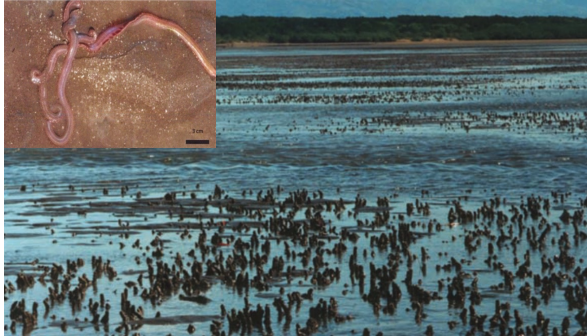


# Patrón de distribución

- El patrón de distribución espacial o temporal
- Lo interesante es responder el porqué esa distribución, sin olvidar la historia natural del organismo.



Poliqueto *Americonuphis*  
En parches en el lodo  
Dependen del tipo de sedimento



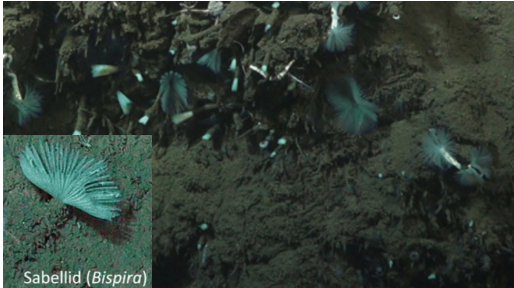
Opiliones. Algunos formas agrupaciones durante el día. Otras especies producen agregaciones cuando su población aumenta. Otros de la misma especie prefieren ser Solitarios.



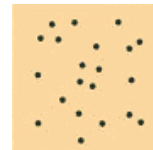
Peces damisela  
Pomacentridae: *Stegastes*

*Mantiene jardines de turf  
en su territorio  
Compite por espacio*

# Patrón de distribución



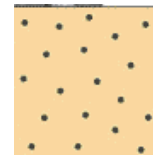
## Aleatoria



- Probabilidad de encontrar individuos es la misma.
- Depende solamente de la abundancia.



## Uniforme



- Probabilidad de encontrar un individuo con otro es baja.
- Sustancias alelopáticas, competencia, territorialidad.



## Agregada

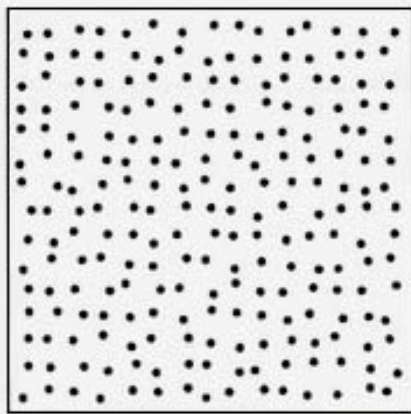


- Probabilidad de encontrar individuos juntos es alta.
- hábitat apropiado, limitante de dispersión.
- animales coloniales, grupos sociales.

# Coeficiente de dispersión

$$CD = \frac{s^2}{\bar{x}}$$

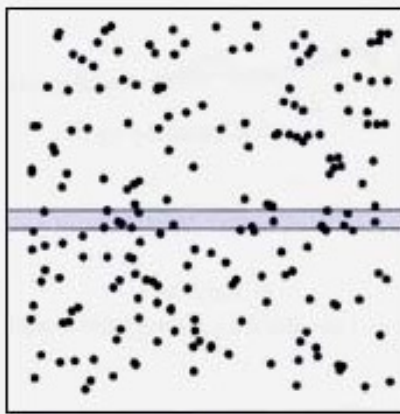
$N = 100$



$\bar{x} = 1$   
 $s^2$  tiende a cero

$$CD < 1$$

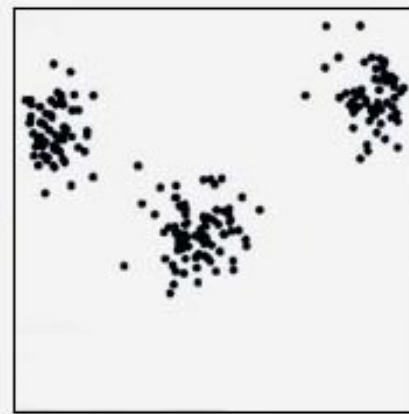
Uniforme



$\bar{x} = 1$   
 $s^2$  tiende a  $\bar{x}$

$$CD = 1$$

Aleatoria



$\bar{x} = 1$   
 $s^2$  muy alta

$$CD > 1$$

Agrupada

# Coeficiente de dispersión

¿Es el  $CD$  diferente de 1?

