

DOS PROGRAMAS DE COMPUTADORA PARA CONFECCIONAR TABLAS DE VIDA DE FERTILIDAD Y CALCULAR PARÁMETROS BIOLÓGICOS Y DEMOGRÁFICOS EN ÁFIDOS (HOMOPTERA: APHIDOIDEA)

RUBÉN LA ROSSA¹ y NANCY KAHN¹

RESUMEN

El conocimiento de la biología y el potencial de crecimiento de una población de insectos plaga resulta crucial para el estudio de su dinámica y para establecer tácticas de manejo. La duración de las fases del desarrollo y la estimación del crecimiento poblacional obtenidos de una tabla de vida de fertilidad, constituyen importantes parámetros biológicos. Los principales parámetros asociados con una tabla de vida de fertilidad son: tasa neta de reproducción (R_0), tasa intrínseca de crecimiento (r_m), tiempo generacional medio (T), tasa finita de crecimiento (λ) y tiempo de duplicación (D). Para calcular el error estándar del estimador de r_m se usa el procedimiento "Jackknife", el cual también es aplicable a los demás parámetros de la tabla de vida. El método supone el uso intensivo de una computadora y requiere programas rápidos, eficaces y fiables. El objetivo de este trabajo fue el desarrollo de programas para confeccionar tablas de vida de fertilidad y estimar valores promedios y errores estándares de los principales parámetros biológicos y demográficos de cohortes experimentales de áfidos en laboratorio. Se obtuvieron dos

¹ Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola. CICV y A-INTA. CC 25 1712 Castelar. Provincia de Buenos Aires. Argentina. E-mail: rlarossa@cnia.inta.gov.ar nkahn@cnia.inta.gov.ar

programas autoejecutables: TABLAVI y PERIOD. Se exponen, además, algunas consideraciones y sugerencias sobre su utilización en insectos con metamorfosis completa.

Palabras clave: *tasa intrínseca de crecimiento natural, cohorte, programa.*

SUMMARY

TWO COMPUTER PROGRAMS TO COMPOUND FERTILITY LIFE TABLES AND CALCULATE BIOLOGICAL AND DEMOGRAPHIC PARAMETERS IN APHIDS. (HOMOPTERA: APHIDOIDEA).

Knowledge of biology and population growth potential is crucial for studying its dynamics and establishing management tactics for pest control. Biological parameters such as the duration of developmental stages and population growth obtained from fertility life tables are important for that knowledge. The main parameters associated with a fertility life table are the net reproductive rate (R_0), intrinsic rate of increase (r_m), mean generation time (T), finite rate of increase (λ) and the doubling time (D). Jackknife procedure is used to calculate the standard error of the r_m estimate, which can be extended to the other parameters of life tables. The method is computer-intensive and requires the use of quick, efficient and reliable programs that permit the comparison between experimental cohorts of aphids in laboratory. The objective of this work was to develop computer programs in order to compound fertility life tables and calculate the main biological and demographic parameters of experimental aphid populations under laboratory conditions. Two autoexecutable, high capacity, ease to use and efficient programs, so called TABLAVI and PERIOD, were obtained. Some considerations and suggestions about the use of the programs in other insects with complete metamorphosis are also exposed.

Key words: *intrinsic rate of increase, cohort, software*

INTRODUCCIÓN

El conocimiento de la biología y el potencial de crecimiento de una población de insectos plaga resultan cruciales para el estudio de su dinámica y para establecer tácticas de manejo. La determinación de la capacidad de reproducción de una o varias especies

constituye un aspecto fundamental en el estudio de poblaciones de organismos vivos. La confección de tablas de vida permite la estimación de los estadísticos necesarios para caracterizar dichas poblaciones (Rabinovich, 1980).

La tasa intrínseca de crecimiento natural (r_m) es un estimador estandarizado que expresa el potencial reproductivo de una población de insectos (Birch, 1948; Soutwood, 1994) y al mismo tiempo puede ser usado con carácter predictivo y comparativo. Este estadístico ha sido utilizado ampliamente en el estudio de enemigos naturales y huéspedes para la elaboración de estrategias de control (Orphanides y Gonzáles, 1971) y también para evaluar la posible resistencia de variedades o cultivares de vegetales económicamente importantes frente a poblaciones de insectos plaga (Trichilo y Leigh, 1985).

