir, el conjunto de variables X_1, X_2, \dots, X_p se transforma en un nuevo conjunto Y_1, Y_2, \dots, Y_p que posee las siguientes propiedades (Serrano, 1981):

i) Cada Y es una combinación lineal de las X

$$Y_j = a_{1j}X_1 + a_{2j}X_2 + \dots + a_{pj}X_p$$

$$j = 1, 2, \dots, p$$

ii) La suma de cuadrados de los coeficientes a_{ij} es igual a la unidad.

iii) De todas las combinaciones lineales de este tipo y_1 tiene la varianza mayor.

iv) De todas las combinaciones lineales de este tipo, no correlacionadas con Y_1 , Y_2 describe la máxima variación de las observaciones. De igual forma Y_3 es la combinación lineal no correlacionada con Y_1 y Y_2 , que describe la máxima variación de las observaciones y así sucesivamente hasta que son determinadas Y_p combinaciones lineales.

En la práctica, sólo se consideran las primeras -- combinaciones lineales que son las que explican la mayor variabilidad de los datos y se busca descartar las restantes, reduciendo de esa manera, el número de variables a considerar.

Esta reducción de variables es de gran utilidad - práctica ya que por un lado facilita el manejo matemático y por otro la presentación gráfica de los resultados. También se evita la redundancia en las observaciones originales y la interpretación puede hacerse en términos de esas mismas variables originales basadas en los primeros componentes principales.

Para resolver lo anterior se obtienen los eigenvalores asociados con los eigenvectores correspondientes a cada componente. Estas son una medida de la cantidad de varianza total entre las observaciones que puede ser atribuida o es explicada por cada uno de los componentes. La suma de todos los eigenvalores es igual a la suma de todas las varianzas de las variables originales. Los eigenvalores son ordenados de tal modo que el eigenvalor mayor, asociado con el primer eigenvector, representa el eje del primer componente que se encuentra en la dirección de la varianza máxima entre los in dividuos (Neff y Marcus, 1980).

Los componentes principales pueden calcularse a - partir de una matriz de varianzas-covarianzas ó de una matriz de correlación, siendo el manejo matemático el mismo en ambos casos. Sin embargo, es importante hacer notar que los eigenvalores y eigenvectores no serán los mismos, sino depen

derán de cual fue la matriz con la que se inició el análisis. El hecho de escoger una de las dos matrices como punto de partida involucra la decisión definitiva pero arbitraria de considerar las variables (en este caso, los caracteres) como "igualmente importantes" (Chatfield y Collins, 1980).

La contribución individual de un carácter a un componente principal está expresada por el coeficiente de regresión del componente con respecto a ese carácter. Todos los caracteres contribuyen a todos los componentes pero de manera diferencial, es decir, el carácter i puede ser un importante aporte para el primer componente pero pobre para el segundo (Crisci y López Armengol, 1983).

Con base en lo anterior se trata de asignar una interpretación a los componentes obtenidos.

Aunque algunos autores (Jeffers, 1967; Kendall, - 1975) emplean esta técnica exclusivamente para analizar los datos, la principal utilidad de los componentes principales en la taxonomía radica en que al graficar las observaciones originales sobre los dos ó tres primeros componentes principales, es decir, en dos ó tres dimensiones, se produce un "mapa" en el que pueden buscarse subconjuntos de individuos. En ocasiones se revelan, de este modo, agrupaciones que sería difícil encontrar por otros métodos. A este procedimiento se le conoce como análisis de coordenadas principales ó escalamiento clásico (Chatfield y Collins, 1980; Best, 1978). Con este propósito fue empleada la técnica de componentes principales en el problema que aquí se presenta.

Chatfield y Collins (1980) proporcionan una lista de los principales pasos a seguir en un análisis de componentes principales:

i) Calcular la matriz de correlación (ó la de varianzas-covarianzas), teniendo en cuenta que un coeficiente de correlación no debe calcularse en general, para un par de variables cuya relación es obviamente no lineal.

ii) Analizar la matriz de correlación buscando agrupaciones naturales con "altas" correlaciones. Sin embargo, si casi todas las correlaciones son "pequeñas" no tiene mucho sentido llevar a cabo el análisis ya que este resultaría en las mismas variables, pero arregladas en orden descendiente de varianzas.

iii) Calcular los eigenvalores y eigenvectores de la matriz de correlación.

iv) Examinar los eigenvalores y tratar de decidir cuantos de ellos son "grandes"

v) Examinar las agrupaciones de las variables sugeridas por los componentes y considerar si se les puede asociar una interpretación útil.

vi) Emplear los componentes en análisis subsecuentes, como por ejemplo para buscar agrupaciones de individuos ó para verificar la presencia de observaciones aberrantes (Serrano, 1981).

3.2 Análisis de Conglomerados

El análisis de conglomerados es una serie de métodos para analizar un arreglo de n OTUs (unidades taxonómicas operacionales, que pueden ser individuos ó taxa) y m variables ó caracteres con objeto de encontrar grupos ó conjuntos de grupos que sean más similares dentro que entre los - grupos. (Sneath y Sokal, 1973).

Jardine y Sibson (1971) hacen notar la diferencia entre el método de agrupamiento ó modelo, y el algoritmo de agrupamiento para lograr dicho modelo. El modelo es una declaración precisa del tipo de representación deseado, las bases para lograr la agrupación, la división ó la estructuración. Por otro lado, existen varios algoritmos que implementan ese método y para un método particular, lo que se busca es emplear un algoritmo eficiente.

Históricamente, no siempre se ha reconocido la relación entre el modelo ó método o el algoritmo empleado. Es usual distinguir entre algoritmos que son divisivos, es decir, particionan el espacio multivariado en regiones y aquellos que son aglomerativos, lo que significa que forman grupos cada vez mayores. Algunos métodos, como el de ligamiento simple, puede implementarse por medio de algoritmos tanto divisivos como aglomerativos.

En el campo de la taxonomía, se han realizado numerosos trabajos empleando análisis de conglomerados, especialmente del tipo jerárquico. Una revisión completa de este tema puede encontrarse en Jardine y Sibson (1971) y en Sneath y Sokal (1973). Hartigan (1975) proporciona algoritmos detallados y programas de computadora.

Para poder llevar a cabo un análisis de conglomerados es necesario medir la similitud (ó la diferencia) entre cada par de individuos ó taxa. Existen muchas maneras

de obtener estas medidas, a las cuales se conocen como índices de similitud ó distancia y el investigador debe escoger la que más le convenga de acuerdo con los datos que tiene y con sus objetivos particulares (Espinosa y López, 1980).

Hasta la fecha no se ha dado ninguna definición formal de coeficiente de similitud. Simplemente se entiende como una escala numérica tal que los valores grandes en la escala corresponden a mayor semejanza (ó diferencia) entre los OTUs de interés. De entre la gran cantidad de coeficientes de similitud reportados en la literatura (Anderberg, 1973) se escogió el coeficiente de correlación debido a que se tienen variables numéricas contínuas, cuando se operó con los caracteres como unidades y la distancia Euclidiana cuando se trataron a los individuos como unidades.

El siguiente paso es la construcción de un diagrama jerárquico, árbol ó fenograma, el cual puede definirse (Hartigan, 1975) como una familia de conglomerados en la cual dos conjuntos cualesquiera son disjuntos ó uno de ellos incluye al otro. Dicha estructura jerárquica se representa por medio de un diagrama bidimensional llamado dendograma ó fenograma.

Debe hacerse notar que el ordenamiento de las "ramas" es arbitrario; el orden en que aparecen los caracteres es producto del algoritmo empleado, de tal modo que no tiene mucho sentido tratar de interpretar su ordenación.

De la gran variedad de métodos que existen para generar los fenogramas, se emplearon en este estudio tres de ellos, los que se describen someramente a continuación:

i) Ligamiento simple: este método se conoce también como el del vecino más cercano; la "distancia" entre dos individuos o grupos de individuos se define como la distancia entre sus miembros más cercanos. Así, las conexiones entre OTUs (individuos) y conglomerados ya existentes o entre dos conglomerados se establecen por medio de ligamientos individuales entre pares de OTUs.

ii) Ligamiento completo: también conocido como el método del vecino más lejano y es el contrario del ligamiento simple. La "distancia" entre dos grupos se define como la distancia entre el par de individuos más remotos, uno por cada conglomerado.

iii) Ligamiento promedio: la "distancia" entre dos grupos se define como el promedio de las distancias entre todos los pares de individuos. Como existen varios tipos

de promedios (aritmético, ponderado, no ponderado, centroides) hay varios tipos de ligamiento promedio dependiendo del promedio calculado. En este trabajo se empleó el promedio aritmético no ponderado (UPGMA)

Como una estrategia general, conviene utilizar más de un método para producir los fenogramas, ya que éstos implican una distorsión de la matriz de similitud al proyectarla en una dimensión.

