

Innovaciones de Negocios 1(1): 33–53, 2004
© 2004 UANL, Impreso en México.

Muestreo como un requisito fundamental en las ciencias experimentales (Sampling as a basic requirement in experimental sciences)

Badii, M. H., F. López Pérez, H. Quiróz y A. R. Pazhakh*

UANL, Ap. 391, San Nicolás, N. L., 66450, México, mhbadii@yahoo.com.mx, *Azad University,
Dezful, Irán

Palabras claves: Demografía, modelos, muestreo, técnicas

Resumen. Se presentan los fundamentos básicos de muestreo, enfatizando los requisitos para determinar el tamaño óptimo de la muestra. Se discuten el muestreo absoluto y relativo y la comparación entre ellos. Se destaca la relevancia del tipo de distribución espacial en el diseño de muestreo y presenta varios modelos de uso actual para la determinación de ella. Se presentan de manera somera tres modelos de uso común, y finalmente, y por su relevancia práctica e económica, se discuten las cinco modalidades de muestreo secuencial.

Key words: Demography, models, sampling, techniques

Abstract. The fundamentals of sampling with emphasis on determining the optimal sample size are given. Absolute and relative sampling as well as the comparison among them is stressed. The importance of spatial distribution in sampling design is noted and various current models for its determination are offered. Three current models are discussed briefly, and finally, due to the practical and economical significance of sequential sampling, five different types of this kind of sampling design are fully addressed.

Introducción

Hay que aclarar que aunque este trabajo esta enfocado más hacia las ciencias naturales, sin embargo, los fundamentos de muestreo se aplican en cualquier ciencia. La primera fase del trabajo de un investigador en el campo es la toma de datos, es decir el muestreo; en el contexto de las investigaciones sobre los organismos, se requiere información sobre la abundancia y distribución de los mismos con algún grado predeterminado de precisión. Para fines de investigación estos datos son muy relevantes; sin embargo, en términos

prácticos, por ejemplo, en caso de las plagas agrícolas es suficiente saber si el umbral económico ha sido excedido y por lo tanto, decidir las medidas de control a seguir. Algunos investigadores pasan gran parte del tiempo trabajando sobre técnicas de muestreo o en la interpretación de los datos de muestreo. En realidad, el muestreo es un medio para alcanzar un fin; sólo teniendo un entendimiento claro del objetivo, es posible desarrollar o seleccionar el programa de muestreo (Badii et al., 1995_a; Morris, 1955; Cochran, 1977; Kogan y Herzog, 1980; Taylor, 1984).

Las técnicas de muestreo se dividen en tres grupos (Kogan y Herzog, 1980): a) métodos absolutos que proveen estimaciones de abundancia (parámetro poblacional) por unidad de área, volumen o tiempo; b) métodos relativos que presentan estimaciones de la abundancia por una unidad desconocida, por ejemplo, la abundancia estimada en base de feromonas, trampas (luz, cebo, etc.); c) métodos basados en índices poblacionales, en donde no se contabilizan los organismos, sino más bien se miden sus productos (exuvia, heces fecales, orificios de emergencia de los parasitoides) o sus efectos (daños causados por ellos).

En este trabajo, se analizan los fundamentos del muestreo, abarcando los conceptos básicos y aplicados de estimación de parámetros poblacionales, se presentan los diferentes tipos de diseños muestrales y se discuten las bases necesarias para la determinación del tamaño óptimo de la muestra, se describen los métodos absolutos y relativos del muestreo, con sus méritos y limitaciones y una comparación crítica entre estos; se seleccionan tres de los métodos alternos de muestreo de uso actual y se presentan los argumentos para elegir un índice adecuado, haciendo un particular énfasis, por razones de optimización de recursos, sobre el muestreo secuencial, discutiendo los diferentes esquemas de: muestreo secuencial de tipo estándar, basado en una sola densidad crítica, una precisión fija, presencia-ausencia y en función de tiempo. Además, se presentan las ecuaciones para la mayoría de los modelos muestrales aquí mencionados, es decir, para los de uso actual en las investigaciones en campo.

Conceptos básicos

Para comprender el muestreo, es necesario familiarizarse con los conceptos siguientes (Badii y McMurtry, 1990; Badii et al., 1994_{a,b}, 1995_{a,b}, 1996_{a,b} 1998; Southwood, 1966, 1978; Kogan y Herzog, 1980; Taylor, 1984): El muestreo es una manera de obtener información deseada de una

población basado en ciertos criterios; el muestreo se hace porque no se puede medir la totalidad de la población, debido a que los recursos (financieros, laborales, temporales o estructurales) son limitados; se hace el muestreo para alcanzar: 1) Objetivos generales, es decir, parámetros poblacionales tales como densidad, porcentaje de mortalidad, tasa de reproducción, etc. y 2) Objetivos específicos, por ejemplo, dinámica poblacional, factores clave en cambios poblacionales, etc.

A la característica medible de una unidad experimental se le denomina la variable. El parámetro es la variable innata de la población, mientras que a la variable muestral se da el nombre de estimación o estadística. La diferencia entre el parámetro y la estimación tiene el nombre de sesgo. La precisión es la medida de la distribución de los datos muestrales con respecto a la estimación, y la exactitud es la medida de la distribución de los datos muestrales con respecto al parámetro poblacional. Un estimador bueno es aquel que es preciso, sin sesgo, con una distribución conocida y finalmente robusto a la violación de los supuestos de los modelos. Una estimación eficiente es aquella que produce resultados más confiables (menos variables) por unidad de costo. Se le llama consistente a la estimación, si la proporción de las estimaciones de la muestra dentro de una cantidad pequeña fija del parámetro se acerca a 100%, a medida que el tamaño de la muestra se incrementa. Se le denomina suficiente, si se captura, independientemente del tamaño de la muestra, toda la información de la población que está contenida en las observaciones muestrales.

Antes del inicio de un programa del muestreo el investigador debe contar (Southwood, 1978) con una serie de informaciones como: 1) Bionomía; es decir, el ciclo de vida, fenología y toda la información que refleje la adaptación de los organismos al medio; 2) El grado de confiabilidad para determinar el tamaño de muestra de tal manera que se optimice el uso de los recursos para muestreo; 3) Modelo de análisis; esto es, determinar el tipo de información o datos que se van a coleccionar y medir el ajuste de los supuestos del modelo. 4) Dispersión espacial de los organismos, es la forma en que los organismos se arreglan en el espacio basado de la interacción evolutiva de los factores internos (biología y etología) y externos (dispersión de los recursos y heterogeneidad ambiental) para el uso óptimo de los recursos.