El cálculo rápido y preciso de la r_m así como de otros estadísticos asociados, requiere el uso intensivo de un ordenador con un programa adecuado y adaptado a la especie que se desea estudiar. Existen algunos antecedentes sobre este tipo de programas (Chi y Liu, 1985; Abou-Setta *et al*, 1986; Hulting *et al*, 1990). Algunos de ellos necesitan laboriosos acondicionamientos previos de los datos de entrada, otros no calculan las medidas de dispersión asociadas, que son indispensables para la comparación de los grupos. Existen programas que si bien calculan estadísticos de posición y dispersión, asumen que todos los nacimientos de crías se producen simultáneamente.

Maia *et al.*, (2000) y Satar y Yokomi (2002) realizan una exhaustiva exposición del tema y presentan programas y procedimientos para la estimación de parámetros y sus intervalos de confianza utilizando el sistema de análisis estadístico SAS (SAS Institute, 1985). El uso de este programa implica la disponibilidad de una licencia de uso de software que puede ser muy costosa para nuestro país.

El objetivo del presente trabajo fue desarrollar programas de libre distribución, que permitiesen la entrada de los datos tal cual surgen del seguimiento individual de cada integrante de una

cohorte y el cálculo del respectivo error estándar de los estimadores de los principales estadísticos asociados a tablas de vida.

También se contemplaron como características adicionales la confección de una matriz edad-estado, las duraciones medias de los distintos estados de desarrollo y la disposición de salidas para la posterior edición de tablas y gráficos.

MATERIAL Y MÉTODO

Se utilizó el programa QBASIC V. 6.0 para obtener dos programas autoejecutables y se revisaron varios modelos de planillas de seguimiento usadas en la cría de áfidos para adecuar y compatibilizar con ellos el modo de ingreso de los datos a los programas.

RESULTADOS

Se obtuvieron dos programas autoejecutables denominados TABLAVI y PERIOD. La entrada principal de ambos programas consiste en una matriz escrita con un editor de textos o planilla de cálculo externos guardados en un archivo de texto y en el cual cada elemento de dicha matriz debe estar separado por una coma. Las filas corresponden a los individuos y las columnas a las unidades de tiempo. Esta matriz es idéntica a la mayoría de las planillas de seguimiento diario comúnmente usadas para el estudio de cohortes de áfidos y de otros insectos en crías de laboratorio.

Los programas, concebidos para trabajar con formas partenogenéticas de áfidos, admiten hasta 4 estadios preimaginales, designados con las expresiones alfanuméricas n1, n2, n3 y n4. Una vez que el individuo alcanza el estado adulto se registra la cantidad de descendientes mediante números. Una barra invertida (\) señala la muerte de la hembra. La fila se completa con dichas barras hasta el final de las observaciones, esto es cuando muere la

última hembra de la cohorte. La inclusión de espacios en blanco conducirá inevitablemente a errores de lectura.

En la figura 1 se muestra la matriz de entrada de una cohorte imaginaria compuesta por 20 individuos y una duración total de 38 días.

Figura 1. Matriz de entrada correspondiente a las observaciones diarias de una cohorte de 20 individuos con una duración máxima de 38 días.