4. ANALISIS ESTADISTICO

Los análisis estadísticos se llevaron a cabo en la Burroughs 7800 de la UNAM, empleándose el paquete estadístico SPSS (Nie y colaboradores, 1975). Los análisis de conglomerados se hicieron con el programa ANALISIS/CUMULOS (Reyes, López y Espinosa, 1978), desarrollado en el IINAS.

4.1 Análisis de la Variación

Como se indicó en el capítulo anterior, los caracteres medidos (16 en los machos y 9 en las hembras), se analizaron por medio de análisis de componentes principales y análisis de conglomerados. El análisis de componentes principales nos permitirá proyectar a los individuos en un número menor de dimensiones con objeto de tratar de detectar subconjuntos, lo que nos llevaría a pensar en la posible existencia de más de una población dentro de la especie de Chiasmalgas estudiada.

Respecto al análisis de conglomerados, éste nos ayudará a tener una imagen de la estructura de la especie; en el fenograma se buscarán también agrupaciones naturales de individuos provenientes de sitios contiguos de muestreo, que nos permitirán apoyar una de las hipótesis relativas a la variación de Chiasmalgas y planteadas en los antecedentes.

En las Tablas 1 y 2 se presentan las matrices de correlación de los caracteres medidos en los machos y en las hembras respectivamente. Para poder apreciar más fácilmente su estructura, las matrices fueron simplificadas, redondeando a dos decimales, quitando ceros y puntos y suprimiendo la diagonal y la porción inferior de la matriz.

Se verificó que las relaciones entre los pares de variables no presentaron indicios de no linealidad obteniendo las gráficas de cada par de ellas; en ningún caso se observan relaciones no lineales, aquellos valores de los coeficientes cercanos a cero indican entonces, una relación pobre entre el par de variables consideradas.

En el caso de los machos se ve que algunas variables presentan correlaciones altas, como es el caso de la VAR1 y la VAR3 (ancho de la placa propodosomal y distancia entre las sedas SCe:SCe) y la VAR2 con la VAR13 (longitud del tarso III con la longitud de la pata III) y también podemos decir que en general las correlaciones no son muy bajas, lo que nos indica que el análisis de componentes principales puede ser útil. Como se señaló anteriormente, si la

TABLA A.1. MATRIZ DE CORRELACION SIMPLIFICADA (MACHOS)

VAR1	VAR2	VAR3	VAR4	VAR5	VAR6	VAR7	VAR8	VAR9	VAR10	VAR11	VAR12	VAR13	VAR14	VAR15	VAR16
VAR1	72	71	45	59	77	57	40	69	28	62	65	70	48	51	44
VAR2	74	74	63	58	67	58	40	56	28	61	63	68	50	44	40
VAR3			43	62	77	61	39	65	27	61	68	73	50	48	44
VAR4				30	44	38	21	36	34	44	44	51	23	32	36
VAR5					53	48	30	43	12	47	52	49	45	25	26
VAR6						69	47	71	40	69	71	70	49	51	38
VAR7							51	61	36	77	70	75	35	41	27
VAR8								49	28	52	48	49	28	27	27
VAR9									32	65	61	63	48	37	36
VAR10										40	43	47	25	27	21
VAR11											74	86	57	46	31
VAR12												87	56	41	39
VAR13													62	50	42
VAR14														32	26
VAR15															47
VAR16															

TABLA 2. MATRIZ DE CORRELACION SIMPLIFICADA
(HEMBRAS)

	VAR1	VAR2	VAR3	VAR4	VAR5	VAR6	VAR7	VAR8	VAR9
VAR1									
VAR2	61								
VAR3	90	50							
VAR4	40	06	46						
VAR5	42	18	45	52					
VAR6	07	01	13	07	-09				
VAR7	26	15	23	31	29	28			
VAR8	16	06	13	24	15	-06	13		
VAR9	05	15	03	11	22	01	06	15	

estructura de la matriz de correlación fuera tal que la mayoría de los coeficientes presentaran valores cercanos a cero, los componentes principales nos darían los mismos caracteres pero dispuestos de mayor a menor varianza.

En aquellas correlaciones muy bajas comparativamente, como es el caso de la VAR4 con la VAR8 (distancia del margen anterior de la placa propodosomal y las sedas SCE con la longitud de las sedas L3) y de la VAR5 con la VAR10 (distancia del margen posterior de la placa propodosomal a las sedas SCE con la distancia entre las sedas D1), se presentan en las Figs. 6 y 7 las gráficas obtenidas de ambos pares, - donde puede observarse que no hay tendencias no lineales.

En el caso de las hembras encontramos en la matriz de correlación coeficientes en general mucho menores que en los machos. El único par de caracteres con un valor superior a .75 es, al igual que en los machos, la VAR1 y la VAR3 (ancho de la placa propodosomal y distancia entre las sedas SCE), por lo que no esperamos que los componentes principales nos proporcionen gran información. Sin embargo, el análisis se llevó a cabo simplemente para comparación entre los sexos. En los ácaros en general y Chiasmalgus no es la excepción, la taxonomía está basada en las hembras, que son el estado morfológico mejor estudiado. Debido a esto no es sorprendente que el número de caracteres empleados para distinguir a nivel específico no solamente sea menor sino que presenten menos información redundante, que en el caso de los machos.

4.1.1. Análisis de Componentes Principales

En las Tablas 3 y 4 se presentan los eigenvalores de los eigenvectores asociados a los tres primeros componentes principales en los machos y en las hembras, respectivamente.

En los machos, el primer componente que explica el 54.3% de la variabilidad presente en los datos puede interpretarse, lo que es usual en estos casos, como un factor general de tamaño. El ancho de las placas propodosomal e histerosomal, así como la distancia entre las sedas SCE y L3, que son también, de alguna forma, medidas del ancho del ácaro, presentan coeficientes altos; la longitud del organismo se refleja en la longitud de la pata III, que está asociada principalmente con la longitud de la tibia (Tabla 5).

El segundo componente, que explica una varianza del 6.9%, considerablemente menos que el primer componente,

GRAFICAS

05/14/85

PAGE 20



FILE MACHOS
SCATTERGRAM OF

(CREATION DATE = 05/14/85)
(DDMM) VS

(ACROSS) Y[D
85-05

62.65 64.55 70.25 73.95 77.45 81.35 85.05 88.75 92.45 #4.15

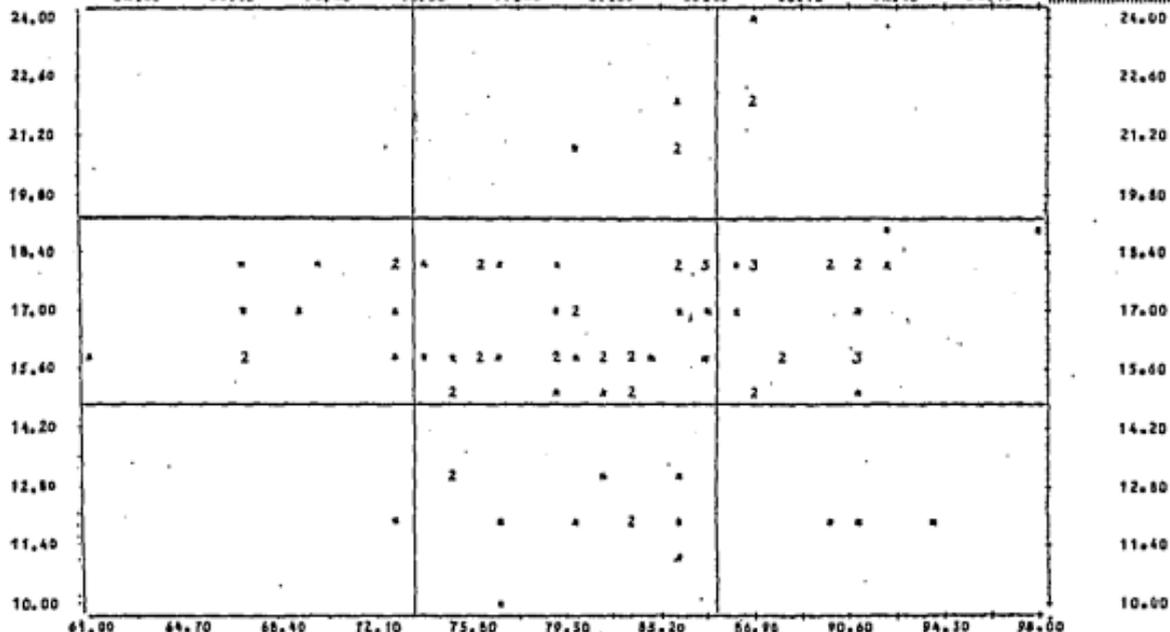


Fig. 6. Gráfica de la VAR5 (Distancia del margen posterior de la placa propodosomal a las sedas SC1) contra la VARIO (Distancia entre las sedas D1). Machos.