Definición estadística de muestreo

En términos estadísticos, se deben conocer los siguientes factores (Cochran, 1977): La población que es una colección total de observaciones de las

cuales se desea hacer inferencia; el elemento el cual es una observación sobre la cual se hace el muestreo; la Unidad Muestral (UM), se trata de una colección de elementos de una población y es en realidad la composición física o la magnitud de la muestra; el cuadro representa una lista de las UM's; y la muestra que es una selección de UM's de un cuadro.

Debido a la importancia de la UM (Unidad Muestral) es relevante considerar los siguientes criterios propuestos por Morris (1955): a) Todas las unidades muestrales deben tener la misma probabilidad de ser seleccionadas; b) La unidad muestral debe ser estable, de lo contrario, es necesario medir el grado de cambio de forma sencilla y continua; c) Es importante poder convertir las unidades muestrales en unidades absolutas; d) El tamaño de la UM debe ser adecuado para que permita un balance razonable entre la varianza y los recurso y e) La recolección de las UM's en campo debe ser de manera sencilla.

La colecta de cada individuo requiere gasto de tiempo, energía, etc., en otras palabras el muestreo cuesta; tomando en cuenta la noción del costo del muestreo, la pregunta principal sería ¿qué cantidad de información desea obtener el investigador? Es obvio que el grado de información adquirida depende de qué tan grande va a ser el tamaño de la muestra, ya que a mayor tamaño de la muestra, mayor será la cantidad de información obtenida; sin embargo, el exceso en el tamaño de la muestra indica el desperdicio del recurso, en otras palabras debe existir un tamaño óptimo de la muestra que se debe cuantificar para obtener información con un óptimo nivel de precisión y un adecuado uso de los recursos. Además del tamaño óptimo de la muestra, también el tipo de diseño muestral controla la cantidad de la información que se puede adquirir.

Diseño muestral

Los siguientes diseños (Cochran, 1977), se utilizan cuando los datos muestrales se distribuyen según el modelo normal (para mayor información ver Cochran, 1977).

1. Muestreo simple aleatorio: Este tipo de diseño se usa cuando el ambiente es homogéneo.

2. Muestreo estratificado: Si existe un gradiente de variabilidad en el hábitat, entonces se divide el medio en estratos que reflejan este gradiente, de esta manera se divide la población en varias subpoblaciones o estratos y en cada estrato se procede con el muestreo simple aleatorio. Se define la existencia de la heterogeneidad mediante el Análisis de Varianza (ANVA).

3. Muestreo conglomerado: Este muestreo se usa cuando hay una conglomeración de las unidades muestrales y cuando se trata de ahorrar el costo del muestreo.

4. Muestreo sistemático: Cuando se trata de un muestreo sencillo y rápido, se usa este tipo de muestreo; una característica importante del muestreo sistemático es que presenta menos varianza que el muestreo simple aleatorio, esto debido a la presencia de una estratificación innata en el diseño del muestreo sistemático. El muestreo sistemático normalmente se usa en la inspección y el control de calidad debido a la alta rapidez y la baja varianza de este tipo de muestreo.

5. Muestreo multietapas: Se emplea cuando la estructura de hábitat es compleja, por ejemplo, cuando se desea estimar la densidad poblacional de un organismo en hojas de las ramas de los árboles de las huertas; en este ejemplo, el árbol sería la unidad muestral primaria, la rama la unidad muestral secundaria y la hoja la unidad muestral terciaria y en este caso se trata de un muestreo en tres etapas. Las fórmulas y mayor información para estos cinco tipos de diseños se encuentran en Cochran (1977).

Tamaño de la muestra

El tamaño óptimo de la muestra, es decir, aquel tamaño que permite un balance adecuado entre el costo del muestreo y la precisión obtenida, y además evita la sobreestimación (sobregasto de recursos) o subestimación (precisión no adecuada) depende de tres factores (Kogan y Herzog, 1980). 1. La cantidad de recursos disponible; es obvio que sin recurso simplemente no se puede hacer nada. 2. El grado de confiabilidad; se le puede definir de dos formas: a) en términos de error estándar (EE) como una fracción de la media (m) y se denomina D , es decir, $D = EE/m$. Para fines de investigación se selecciona la D igual a 10% y para la aplicación hasta 25% (Southwood, 1978) y b) en términos probabilísticas: es necesario escoger un límite sobre el error de estimación y denominarlo "L"; es decir, la diferencia entre el parámetro poblacional (μ) y la estimación del muestreo (m) debe ser menor que este límite de error; en otras palabras, error de estimación = $|\mu - m| < L$, donde "|" significa tomar el valor absoluto. Hay que asignar una probabilidad ($1 - \alpha$) que especifica la proporción del tiempo que el error de estimación es menor que el límite designado; es decir, $p[(\text{error de estimación}) < L] = (1 - \alpha)$. 3. El tipo de dispersión espacial o la forma que los individuos se colocan en el espacio, es decir, se agrupan o se distancian el uno del otro. El tipo de dispersión espacial es resultado de dos factores: a)

factores intrínsecos, como biología y el comportamiento de los organismos, y b) factores extrínsecos como la distribución de los recursos y la heterogeneidad del medio ambiente, estos dos factores interactúan entre sí y el resultado es una adaptación evolutiva de los organismos para optimizar el uso de los recursos vitales como alimento, espacio o refugio, pareja etc.; cabe mencionar que la técnica de muestreo por el hombre, los herbívoros o los depredadores también afecta la estimación del tipo de dispersión espacial.