| |
|---|
| n1,n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,2,3,3,3,2,3,2,2,1,2,3,2,2,1,3,3,3,3,1,1,1,0,0,\ |
| n1,n1,n2,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,0,5,4,4,3,2,3,3,4,4,4,3,3,3,2,2,2,1,1,\,\,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n3,n3,n4,n4,0,3,3,4,4,2,4,3,3,5,5,4,4,3,3,3,2,2,1,1,1,0,0,0,0,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,4,4,2,4,4,2,2,2,3,3,3,2,2,1,2,1,1,3,0,\,\,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,0,1,1,1,3,2,2,2,2,4,3,4,3,2,2,3,3,2,1,1,2,0,0,0,\,\ |
| n1,n1,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,2,3,2,3,5,4,4,3,2,4,4,3,3,3,1,1,2,2,1,1,1,1,0,0,0,\,\ |
| n1,n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,0,2,1,3,2,4,4,3,4,3,3,3,3,2,2,1,1,1,1,1,0,\ |
| 1,0,\ |
| n1,n1,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n3,n3,n4,n4,0,0,0,2,1,2,2,1,2,1,4,4,2,2,4,3,3,2,2,1,1,0,0,0,\,\,\ |
| n1,n1,n2,n2,\, |
| n1,n1,n2,n2,n3,n3,n3,n3,n4,n4,0,2,2,2,2,2,2,1,4,3,3,3,3,2,2,2,1,1,0,0,0,0,\,\,\,\ |
| n1,n1,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,0,0,0,2,2,4,3,3,5,4,4,3,4,4,4,5,5,5,4,4,2,0,0,0,0,\,\,\, |
| n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n4,n4,0,0,1,1,3,2,3,3,3,4,4,4,4,4,4,3,2,5,4,4,2,2,4,2,2,1,0,\ |
| n1,n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,0,2,2,2,2,3,3,3,4,4,3,3,2,1,1,1,0,\,\,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,0,0,1,1,1,1,2,4,4,3,2,1,2,2,1,2,3,2,3,3,2,1,1,\,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,0,0,1,2,2,1,5,4,5,5,4,4,4,3,3,3,4,2,2,2,1,1,0,0,0,\ |
| \ |
| n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,0,0,1,1,2,1,1,2,2,2,1,3,3,2,1,4,3,2,1,0,0,0,\,\,\,\ |
| n1,n1,n1,n1,n2,n2,n3,n3,n4,n4,0,1,1,1,1,3,3,2,3,2,2,1,4,4,4,3,3,1,1,2,1,1,1,0,0,0,\,\ |
| n1,n1,n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n4,n4,0,0,1,1,3,3,1,3,3,3,2,4,4,4,4,3,2,2,3,2,1,1,1,1,0,\ |
| n1,n1,n2,n2,n2,n3,n3,n3,n4,n4,n4,0,0,4,4,4,4,4,3,4,4,3,3,2,2,3,3,1,1,2,1,0,0,\,\,\,\ |

1. Programa para construir tablas de vida (TABLAVI)

Al comenzar la ejecución del programa, éste presenta una breve introducción y algunas instrucciones. La segunda pantalla (Fig. 2), pregunta el nombre de la especie, el número de individuos iniciales, el tiempo transcurrido desde el inicio (Edad 0) hasta la muerte de la última hembra y la unidad de tiempo. Ingresada esa información, se confirma si las entradas son o no correctas. En caso negativo el programa las borra y permite proceder a su co-

Figura 2. Aspecto de la pantalla que detalla las entradas iniciales necesarias para correr el programa.

Entradas iniciales

Nombre de la especie: ? Aphis sp

Número de individuos iniciales ? 20

Tiempo desde la edad 0 hasta la muerte de todas las hembras? 38

Unidades de Edad: ? días

Son correctas las entradas iniciales (S/N)? s

Entre el nombre del archivo de datos: ? a:\ci2038.txt

rección. Finalmente, con el ingreso del nombre y la extensión del archivo que contiene la matriz de datos, se completa esa pantalla. Una vez pulsada la tecla "ENTER", y en ausencia de errores en la escritura del archivo de datos, el programa se ejecuta. Tras la ejecución de los primeros cálculos, se presenta la opción de expresar la tabla de vida sobre la base de 1 o 1000 individuos y si se desea aplicar el método "Jackknife".

Si se contesta afirmativamente esta última opción, el programa muestra sucesivamente los parámetros de los subgrupos resultantes de la ejecución del método deteniéndose recién en el último subgrupo (Fig. 3).

En las pantallas siguientes se expone la tabla de vida completa de la cohorte (Fig. 4) y luego en otras dos se presentan las opciones de imprimir o guardar en disco.

Finalmente, aparece una tabla con todos los parámetros calculados junto con sus correspondientes EE, así como los límites

Figura 3. Aspecto que presenta la pantalla cuando se detiene como resultado del "jackknife".

```

Subgrupo: 20
ro: 45.06557
rm: .1906497
tg: 22.5303
vr: 284.5498
tc: 19.97443
td: 3.635712
rc: .1690221

Presione una tecla para continuar
    
```

Figura 4. Pantalla con la tabla de vida completa de la cohorte ensayada.