¿Es el patrón diferente al aleatorio?

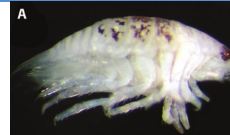
$$X^2 = CD(n-1)$$

$n$  = número de unidades de muestreo

-Prueba chi-cuadrado de 2 colas  
(interesa saber si  $CD$  es mayor o menor).

Si queda en medio de valor tabular de chi cuadrado  
de  $\alpha = 0.975$   $\alpha = 0.025$   
No se rechaza  $H_0$  de  $CD=1$

Si excede o no supera ese intervalo se rechaza  $H_0$



Isopoda  
*Excirolana braziliensis*

```
Isopoda<-c(0, 0, 0, 0, 2, 1, 2, 1, 2, 2, 1, 1, 0, 3, 0, 1, 0, 1, 2, 0, 0,
1, 0, 4, 4, 2, 1, 1, 1)
Promedio<-mean(Isopoda)
Variancia<-var(Isopoda)

Promedio
## [1] 1.137931

Variancia
## [1] 1.337438
CD<-var(Isopoda)/mean(Isopoda)
CD
## [1] 1.175325
n<-length(Isopoda)
n
## [1] 29
CHI<-CD*(n-1)
CHI
## [1] 32.90909
qchisq(0.975,(n-1), lower.tail = FALSE)
## [1] 15.30786
qchisq(0.025,(n-1), lower.tail = FALSE)
## [1] 44.46079
```

# **Distribuciones de probabilidad**



# Patrón ALEATORIO

## Distribución Poisson

-Sólo usa un parámetro:  $\lambda$ .

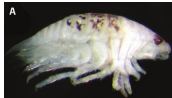
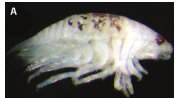
$$P_{(x)} = \frac{\lambda^x}{e^\lambda x!}$$

Asumimos:  $\lambda = \mu = \sigma^2$

Entonces:

$$P_{(x)} = \frac{\bar{x}}{x} P_{(x-1)}$$

```
poisp<-dpois(0:max(Isopoda+1),Promedio)
```



$$P_{(0)} = \frac{1}{e^{\bar{x}} 0!} = \frac{1}{e^{\bar{x}}}$$

$$P_{(1)} = \frac{\bar{x}}{e^{\bar{x}} 1!} = \bar{x} P_{(0)}$$

$$P_{(2)} = \frac{\bar{x}^2}{e^{\bar{x}} 2!} = \frac{\bar{x}}{2} P_{(1)}$$

poisp  
 0.32048140  
 0.36468573  
 0.20749361

Probabilidad  
de encontrar en un muestra



# Patrón AGREGADO

## Distribución Binomial Negativa



-Se usan los parámetros  $k$  y  $\mu$ .

Asumimos:  $\mu = kp$  y  $\sigma^2 = \mu + \frac{\mu^2}{k}$

```
Poliqueto<-c(0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 10, 4, 7, 2, 9, 6,
3, 9, 0, 1, 1, 2, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1)
```



Promedio

```
## [1] 1.965517
```

Variancia

```
## [1] 9.748768
```

```
CD<-var(Poliqueto)/mean(Poliqueto)
```

CD

```
## [1] 4.9599
```

CHI

```
## [1] 138.8772
```

```
qchisq(0.975,(n-1),
```

```
## [1] 15.30786
```

```
qchisq(0.025,(n-1),
```

```
## [1] 44.46079
```