Existen tres tipos generales de dispersión espacial (Taylor, 1984). 1. Tipo aleatorio: para describir este tipo de dispersión se puede imaginar un universo bidimensional cuya superficie está compuesta de muchos puntos, en este universo se refiere a una dispersión espacial aleatoria cuando: a) cada individuo tiene la misma probabilidad de ocupar cualquier punto o Unidad Muestral (UM), b) cada punto (UM) tiene la misma probabilidad de contener cualquier individuo y c) la presencia de un individuo en un punto (UM) es independiente de otros individuos. Cuando se reúnen estos tres rasgos, se refiere a la dispersión tipo aleatorio. Cabe mencionar que hay dos tipos de dispersión aleatoria: i) distribución normal, para los conteos altos (tamaños de muestras altas), y cuando existe una homogeneidad de varianza, ii) distribución Poisson, una indicación de rareza y cuando la varianza muestral (v) es igual a la media muestral (m). Se puede describir el modelo de Poisson mediante sólo un parámetro, ya que según este modelo, $m = v$. Se usa el modelo de bondad de ajuste (χ^2) para determinar la concordancia entre los datos observados (campo) y esperados (generados por el modelo). Los datos (frecuencias) esperados se estiman mediante la ecuación: $f_e(x) = P_x (\sum f_o)$ donde $f_e(x)$ = la frecuencia esperada de la clase X, $\sum f_o$ = la suma de las frecuencias observadas y $P_x = (\exp - m) [(m^x) / (x!)]$ donde, P_x es la probabilidad de ocurrencia de cualquier individuo de la clase X, m es la media muestral, "!" indica factorial, y \exp es la base de logaritmo natural. El tamaño óptimo de la muestra del modelo de Poisson es $n = (1/m) / D^2$, donde n = número de unidades muestrales, m = la media y D es error estándar de la media como una fracción de la media.

2. Tipo uniforme o regular: cuando se encuentra a un individuo en un punto (UM) se reduce la probabilidad de encontrar otro individuo en el mismo UM. Este tipo de dispersión es indicativo de la competencia y territorialidad. Los datos (frecuencias) esperados se estiman mediante la ecuación: $f_e(x) = P_x (\sum f_o)$ donde, $f_e(x)$ = la frecuencia esperada de la clase X, $\sum f_o$ = la suma de las frecuencias observadas en base del muestreo y $P_x = \{(k!) / [x!(k-x)!]\} q^{(k-x)} p^x$ donde, P_x = la

probabilidad de la ocurrencia de cualquier individuo de la clase X, K = el máximo número de los individuos por UM, X = número de clase, p = la probabilidad de la ocurrencia de un individuo en una unidad muestral y q = la probabilidad de ausencia de un individuo en una unidad muestral y "!" = factorial. El tamaño óptimo de muestra para este modelo es $n = [(1/m) - (1/k)] / D^2$, donde, todas las notaciones como antes descritas.

3. Tipo agregado o de contagio: encontrando un individuo en un punto (UM) incrementa la probabilidad de encontrar otro individuo en el mismo UM. Este tipo de dispersión es una indicación de atracción entre los individuos; según Taylor (1961), este tipo de dispersión es la forma que se encuentra más comúnmente en la naturaleza, y basándose en la revisión de la literatura por el mismo autor, más del 95% de los artrópodos (el grupo más diverso de todos los organismos del planeta) tienen este tipo de dispersión. Existen varios modelos que se pueden usar para describir este tipo de dispersión, sin embargo, el modelo de binomial negativa (Bliss y Fisher, 1953), ofrece una explicación más adecuada y general de la dispersión agregada. Se usa aquí también el modelo de bondad de ajuste (X^2) para determinar el ajuste entre los datos del campo y los esperados que se generan por las ecuaciones $f_0 = n / q^k$ y $f_x = f_{(x-1)} [(m / (m+k)) / (x+k-1) / x]$, donde f_0 es la frecuencia esperada de la clase cero, f_x es la frecuencia esperada de la clase X, $q = 1+p$, $p = m / k$, m = la media muestral, k es el parámetro de dispersión del modelo de binomial negativa y las demás notaciones como antes descritas; el tamaño óptimo de muestra para el modelo de binomial negativa es $n = [(1/m) + (1/k)] / D^2$, donde todos los parámetros como antes descritos. Hay tres métodos para el cálculo de k de binomial negativa: 1. $k = m^2 / (v - m)$, 2. $\log (n/n_0) = k \log (1 + (m/k))$ y 3. $\sum(Ax / (X+k)) = n \ln (1 + (m/k))$, donde \log es logaritmo decimal, Ax = frecuencia acumulada, X es la clase, n es el número total de unidades muestrales, y n_0 es número de unidades muestrales vacías, es decir sin individuos. Ahora bien, el primer método es una aproximación y los dos métodos restantes son más precisos. Existen algunas características que se deben reunir para poder usar cualquiera de estos métodos (Bliss y Fisher, 1953).

Métodos absolutos y métodos relativos

A. Métodos absolutos

Los ecólogos de población usan más estos métodos donde estimaciones sucesivas de número de individuos por unidad de área (volumen o tiempo) son necesarias para la construcción de tablas de vida y casi todos los estudios de dinámica poblacional en campo. Estos datos se usan para estimar tasas de natalidad (ganancia) y mortalidad (perdida) y para validación de los modelos poblacionales descriptivos; en general, se usan los siguientes métodos.

1. Muestreo en base a distancia: fueron desarrollados por los fitoecólogos para la estimación rápida de la densidad de la vegetación ocurriendo a lo largo de un hábitat continuo, éstos métodos son más eficientes (menos costo por unidad de muestra) que el uso de cuadrantes, especialmente, cuando los individuos son bien distinguibles y están distanciados el uno del otro, por ejemplo, árboles en un bosque (Cottam y Curtis, 1956). En la estimación de parámetros (Ludwig y Reynolds, 1988), se miden las distancias de los puntos muestrales seleccionados de un cuadrícula regular en lugar de la selección aleatoria, sin pérdida de poder estadístico ($1 - \beta$). La limitación de este método es que no puede usarse para los organismos móviles.

Existen varios métodos de muestreo en base de distancia (Ludwig y Reynolds, 1988), de los cuales, basándose en la precisión y pérdida de poder estadístico, se recomiendan: a) el método de "muestreo de cuadro T", basado en la medición de las dos siguientes distancias; i) entre un punto muestral y el individuo más cercano y ii) entre este individuo y su vecino más cercano (Diggle et al., 1976), y b) índice de dispersión de distancia de Johnson y Zimmer (1985) que sólo requiere la medición de la distancia entre el punto muestral y el individuo más cercano. Las ecuaciones de estos modelos son: i) Muestreo de cuadro T: $C = \sum [X_i^2 / (X_i^2 + 1/2 Y_i^2)] / N$, donde C = índice de dispersión, X_i = la distancia entre el "i"ésimo punto muestral y el individuo más cercano, Y_i = la distancia entre el "i"ésimo individuo y su vecino más cercano, y N = número total de puntos seleccionados. La C tiene una distribución aproximadamente normal con una varianza de $1/(12 N)$; $Z = (C - 1/2) / (1/(12 N))^{1/2}$, el valor de la tabla Z = 1.96 a P = 0.05. ii) Índice de dispersión de distancia de Johnson y Zimmer, 1985 (I): $I = (N + 1) \sum (X_i^2)^2 / [\sum (X_i^2)]^2$, donde las notaciones son las arriba mencionadas; ahora bien, los valores estadísticos de I igual a, mayor o menor de 2 significan distribución de tipo agregada, Poisson y uniforme, respectivamente. Se usa la prueba de $Z = (I - 2) / [4(N-1) / (N+2)(N+3)]^{1/2}$ para verificar estadísticamente el valor de I, donde el valor tabulado de Z es 1.96 a P = 0.05.