Tabla de vida de la cohorte: ci2038.txt (Aphis sp)

| x | dx | lx | qx | ex | mx | vx |
|------|-----|------|------|--------|-------|--------|
| .5 | 0 | 1000 | 0 | 32.15 | 0 | 1.1 |
| 1.5 | 50 | 1000 | 50 | 31.15 | 0 | 1.331 |
| 2.5 | 0 | 950 | 0 | 31.763 | 0 | 1.695 |
| 3.5 | 50 | 950 | 53 | 30.763 | 0 | 2.05 |
| 4.5 | 0 | 900 | 0 | 31.444 | 0 | 2.619 |
| 5.5 | 0 | 900 | 0 | 30.444 | 0 | 3.168 |
| 6.5 | 0 | 900 | 0 | 29.444 | 0 | 3.833 |
| 7.5 | 0 | 900 | 0 | 28.444 | 0 | 4.637 |
| 8.5 | 0 | 900 | 0 | 27.444 | 0 | 5.611 |
| 9.5 | 0 | 900 | 0 | 26.444 | 0 | 6.788 |
| 10.5 | 0 | 900 | 0 | 25.444 | 0 | 8.213 |
| 11.5 | 0 | 900 | 0 | 24.444 | .5 | 9.936 |
| 12.5 | 0 | 900 | 0 | 23.444 | .778 | 11.417 |
| 13.5 | 0 | 900 | 0 | 22.444 | 1.056 | 12.872 |
| 14.5 | 0 | 900 | 0 | 21.444 | 1.611 | 14.296 |
| 15.5 | 0 | 900 | 0 | 20.444 | 2.611 | 15.347 |
| 16.5 | 0 | 900 | 0 | 19.444 | 2.5 | 15.409 |
| 17.5 | 0 | 900 | 0 | 18.444 | 2.556 | 15.618 |
| 18.5 | 0 | 900 | 0 | 17.444 | 3.056 | 15.803 |
| 19.5 | 0 | 900 | 0 | 16.444 | 2.944 | 15.423 |
| 20.5 | 0 | 900 | 0 | 15.444 | 3.278 | 15.098 |
| 21.5 | 0 | 900 | 0 | 14.444 | 2.778 | 14.3 |
| 22.5 | 0 | 900 | 0 | 13.444 | 3.333 | 13.941 |
| 23.5 | 0 | 900 | 0 | 12.444 | 3.111 | 12.833 |
| 24.5 | 0 | 900 | 0 | 11.444 | 3.056 | 11.763 |
| 25.5 | 0 | 900 | 0 | 10.444 | 2.778 | 10.534 |
| 26.5 | 0 | 900 | 0 | 9.444 | 2.778 | 9.384 |
| 27.5 | 0 | 900 | 0 | 8.444 | 2.444 | 7.993 |
| 28.5 | 0 | 900 | 0 | 7.444 | 2.333 | 6.713 |
| 29.5 | 0 | 900 | 0 | 6.444 | 2 | 5.299 |
| 30.5 | 0 | 900 | 0 | 5.444 | 1.556 | 3.991 |
| 31.5 | 0 | 900 | 0 | 4.444 | 1.389 | 2.947 |
| 32.5 | 100 | 900 | 111 | 3.444 | 1.056 | 1.885 |
| 33.5 | 150 | 800 | 188 | 2.813 | .5 | 1.129 |
| 34.5 | 150 | 650 | 231 | 2.346 | .462 | .937 |
| 35.5 | 100 | 500 | 200 | 1.9 | .5 | .748 |
| 36.5 | 100 | 400 | 250 | 1.25 | .375 | .375 |
| 37.5 | 300 | 300 | 1000 | .5 | 0 | 0 |

Presione una tecla para continuar

del intervalo de confianza al 95 % de la tasa esperada (Fig. 5) En las dos pantallas siguientes se presentan, al igual que en el caso anterior, las opciones de imprimir o guardar en disco.

Algoritmos y Tablas de Resultados

En la tabla de vida (Fig.4), la primera columna contiene el punto medio de los intervalos de edad entre dos edades sucesivas, según la fórmula

$$x = \frac{X + (X + 1)}{2} \quad (1)$$

donde x: punto medio del intervalo de edad; X : edad. La segunda

columna (d_x) corresponde a la proporción de individuos que mueren en la edad x .

La columna siguiente (l_x) es la proporción de individuos sobrevivientes a la edad x .

$$l_x = \frac{N_x}{N_0} \quad (2)$$

donde N_x es el número de individuos vivos en la edad x y N_0 es el número inicial de individuos. Se multiplica por 1000 en caso de expresarse sobre esta base.