**Solución:** Utilizar los estimadores: promedio y  $k$ .

K mala estimación:

$$\hat{k} = \frac{\bar{x}^2}{s^2 - \bar{x}}$$

```
k=mean(Poliqueto)^2/(var(Poliqueto)-mean(Poliqueto))
```

k

```
## [1] 0.4963553
```

# Patrón AGREGADO

## Distribución Binomial Negativa

Mejor estimación:

$$N \ln \left( 1 + \frac{\bar{x}}{\hat{k}} \right) = \sum_{x=0}^{\infty} \left( \frac{A_x}{\hat{k} + x} \right)$$

$N$  = número de unidades muestreo

Hacer que los lados izquierdo y derecho de la igualdad se parezcan en su valor

Se encuentra una mejor estimación de  $k$

$$A_x = \sum_{j=x+1}^{\infty} f_j = f_{x+1} + f_{x+2} + \dots$$

## Poliqueto1														
No. individuos	##	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
No. muestras	##	15	5	2	1	1	0	1	1	0	2	1	0	

```

x<-0:max(Poliqueto1)
kfit <-function(x)
left {lhs<-numeric() #lado izquierdo igualdad
right {rhs<-numeric() #lado derecho igualdad
y <-0:(length(x) -1)
j<-0:(length(x)-2)
m <-sum(x * y)/(sum(x))
s2 <- (sum(x * y^2) -sum(x * y)^2/sum(x))/(sum(x)-1)
k1 <-m^2/(s2 -m)
a<-numeric(length(x)-1)
for(i in 1:(length(x) -1)) a[i] <-sum(x [-c(1:i)])
i<-0
for (k in seq(k1/1.2,2*k1,0.001)) {
i<-i+1
lhs[i] <-sum(x) * log(1 + m/k) #lado izquierdo igualdad
rhs[i] <-sum(a/(k + j)) #lado derecho igualdad
k<-seq(k1/1.2,2*k1,0.001)
plot(k, abs(lhs-rhs),xlab="k",ylab="Difference",type="l")
d<-min(abs(lhs-rhs)) #mínima diferencia entre lados de la igualdad
sdd<-which(abs(lhs-rhs)==d)
k[sdd]}
K<-kfit(freq) #uso de la tabla de frecuencias en la función para buscar k

```

K ##k mejor estimado

## [1] 0.4136294



## Patrón AGREGADO

### Distribución Binomial Negativa

Una vez estimado  $k$  correctamente:

Fórmula de binomial negativa con función Gama= $\Gamma$

$$P_{(x)} = \left[ \frac{\Gamma(k+x)}{x! \Gamma(k)} \right] \left( \frac{\mu}{\mu+k} \right)^x \left( \frac{k}{k+\mu} \right)^k$$

```
Mean<-Promedio
binneg<-function(x,Mean,K) (1+ Mean /K)^(-K)*( Mean /( Mean +K))^ x *gamma(K+ x)/(factorial(x)*gamma(K))
binnegprob<-sapply(x, function(i) binneg(i,Mean,K))
```

$P_{(0)} = \left(1 + \frac{x}{\hat{k}}\right)^{-\hat{k}}$	➡	<b>0.484976077</b>
$P_{(1)} = \hat{k} \left(\frac{x}{x+\hat{k}}\right) \left(1 + \frac{x}{\hat{k}}\right)^{-\hat{k}}$	➡	<b>0.165724753</b>
$P_{(2)} = \hat{k} \left(\frac{\hat{k}+1}{2}\right) \left(\frac{x}{x+\hat{k}}\right)^2 \left(1 + \frac{x}{\hat{k}}\right)^{-\hat{k}}$	➡	<b>0.096771752</b>
$P_{(3)} = \hat{k} \left(\frac{\hat{k}+2}{3}\right) \left(\frac{\hat{k}+1}{2}\right) \left(\frac{x}{x+\hat{k}}\right)^3 \left(1 + \frac{x}{\hat{k}}\right)^{-\hat{k}}$	➡	<b>0.064321117</b>

## Patrón UNIFORME

### Distribución Binomial Positiva



-Se utilizan los parámetros  $k$  y  $p$ .  $n$  = número máximo de individuos en una unidad de muestreo.  
 Asumimos:  $\mu = np$  y  $\sigma^2 = npq$

Se estima  $p$

$$\hat{p} = \frac{\bar{x}}{\hat{k}}$$

`p<-Promedio/k`

Se estima  $q$

$$\hat{q} = 1 - \hat{p}$$

Entonces, estimamos  $n$  con  $k$ :

$$\hat{k} = \frac{\bar{x}^2}{\bar{x} - s^2}$$

`k<-round(Promedio^2/(Promedio-Variancia))`

$k$  va redondeado  
sin decimales!