2. Muestreo de una unidad de hábitat: comparado con el método anterior que es sólo bueno para los organismos sésiles, se usa el presente método tanto para los organismos sésiles como los móviles en suelo, hojarasca, vegetación y aire. La desventaja de este método es que la especie bajo estudio casi siempre forma una pequeña proporción del total de especies muestreadas y por lo tanto, requiere mucho trabajo para procesar el material colectado. Para una revisión completa de este método se puede referir a Kogan y Herzog (1980).

3. Captura-recaptura: la noción básica es capturar un grupo de organismos, marcarlos, liberarlos y después de un lapso de tiempo tomar la segunda muestra esperando una proporción igual de los marcados en la muestra y la población. La validez de este método depende en los siguientes supuestos: a) que todos los individuos de la población tengan la misma probabilidad de ser capturados (la captura y recaptura sea aleatoria), b) que todos los individuos marcados estén sujetos a la misma tasa de pérdida (mortalidad y emigración), y c) que los individuos tengan una distribución aleatoria. El método más sencillo es el de Lincoln (1930): según éste modelo; $N = M / (R/n)$, donde, N = tamaño poblacional estimado, M = número de individuos marcados en la población, R = número de individuos marcados en la muestra y n = número total de individuos en la muestra. Existen varios métodos de captura-recaptura de los cuales el más dinámico, versátil y eficiente es el de Jolly (1965) (método múltiple). Este método requiere, aparte de los supuestos mencionados para el método simple, que: a) como mínimo 10% de la población sea muestreada, y b) la tasa mínima de supervivencia sea 50%. Además, el modelo de Jolly provee para cada fecha, estimaciones del tamaño poblacional, tasa de supervivencia, número de individuos nuevos que se agregan a la población, tasa de dilución (mortalidad y emigración) y error estándar para cada una de estas estimaciones.

4. Remoción por trampeo: el fundamento de este método es que el número de individuos por unidad de tiempo se reduce debido a que la población se disminuye por el efecto de remover parte de ella mediante el proceso de trampeo (Southwood, 1966). Este método se usa raramente en la agricultura debido a los supuestos irreales del modelo (Moran, 1951): 1) la población debe ser estable; no se permite natalidad, mortalidad o migración durante el proceso de investigación; 2) una probabilidad constante de captura de todos y cada individuo durante todo el muestreo, y 3) el proceso de trampeo no debe cambiar la probabilidad de captura de cualquier individuo. Existen varios modelos (Kono, 1953; Zippin, 1956) de remover por trampeo. Un método muy sencillo es de

Southwood (1966) en donde se grafican los números de individuos capturados en muestras sucesivas (eje y) contra los números acumulativos capturados (eje x), trazar a ojo una línea recta para estos datos, y el valor numérico del eje x en el punto de intersección de la línea recta con este eje, se toma como una estimación del tamaño inicial de la población.

Métodos relativos

Aquí, el objetivo es cuantificar una proporción consistente de los individuos por unidad específica (unidad de esfuerzo, trampa, etc.), comparado con la contabilización de *todos* los individuos por unidad absoluta; los métodos relativos, por lo tanto, son más eficientes (menor costo por información obtenida) que los absolutos. Los métodos relativos se dividen en dos grupos: 1) captura por unidad de esfuerzo (líneas de transecto, D-Vac, visual, golpeo y sacudir, red entomológica, etc.); la enumeración aquí, está basada en la acción del observador, y 2) captura por trampeo (trampa visual, Malaise, Windopane, pitfall, con atrayentes, etc.); aquí, la cuantificación de los organismos está basada en la acción propia del organismo que va a ser capturado. Según Southwood (1966), la captura de los individuos depende de los siguientes factores: a) densidad poblacional total, b) densidad poblacional parcial (diferentes fases metamórficas), c) nivel de actividad del organismo que depende del clima, d) eficiencia de la captura del método que depende a su vez de factores como la temperatura, luz, presencia de la luna, altura del cultivo agrícola, % de humedad relativa, dispersión vertical de la población, etc. y e) reacción y respuesta de cada especie y cada sexo al estímulo en la trampa.

Uno de los métodos relativos de uso común en el monitoreo de los organismos es la línea de transecto. Este método esta basado en la noción de que si el observador se mueve en un hábitat, el número de los organismos observados por él va a estar claramente relacionado con la densidad de los mismos. Existen dos tipos de modelos: a) estáticos: sólo el observador se mueve y por lo tanto *observa* a los organismos o los provoca (disturba) a mover, y b) dinámicos: ambos se mueven. El método estático se ha usado para disturbar a saltamontes mediante sirenas, plaguicidas, avión o automóvil con 75% de eficiencia (Symmons et al., 1963), otro método estático sofisticado es para las aves con una docena de estimadores, de los cuales el menos sesgado y con mínima varianza es el de Gates (1969): $D = nA(2n - 1) / 2Lr$. donde, D = la densidad poblacional estimada, n = número de individuos observados, A = el tamaño del área, L = largo de transecto y r = la distancia del observador al

observado. Un modelo dinámico de uso común es el de Yapp (1956): $D = Z / 2rV$, donde, Z = número de encuentros por unidad de tiempo, es decir n/t , r = media de distancia entre el observador y el organismo o observado, V = velocidad media del organismo en relación con el observador y está dada por $V^2 = u^2 + w^2$, donde, u = velocidad media del observador y w = velocidad media del observado y D = la densidad estimada.

Comparación entre métodos

La selección de cualquier método de muestreo depende del nivel de precisión requerida y de la limitación en el costo del muestreo, hay dos formas de comparación entre los métodos relativos y absolutos: 1) comparación gráfica, si el patrón general de la fluctuación poblacional producida por el método absoluto es similar al del método relativo, entonces, basándose en el nivel de precisión y costo, se selecciona el segundo método; 2) comparación estadística: se selecciona el método con menor nivel de coeficiente de variación (DE/m) y variación relativa (EE_m/m) y con mayor nivel de la precisión relativa neta $[(EE_m/m)C_M]^{-1}$, donde, m = media muestral, DE = desviación estándar, EE_m = error estándar de la media y C_M = el costo de muestreo. Además, se usa el Análisis de Varianza (ANVA) para probar la diferencia entre las estimaciones generadas por los métodos relativos y absolutos.

