



---

## Tablas de vida y ciclo gonotrófico de *Lutzomyia longiflocosa* (Diptera:Psychodidae) en Campoalegre, Huila.

- **Nombre del consultante:** Miguel Ángel Beltrán Ruiz.
- **Programa:** Maestría en Biología.
- **Facultad:** Ciencias.
- **Consultores:** Andrés Felipe Franco Valero, Luisa Fernanda Guantiva Vargas, Daniel Felipe Hernandez Montoya, Valeria Ramírez Sánchez y Anni Melissa Velandia Echeverry.
- **Fecha de inicio:** 11 de Mayo de 2022
- **Palabras clave:** Estimador, mosquito, muestra, error estándar, estadística.

### 1. Introducción

Los flebótomos son dípteros pertenecientes a la subfamilia Phlebotominae que son de gran importancia en salud pública debido a la transmisión de diferentes parásitos. En particular se habla de la leishmaniasis, una enfermedad parasitaria transmitida por estos organismos donde el 95 % de sus casos son brotes cutáneos.

La biología de estos organismos no es muy conocida, puesto que son muy sensibles a cambios ambientales y esto genera dificultad para el estudio en condiciones de laboratorio. La propuesta de trabajo es conocer los parámetros biológicos de esta especie para esclarecer su biología, es decir, su ciclo de vida donde pasa de huevo a adulto, con estaciones medias de larva y pupa. Una herramienta para estudiar esos ciclos se conoce como tabla de vida y ésta será utilizada en este análisis.

### 2. Objetivos

- **Objetivo General**

Analizar las tablas de vida y el ciclo gonotrófico de *L. longiflocosa* en condiciones de laboratorio y de semi-campo, en Campoalegre, Huila.

## ■ Objetivos Específicos

1. Determinar las tablas de vida de *L. longiflocosa* en condiciones de laboratorio y de semi-campo.
2. Comparar el ciclo de vida de *L. longiflocosa* en condiciones de laboratorio y de semi-campo..
3. Estimar el ciclo gonotrófico de *L. longiflocosa* en condiciones de semi-campo.

## ■ Zona de estudio

- Semi-campo: Se montara un puesto de trabajo en un hábitat de bosque húmedo tropical y se colocara la cohorte de hembras en el puesto de trabajo.
- Laboratorio: Se transportara a los laboratorios de la Universidad de la Salle, sede candelaria, Bogotá D.C.

## ■ Area de Muestreo

- Colombia y departamento del Huila.
- Departamento del Huila y municipio de Campoalegre
- Campoalegre y vereda Venecia.

## 3. Problema de consultoría estadística

El consultante solicita una explicación del artículo "Building matrix population models when individuals are non-identifiable" de ?, además se crea un algoritmo que genere las matrices y estimaciones de los parámetros que solicita el consultante.

## 4. Análisis de la información

El consultante suministró los datos para el análisis del estudio que fue recolectado con una cohorte de 100 hembras para estudiar el ciclo de vida en semi-campo y en laboratorio en 3 diferentes lugares. Las hembras se transferirán a un recipiente de plástico de 6oz con fondo de yeso y posteriormente se transferirán a una nevera de icopor y se revisaran diariamente cantidad, estadio, supervivencia y mortalidad.

### 4.1. Variables del Ciclo de vida

- N.o Huevos ovopositados/hembra
- N.o Huevos retenidos/hembra

- Longevidad de la hembra parental (días)
- N.º huevos eclosionados - (fecha de ovoposición- fecha de eclosión)
- N.º individuos por estadio
- Longevidad por estadio pre-reproductivo
- N.º Adultos hembra emergidos/Hembra
- Longevidad de adultos hembra F1 (Días)
- N.º Adultos macho emergidos/Hembra
- Longevidad adultos macho F (Días)

## 4.2. Metodologías estadísticas utilizadas

Se utiliza un modelo de población de matriz (MPM), estos modelos consideran el ciclo de vida de un individuo como compuesto por estados para construir una matriz que contiene la probabilidad de transiciones entre estos estados, así como contribuciones de descendencia per cápita sexual y/o asexual. La parametrización de un MPM se puede utilizar con datos de cohortes cuando los individuos son no identificables; este procedimiento no requiere información de los tiempos de desarrollo (o residencia escénica), que los procedimientos actuales exigen estimar externamente, y es una fuente frecuente de error.