Formula de la binomial negativa

$$P_{(x)} = \frac{n!}{x!(n-x)!} p^x q^{(n-x)}$$

`binomialp<-dbinom(x, k, p)`

$$P_{(0)} = \frac{\hat{k}!}{0!\hat{k}!} p^0 q^{\hat{k}} = q^{\hat{k}}$$

$$P_{(1)} = \frac{\hat{k}!}{1!(\hat{k}-1)!} p^1 q^{(\hat{k}-1)} = \frac{\hat{k}(\hat{k}-1)!}{(\hat{k}-1)!} \hat{p} \frac{\hat{q}^{\hat{k}}}{\hat{q}} = \hat{k} \frac{\hat{p}}{\hat{q}} P_{(0)}$$

$$P_{(2)} = \frac{\hat{k}!}{2!(\hat{k}-2)!} p^2 q^{(\hat{k}-2)} = \frac{\hat{k}(\hat{k}-1)(\hat{k}-2)!}{2(1)(\hat{k}-2)!} \hat{p} \hat{p} \frac{\hat{q}^{\hat{k}}}{\hat{q}\hat{q}} = \frac{(\hat{k}-1)\hat{p}}{2\hat{q}} P_{(1)}$$

$$P_{(3)} = \frac{\hat{k}!}{3!(\hat{k}-3)!} p^3 q^{(\hat{k}-3)} = \frac{\hat{k}(\hat{k}-1)(\hat{k}-2)(\hat{k}-3)!}{3(2)(\hat{k}-3)!} \hat{p} \hat{p}^2 \frac{\hat{q}^{\hat{k}}}{\hat{q}\hat{q}^2} = \frac{(\hat{k}-2)\hat{p}}{3\hat{q}} P_{(2)}$$

# **Pruebas de bondad de ajuste**

# Prueba de chi cuadrado

Cada prueba da la probabilidad de obtener de 0 a infinito número de individuos en una unidad de muestreo. \*(Binomial Positiva máximo dado por **k**).

Valores esperados:

Se multiplican probabilidades por número unidades muestreo (**N**).

Isopoda1	x.Freq	poisfreq
0	10	9.2939606
1	10	10.5758862
2	6	6.0173146
3	1	2.2824297
4	2	0.6493119
5	0	0.1477744



Isopoda1	of	ef
0	10	9.293961
1	10	10.575886
2	6	6.017315
3	3	3.079516



$$X^2 = \sum_{i=1}^c \frac{(Observado - Esperado)^2}{Esperado}$$

```
pruebach1<-sum(((of-ef)^2)/ef)
pruebach1
```

```
## [1] 0.08709767
```



Grados de libertad:  
Poisson: c - 2  
Binomial: c - 3

```
df<-sum(ef>0)-2
df
## [1] 2
```

**Importante:** valores esperados menores a 5 se agrupan.

```
pchisq(pruebach1, df, lower.tail = FALSE)
## [1] 0.9573858
```

p > 0.05  
No se rechaza H<sub>0</sub>  
Datos siguen la Poisson

# Prueba G

- No se afecta tanto por valores esperados bajos.
- Sigue distribución chi cuadrado.

$$G = 2 \sum_{i=1}^c (\textit{Observado}) \ln \left( \frac{\textit{Observado}}{\textit{Esperado}} \right)$$