GRAFICOS

05/14/85

PAGE 40

FILE MACHOS
SCATTERGRAM OF

(CREATION DATE = 05/14/85)
(DOWN) V8
70.00 82.00 88.00 94.00

(ACROSS) V4
100.00 104.00

112.00 118.00 124.00

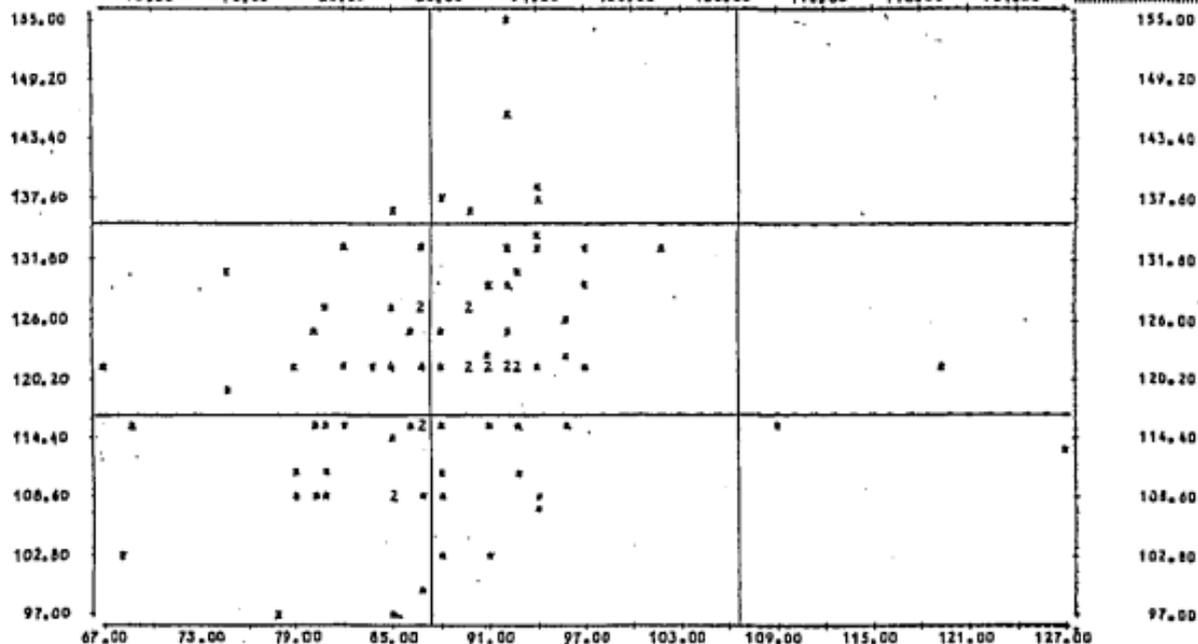


Fig. 7. Gráfica de la VAR8 (Longitud de las sedas L3) contra la VAR4 (Distancia del margen anterior de la placa propodósoma a las sedas SCE). Machos.

TABLA 3. Eigenvalores y porcentaje de varianza explicada por los 3 primeros componentes principales. Machos.

Componente	eigenvalor	% varianza	% var. acum.
Y_1	8.6858	54.3	54.3
Y_2	1.1039	6.9	61.2
Y_3	1.0621	6.6	67.8

TABLA 4. Eigenvalores y porcentaje de varianza explicada por los 3 primeros componentes principales. Hembras.

Componente	eigenvalor	% varianza	% var. acum.
Y_1	3.1253	34.7	34.7
Y_2	1.2716	14.1	48.9
Y_3	1.2093	13.4	62.3

TABLA 5. Coeficientes de los 3 primeros componentes principales. Machos
Componentes Principales

CARACTERES			
1	0.0984	-0.2635	-0.0476
2	0.0938	-0.2161	0.0259
3	0.0991	-0.2674	-0.0905
4	0.0663	-0.0857	0.4011
5	0.0740	-0.3019	-0.3539
6	0.0996	-0.0090	-0.0412
7	0.0912	0.2318	-0.1256
8	0.0659	0.3208	-0.1122
9	0.0893	0.0544	-0.1132
10	0.0532	0.5066	0.3644
11	0.0976	0.2409	-0.0976
12	0.0985	0.1529	-0.0674
13	0.1041	0.1626	0.0011
14	0.0728	-0.0345	-0.2184
15	0.0677	-0.1365	0.4000
16	0.0591	-0.2748	0.4967

refleja las diferentes mediciones de la quetotaxia y de algunos caracteres muy relacionados con ésta, como sería el ancho de la placa propodosomal. En la Fig. 8 se presenta la gráfica del primero contra el segundo componente, en donde puede verse que la variación de tamaño de los individuos está relacionada con características de la longitud de la pata III (tarso y tibia) y de la longitud de la placa histerosomal.

En la Fig. 9 se representa el componente 1 contra el 3, en donde es posible apreciar que los caracteres se agrupan en aquellos que proporcionan una idea morfométrica general de los individuos y los que reflejan patrones de quetotaxia.

Las Fig. 10 y 11 son la proyección de los datos originales (es decir de los individuos), en el espacio generado por los componentes principales 1 y 2, y 1-3. Aquí se observa un conjunto compacto de datos y no se encuentra evidencia de más de una población en la especie.

En el caso de las hembras, los componentes que se analizaron son los tres primeros, que en conjunto explican el 62% de la variabilidad de los datos. Los componentes restantes representaban de hecho una sola característica, como por ejemplo, el componente 4 la VAR9: distancia entre las sedas D5; el componente 5 la VAR8: distancia entre las sedas D1, etc. y por esta razón no fueron tomados en cuenta. El primer componente explica menos variación que en el caso de los machos, pero esto se esperaba debido a la estructura de la matriz de correlación.

El primer componente puede interpretarse, al igual que en los machos, como un factor de forma y tamaño. Los caracteres que más peso tienen en este componente son el ancho y largo tanto de la placa propodosomal como de la histerosomal, de tal modo que proporcionan una medida de la talla del individuo. Tabla 6. El segundo componente estaría relacionado con las diferencias entre ambas placas, existe un carácter que queda aislado y es el de la longitud de las sedas L3, lo que aparentemente no se relaciona con el tamaño de ninguna de las placas (Fig. 12).

En la Fig. 13 se tiene la representación del primero contra el tercer componente, en donde pueden verse dos grupos de caracteres, los que se asocian con el largo y ancho de las placas y aquellos relacionados con la posición y longitud de las sedas.

Al proyectar a los individuos sobre los componentes principales 1-2 y 1-3, vemos que es difícil extraer po-

Fig. 8. Análisis de Componentes Principales. Proyección de los 16 caracteres medidos en los machos de Chiasmalgus, Y_1 contra Y_2 .

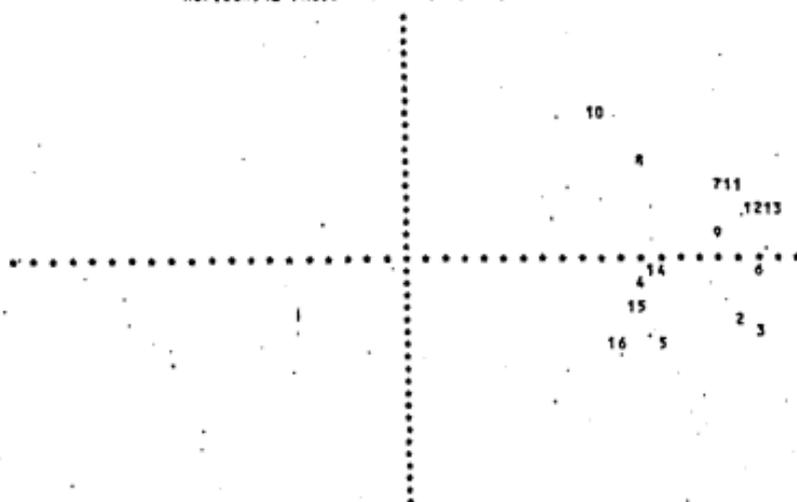
COMPONENTES PRINCIPALES
 FILE MACHOS (CREATION DATE = 05/07/85)

05/07/85

PAGE 10



HORIZONTAL FACTOR 1 VERTICAL FACTOR 2



1 = VAR1	2 = VAR2
2 = VAR3	3 = VAR3
3 = VAR4	4 = VAR4
4 = VAR5	5 = VAR5
5 = VAR6	6 = VAR6
6 = VAR7	7 = VAR7
7 = VAR8	8 = VAR8
8 = VAR9	9 = VAR9
9 = VAR10	10 = VAR10
10 = VAR11	11 = VAR11
11 = VAR12	12 = VAR12
12 = VAR13	13 = VAR13
13 = VAR14	14 = VAR14
14 = VAR15	15 = VAR15
15 = VAR16	16 = VAR16

Fig. 9. Análisis de Componentes Principales. Proyección de los 16 caracteres medidos en los machos de Chiasmalgas, Y_1 contra Y_3 .