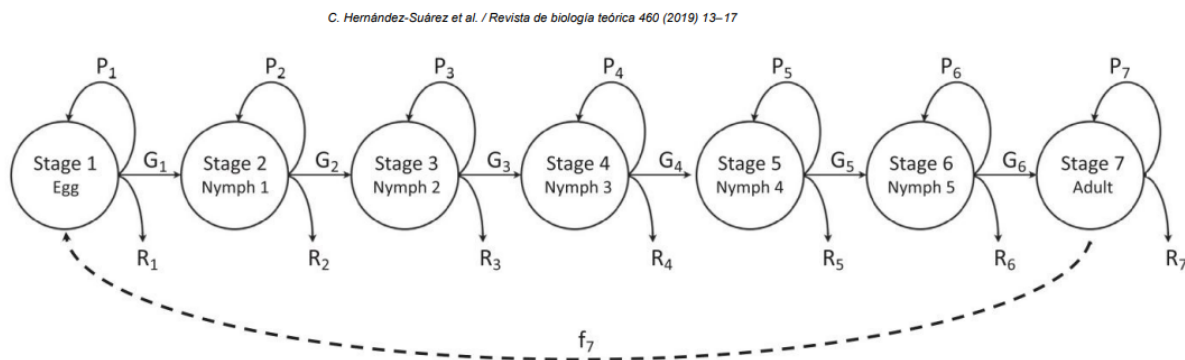


Fig. 1. Ejemplo de gráfico de ciclo de vida con siete etapas correspondientes a las matrices U y F.

### 4.2.1. Estimación de parámetros para datos no identificables y no de cohorte

Un modelo matricial se compone de una matriz (U) de probabilidades de transiciones entre etapas, y una matriz de fertilidad (F) así:

$$\mathbf{U} = \begin{pmatrix} P_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ G_1 & P_2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & G_2 & P_3 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & G_3 & P_4 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & G_4 & P_5 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & G_5 & P_6 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & G_6 & P_n \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & f_n \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Donde:

- $n$  el numero de etapas.
- $\hat{G}_i = \frac{\sum^k x_i}{\sum^k n_i} = \frac{\text{Número de muertes observadas en el estado } i}{\text{Número total de unidades de observación en el estado } i}$
- $\hat{R}_i = \frac{\sum^k y_i}{\sum^k n_i} = \frac{\text{Número de 'graduaciones' observadas en el estado } i}{\text{Número total de unidades de observación en el estado } i}$
- $\hat{P}_i = 1 - \hat{R}_i - \hat{G}_i$
- $f_i = \frac{\text{Descendencia total producida por individuos en el estado } i}{\text{Número total de unidades de observación en el estado } i}$

### 4.3. Variables y parámetros de interés

#### Rasgos de Historia de Vida

- $I$  Matriz identidad, con unos en la diagonal y ceros alrededor.
- $\mathbf{e}_1$  Vector canónico.
- $\mathbf{1}$  Vector de unos.
- $\mathbf{N} = (\mathbf{I} - \mathbf{U})^{-1}$  Matriz inversa de la resta de la identidad y la matriz  $\mathbf{U}$ .
- $\mathbf{c}$  constante de Tiempo promedio de nacimiento de la descendencia (ver *A note on the generation time-* Carlos Moisés Hernández Suárez).
- $\lambda$  Tasa de crecimiento de la población por unidad de tiempo.