La cuarta columna (q_x) representa la probabilidad de morir en la edad x .

$$q_x = \frac{l_x}{d_x} \quad (3)$$

Para el cálculo de la quinta columna que corresponde a la esperanza de vida (e_x) por edades es necesario calcular primero dos valores: la media de probabilidad de supervivencia entre dos edades sucesivas (L_x) y el número total de unidades de tiempo que le queda por vivir a los sobrevivientes que llegaron a la edad x (T_x).

$$L_x = \frac{l_x + l_{x+1}}{2} \quad (4) \quad T_x = \sum_{i=m}^{i=x} L_i \quad (5)$$

donde m : máxima edad alcanzada. La sumatoria T_x se realiza desde la base hacia arriba en la columna de L_x (desde m hasta la edad x).

$$e_x = \frac{T_x}{L_x} \quad (6)$$

El valor de e_x correspondiente a la primera edad es la expectativa de vida de toda la cohorte.

Las últimas dos columnas están relacionadas con la reproducción. Así, m_x es el promedio de descendientes hembra producidas durante la edad x y V_x es el valor reproductivo de la cohorte en dicha edad.

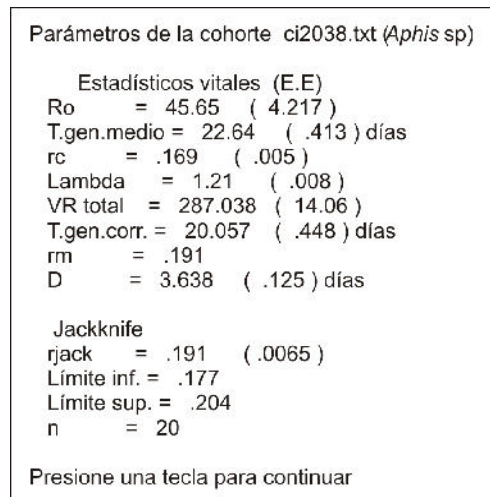
$$m_x = \frac{h_x}{l_x} \quad (7)$$

$$V_x = \frac{e^{rx}}{l_x} \sum_{y=x}^{\infty} e^{-ry} l_y m_y \quad (8)$$

donde h_x es el número total de hembras nacidas durante la edad x y r , la tasa de incremento en función de las edades.

Parámetros demográficos (Fig. 5)

Figura 5. Pantalla con los parámetros de la cohorte estudiada.



La tasa neta de reproducción o tasa de reemplazo, R_0 , es el número promedio de progenie hembra que es capaz de producir cada hembra de la población en toda su vida.

$$R_0 = \sum_{x=0}^{\infty} l_x m_x \quad (9)$$

El tiempo generacional medio, $T.gen.Medio$, es el tiempo promedio

que transcurre entre dos generaciones sucesivas.

$$T.gen.Medio = \frac{\sum x l_x m_x}{\sum l_x m_x} \quad (10)$$

La tasa de incremento o tasa de incremento de la cohorte, rc , es un valor aproximado de la tasa intrínseca de incremento natural r_m y sirve como "semilla" en el cálculo de ésta última.

$$rc = \frac{\ln(R_0)}{T.gen.Medio} \quad (11)$$

Para el cálculo del parámetro r_m , el programa realiza un proceso iterativo utilizando la ecuación de Lotka (Southwood, 1994), a partir de rc .

$$\sum_{x=0}^{\infty} l_x m_x e^{-r_m x} = 1 \quad (12)$$

La tasa finita de multiplicación (λ) expresa el número de individuos que se agrega a la población por individuo y por unidad de tiempo.

$$\lambda = e^{r_m} \quad (13)$$

El valor reproductivo total, VR_{total} , representa el total de los individuos aportados por la cohorte en la generación siguiente.

$$VR_{Total} = \sum_{x=0}^n V_x \quad (14)$$

El tiempo de duplicación, D , es el número de unidades de edad requerido por la población para duplicarse en número.

$$D = \frac{\ln 2}{r_m} \quad (15)$$

El método "jackknife" (Tukey, 1958) es un procedimiento general no paramétrico para obtener un estimador del error estándar de estadísticos que son funciones complejas de los datos,

y que por tanto tienen expresiones analíticas difíciles de derivar, como es el caso de los parámetros involucrados en tablas de vida.