COMPONENTES PRINCIPALES

FILE MACHOS (CREATION DATE = 05/07/85)

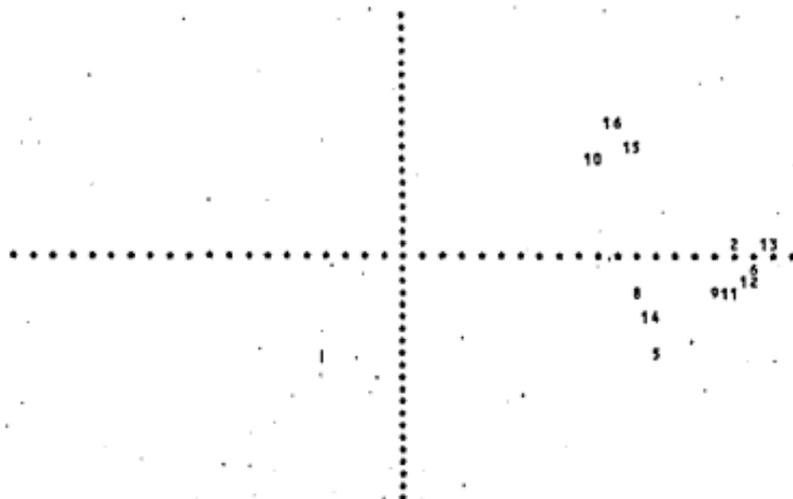
05/07/85

PAGE 11



HORIZONTAL FACTOR 1 VERTICAL FACTOR 3

1 = VAR1	2 = VAR2
2 = VAR2	4 = VAR4
3 = VAR3	6 = VAR6
4 = VAR4	8 = VAR8
5 = VAR5	10 = VAR10
6 = VAR6	12 = VAR12
7 = VAR7	14 = VAR14
8 = VAR8	16 = VAR16



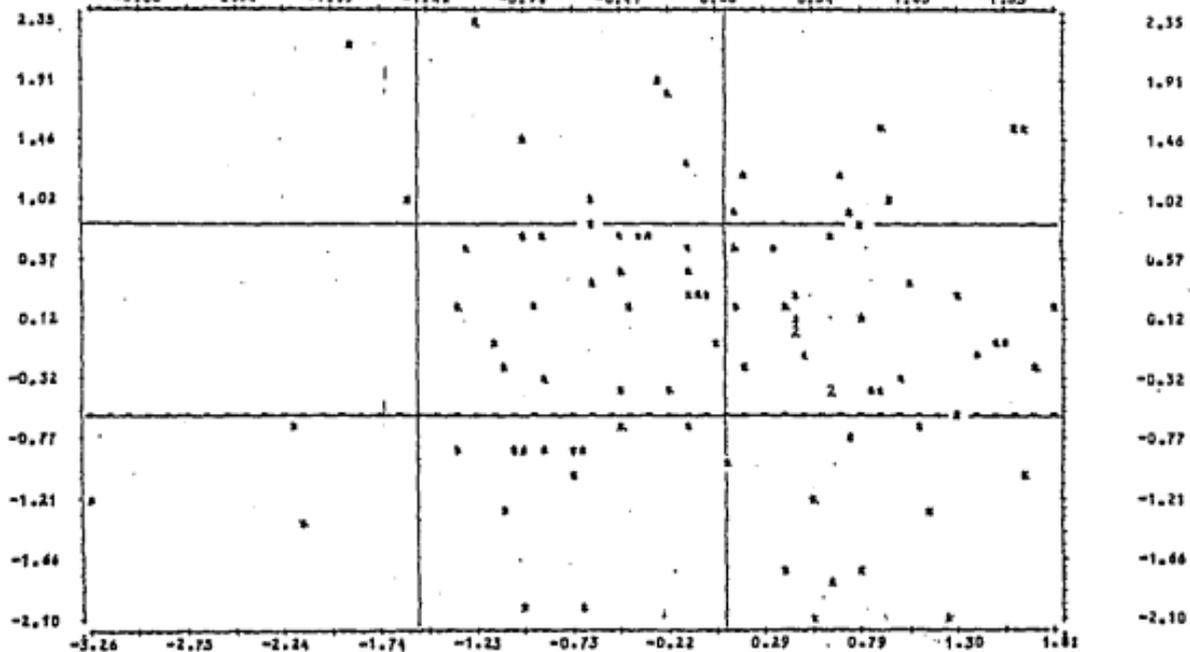


Fig. 10. Gráfica de la dispersión de 91 individuos machos de Chiasmalgas, sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_2 (F_2).

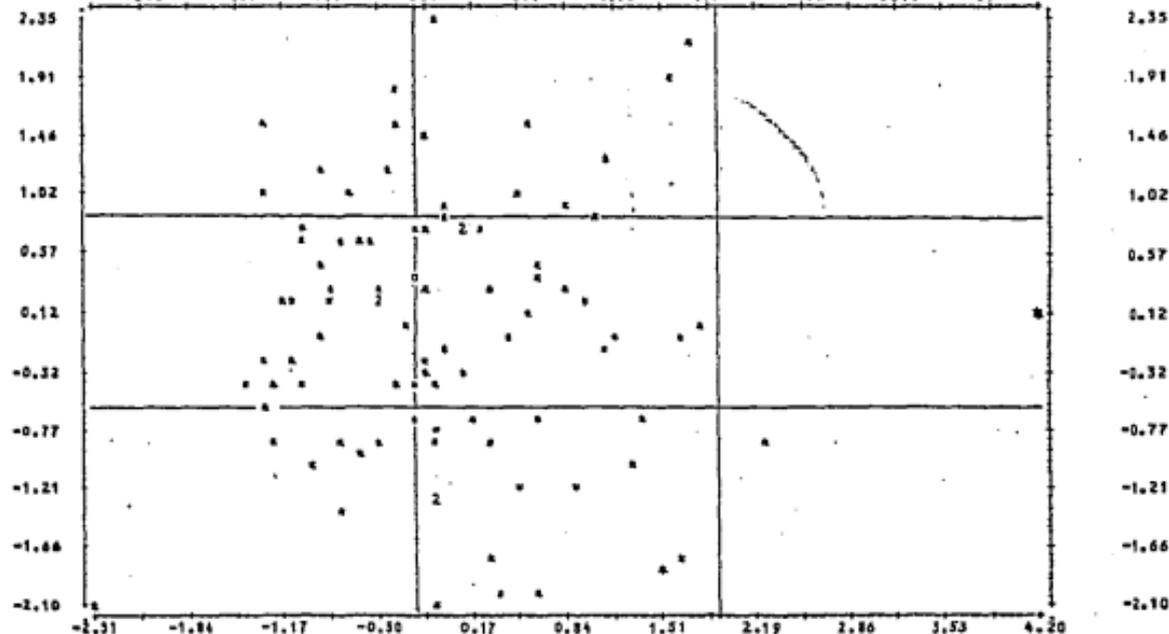


Fig. 11. Gráfica de la dispersión de 91 individuos machos de Chinamalges, sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_2 (F_2).

TABLA 6. Coeficientes de los 3 primeros componentes principales. Hembras
Componentes Principales

CARACTERES	1	2	3
1	0.2819	-0.2748	-0.0656
2	0.1882	-0.4015	-0.1563
3	0.2784	-0.2395	-0.0202
4	0.2083	0.3365	0.0669
5	0.2139	0.2872	-0.1395
6	0.0432	-0.0489	0.6995
7	0.1509	0.2143	0.4608
8	0.0950	0.3777	-0.1812
9	0.0678	0.3247	-0.1994