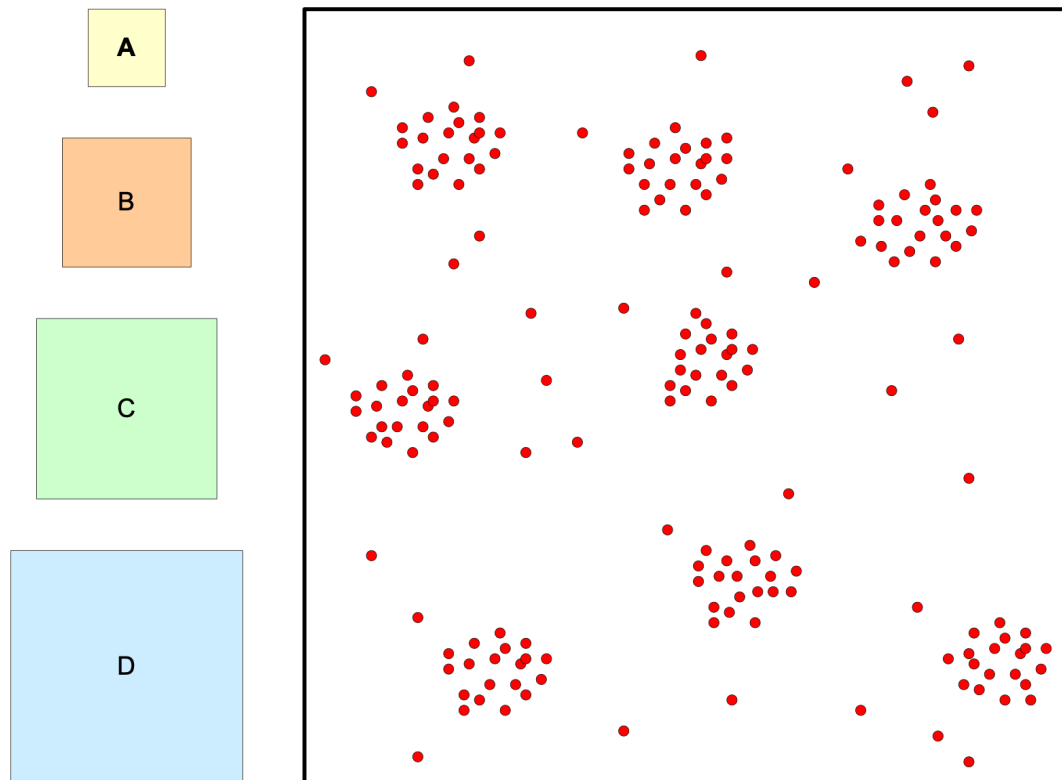
Grados de libertad:

Poisson:  $c - 2$

Binomial:  $c - 3$

Valores esperados menores a 1 se **agrupan**

Patrón de distribución puede cambiar con la escala





## Patrón espacial para organismos basado en distancia

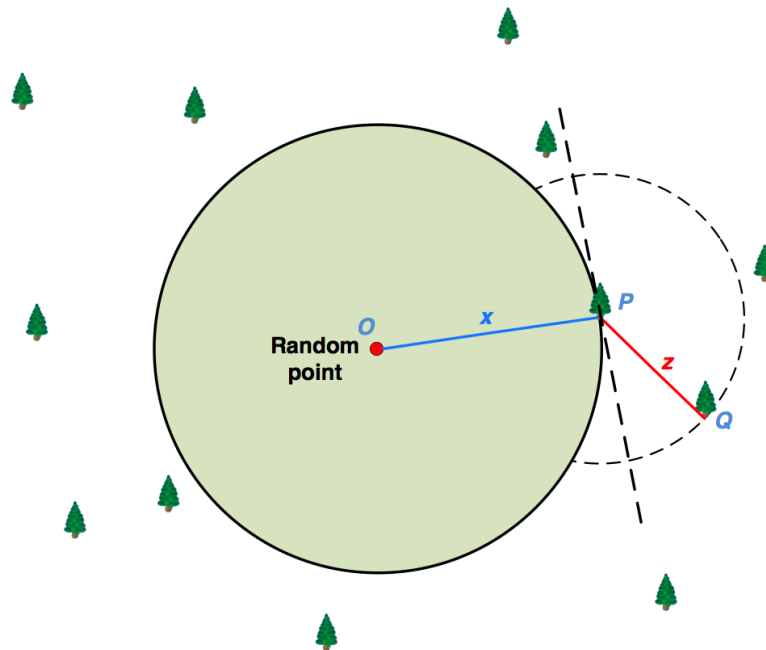
Muchas veces la determinación del patrón espacial, en lugar de realizarlo con cuadrantes, es mejor realizarlo mediante la distancia geográfica que existe entre los organismos de una población.