- $L = \mathbf{1}'\mathbf{N}\mathbf{e}_1$  La longevidad o el promedio de vida.
- $\mathbf{R}_0 = \mathbf{1}'\mathbf{F}\mathbf{N}\mathbf{e}_1$  Número reproductivo básico (la descendencia promedio producida por un individuo durante su la descendencia promedio producida por un individuo durante su vida).
- $\mu_1 = R_0^{-1}\mathbf{1}'\mathbf{F}\mathbf{N}\mathbf{U}\mathbf{N}\mathbf{e}_1 + c$  Edad promedio de los padres a la que se produce la descendencia.
- $\bar{\mathbf{A}} = \mathbf{1}'\mathbf{F}\mathbf{M}\mathbf{V}\mathbf{M}\mathbf{e}_1 + c$  Edad promedio de padres de la descendencia en una unidad de tiempo cuando la población a alcanzado una distribución estatal estable.
- $\mathbf{V} = \lambda^{-1}\mathbf{U}, \mathbf{M} = (\mathbf{I} - \mathbf{V})^{-1}$
- $\bar{T} = \log R_0 / \log \lambda$  Tiempo requerido para que una población aumente un factor.

#### 4.3.1. Procedimiento y/o código

## 5. Código en

El código presentado a continuación simula la estimación de parámetros para 1 hembra, posteriormente se procederá a generalizar para las 80 hembras de las que se tiene información:

```

1 #install.packages("popbio")
2 #library(popbio)
3 #library(MASS)
4 #install.packages("matlib")
5 #library(matlib)
6 #install.packages("Rage")
7 #library(Rage)
8 ##MATRIZ DE TRANSICION PARA 1 HEMBRA##
9 #el primer paso es calcular los G_i,R_i y P_i
10 #G_i= numero de transiciones del estado i al i+1/ numero de unidades de
    observacion
11 G1<-9/12 #pase a larva 1
12 G2<-7/9  #pase a larva 2
13 G3<-7/7  #pase a larva 3
14 G4<-6/7  #pase a larva 4
15 G5<-6/6  #pase a pupa
16 G6<-4/6  #pase a adulto
17 G7<-3/4
18 #R_i= numero de muertes en el estado i/ numero de unidades de observacion
19 R1<-3/12  #mueren 3 huevos de 12
20 R2<-2/9   #mueren 2 ind de larva 1
21 R3<-0     #mueren 0 ind en larva 2

```

```

22 R4<-1/7      #mueren 1 ind de larva 3
23 R5<-0       #mueren 2 ind de larva 4
24 R6<-2/6     #mueren 0 ind de pupa
25 R7<-1/4
26 #P_i= 1 - R_i - G_i
27 P1<- 1-R1-G1 #probabilidad de que permanezca en huevo
28 P2<- 1-R2-G2 #probabilidad de que permanezca en larva 1
29 P3<- 1-R3-G3 #probabilidad de que permanezca en larva 2
30 P4<- 1-R4-G4 #probabilidad de que permanezca en larva 3
31 P5<- 1-R5-G5 #probabilidad de que permanezca en larva 4
32 P6<- 1-R6-G6 #probabilidad de que permanezca en pupa
33 P7<- 1-R7-G7
34 #creamos la matriz U de transicion
35 U<-matrix(c(P1,0,0,0,0,0,0,
36             G1,P2,0,0,0,0,0,
37             0,G2,P3,0,0,0,0,
38             0,0,G3,P4,0,0,0,
39             0,0,0,G4,P5,0,0,
40             0,0,0,0,G5,P6,0,
41             0,0,0,0,0,G6,P7), byrow = TRUE, ncol = 7)
42 #solve(U) #problema porque u no es invertible. hasta que estadio va? se
    toma macho y hembra?
43 colnames(U)<-c("huevo","larva1","larva2","larva3","larva4","pupa","adulto"
    )
44 rownames(U)<-c("huevo","larva1","larva2","larva3","larva4","pupa","adulto"
    )
45 U
46 #creamos la matriz F que muestra la descendencia (vamos a suponer que 1
    hembra tiene 11 huevos)
47 #f_i= Descendencia total producida por individuos en el estado i/Unidades
    totales de observaci n en el estado i
48 f7=11/6
49 f<-matrix(c(0,0,0,0,0,0,f7,
50             0,0,0,0,0,0,0,
51             0,0,0,0,0,0,0,
52             0,0,0,0,0,0,0,
53             0,0,0,0,0,0,0,
54             0,0,0,0,0,0,0,
55             0,0,0,0,0,0,0), byrow = TRUE, ncol = 7)
56 ##ESTIMACIONES##
57 I<-diag(1,ncol = 7, nrow = 7)# matriz identidad
58 V1<- rep(1,7) #vector de unos
59 e<- c(1,0,0,0,0,0,0) #vector canonico
60 c<- runif(1,0,1) #constante de Tiempo promedio de nacimiento de la
    descendencia (ver A note on the generation time- Carlos Mois s
    Hern ndez Su rez)