Así como r_m es la solución de la ec. 12 obtenida con todos los datos, r_{mj} ($j= 1, \dots, n$) sería la solución de la misma ecuación después de quitar el individuo j de la cohorte, formando n subgrupos de $n-1$ individuos cada uno, se tienen los denominados "pseudovalores" :

$$\tilde{r}_j = nr_m - (n-1)r_{mj} \quad (16)$$

A su vez, con estos "pseudovalores" se construye primero un nuevo estimador puntual de r , que denominamos r_{jack} y luego un estimador de su EE también por Jackknife

$$r_{jack} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \tilde{r}_j \quad (17)$$

$$EE = \sqrt{\frac{1}{n(n-1)} \sum_{j=1}^n (\tilde{r}_j - r_{jack})^2} \quad (18)$$

Asumiendo que los "pseudovalores" siguen una distribución aproximadamente normal con media r , el intervalo de confianza (IC) para esta media con coeficiente de confianza $100(1-\alpha)\%$, estaría dado por

$$IC = r_{jack} \pm t_{\left(\frac{\alpha}{2}, \frac{v}{2}\right)} . EE \quad (19)$$

donde $v = n-1$ y $t_{\left(\frac{\alpha}{2}, \frac{v}{2}\right)}$ es el cuantil $\alpha/2$ de la distribución t de Student para v grados de libertad. El programa contiene una matriz con todos los valores de la distribución t para $\alpha = 0,05$ desde 1 hasta 100 grados de libertad. Dicha matriz provee los valores de t requeridos por la ec.19.

Programa para calcular los períodos de desarrollo (PERIOD)

La pantalla de entrada de datos iniciales es similar a la representada en la Fig. 2. Una vez completados esos datos, aparece en pantalla la matriz Edad-Estado (Fig. 6). Las columnas de esa matriz contienen: Edad: punto medio del intervalo de edad; n1-n4: nú-

Figura 6. Aspecto de la pantalla mostrando la matriz Edad-Estado de la cohorte ci2038.

| Nombre de la cohorte: ci2038.csv (<i>Aphis</i> sp.) | | | | | | | | |
|--|----|----|----|----|---------|-------|---------|-----------|
| Edad | n1 | n2 | n3 | n4 | n crías | vivas | muertas | crías/hem |
| .5 | 20 | 0 | 0 | 0 | 0 | 20 | 0 | 0 |
| 1.5 | 20 | 0 | 0 | 0 | 0 | 20 | 0 | 0 |
| 2.5 | 12 | 7 | 0 | 0 | 0 | 19 | 1 | 0 |
| 3.5 | 5 | 14 | 0 | 0 | 0 | 19 | 1 | 0 |
| 4.5 | 0 | 15 | 3 | 0 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 5.5 | 0 | 10 | 8 | 0 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 6.5 | 0 | 4 | 14 | 0 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 7.5 | 0 | 0 | 14 | 4 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 8.5 | 0 | 0 | 9 | 9 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 9.5 | 0 | 0 | 2 | 14 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 10.5 | 0 | 0 | 0 | 10 | 0 | 18 | 2 | 0 |
| 11.5 | 0 | 0 | 0 | 7 | 9 | 18 | 2 | .5 |
| 12.5 | 0 | 0 | 0 | 3 | 14 | 18 | 2 | .77 |
| 13.5 | 0 | 0 | 0 | 1 | 19 | 18 | 2 | 1.05 |
| 14.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 29 | 18 | 2 | 1.61 |
| 15.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 47 | 18 | 2 | 2.61 |
| 16.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 45 | 18 | 2 | 2.5 |
| 17.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 46 | 18 | 2 | 2.55 |
| 18.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 55 | 18 | 2 | 3.05 |
| 19.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 53 | 18 | 2 | 2.94 |
| 20.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 59 | 18 | 2 | 3.27 |
| 21.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 50 | 18 | 2 | 2.77 |
| 22.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 60 | 18 | 2 | 3.33 |
| 23.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 56 | 18 | 2 | 3.11 |
| 24.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 55 | 18 | 2 | 3.05 |
| 25.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 50 | 18 | 2 | 2.77 |
| 26.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 50 | 18 | 2 | 2.77 |
| 27.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 44 | 18 | 2 | 2.44 |
| 28.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 42 | 18 | 2 | 2.33 |
| 29.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 36 | 18 | 2 | 2 |
| 30.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 28 | 18 | 2 | 1.55 |
| 31.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 25 | 18 | 2 | 1.38 |
| 32.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 19 | 18 | 2 | 1.05 |
| 33.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 8 | 16 | 4 | .5 |
| 34.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 6 | 13 | 7 | .46 |
| 35.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 5 | 10 | 10 | .5 |
| 36.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 | 8 | 12 | .37 |
| 37.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 6 | 14 | 0 |

Pulse una tecla para continuar

mero de individuos en el correspondiente estadio a la edad x; n crías: número de crías totales producidas en la edad x; vivas: número de hembras aún vivas en cada edad; muertas: número de hembras que murieron hasta ese intervalo de edad y crías/hem: número de crías totales dividido el número de hembras aún vivas en cada edad.