Métodos alternos

Existe un gran número de modelos sencillos propuestos por varios autores para determinar el tipo de dispersión espacial de los organismos; éstos métodos han sido utilizados en manejo integral de plagas (Binns y Nyrop, 1992; Badii et al., 1995_b, 1996_b), en agricultura para las plagas insectiles (Badii y Moreno, 1992; Badii y Ortiz, 1992), ácaros plaga (Badii et al., 1994_{a,b}; Badii et al., 1996_a, 1998), los depredadores (Badii y Flores, 1990; Badii y McMurtry, 1990), aquí se citan algunos de los modelos de uso más común en la literatura.

Modelo de Morisita (1959)

Debido a que el tamaño del cuadrante (UM) puede afectar la estimación del contagio, es deseable entonces tener una medida de dispersión independiente del tamaño de la unidad muestral. Supóngase que la población

consiste de manchones de individuos de diferentes densidades, y dentro de cada manchón los individuos están distribuidos de forma aleatoria; para situaciones como ésta se puede usar el modelo de Morisita (1959). $I_d = [\sum n_i (n_i - 1) / n (n - 1)]N$, donde I_d es el índice de Morisita, n_i es el número de individuos en "i" ésima unidad muestral, n es el número de individuos en todas unidades muestrales, y N es el número de unidades muestrales.

La ley de poder de Taylor (1961)

Taylor (1961) describió una relación potencial entre la media (m) y la varianza (v) muestral mediante la función de: $v = a m^{(b)}$, donde "a" y "b" se estiman por medio de los logaritmos de las medias y varianzas de la forma siguiente: $\log v = \log a + b \log m$. La "a" es el antilogaritmo de la intersección con la ordenada y depende de la técnica de muestreo, tamaño de unidad muestral y tipo de hábitat; la "b" es la pendiente de la línea de regresión que determina el tipo de dispersión espacial, según Taylor su modelo da consistentemente el mejor ajuste a los datos y además, ofrece los parámetros más confiables para describir el patrón de dispersión espacial de muchos organismos. El tamaño óptimo de muestra según este modelo es: $n = am^{(b-2)} / D^2$, donde, todos los parámetros como antes descritos.

Modelo de Iwao (1968)

Este modelo está basado en la relación lineal entre la media muestral usual (media de densidad) y la media de hacinamiento (m^*). Hay que recordar que la media usual o de densidad (m) es en realidad el promedio de los individuos por cuadrante o unidad muestral; sin embargo, la media de hacinamiento (m^*) es el promedio de otros individuos por individuo por cuadrante. En otras palabras se tiene interés en saber qué pasa con el individuo bajo la observación o qué tan hacinado está este individuo y de aquí esta media obtiene un valor particular en término de la noción de competencia. Lloyd (1967) fue el primero que definió la m^* y lo estimó en base de $m^* = m + [(v/m) + 1]$. Iwao (1968) encontró una relación lineal entre m y m^* de la forma siguiente: $m^* = \alpha + \beta m$, donde α es el índice de contagio básico e indica el número de individuos que comparten la unidad de hábitat con un individuo a densidad infinitesimal y en realidad refleja la interacción innata entre los individuos. Valores de α igual a cero indican que la unidad bajo estudio es un individuo, mientras que valores mayores

de cero significan que un grupo de individuos (por ejemplo, una colonia) forman la unidad del estudio; además, valores positivos y negativos de α son indicadores de la atracción y repelencia (competencia) entre los organismos, respectivamente. La β es el coeficiente de agregación de densidad e indica el tipo de dispersión espacial del organismo. Hay que mencionar que los valores numéricos (estadísticamente) de I_d de Morisita (1959), b de Taylor (1961) y β de Iwao (1968) mayor, menor o igual a la unidad, indican dispersión espacial de tipo agregada, uniforme, o Poisson, respectivamente.

Selección de un índice adecuado

Según Green (1966), Lefkovitch (1966) y Taylor (1984) un índice perfecto para la determinación de la distribución espacial es aquel índice que tiene los siguientes rasgos: 1) provee valores reales y continuos a lo largo de diferentes tipos de distribución espacial, 2) debe ser independiente del tamaño poblacional, la media poblacional y el tamaño de la muestra, 3) que sea una función de la varianza muestral y el parámetro k de binomial negativa, 4) que tenga una prueba de significancia y 5) que tenga aplicaciones prácticas. Badii et al. (1994a, 1996a) han reportado la forma correcta de seleccionar un índice bueno de distribución espacial.

Muestreo secuencial

Cuando el objetivo del trabajo es clasificar el organismo en una de diferentes clases de densidad poblacional (alta, media o baja) y no necesariamente determinar la densidad poblacional con mucha precisión, entonces el esquema del muestreo secuencial es lo más adecuado (Morris, 1955; Kogan y Herzog, 1980). El muestreo secuencial (MS) se usa principalmente para determinar si la población ha excedido un umbral de importancia económica; por lo tanto, este tipo de muestreo es muy práctico ya que ahorra mucho tiempo en determinar rápidamente en qué clase poblacional va a pertenecer el organismo. La ventaja principal de MS es la economía o la optimización de los recursos que se emplean en el muestreo.

Hay tres requisitos para este tipo de muestreo: 1) tipo de dispersión espacial; 2) niveles económicos, es decir m_1 (límite superior de la clase baja) y m_2 (límite inferior de la clase alta), estos dos niveles están relacionados con el umbral económico, es decir, el máximo nivel poblacional tolerable sin ocasionar

daño económico o el nivel poblacional sobre el cuál se debe emplear un método de control para evitar que la población creciente alcance el nivel de daño económico (el mínimo nivel que ocasiona pérdidas económicas) para que de esta manera, se puede aprovechar el recurso de forma racional (Badii, et al., 1995b, 1996b); 3) niveles de riesgo: "a" que es la probabilidad errónea de clasificar a una población grande, y "b" que es lo contrario de "a".