1	2	3	4	5	6	7	8	9
10	11	12	13	14	15	16	17	18
19	20	21	22	23	24	25	26	27
28	29	30	31	32	33	34	35	36
37	38	39	40	41	42	43	44	45
46	47	48	49	50	51	52	53	54
55	56	57	58	59	60	61	62	63
64	65	66	67	68	69	70	71	72
73	74	75	76	77	78	79	80	81
82	83	84	85	86	87	88	89	90
91	92	93	94	95	96	97	98	99
100	101	102	103	104	105	106	107	108
109	110	111	112	113	114	115	116	117
118	119	120	121	122	123	124	125	126
127	128	129	130	131	132	133	134	135
136	137	138	139	140	141	142	143	144
145	146	147	148	149	150	151	152	153
154	155	156	157	158	159	160	161	162
163	164	165	166	167	168	169	170	171
172	173	174	175	176	177	178	179	180
181	182	183	184	185	186	187	188	189
190	191	192	193	194	195	196	197	198
199	200	201	202	203	204	205	206	207
208	209	210	211	212	213	214	215	216
217	218	219	220	221	222	223	224	225
226	227	228	229	230	231	232	233	234
235	236	237	238	239	240	241	242	243
244	245	246	247	248	249	250	251	252
253	254	255	256	257	258	259	260	261
262	263	264	265	266	267	268	269	270
271	272	273	274	275	276	277	278	279
280	281	282	283	284	285	286	287	288
289	290	291	292	293	294	295	296	297
298	299	300	301	302	303	304	305	306
307	308	309	310	311	312	313	314	315
316	317	318	319	320	321	322	323	324
325	326	327	328	329	330	331	332	333
334	335	336	337	338	339	340	341	342
343	344	345	346	347	348	349	350	351
352	353	354	355	356	357	358	359	360
361	362	363	364	365	366	367	368	369
370	371	372	373	374	375	376	377	378
379	380	381	382	383	384	385	386	387
388	389	390	391	392	393	394	395	396
397	398	399	400	401	402	403	404	405
406	407	408	409	410	411	412	413	414
415	416	417	418	419	420	421	422	423
424	425	426	427	428	429	430	431	432
433	434	435	436	437	438	439	440	441
442	443	444	445	446	447	448	449	450
451	452	453	454	455	456	457	458	459
460	461	462	463	464	465	466	467	468
469	470	471	472	473	474	475	476	477
478	479	480	481	482	483	484	485	486
487	488	489	490	491	492	493	494	495
496	497	498	499	500	501	502	503	504
505	506	507	508	509	510	511	512	513
514	515	516	517	518	519	520	521	522
523	524	525	526	527	528	529	530	531
532	533	534	535	536	537	538	539	540
541	542	543	544	545	546	547	548	549
550	551	552	553	554	555	556	557	558
559	560	561	562	563	564	565	566	567
568	569	570	571	572	573	574	575	576
577	578	579	580	581	582	583	584	585
586	587	588	589	590	591	592	593	594
595	596	597	598	599	600	601	602	603
604	605	606	607	608	609	610	611	612
613	614	615	616	617	618	619	620	621
622	623	624	625	626	627	628	629	630
631	632	633	634	635	636	637	638	639
640	641	642	643	644	645	646	647	648
649	650	651	652	653	654	655	656	657
658	659	660	661	662	663	664	665	666
667	668	669	670	671	672	673	674	675
676	677	678	679	680	681	682	683	684
685	686	687	688	689	690	691	692	693
694	695	696	697	698	699	700	701	702
703	704	705	706	707	708	709	710	711
712	713	714	715	716	717	718	719	720
721	722	723	724	725	726	727	728	729
730	731	732	733	734	735	736	737	738
739	740	741	742	743	744	745	746	747
748	749	750	751	752	753	754	755	756
757	758	759	760	761	762	763	764	765
766	767	768	769	770	771	772	773	774
775	776	777	778	779	780	781	782	783
784	785	786	787	788	789	790	791	792
793	794	795	796	797	798	799	800	801
802	803	804	805	806	807	808	809	810
811	812	813	814	815	816	817	818	819
820	821	822	823	824	825	826	827	828
829	830	831	832	833	834	835	836	837
838	839	840	841	842	843	844	845	846
847	848	849	850	851	852	853	854	855
856	857	858	859	860	861	862	863	864
865	866	867	868	869	870	871	872	873
874	875	876	877	878	879	880	881	882
883	884	885	886	887	888	889	890	891
892	893	894	895	896	897	898	899	900
901	902	903	904	905	906	907	908	909
910	911	912	913	914	915	916	917	918
919	920	921	922	923	924	925	926	927
928	929	930	931	932	933	934	935	936
937	938	939	940	941	942	943	944	945
946	947	948	949	950	951	952	953	954
955	956	957	958	959	960	961	962	963
964	965	966	967	968	969	970	971	972
973	974	975	976	977	978	979	980	981
982	983	984	985	986	987	988	989	990
991	992	993	994	995	996	997	998	999
1000	1001	1002	1003	1004	1005	1006	1007	1008
1009	1010	1011	1012	1013	1014	1015	1016	1017
1018	1019	1020	1021	1022	1023	1024	1025	1026
1027	1028	1029	1030	1031	1032	1033	1034	1035
1036	1037	1038	1039	1040	1041	1042	1043	1044
1045	1046	1047	1048	1049	1050	1051	1052	1053
1054	1055	1056	1057	1058	1059	1060	1061	1062
1063	1064	1065	1066	1067	1068	1069	1070	1071
1072	1073	1074	1075	1076	1077	1078	1079	1080
1081	1082	1083	1084	1085	1086	1087	1088	1089
1090	1091	1092	1093	1094	1095	1096	1097	1098
1099	1100	1101	1102	1103	1104	1105	1106	1107
1108	1109	1110	1111	1112	1113	1114	1115	1116
1117	1118	1119	1120	1121	1122	1123	1124	1125
1126	1127	1128	1129	1130	1131	1132	1133	1134
1135	1136	1137	1138	1139	1140	1141	1142	1143
1144	1145	1146	1147	1148	1149	1150	1151	1152
1153	1154	1155	1156	1157	1158	1159	1160	1161
1162	1163	1164	1165	1166	1167	1168	1169	1170
1171	1172	1173	1174	1175	1176	1177	1178	1179
1180	1181	1182	1183	1184	1185	1186	1187	1188
1189	1190	1191	1192	1193	1194	1195	1196	1197
1198	1199	1200	1201	1202	1203	1204	1205	1206
1207	1208	1209	1210	1211	1212	1213	1214	1215
1216	1217	1218	1219	1220	1221	1222	1223	1224
1225	1226	1227	1228	1229	1230	1231	1232	1233
1234	1235	1236	1237	1238	1239	1240	1241	1242
1243	1244	1245	1246	1247	1248	1249	1250	1251
1252	1253	1254	1255	1256	1257	1258	1259	1260
1261	1262	1263	1264	1265	1266	1267	1268	1269
1270	1271	1272	1273	1274	1275	1276	1277	1278
1279	1280	1281	1282	1283	1284	1285	1286	1287
1288	1289	1290	1291	1292	1293	1294	1295	1296
1297	1298	1299	1300	1301	1302	1303	1304	1305
1306	1307	1308	1309	1310	1311	1312	1313	1314
1315	1316	1317	1318	1319	1320	1321	1322	1323
1324	1325	1326	1327	1328	1329	1330	1331	1332
1333	1334	1335	1336	1337	1338	1339	1340	1341
1342	1343	1344	1345	1346	1347	1348	1349	1350
1351	1352	1353	1354	1355	1356	1357	1358	1359
1360	1361	1362	1363	1364	1365	1366	1367	1368
1369	1370	1371	1372	1373	1374	1375	1376	1377
1378	1379	1380	1381	1382	1383	1384	1385	1386
1387	1388	1389	1390	1391	1392			

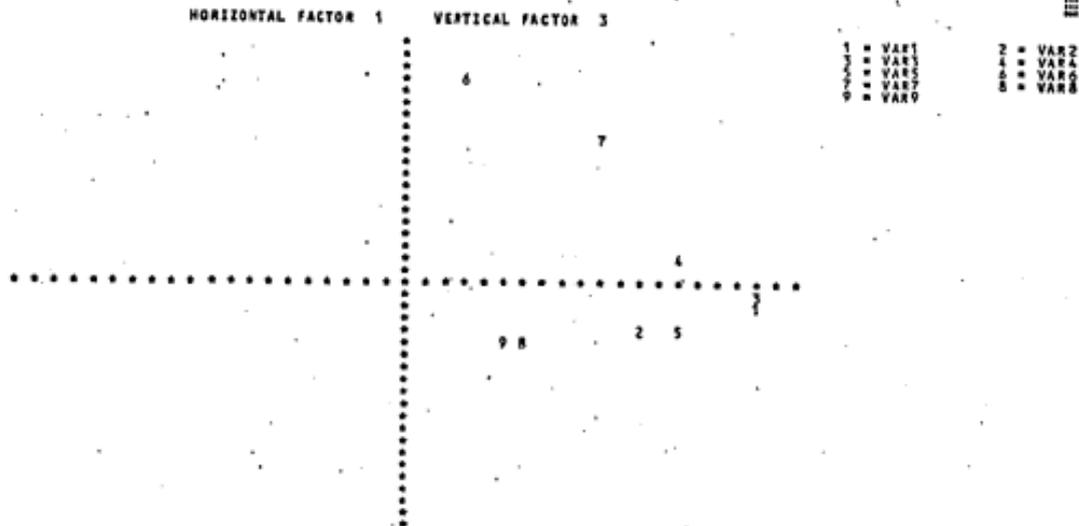


Fig. 13. Análisis de Componentes Principales. Proyección de los 9 caracteres medidos en las hembras de Chiasmalgas, Y_1 contra Y_3