Esto puede aplicarse desde cirrípedos en las rocas de la playa hasta árboles en el bosque. Al igual para muchos animales territoriales su área de acción puede ser estimada mediante la distancia entre estos.



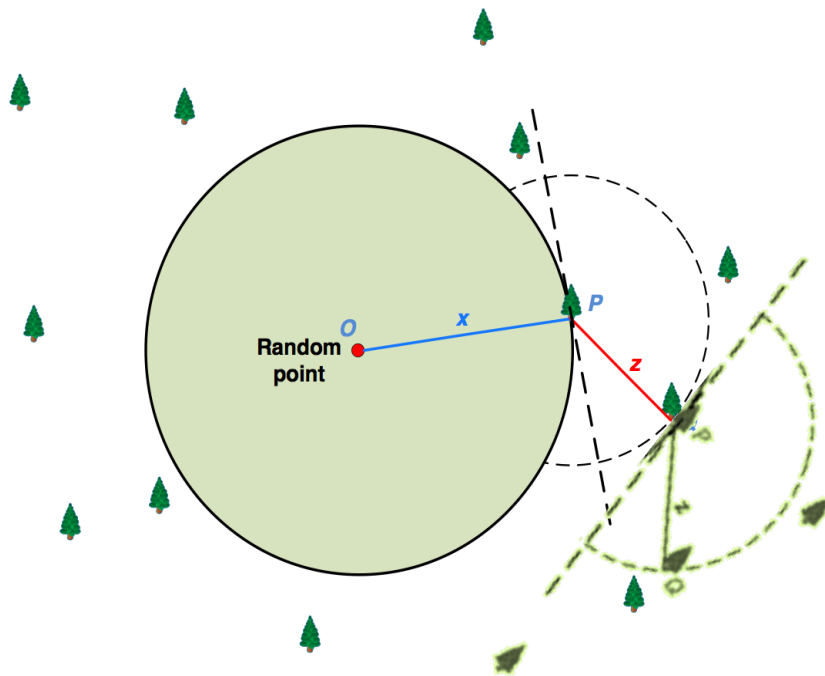
## Patrón espacial para organismos basado en distancia

Este es uno de los métodos de muestreo para determinar patrón espacial



1. Se ubica un punto aleatorio.
2. Se busca el individuo de interés más próximo y se anota la distancia del punto aleatorio a ese individuo (X).
3. Se busca el vecino más cercano al individuo en un semicírculo al frente y se anota la distancia (Z).


## Patrón espacial para organismos basado en distancia



- El siguiente paso es buscar del vecino más cercano, el nuevo individuo más cercano a este; de la misma manera, empleando un semicírculo hacia el frente
- Se anota esta nueva distancia (Z).
- No debe perderse el orden en la secuencia en que se han anotado las distancias entre individuos.

## Patrón espacial para organismos basado en distancia

Punto de muestreo	Distancia (x) al individuo observado (m)	Distancia (z) al vecino más cercano (m)
1	12.6	8.7
2	8.7	11.0
3	11.0	6.7
4	6.7	5.5



Si se sigue esta dinámica en la toma de datos,  
La distancia del punto aleatorio al individuo más cercano es x. La distancia de este individuo a su vecino más cercano es z.

Para el punto de muestreo 2, la distancia z anotada en el punto de muestreo 1 es ahora la distancia x, y se busca el nuevo vecino más cercano (z) y así sucesivamente.

Otra opción es crear puntos aleatorios en cada ocasión y de ahí tomar la distancia x y z cada vez

## Patrón espacial para organismos basado en distancia

### Patrón espacial

Estadístico de Hines and Hines (1979)

$$h_T = \frac{2n[2 \sum (x_i^2) + \sum (z_i^2)]}{[(\sqrt{2} \sum x_i) + \sum z_i]^2}$$

$h_T$  = Prueba de Hines para aleatoriedad por muestreo T

$n$  = Tamaño de muestra (no. de puntos de muestreo)

$x_i$  = Distancia del punto al individuo

$z_i$  = Distancia al vecino más cercano

Punto de muestreo	Distancia (x) al individuo observado (m)	Distancia (z) al vecino más cercano (m)
1	12.6	8.7
2	8.7	11.0
3	11.0	6.7
4	6.7	5.5
5	5.5	19.4

El valor de  $h_T$  para aleatorio es 1.27, por arriba es agregado por debajo es uniforme (regular)  
Pero debe probarse según el número de puntos muestreados  
Al menos 5 puntos son necesarios

## Patrón espacial para organismos basado en distancia

El valor de  $h_t$  se busca en la tabla de Hines & Hines (1979).