Las ecuaciones generales de las líneas para el muestreo secuencial son:

$$d_1 = bn - h \quad \text{ecuación de la línea inferior}$$

$$d_2 = bn + h \quad \text{ecuación de la línea superior}$$

donde, d es el número acumulativo de los individuos, b es la pendiente de la línea, n es el número de muestras y h es la intersección con la ordenada. Ahora bien, se calculan la b y la h según las ecuaciones específicas dependiendo del tipo de dispersión espacial:

Poisson:

$$b = (m_2 - m_1) / (\ln m_2 - \ln m_1)$$

$$h_1 = \ln [(1 - a) / b] / (\ln m_2 - \ln m_1)$$

$$h_2 = \ln [(1 - b) / a] / (\ln m_2 - \ln m_1)$$

donde, ln = logaritmo natural

Binomial negativa:

$$b = k [\ln (q_2/q_1)] / \ln(p_2q_1/p_1q_2)$$

$$h_1 = \ln[(b/(1 - a)) / \ln(p_2q_1/p_1q_2)]$$

$$h_2 = \ln [(1 - b)/ a] / \ln(p_2q_1/p_1q_2)$$

donde, k es el parámetro de dispersión de binomial negativa,

$p = m/k$, m = media muestral y $q = p + 1$

Uniforme:

$$b = \ln [(1 - m_1)/(1 - m_2)] / \ln [(m_2/m_1)(1 - m_1)/(1 - m_2)]$$

$$h_1 = \ln [(1 - a)/b] / \ln [(m_2/m_1)(1 - m_1)/(1 - m_2)]$$

$$h_2 = \ln [(1 - b)/a] / \ln [(m_2/m_1)(1 - m_1)/(1 - m_2)]$$

Muestreo secuencial en base a sólo una densidad crítica

Iwao (1975) utilizando los parámetros de su modelo de hacinamiento llega a establecer un nuevo esquema de muestreo secuencial en donde se usa sólo una densidad crítica. Las ecuaciones de este modelo son:

$$\text{Línea inferior: } d_i = n m_0 - t \{[(a-1)m_0 + (b-1)m_0^2]\}^{1/2}$$

$$\text{Línea superior: } d_s = n m_0 + t \{[(a-1)m_0 + (b-1)m_0^2]\}^{1/2}$$

donde, d_i y d_s son el número acumulativo de individuos para las líneas inferior y superior respectivamente, n es el número de muestras, m_0 es la densidad crítica, a y b son los parámetros de Iwao (1968), y la t es el valor tabulado de la distribución de t de student con los grados de libertad que se usan para estimar la varianza muestral. Basándose en este tipo de muestreo y debido al uso de sólo una densidad crítica en lugar de dos, las líneas generadas por estas dos ecuaciones van a ser divergentes en lugar de ser paralelas (caso de muestreo secuencial estándar).

Muestreo secuencial en base a una precisión fija

El muestreo secuencial se utiliza para decidir si la población rebasa un umbral económico; sin embargo, en muestreo y monitoreo de los recursos bióticos el objetivo es obtener estimaciones de densidad con un nivel dado de precisión para poder evaluar la eficiencia del uso de los recursos, por lo tanto se debe terminar el muestreo tan pronto se consigue este nivel deseado de precisión. Los esquemas de muestreo secuencial clásico mencionados por Kuno (1969) y Green (1970), por un lado, son especialmente adecuados para los experimentos de campo cuando se requiere un alto grado de precisión; por otro lado, para los monitoreos extensivos son imprácticos, ya que el procedimiento requiere que no solamente se seleccionen las unidades muestrales de forma aleatoria, sino también, la secuencia de incluir estas unidades en la muestra debe ser estrictamente al azar. Esto exige gastar mucho tiempo en el área de monitoreo moviéndose en direcciones según el esquema aleatorio. En contraste, cuando se usa el muestreo secuencial basado en una precisión fija, se puede coleccionar las unidades muestrales en la secuencia que se les encuentran en el campo según un esquema predeterminado del muestreo.

La línea de terminación del muestreo se determina basándose en las ecuaciones siguientes según el autor. Ecuación de Kuno (1969): $d_n = (a+1) / D^2 - [(b-1)/n]$, donde a y b son parámetros del modelo de Iwao (1968), y las demás notaciones como antes descritas. Ecuación de Green (1970): $\ln d_n = [\ln (D^2/a) / (b-2)] + [(b-1)/(b-2)] \ln n$, donde \ln es logaritmo natural, a y b son los parámetros de Taylor (1961), y los demás parámetros son como antes descritos.

Muestreo secuencial basado en presencia-ausencia

A pesar de que el muestreo secuencial como objetivo trata de minimizar el tamaño de muestra, sin embargo, el conteo de los individuos, especialmente cuando varias especies están involucradas, (caso de especies muy abundantes) es muy laborioso; por lo tanto, se han propuesto procedimientos alternos de muestreo, donde se evita el conteo de los individuos (Nachman 1981, 1984). Los dos métodos descritos aquí están basados en la frecuencia de las unidades muestrales con y sin individuos y ambas requieren muestreo preliminar para clarificar la forma de interrelación que existe entre la media muestral y algunos atributos específicos de la dispersión espacial del organismo bajo estudio. Debido a que esta fase inicial puede involucrar bastante conteo, la inversión del tiempo sólo se justifica por los ahorros subsecuentes en muestreos poblacionales posteriores.

El primer método requiere que la dispersión espacial de la binomial negativa se ajuste a los conteos de los individuos provenientes de un muestreo aleatorio, y que el parámetro de la binomial negativa "k" sea independiente de la media muestral para que de este modo se pueda estimar un "k común" para todas las muestras (Bliss y Owen, 1958). En estos casos, la media poblacional "m" (expresada como número de individuos por unidad de muestra) se puede estimar de la ecuación: $m = k (P_0^{-1/k} - 1)$, donde k es el valor estimado de k común, y P_0 es la proporción observada de unidades muestrales sin individuos en una muestra. Wilson y Gerrard (1971) presentan una fórmula aproximada para la varianza de m .

A pesar de que se ha usado el modelo de binomial negativa para describir la frecuencia de distribución (Croft et al., 1976; Badii y McMurtry, 1990; Badii et al., 1994_{a,b}, 1996_a, 1998), el uso de k común se justifica probablemente solamente en casos donde la especie demuestra poca variabilidad en la abundancia. De otra manera, es muy probable que k varíe con la densidad poblacional (Taylor et al., 1979).

