

## UN NUEVO ESTADÍSTICO PARA MEDIR EL APAREAMIENTO ASOCIATIVO EN POBLACIONES NATURALES

Paula Conde-Padín<sup>1</sup>, Andrés Pérez-Figueroa<sup>1</sup>, Jacobo de Uña-Alvarez<sup>2</sup> & Emilio Rolán-  
Alvarez<sup>1</sup>

1 Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología  
Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo. (rolan@uvigo.es)

2 Departamento de Estadística e Investigación Operativa  
Facultad de Ciencias Económicas y Empresariales, Universidad de Vigo. (jacobou@uvigo.es)

### RESUMEN

Un método clásico para abordar el estudio de las causas que determinan desviaciones del apareamiento aleatorio en la naturaleza es utilizar estadísticos de correlación (entre los valores del macho y la hembra de cada pareja). Esta aproximación limita el estudio del fenómeno, pues dichos estadísticos sólo nos informan del valor de la población. En este trabajo proponemos una descomposición aditiva del estadístico de correlación de Pearson, de forma que se obtiene un valor para cada pareja de la población de cópulas, el cual, a su vez, puede ser utilizado como variable dependiente en estudios posteriores. El estadístico se puede describir mediante el siguiente algoritmo,  $r_i = Z_x \times Z_y$ , siendo  $Z_x$  y  $Z_y$  los valores tipificados en cada sexo para la variable estudiada (respecto al promedio de su sexo).

Se presenta un análisis preliminar de las propiedades estadísticas de dicho estimador  $r_i$ , mediante simulaciones y estudios teóricos, así como de su aplicación a varias poblaciones naturales del gasterópodo *Littorina saxatilis* en la Ría de Vigo. El estadístico no presenta una distribución muestral normal, pero podría utilizarse una aproximación a la distribución gamma para el desarrollo de pruebas de hipótesis estadísticas.

**Palabras clave:** nuevo estadístico, estimación, simulaciones, coeficiente de correlación

## 1. INTRODUCCIÓN

El apareamiento es una de las características biológicas más importantes que se dan en los seres vivos de reproducción sexual. Los animales tienen que saber elegir a sus propios congéneres, pues de lo contrario dilapidan su tiempo y recursos en intentos reproductivos infructuosos. Además, también existen importantes razones evolutivas para que se den fenómenos de elección entre los congéneres de una misma especie, pues no todos los posibles progenitores resultan igual de beneficiosos. Por todo ello, los organismos han desarrollado diferentes mecanismos de apareamiento asociativo, es decir, tendencia de los machos de una clase en particular a aparearse con hembras de otra determinada clase (Jonsson y Jonsson, 2001). El tipo de apareamiento asociativo más frecuente en los seres vivos es el apareamiento asociativo para el tamaño (las cópulas se dan preferentemente entre individuos de tamaño similar), que ya ha sido extensamente documentado en insectos, moluscos y reptiles (Crespi, 1989).

En algunas especies es posible medir directamente la magnitud del apareamiento asociativo ya que se pueden localizar y capturar a los individuos mientras se encuentran copulando. Un ejemplo de ello se da en el género *Littorina*, un gasterópodo marino con sexos separados y fecundación interna que habita la región intermareal de las costas del hemisferio norte (Reid, 1996). En esta especie es posible observar cópulas directamente en el campo (ver Johannesson et al., 1995; Erlandsson y Rolán-Alvarez, 1998). La forma tradicional de cuantificar el apareamiento asociativo para el tamaño es mediante el coeficiente de correlación de Pearson (Crespi, 1989), aunque este coeficiente presenta la limitación de que sólo permite calcular un valor a nivel poblacional, pero en ningún caso un valor individual para cada pareja. Esto puede resultar frustrante si el investigador está interesado en las causas (morfológicas o ambientales) que influyen en las decisiones individuales durante la elección de su pareja de cópula. Por lo tanto, actualmente no es posible utilizar modelos de regresión múltiple para explicar la variación en el apareamiento asociativo, tal como ya se ha hecho para tratar de entender la selección sexual (ver Arnold y Wade 1984a).