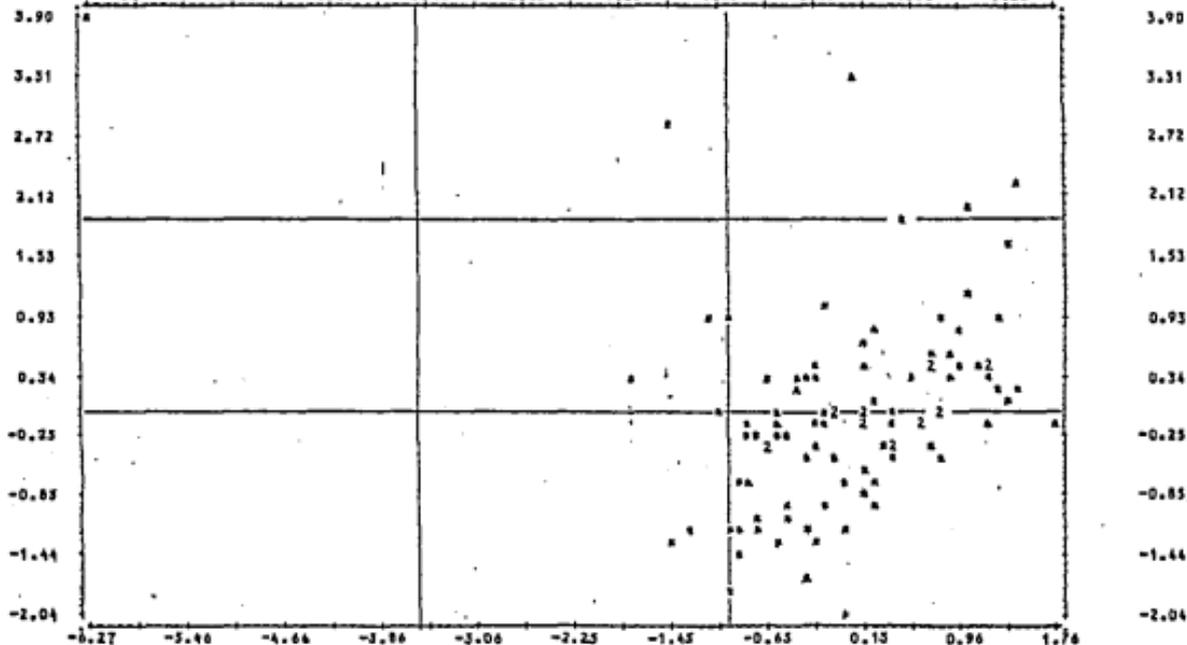


Fig. 14: Gráfica de la dispersión de 99 individuos hembras de Chiasmolges, sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_2 (F_2).

DISPERSION/CP

05/14/85

PAGE 4

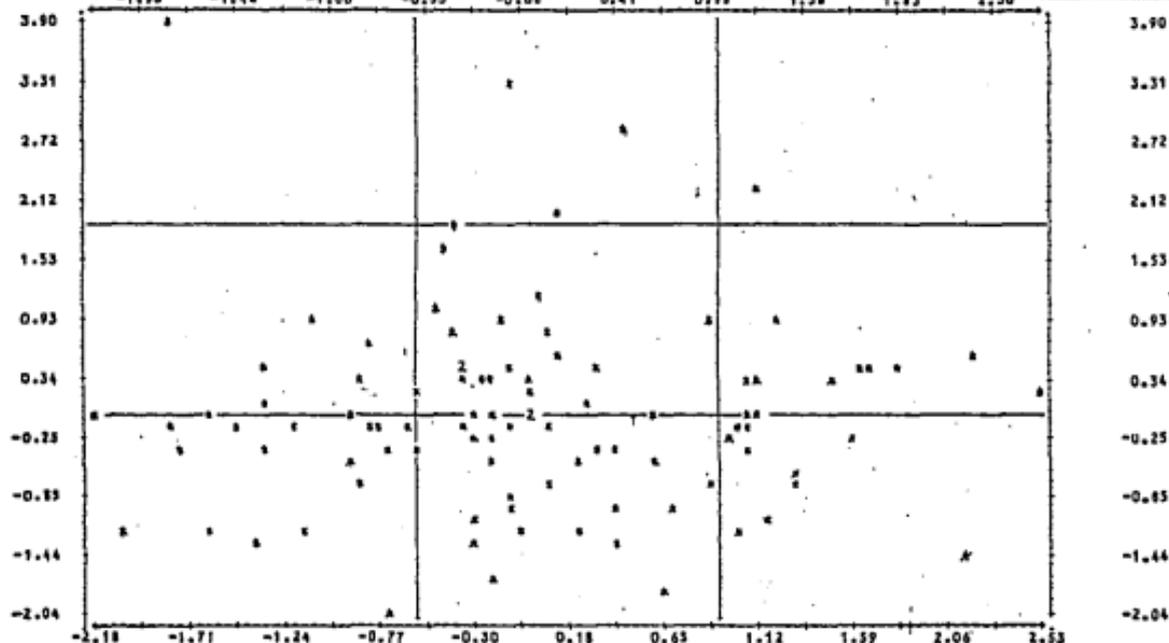
FILE MEMBRAS (CREATION DATE = 05/16/85)
SCATTERGRAM OF (DOWN) F1(ACROSS) F3
0.41 0.78 1.34 1.83 2.30

Fig. 15. Gráfica de la dispersión de 99 individuos hembras de Chiasmalgae, sobre los componentes principales Y_1 (F_1) contra Y_3 (F_3).

poblaciones y aunque la dispersión es mayor que en el caso de los machos, se trata de una sola especie con una gran variación. (Figs. 14 y 15).

4.1.2. Análisis de Conglomerados

Los fenogramas obtenidos a partir del análisis de conglomerados de los 91 individuos machos y 99 hembras se presentan en las Figs. 16 y 17.

El objetivo principal de llevar a cabo el análisis de conglomerados de los 91 individuos machos y 99 hembras era tratar de establecer más que los subgrupos en sí mismos, si era posible extraer un orden basado en las distancias entre los individuos que correspondiera a la zona geográfica en donde fueron colectados (VER APENDICE).

Así se esperaba que si los individuos provenientes de pericos colectados en el extremo norte de la distribución geográfica (Sinaloa y Nayarit) presentaban en general dimensiones distintas de los pericos colectados en las regiones sur (por ejemplo Guatemala y Costa Rica) serían agrupados aproximadamente en ese orden.

En cambio si los ácaros pertenecen a una sola especie con un amplio rango de variación, esto se vería reflejado en un "desorden" en la asignación de los grupos formados por medio de este análisis. Aunque sin perder de vista que existe una influencia del algoritmo en el orden en que aparecen los datos, creemos que alguna indicación en ese sentido puede obtenerse con este método.

El análisis de conglomerados se llevó a cabo con la distancia Euclidiana como una medida de la distancia entre los individuos y con los métodos de ligamiento simple, completo y ligamiento promedio.

En los machos el método de ligamiento simple produjo un encadenamiento muy acentuado, formándose realmente un solo grupo al que se van agregando los individuos uno a uno. Existen algunos individuos bastante alejados del resto como sería el caso del IND1, que es un ejemplar relativamente pequeño en comparación con los demás, no sólo en lo que se refiere a su longitud sino también a su ancho.

Los métodos de ligamiento completo y ligamiento promedio produjeron fenogramas relativamente parecidos, lo que nos lleva a proponer que el primero de ellos representa