El segundo método de estimación (Gerrard y Chiang, 1970; Torii, 1971; Nachman, 1981, 1984), no requiere definir el tipo de dispersión espacial del organismo, este método solo requiere que los datos derivados de una muestra preliminar demuestren una relación lineal entre $\ln m$ y $\ln (-\ln P_0)$. Se puede aplicar una regresión lineal para obtener los parámetros de una línea recta dada por: $\ln m = b' [\ln (-\ln P_0)] + a'$. Se insertan valores de P_0 en esta ecuación y de este modo se obtienen estimaciones de m . Las fórmulas para la varianza y los intervalos de confianza están dadas por Nachman (1984). Badii et al., (1998) generan un esquema de muestreo secuencial basándose en presencia-ausencia para los ácaros sobre los cítricos en Nuevo León, México.

Muestreo secuencial en función de tiempo

El punto crucial en el manejo integral de plagas agrícolas es la detección *a tiempo* de brotes de plagas y subsecuentemente la supresión poblacional de las mismas antes de que ocurra un daño económico. Para detectar estos brotes, la costumbre es la toma de muestras del campo de forma frecuente y regular (usualmente semanal) durante toda la estación del año; sin embargo, para algunas plagas (ej. insectos), este procedimiento desde el punto de vista de la precisión y el costo, posiblemente no sea lo más eficiente para poder basar las decisiones de manejo de la plaga. En el caso de muchas especies de plagas, la población se incrementa de forma rápida y declina antes del fin de la estación. En estos casos, el muestreo muy frecuente (tres veces a la semana) es necesario y en algunas ocasiones se puede suspender completamente el muestreo en otros períodos. Consecuentemente, el diseño adecuado y la eficiencia precisa de un sistema de manejo integral de plagas dependen crucialmente en detectar con máxima precisión el tiempo de hacer el muestreo (frecuencia y terminación precisa de muestreo).

Debido a que la abundancia numérica de las plagas tiene distribuciones características en el tiempo, de la misma manera que en el espacio, se pueden aplicar métodos similares a los que emplean para hacer decisiones de muestreo secuencial en la escala espacial (MSE), en un sentido cronológico y de este manera producir un esquema de muestreo secuencial en base de tiempo (MST).

Los requisitos de MST son los mismos tres que se usan para MSE; la diferencia sería que 1) en el caso de MST, se establece el tipo de distribución por cada fecha, comparado con una sola distribución durante todo el muestreo para el caso de MSE y 2) en lugar de un solo límite de clase para el caso de MSE (m_1

para clase endémica y m_2 para clase epidémica), a lo largo de la estación se establecen estos límites por cada fecha de muestreo para MST.

En MST las fórmulas generales para las líneas de hacer decisión, después de la "t" ésima muestra están dadas por las siguientes ecuaciones (Pedigo y van Schaik, 1984):

$$\begin{aligned} d_{1,t} &= h_1 + b_t && \text{línea inferior} \\ d_{2,t} &= h_2 + b_t && \text{línea superior} \end{aligned}$$

donde $d_{1,t}$ y $d_{2,t}$ son los números acumulativos ponderados de plaga observada en fecha t para las líneas inferior ($d_{1,t}$) y superior ($d_{2,t}$) respectivamente, comparado con el d_n convencional de MSE que es el número acumulativo no ponderado de plaga para la muestra n, b_t es la pendiente que varía en función de fecha de muestreo, h_1 y h_2 son las intersecciones con la ordenada y se calculan en base a: $h_1 = \log [b / (1 - a)]$, y $h_2 = \log [(1 - b) / a]$, donde log es el logaritmo decimal y a y b son los riesgos mencionados como para el caso de MSE. Las ecuaciones de las líneas de decisión para diferentes tipos de distribución se encuentran en Pedigo y van Schaik (1984).

Conclusiones

Se concluye que existe un gran número de métodos de análisis de muestreo. En la selección de un método el investigador debe determinar si la distribución de los datos obedece al modelo normal; en caso que la respuesta sea afirmativa, se puede utilizar alguno de los métodos apropiados tales como: muestreo simple aleatorio (homogeneidad), estratificado (heterogeneidad), sistemático (sencillos), conglomerado (ahorro económico) o multietapas (hábitat complejo). Si la distribución normal no se ajusta a los datos, como es el caso de la mayoría de los procesos o fenómenos en el área de ciencias naturales o sociales, entonces, se debe acudir a los métodos alternos del muestreo. Ahora bien, si el costo del muestreo es verdaderamente un punto crítico (limitante) en el desarrollo del trabajo y el objetivo primordial de la investigación es clasificar rápidamente los organismos (procesos, eventos, objetos, etc.) en diferentes grupos de interés, el muestreo secuencial en sus diferentes modalidades es el método a seleccionar. En caso de no tener la necesidad de agrupar los organismos en diferentes clases de manera rápida y económica, se recomienda

el uso del método de Taylor (1961) debido a su tamaño económico de la muestra y la consistencia de los resultados.