En este trabajo hemos tratado de desarrollar a partir del coeficiente de correlación de Pearson un nuevo estadístico que permita evaluar el grado de apareamiento asociativo para cada pareja de cópula. Hemos estudiado las propiedades estadísticas de este nuevo estimador mediante teoría y simulaciones, aplicándolo a unas pocas poblaciones de la especie *Littorina saxatilis*. Los resultados obtenidos sugieren que el nuevo estimador puede ser útil para el estudio del apareamiento asociativo en poblaciones naturales de esta y otras especies.

## 2. MATERIAL Y MÉTODOS

Las cópulas de *Littorina saxatilis* se recogieron en tres localidades de la Ría de Vigo (Baiona, Barra y Cabo Estay) entre el 22 de noviembre de 2001 y el 1 de febrero de 2002. Se define como cópula cuando el macho presenta su pene introducido en la cavidad del manto de su compañera (Saur, 1990), recogándose inmediatamente después de la bajamar, que es el periodo de máxima actividad sexual en esta especie. Con posterioridad se confirmó el sexo del individuo pasivo en el laboratorio. En cada localidad se recogieron 108 cópulas, aunque un número variable fueron falsas cópulas (entre machos), que se excluyeron de los análisis posteriores.

El estadístico utilizado para medir el apareamiento asociativo fue una variante del coeficiente de correlación de Pearson (Sokal y Rohlf, 1981), al que denominaremos coeficiente de correlación individual ( $r_i$ ), que se calcula para cada pareja. Este coeficiente es el producto de los valores de las variables estandarizadas para cada sexo, de forma que

$$r_i = Z_x \times Z_y,$$

siendo  $Z_x$  y  $Z_y$  los valores estandarizados de cada sexo. El promedio de los valores de  $r_i$  es algebraicamente igual al coeficiente de correlación teórico de Pearson. Todos los análisis estadísticos se calcularon mediante el programa SPSS/PC ver 11.5.1.

Para el estudio teórico sobre el estadístico hemos supuesto que el par de medidas utilizado en el estadístico de asociación (X,Y) sigue una distribución normal bivariada. Bajo este supuesto, es posible determinar la distribución aproximada de  $r_i$ , mediante el planteamiento de un modelo de regresión con una distribución de error muy concentrada en torno a cero.

Con la intención de examinar las distribuciones teóricas de los estadísticos  $r_i$  se simuló el muestreo de parejas de una población infinita en el que los componentes de las parejas estuviesen correlacionados. Se simularon 11 casos comprendidos entre correlación igual a 0 hasta 1, a intervalos de 0,1. En cada caso, el muestreo consistió en generar pares de valores a partir de una distribución normal bivariada con medias 0 y desviaciones típicas iguales a 1. La matriz de varianzas-covarianzas se completó de manera que para cada caso se obtuviera la correlación correspondiente. Así se obtuvieron hasta un total de 1000 parejas por caso, que una vez muestreadas se utilizaron para calcular el  $r_i$  de cada una de ellas y así poder obtener la distribución muestral del estadístico empíricamente.

### 3. RESULTADOS y DISCUSIÓN

El coeficiente de correlación de Pearson fue siempre positivo y significativo ( $p < 0.001$ ) en las tres poblaciones estudiadas de *Littorina saxatilis*. Los valores promedio de  $r_i$  se pueden observar en la tabla 1 y son en torno a 0.4. Esto confirma que el apareamiento asociativo para el tamaño es un fenómeno general en esta especie. De hecho, ya se han encontrado resultados similares en otras poblaciones de la misma especie y en otras especies del género (Saur, 1990; Johannesson et al., 1995; Erlandsson y Rolán-Alvarez, 1998). Una ventaja añadida que posee el  $r_i$  es que como da los valores por pareja, nos permite calcular la distribución del estadístico en nuestra muestra. De hecho el  $r_i$  presentó distribuciones diferentes de la distribución normal (Tabla 1 y Figura 1). Las distribuciones fueron siempre leptocúrticas y asimétricas positivas (ver Figura 1).

Tabla 1: Se muestran las estimas promedio de  $r_i$  obtenidas, con sus desviaciones típicas (DT) en las cópulas macho/hembra observadas en el campo para las tres localidades. El estadístico  $r_i$  es el coeficiente de correlación de Pearson calculado para cada pareja. También se presentan la curtosis y la asimetría de la distribución de los  $r_i$  por parejas en cada una de las tres localidades, así como sus desviaciones típicas (DT). La significación de los estadísticos se verificó mediante una prueba paramétrica clásica, frente al valor crítico de la chi cuadrado para un grado de libertad (ver Sokal y Rohlf, 1995).