Tomando en cuenta  
Numero de puntos de muestreo y el  
alfa

Por ejemplo para 20 puntos de muestreo  
con un alfa de 0.05 el valor de  $h_t$  debe ser  
menor que 1.1772 para ser **regular**

Mientras para esa misma cantidad de  
puntos de muestreo y alfa, ocupa ser  
mayor que 1.3748 para ser **agregado**

$n/\alpha$	Regular alternative				Aggregated alternative			
	0.005	0.01	0.025	0.05	0.05	0.025	0.01	0.005
5	1.0340	1.0488	1.0719	1.0932	1.4593	1.5211	1.6054	1.6727
6	1.0501	1.0644	1.0865	1.1069	1.4472	1.5025	1.5769	1.6354
7	1.0632	1.0769	1.0983	1.1178	1.4368	1.4872	1.5540	1.6060
8	1.0740	1.0873	1.1080	1.1268	1.4280	1.4743	1.4743	1.5821
9	1.0832	1.0962	1.1162	1.1344	1.4203	1.4633	1.4539	1.5623
10	1.0912	1.1038	1.1232	1.1409	1.4136	1.4539	1.4456	1.5456
11	1.0982	1.1105	1.1293	1.1465	1.4078	1.4456	1.4384	1.5313
12	1.1044	1.1164	1.1348	1.1515	1.4025	1.4384	1.4319	1.5189
13	1.1099	1.1216	1.1396	1.1559	1.3978	1.4319	1.4261	1.5080
14	1.1149	1.1264	1.1439	1.1598	1.3936	1.4261	1.4209	1.4983
15	1.1195	1.1307	1.1479	1.1634	1.3898	1.4209	1.4098	1.4897
17	1.1292	1.1399	1.1563	1.1710	1.3815	1.4098	1.4008	1.4715
20	1.1372	1.1475	1.1631	1.1772	1.3748	1.4008	1.3870	1.4571
25	1.1498	1.1593	1.1738	1.1868	1.3644	1.3870	1.3768	1.4354
30	1.1593	1.1682	1.1818	1.1940	1.3565	1.3768	1.3689	1.4197
35	1.1668	1.1753	1.1882	1.1996	1.3504	1.3689	1.3625	1.4077
40	1.1730	1.1811	1.1933	1.2042	1.3455	1.3625	1.3572	1.3981
45	1.1782	1.1859	1.1976	1.2080	1.3414	1.3572	1.3528	1.3903
50	1.1826	1.1900	1.2013	1.2112	1.3379	1.3528	1.3377	1.3837
75	1.1979	1.2043	1.2139	1.2223	1.3260	1.3377	1.3260	1.3619
100	1.2073	1.2130	1.2215	1.2290	1.3189	1.3289	1.3189	1.3492
150	1.2187	1.2235	1.2307	1.2369	1.3105	1.3184	1.3105	1.3344
200	1.2257	1.2299	1.2362	1.2417	1.3055	1.3122	1.3055	1.3258
300	1.2341	1.2376	1.2429	1.2474	1.2995	1.3049	1.2995	1.3158
400	1.2391	1.2422	1.2468	1.2509	1.2960	1.3006	1.2960	1.3099
500	1.2426	1.2454	1.2496	1.2532	1.2936	1.2977	1.2936	1.3059



# Bibliografía

Krebs, C. J. (1999). *Ecological Methodology*. 2a ed. Benjamin Cummings.



**Capítulo 6**

Smith, T. & R. Smith. (2007). *Ecología*. 6a Ed. Pearson Education.



**Capítulo 9**