Cuando la cantidad de líneas excede el máximo admitido en una pantalla, la misma se fracciona en pantallas sucesivas. Al final de este proceso, se debe pulsar una tecla para continuar y se presentarán las opciones de imprimir o guardar en archivo la matriz completa.

A continuación aparece una pantalla como la que se muestra en la Fig.7. En ella se detalla la duración de los estados de desarrollo (ninfal, prerreproductivo, reproductivo y postreproductivo), la longevidad (Total), y la producción de descendientes totales (Descend) de cada hembra de la cohorte. Al igual que para la matriz Edad-Estado, esta pantalla puede aparecer fraccionada. Al fi-

Figura 7. Pantalla que muestra la tabla conteniendo la duración de los estados de desarrollo, la longevidad, y la producción de descendientes totales de cada hembra de la cohorte en estudio.

| Duración de los periodos ninfal, prerreproductivo, reproductivo, postreproductivo y número de descendientes de la cohorte ci2038.csv (Aphis sp) | | | | | | | |
|---|--------|-----|---------|-----|------|-------|---------|
| # Ind. | Ninfal | Pre | Nin+Pre | Rep | Post | Total | Descend |
| 1 | 12 | 2 | 14 | 21 | 2 | 37 | 46 |
| 2 | 11 | 3 | 14 | 19 | 0 | 33 | 56 |
| 3 | 9 | 1 | 10 | 20 | 5 | 35 | 60 |
| 4 | 11 | 2 | 13 | 18 | 1 | 32 | 45 |
| 5 | 10 | 1 | 11 | 21 | 4 | 36 | 47 |
| 6 | 9 | 1 | 10 | 22 | 4 | 36 | 55 |
| 7 | 13 | 3 | 16 | 20 | 1 | 37 | 47 |
| 8 | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 |
| 9 | 8 | 3 | 11 | 19 | 4 | 34 | 42 |
| 10 | 3 | 0 | 3 | 0 | 0 | 3 | 0 |
| 11 | 9 | 1 | 10 | 18 | 6 | 34 | 39 |
| 12 | 9 | 3 | 12 | 19 | 6 | 37 | 72 |
| 13 | 8 | 2 | 10 | 26 | 1 | 37 | 77 |
| 14 | 12 | 3 | 15 | 17 | 1 | 33 | 40 |
| 15 | 9 | 2 | 11 | 22 | 0 | 33 | 45 |
| 16 | 11 | 2 | 13 | 21 | 3 | 37 | 60 |
| 17 | 10 | 2 | 12 | 17 | 5 | 34 | 32 |
| 18 | 9 | 1 | 10 | 22 | 3 | 35 | 45 |
| 19 | 10 | 2 | 12 | 24 | 1 | 37 | 57 |
| 20 | 11 | 2 | 13 | 17 | 2 | 32 | 48 |

Pulse una tecla para continuar

nalizar su exposición, contrariamente al caso anterior, sólo presenta la opción de guardarla en archivo.

La siguiente pantalla (Fig. 8) muestra una tabla con los promedios y los errores estándar de cada uno de los estados de desarrollo, longevidad y descendientes por hembra, además del porcentaje de mortalidad pre adulto, calculados mediante procedimientos comunes a partir de la tabla que se muestra en la Fig. 7. También figuran en ella el número total de individuos que alcanzaron la edad adulta y el total de descendientes producidos por la cohorte. Esta pantalla puede ser impresa y/o guardada en archivo.

Tanto TABLAVI como PERIOD finalizan con la opción de estudiar otra cohorte. En caso afirmativo ("s") se reinicia mostrando la pantalla de la Fig.2.

Figura 8. Aspecto de la pantalla conteniendo los promedios y errores estándar de las duraciones de los diferentes estados de desarrollo y otros parámetros.

```
Parámetros de la cohorte ci2038.csv (Aphis sp.)
Periodos medios ( E.E.) en días
Ninfal   = 10.056 ( .338 )
Ninf+Pre = 12.056 ( .439 )
Prerep   = 2 ( .181 )
Reprod   = 20.167 ( .584 )
Posrep   = 2.722 ( .47 )
Total    = 34.944 ( .439 )

Mortalidad pre adulto y Descendencia
Mort. pre-ad. = 10 %
Núm. adult.  = 18
Desc. total  = 913
Desc. prom.  = 50.722 ( 2.703 )

Pulse una tecla para continuar
```

Requerimientos, consideraciones y sugerencias

La matriz de datos no debe exceder en ningún caso los 2.000 elementos (Por ej. 40 hembras y 50 días). El programa no permite trabajar con cohortes muy numerosas y/o de larga duración. Si se diera el caso, se sugiere fraccionar los registros en diferentes cohortes.