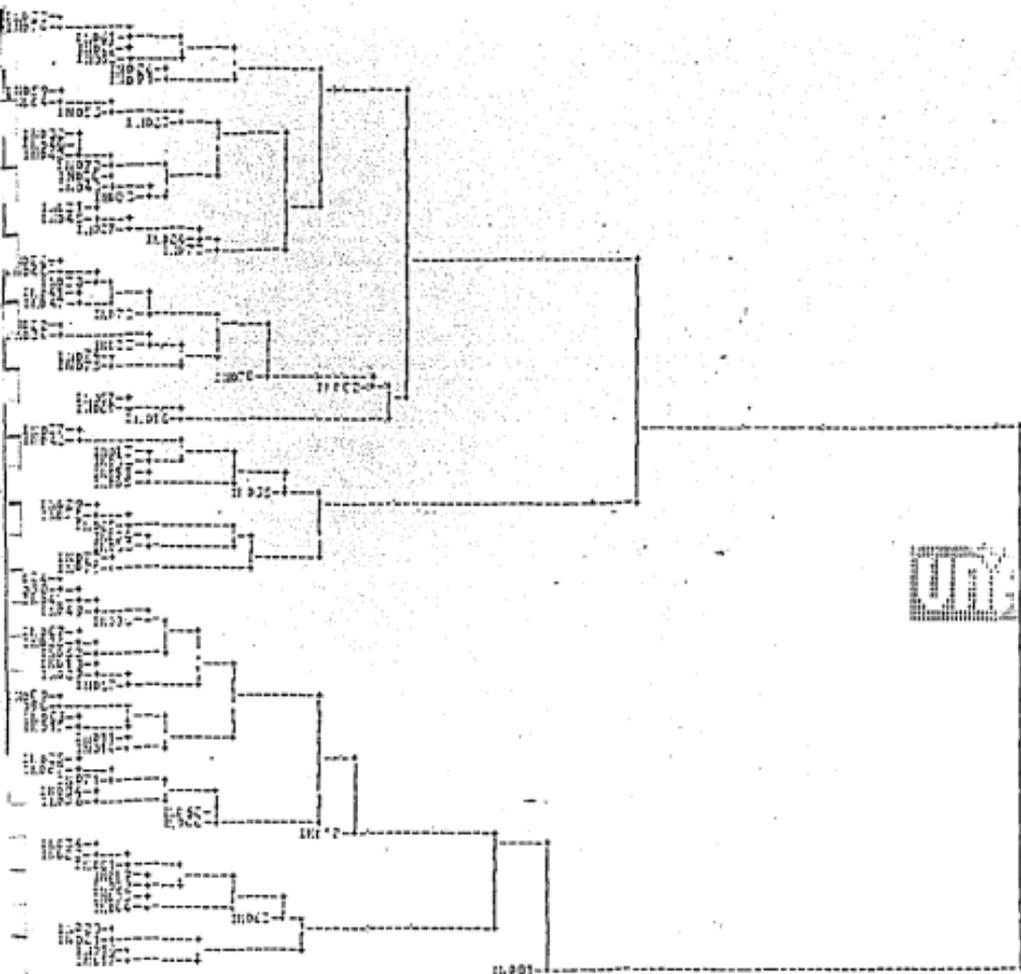


Fig. 16. Fenograma de los 91 OTUs (individuos) machos de Chlamydomonas, obtenido con el método de ligamiento completo.

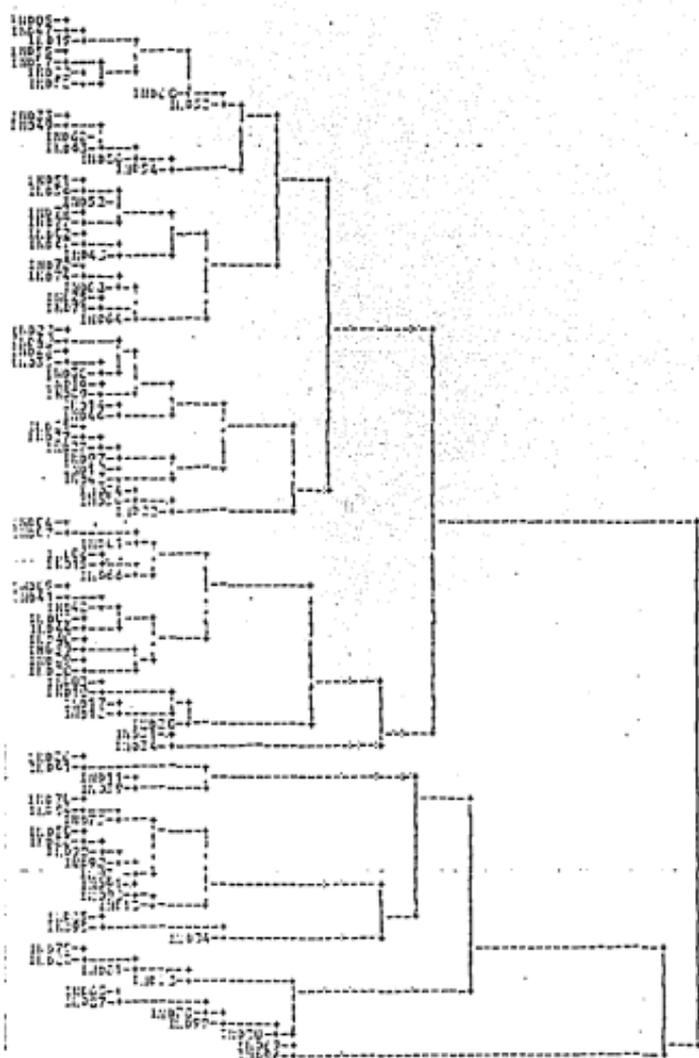


Fig. 17. Fenograma de los 99 OTUs (individuos) hembras de Chiasmalgae, obtenido con el método de ligamiento completo.

razonablemente los datos (Espinosa y López, 1980).

En los fenogramas obtenidos, el orden de los individuos no corresponde en ninguno de los tres métodos con el origen geográfico del huésped, por lo que la variación de la especie se presenta a todo lo largo de la distribución geográfica de Aratinga canicularis, apoyándose así la hipótesis de que se trata de una sola especie, con un amplio rango de variación.

Algo muy similar se observa en el caso de las hembras, el método de ligamiento simple presenta fuerte encadenamiento, aunque los métodos de ligamiento completo y ligamiento promedio no producen fenogramas tan parecidos como en el caso de los machos, es por esto que la estructura de la especie es más difícil de analizar; sin embargo podemos decir que no hay evidencia de la existencia de subgrupos.

4.2. Análisis de los Caracteres

El análisis de las relaciones entre los caracteres se llevó a cabo por medio de un análisis de conglomerados, -tomando la matriz de correlación como una medida de similitud. Se aplicaron los métodos de ligamiento simple, completo y ligamiento promedio.

En el caso de los machos se presenta el fenograma obtenido a partir del método de ligamiento completo, con propósito de demostración, los otros dos métodos proporcionaron prácticamente la misma estructura (Fig. 18). A un nivel de .6 en el coeficiente de correlación se pueden observar tres grupos: el primero formado por mediciones del ancho de la placa propodosomal (la distancia entre las sedas S_{Ce}:S_{Ce} miden prácticamente el ancho de esta placa) y el ancho de la placa histerosomal.

El largo de la placa histerosomal se encuentra en otro grupo junto con la longitud de la pata III, la que a su vez presenta una correlación alta con la longitud del tarso III, es decir la elongación de la pata está más relacionada con un incremento en el tarso que en la tibia.

Los caracteres restantes se encuentran poco correlacionados entre sí, lo que significa que explican por separado diversos aspectos de la variación observada.

En el fenograma obtenido a partir de los caracteres medidos en las hembras, se siguió el mismo procedimiento y de nuevo se presenta el fenograma generado por el método

de ligamiento completo. Puede verse que los caracteres que forman grupos son al igual que en los machos, el 1 y el 3, que no son más que dos maneras de medir el ancho de la placa propodosomal; el 4 y 5 que miden la forma de la placa histerosomal y el 8 y 9 que miden la distancia entre la sedas que se localizan en la placa histerosomal, pero que aparentemente su colocación es bastante independiente del ancho de esta placa. (Fig. 19).

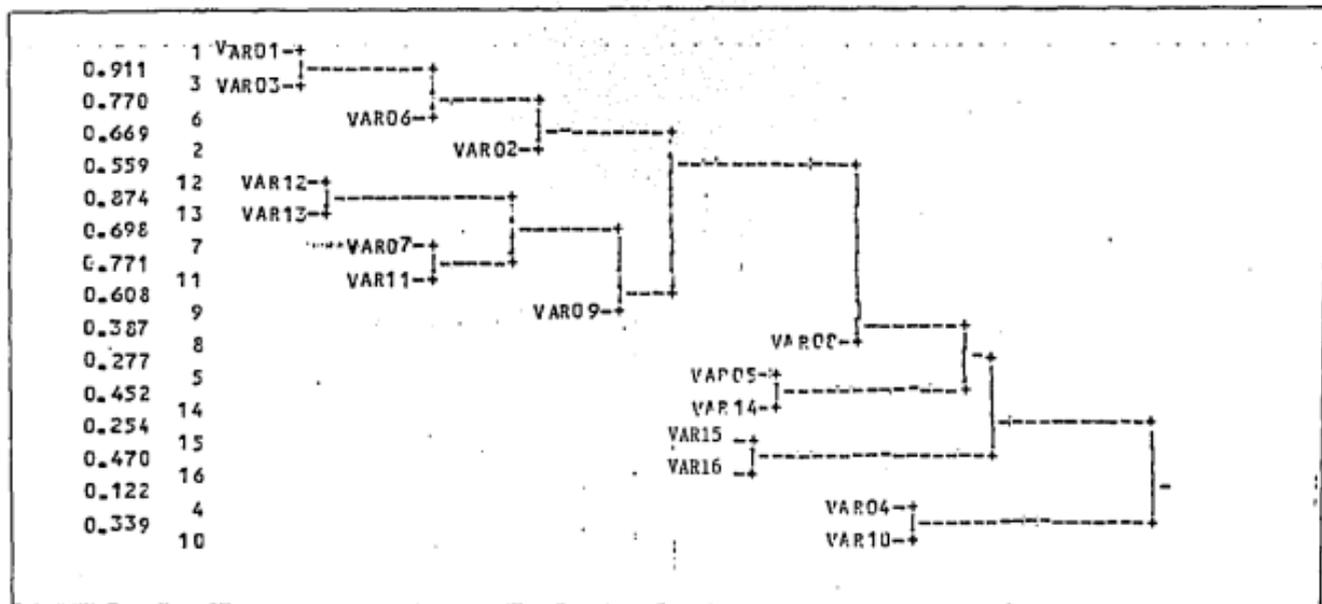


Fig. 18. Fenograma de los 16 caracteres medidos en los machos de Chiasmalgas, obtenido con el método de ligamiento completo.