```

```

61 Lambda<-lambda(U) #tasa de crecimiento de la poblaci n por unidad de
    tiempo. Es decir, si  $n(t)$  es el tama o total de la poblaci n en el
    momento  $t$ , entonces  $n(t + 1) = ?? n(t)$ .
62
63 N= solve(I-U)#SOLVE ES INVERSA
64 L=t(V1)%*%N%*%e
65 L=longevity(U, start = 1L, x_max = 1000, lx_crit = 0.01) #
66 R_0=t(V1)%*%f%*%N%*%e
67 mu_1= ((1/R_0)%*%t(V1)%*%f%*%N%*%U%*%N%*%e)+c
68 V=(1/Lambda)*U
69 M=solve(I-V)
70 A=(t(V1)%*%f%*%M%*%V%*%M%*%e)+c
71 t=log(R_0)/log(Lambda)
72 t=gen_time(U,f)
73 #Calcule la media y la varianza de la esperanza de vida a partir de un
    modelo de poblaci n matricial
74 life_expect_mean(U, start = 1L)
75 life_expect_var(U, start = 1L)
76 life_expect(U, start = 1L)

```

## 5.1. Resultados

A espera de que el cliente envíe los datos de todas las hembras para poder realizar el análisis completo de las tablas de vida con la totalidad de las hembras.

## 6. Bitácora

- **Fecha de inicio:** Marzo 11 de 2022
- **Fecha de terminación:** -

	<b>Fecha</b>	<b>Avances</b>
1	Mayo 11	El cliente solicita ayuda estadística para entender los conceptos teórico-estadísticos del artículo Building matrix population models when individuals are non-identifiable, en el cual se esta basando su estudio de analizar las tablas de vida y ciclo gonotrófico de L. longiflora. Envío la presentación con la introducción, justificación, objetivos y artículos de referencia.
2	Mayo 13	El cliente envió la presentación con la introducción, justificación, objetivos, artículo de referencia y un ejemplo de como son las tablas de vida para el mejor entendimiento del problema.
3	Mayo 26	Se le pregunta al cliente si puede asistir a una presentación del artículo de su tesis sobre Building Matrix Populations el día 1 de junio a cargo de Andrés Sebastián Ríos que está trabajando este tema en el Doctorado en Estadística junto al Profesor Viswanathan Arunachalam.
4	Junio 1	Se cancela la reunión con el cliente por problemas de salud del estudiante de doctorado Andrés Sebastián Ríos y se pospone la reunión.
5	Junio 14	El estudiante de doctorado Andrés Sebastián Ríos realiza una reunión por zoom con el cliente, explica el articulo y las dudas.
6	Junio 16	Se realiza una reunión presencial en donde se le presenta al cliente algunas opciones para modelar este tema en el software estadístico R.
2	Julio 16	Se hace entrega del informe con los resultados finales.