Si bien ambos programas fueron concebidos originalmente para el estudio de cohortes de áfidos, también pueden resultar útiles para confeccionar tablas de vida y obtener parámetros biológicos y demográficos de insectos con metamorfosis completa o intermedia tales como lepidópteros, coleópteros, tisanópteros. Para ello se reservan en la planilla o en la matriz inicial los elementos "n1" para el estado de huevo, "n2" y "n3" para dos grupos de estadios larvales según la especie considerada. Por ejemplo, en lepidópteros, del 1 al 3 estadio en "n2" y del 4 estadio en adelante para "n3", reservando "n4" para el estado de pupa. Los números en la misma fila representarán la cantidad de huevos depositados diariamente por la hembra una vez fecundada.

El nombre del archivo de datos así como el de aquellos que se deseen guardar, no debe exceder de 8 caracteres a la izquierda de la extensión. Por ejemplo: ci2038ap.txt

Ambos programas se ejecutan sin instalación previa y pueden copiarse y ejecutarse en cualquier unidad de disco o carpeta. Esto permite incluir los programas y los archivos de datos en un disquete y guardar las salidas en el mismo. De esta manera, no es necesario indicar la ruta de trabajo (A:\C:\).

El tamaño de los programas es de 87 Kbytes para el TABLAVI y de 71 Kbytes para PERIOD. Pueden ser ejecutados en cualquier PC con sistema MS-DOS a partir de la versión 2.1. Se los puede obtener contactando a los autores.

AGRADECIMIENTO

A la bibliotecaria de IMYZA, Sra. Estela Favret por la asistencia en la búsqueda bibliográfica.

REFERENCIAS

- ABOU-SETTA; M. M. ; R. W. SORRELL ; CHIDERS, C.C.** 1986. Life 48: A BASIC computer program to calculate life table parameters for an insect or mite species. Fla Entomol. 69, pp. 690-697.
- BIRCH, L. C.** 1948. The intrinsic rate of natural increase of an insect population. J. Anim. Ecol. 17, 15-26.
- CHI H. ; LIU, H.** 1985. Two new methods for the study of insect population ecology. Bull. Inst. Zool. Academia Sinica 24 (2), 225-230.
- HULTING, F. L., ORR, D. B.; OBRYCKI, J.J.** 1990. A computer program for calculation and statistical comparison of intrinsic rates of increase and associated life table parameters. Fla. Entomol. 73, pp. 600-612.
- MAIA, A. H. N.; LUIZ, A.B.J.; CAMPANHOLA, C.** 2000. Statistical inference on associated fertility life table parameters using jackknife technique: Computational aspects. J. Econ. Entomol. 93(2) 511-518.
- ORPHANIDES, G. M.; GONZÁLES, D.** 1971. Fertility and life table studies with *Trichogramma pretiosum* and *T. retorridum* (Hymenoptera: Trichogrammatidae). Ann. Entomol. Soc. Am. 64, 824-834.
- RABINOVICH, J. E.** 1980. Introducción a la ecología de poblaciones animales. Cía. Editorial Continental S. A. México D.F. 313 p.
- SAS INSTITUTE.** 1985. "SAS Users Guide Statistics. " SAS Institute, Cary. NC.
- SATAR S.; YOKOMI, R.** 2002. Effect of Temperature and Host on Development of *Brachycaudus schwartzi* (Homoptera: Aphididae) Ann.Entomol.Soc.Am. 95(5) 597-602 .
- SOUTHWOOD, T. R. E.** 1994. Ecological methods. 2nd. Ed. Chapman & Hall Pub. London. 524 p.
- TRICHILO, P. J. ; LEIGH, T.F.** 1985. The use of life tables to assess varietal resistance of cotton to spider mites. Entomol. Exp. Appl. 39,27-33.
- TUKEY, J. W.** 1958. Bias and confidence in not quite large samples. Annals of Mathematical Statistics 29, 614.