<i>Localidad</i>	N	<i>Distribución OBSERVADA de <math>r_i</math> por parejas</i>		
		Promedio de $r_i$ (DT)	Curtosis (DT)	Asimetría (DT)
<b>Baiona</b>	66	0,451 (1,024)	4,329* (0,582)	1,605* (0,295)
<b>Barra</b>	101	0,410 (0,951)	3,302* (0,476)	1,945* (0,240)
<b>Cabo Estai</b>	88	0,436 (1,132)	3,349* (0,508)	1,724* (0,257)

- \*  $p < 0,05$

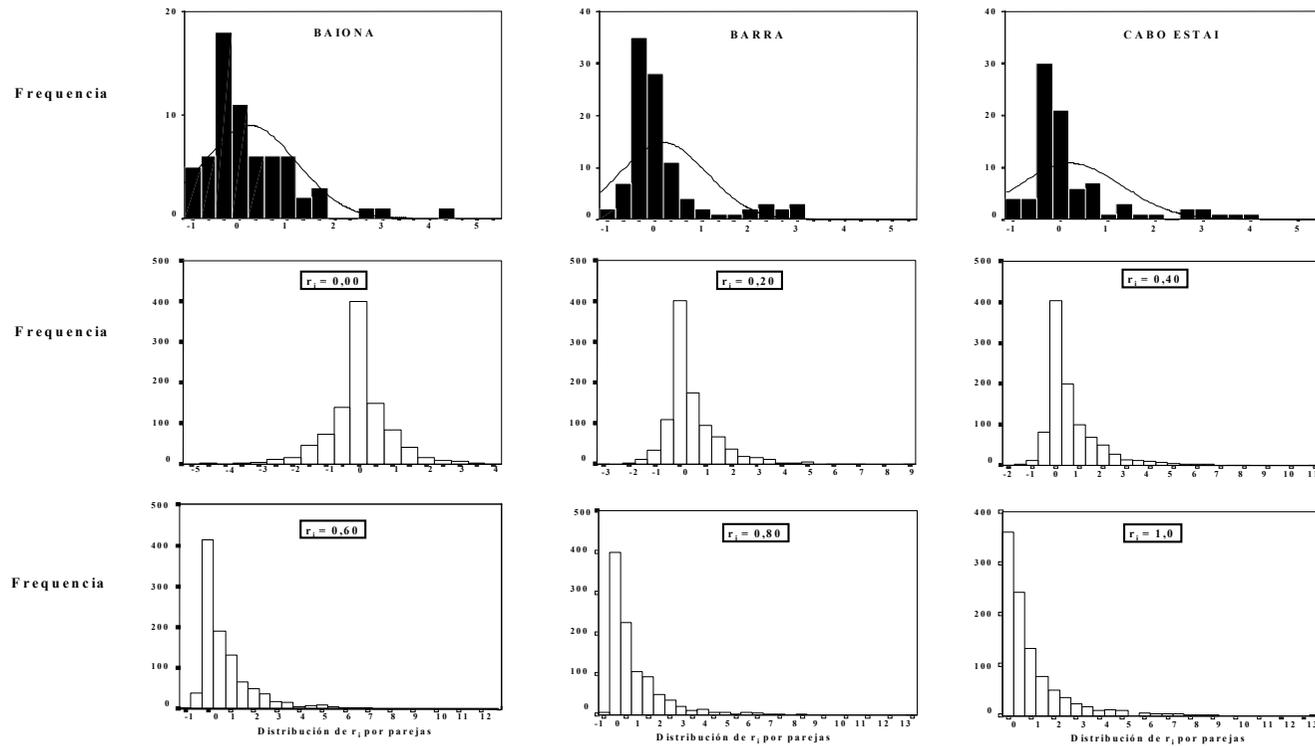


Figura 1: Las distribuciones de valores de  $r_i$  observados se representan en la línea superior (con barras negras) para las tres localidades estudiadas, así como la curva de ajuste a la normal de esos datos. Las distribuciones presentadas en las líneas inferiores (barras blancas) representan la función de densidad obtenida mediante simulaciones para diferentes grados de apareamiento asociativo (promedio del  $r_i$  simulado).