5. RESULTADOS Y DISCUSION

La variabilidad detectada en los ácaros del género Chiasmalgus colectados sobre Aratinga canicularis, puede -- atribuirse a las diferencias presentes entre los individuos pero sin evidencia alguna de que se distingan subpoblaciones tanto a nivel de localidad, como a lo largo del rango geográfico de la especie huésped.

La existencia de un rango de variación semejante nunca ha sido reportada, de modo que la variabilidad de los ácaros estudiados resulta un fenómeno raro que bien podría asociarse por un lado, a que Chiasmalgus habita la porción externa del cañón de las plumas, lo que no representa restricción alguna al espacio físico ocupado por los individuos y por otro lado, a la amplitud del nicho ya que no están restringidos a un cierto tipo de pluma. Otras especies de ácaros plumícolas ocupan porciones de las plumas cuyo espacio habitable está limitado por ciertos parámetros físicos reconocibles, de tal manera que el ajuste de un determinado tamaño del ácaro con el espacio habitable sería un factor adaptativo importante que restringiría la variabilidad de la especie.

El número de caracteres medidos en ambos sexos es diferente debido a que éstos son menos variables en el caso de las hembras. De los caracteres escogidos para el análisis de la variabilidad, hay algunos que sería recomendable no usar, ya que aunque no era obvio al inicio del análisis, miden prácticamente la misma característica, como es el caso del ancho de la placa propodosomal y la distancia entre las sedas SCE; es decir la distancia de las sedas no varía con respecto al borde de la placa y aumenta al incrementarse el ancho de ésta.

No ocurre lo mismo con algunas de las sedas que se localizan en la placa histerosomal, en donde la posición de las sedas D1 y D5 no se modifica con el ancho de la placa, sino que conservan su posición independientemente del incremento de tamaño de ésta. Puede pensarse que dicha sedas serían caracteres útiles para medir el grado de variabilidad de la especie.

En el caso de los machos el aumento observado de tamaño está dado por las placas propodosomal e histerosomal y además por un aumento en la longitud de la pata III, pero no así de la pata IV. La pata III es la mayor de todas y -

aparentemente contribuye en mayor medida a que el individuo "parezca" más grande; en cambio la pata IV conserva en general, un cierto tamaño independientemente de la talla del ácaro.

El incremento de la longitud de la pata III está más relacionado con un aumento en el tarso, que en la tibia. Los artejos restantes (trocánter, fémur y genua) no presentaron variación apreciable de tamaño y por esta razón no fueron tomados en cuenta.

La interpretación tanto de los componentes principales como de los fenogramas obtenidos son particulares de la muestra y en este trabajo, como ocurre en la mayoría de los estudios de tipo taxonómico que se consultaron, proporcionan solamente una guía que nos permite tratar de entender mejor a la población bajo estudio.

Aún tomando en cuenta las anteriores consideraciones es posible concluir que no se encontró evidencia para suponer la existencia de subpoblaciones de Chiasmalgus y que la hipótesis apoyada sería que la muestra constituye una sola especie con un amplio rango de variación.

6. BIBLIOGRAFIA CITADA

- Alavez R., S.-L. 1984. Descripción de *Chiasmalgas* sp. nov. (Analgóidea: Psoroptoididae) y la interpretación ecológica de su variación intraespecífica. Tesis de Biología, Facultad de Ciencias, UNAM.
- Anderberg, M.R. 1973. Cluster analysis for applications. New York: Academic Press.
- Best, T.L. 1978. Variation in kangaroo rats (genus *Dipodomys*) of the *Hermanni* group in Baja California, México, Jour. Mammal., 59 (1): 160-175.
- Blackith, R.E. y R.A. Reyment. 1971. Multivariate morphometrics. London: Academic Press.
- Boyce, A.J. 1969. Mapping diversity: a comparative study of some numerical methods. En: Numerical Taxonomy. Proceedings of the Colloquium in Numerical Taxonomy held in the University of St. Andrews, September 1968, (A.J. Cole, Ed.) New York: Academic Press. pp. 1-31.
- Crisci, J.V. y M.F. López Armengol. 1983. Introducción a la teoría y práctica de la Taxonomía Numérica. Serie Biología. Monografía No. 26. OEA. Washington.
- Chatfield, C. y A.J. Collins. 1980. Introducción to multivariate analysis. London: Chapman & Hall.
- Espinosa, G. y A. López. 1980. Introducción a los métodos jerárquicos de análisis de cúmulos. Comunicaciones Técnicas, IIMAS, UNAM. Serie Verde, núm. 9.
- Gnanadesikan, R. 1977. Methods for statistical data analysis of multivariate observations. New York: John Wiley & Sons.
- Hartigan, J.-A. 1975. Clustering algorithms. New York: John Wiley & Sons.
- Jardine, N. y R. Sibson. 1971. Mathematical Taxonomy. London: John Wiley & Sons.
- Jeffers, J.N.R. 1967. Two case studies in the application of principal component analysis. Appl. Statist., 4(1): 24-38.
- Johnston, D.E. y J.B. Kethley. 1973. A numerical study of the quill mites of the family Syringophilidae (Acari). Jour. Parasitol., 59(3): 520-530.

ESTA TESIS HA DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA

Kendall, M. 1975. Multivariate analysis. London: Griffin.

Morrison, D.F., 1976. Multivariate statistical methods. 2°ed. New York: McGraw-Hill.

Moss, W.W. 1968. Experiments with various techniques of numerical taxonomy. Syst. Zool., 17:31-47.

_____, P.C. Peterson y W.T. Atyeo. 1977. A multivariate assessment of phenic relationships within the feather mite family Eustathiidae (Acari). Syst. Zool., 26(4): 386-409.

_____, 1978. The mite genus Dermanyssus: a survey, with description of Dermanyssus trochillinis, n. sp., and a revised key to the species (Acari: Mesostigmata: Dermanyssidae). J. Med. Entomol., 14(6): 627-640.

_____, y J.F. Wojcik. 1978. Numerical taxonomy studies of the mite family Harpyrhynchidae (Acari: Cheletoidea): the higher taxa. Ann. Entomol. Soc. Amer., 71(2): 247-252.

Neff, N.A. y L.F. Marcus, 1980. A survey of multivariate methods for systematics. New York: publicación privada.

Nie, N.H. y colaboradores. 1975. SPSS. Statistical Package for the Social Sciences. 2°ed. New York: McGraw-Hill.

Pérez, T.M. y W.T. Atyeo. 1984. Site selection of feather and quill mites of Mexican parrots. En: Griffiths, D.A. y C.E. Bowman (eds.) Acarology VI, London: Ellis Horwood LTD., I: 563-570.

Reyes, L., A. López y G. Espinosa. 1978. Análisis/Cúmulos, un programa para el análisis de cúmulos. Comunicaciones Técnicas, IIMAS, UNAM. Serie Amarilla, vol. 1, núm. 6.

Serrano S., O.V. 1981. Uso de componentes principales en la detección informal de observaciones aberrantes. Tesis de Actuario, Facultad de Ciencias, UNAM.

Sneath, P.H.A. 1969. Evaluation of clustering techniques. En: Numerical Taxonomy. Proceedings of the Colloquium in Numerical Taxonomy held in the University of St. Andrews. September 1968. (A.J. Cole, Ed.) New York: Academic Press. pp. 257-271.

_____, y R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. San Francisco: W.H. Freeman & Co.

7. APENDICE

Localidades de colecta

	Hembras	Machos
Sinaloa	IND01 - IND50	IND01 - IND50
Nayarit	IND51 - IND82	IND51 - IND79
Chiapas y Oaxaca	IND83 - IND92	IND80 - IND86
Guatemala, Honduras y Costa Rica	IND93 - IND99	IND87 - IND91