A nivel teórico, el valor del producto  $r_i = Z_x \times Z_y$  se puede explicar a partir de  $\rho_{XY} Z_X^2$  (donde  $\rho_{XY}$  denota el coeficiente de correlación de Pearson) mediante un modelo de regresión, con un término de error de media nula y varianza  $1 - \rho_{XY}^2$ . Bajo el supuesto de normalidad, la distribución del error es la correspondiente al producto de dos variables gaussianas correladas. En el caso de correlación nula entre X e Y, se tiene que  $r_i$  se distribuye aproximadamente como el producto de dos características normales estándar independientes. Ésta es una distribución simétrica, pero no gaussiana. En el otro caso extremo ( $\rho_{XY}=1$ ), la distribución de  $r_i$  coincide con la de  $Z_X^2$  (una chi-cuadrado con un grado de libertad). En general, la distribución de  $Z_X^2$  es de tipo gamma, con parámetros  $1/2\rho_{XY}$  y  $1/2$ . Por lo tanto, correlaciones moderadas entre X e Y se reflejarán en una distribución aproximada de este tipo para los estadísticos  $r_i$ . Esta distribución tiene una función de densidad de probabilidad monótona decreciente, con una asíntota vertical en cero, y una marcada asimetría positiva. Sus características media y varianza son  $\rho_{XY}$  y  $2\rho_{XY}^2$  respectivamente.

Los resultados obtenidos a partir de la simulación del muestreo de parejas de una población siguiendo una normal bivariada muestran que con correlación 0, los  $r_i$  se distribuyen de manera simétrica, aunque no gaussiana. A medida que se aumenta la correlación, tanto la asimetría como la curtosis de la distribución de los  $r_i$  aumentan considerablemente obteniéndose una función de densidad con leptocurtosis creciente y con asimetría positiva (ver Figura 1). En el caso de correlación total ( $r = 1$ ), la distribución se aproxima aparentemente a una chi-cuadrado con un grado de libertad como sugiere el estudio teórico.

En resumen el estadístico descrito de asociación representa una partición aditiva del conocido estadístico de correlación de Pearson, presentando la ventaja adicional de que se puede medir para cada pareja de datos y de esa forma poder realizar un estudio más detallado y preciso del parámetro que se pretende medir. Este estadístico será de utilidad en los estudios que pretenden investigar las causas del apareamiento asociativo pues permitirá descartar con mayor fiabilidad hipótesis biológicas alternativas que explican dicho fenómeno. De hecho la posibilidad de poseer una estima del apareamiento asociativo para cada par de datos abre las posibilidades del uso del método de regresión para el desarrollo de modelos explicativos, aunque sean preliminares, algo que hasta el presente era inabordable en los estudios empíricos en el campo.

#### 4. AGRADECIMIENTOS

Queremos agradecer a las siguientes instituciones por su ayuda económica en la elaboración de este trabajo: a la Unión Europea (Proyecto: EVK3-CT-2001-00048), la Xunta de Galicia (Proyecto: PGIDT02PXIC30101PM) y la Universidad de Vigo (Proyecto: 64102C124).

#### 5. REFERENCIAS

- Arnold, S.J. y Wade, M.J. (1984). On the measurement of natural and sexual selection: theory. *Evolution* 38: 709-719.
- Crespi, B.J. (1989). Causes of assortative mating in arthropods. *Animal Behaviour*, 38: 980-1000.
- Erlandsson, J. y Rolán-Alvarez, E. (1998). Sexual selection and assortative mating by size and their roles in the maintenance of a polymorphism in Swedish *Littorina saxatilis* populations. *Hidrobiologia* 378: 59-69.
- Johanneson, K., Rolán-Alvarez, E. y Ekendahl, A. (1995). Incipient reproductive isolation between two sympatric morphs of the intertidal snail *Littorina saxatilis*. *Evolution* 49: 1180-1190.
- Jonsson, B. y Jonsson, N. (2001). Polymorphism and speciation in arctic charr. *Journal of Fish Biology* 58: 605-638.
- Reid, D.G. (1996). *Systematics and Evolution of Littorina*. Número 164 de la serie. The Ray Society. Dorset Press, Dorchester.
- Saur, M. (1990). Mate discrimination in *Littorina littorea* (L.) and *L. saxatilis* (Olivi) (Mollusca: Prosobranchia). *Hydrobiologia* 193: 261-270.
- Sokal, R.R. y Rohlf, F.J. (1995). *Biometry*. 3ª edición. Freeman. New York.