Referencias

- Badii, M. H. y A. E. Flores. 1990. Ecological studies of mites on citrus in Nuevo Leon, Mexico: Preliminary surveys for phytoseiids. *Internat. J. Acarol.* 16 (4): 235-239.
- Badii, M. H. y J. A. McMurtry. 1990. Field experiments on predation, dispersión, regulation and population changes. *Publ. Biol.* 4(1-2): 43-48.
- Badii, M. H. y M. D. Moreno. 1992. Patrón de dispersión espacial y fluctuación poblacional de tres especies de barrenadores del fruto del tomate. *Publ. Biol.* 6(2): 184-188.
- Badii, M. H. y M. C. Ortiz. 1992. Análisis de dinámica poblacional y Dispersión espacio-temporal del picudo del chile sobre chile Jalapeño. *Publ. Biol.* 6(1): 61-64.
- Badii, M. H., A. E. Flores, S. Flores y S. Varela. 1994_a. Statistical description of population distribution and fluctuation of citrus rust mite (Acari: Eriophyidae) on orange fruit in Nuevo Leon, Mexico. *Biotam*, 6(1): 1-8.
- Badii, M. H., A. E. Flores, S. Flores y S. Varela. 1994_b. Comparative estimation of distribution statistics of citrus rust mite (Acari: Eriophyidae) on leaves of three different orange orchards in Nuevo León, Mexico. *Biotam*, 6(1): 9-16.
- Badii, M.H., A.E. Flores, R. Foroughbakhch y H. Quiroz. 1995_a. Análisis conceptual de muestreo. In: VI Curso Nacional de Control Biológico. SMCB, W. Rosa (ed.), pp. 123-136. Tapachula.
- Badii, M. H., A. E. Flores, R. Torres y H. Quiroz. 1995_b. Muestreo y evaluación económica de las plagas. In: Curso Internacional sobre Manejo de Huertas de Cítricos. SAGAR, INIFAP, CIRNE, H. Fuente (ed.), pp. 1-13. General Allende.
- Badii, M. H., A. E. Flores, S. Varela, S. Flores y R. Foroughbakhch. 1996a. Dispersion indices of citrus rust mite (Acari: Eriophyidae) on orange in Tamaulipas, Mexico. In: *Acarology IX: Volume 1, Proceedings. Section I: Behavior and Physiological Ecology*, R. Mitchel, D. Horn, G. R. Needham y W. C. Welbourn (eds.), pp. 17-20. Ohio Biological Survey, Columbus, Ohio.
- Badii, M. H., A. E. Flores, R. Foroughbakhch, H. Quiróz y R. Torres. 1996_b. Ecología de manejo integrado de plagas (MIP) con observaciones sobre control microbiano de insectos. In: *Avances Recientes en la Biotecnología en Bacillus Thuringiensis*. L. J. Galan Wong, C. Rodreiguez-Padilla y H. Luna-Olvera (eds.), pp. 21-49. Ciencia Universitaria no. 2. UANL., Monterrey.
- Badii, M. H., A. E. Flores, S. Flores y R. Foroughbakhch. 1998. Population dynamics of citrus mites in northeastern Mexico. In: *Acarology IX: Vol. 2, Symposia*, G. Needham, R. Mitchell, D. Horn and W. C. Welbourn (eds.), pp. 275-280. Ohio Biological Survey, Columbus, Ohio.
- Binns, M. R. and J. P. Nyrop. 1992. Sampling insect populations for the propose of IPM decision making. *Ann. Rev. Entomol.* 37: 427-453.
- Bliss, C. I. y R. A. Fisher. 1953. Fitting the negative binomial distribution to biological data and note on the efficient fitting of the negative binomial. *Biometrics*, 9: 176-200.

- Bliss, C. I. y A. R. G. Owen. 1958. Negative binomial distribution with a common K. *Biometrika*, 45: 37-58.
- Cochran, W. G. 1977. *Sampling techniques*. Second Ed. Wiley, New York.
- Cottam, G. y J. T. Curtis. 1956. The use of distance measures in phytosociological sampling. *Ecology*, 37: 451-460.
- Croft, B. A., S. M. Welch y M. J. Dover. 1976. Dispersion statistics and sample size estimates for populations of the mite species *Panonychus ulmi* and *Amblyseius fallacis* on apple. *Environ. Entomol.* 5: 227-234.
- Diggle, P. J., J. Besag y J. T. Gleaves. 1976. Statistical analysis of spatial point patterns by means of distance methods. *Biometrics*, 32: 659-667.
- Gates, C. E. 1969. Simulation study of estimators for the line transect sampling method. *Biometrics*, 25: 317-328.
- Gerard, D. J. y H. C. Chiang. 1970. Density estimation of corn rootworm egg populations based upon frequency of occurrence. *Ecology*, 51: 237-245.
- Green, R. H. 1966. Measurement of non-randomness in spatial distributions. *Res. Popul. Ecol.* 8: 1-7.
- Green, R. H. 1970. On Fixed precision level sequential sampling. *Res. Popul. Ecol.* 12: 249-251.
- Haugen, D. A. y M. G. Underdown. 1991. Woodchip sampling for the nematode *Deladenus siricidicola* and the relationship with the percentage of *Sirex noctilio* infected. *Australian Forestry*, 54(1-2): 3-8.
- Iwao, S. 1968. A new regression method for analyzing the aggregation pattern of animal populations. *Res. Popul. Ecol.* 10: 1-20.
- Iwao, S. 1975. A new method of sequential sampling to classify populations relative to a critical density. *Res. Popul. Ecol.* 16: 281-288.
- Johnson, R. B. y W. J. Zimmer. 1985. A more powerful test for dispersion using distance measurements. *Ecology*, 66: 1084-1085.
- Jolly, G. M. 1965. Explicit estimates from capture-recapture data with both death and immigration-stochastic model. *Biométrica*, 52: 225-247.
- Kogan, M. y D. C. Herzog. 1980. *Sampling methods on soybean entomology*. Springer-Verlag, N. Y.
- Kono, T. 1953. On estimation of insect population by time unit collecting. *Res. Popul. Ecol.* 2: 85-94.
- Kuno, E. 1969. A new method of sequential sampling to obtain the population estimates with a fixed level of precision. *Res. Popul. Ecol.* 11: 127-136.
- Kuno, E. 1986. Evaluation of statistical precision and design of efficient sampling for the population estimation based on frequency of occurrence. *Res. Popul. Ecol.* 28: 305-319.
- Lefkovich, L. P. 1966. An index of spatial distribution. *Res. Popul. Ecol.* 8: 89-92.
- Lincoln, F. C. 1930. Calculating waterfowl abundance on the basis of banding returns. *U.S.D.A. Circ.* 118: 1-4.
- Lloyd, M. 1967. Mean crowding. *J. Anim. Ecol.* 36: 1-30.
- Ludwig, J. A. y J. F. Reynolds. 1988. *Statistical ecology*. John Wiley y Sons, N. Y.
- Moran, P. A. P. 1951. A mathematical theory of animal trapping. *Biométrica*, 38: 307-311.
- Morisita, M. 1959. Measuring the dispersion of individuals and analysis of the distributional patterns. *Mem. Fac. Sci. Kyushu Univ. Ser. E.* 2: 215-235.
- Morris, R. F. 1955. The development of sampling techniques for forest insect defoliators, with particular reference to the spruce budworm. *Can. J. Zool.* 33: 225-294.

- Nachman, G. 1981. A mathematical model on the functional relationships between density and spatial distribution of a population. *J. Anim. Ecol.* 50: 453-460.
- Nachman, G. 1984. Estimates of mean population density and spatial distribution of *Tetranychus urticae* (Acarina: Tetranychidae) based on the proportion of empty sampling units. *J. Appl. Ecol.* 21: 903-913.
- Pedigo, L. P. y J. W. van Schaik. 1984. Time-sequential sampling: a new use of the sequential probability ratio test for pest management decisions. *Bull. Entomol. Soc. Am.* 30: 32-36.
- Robin, M. R. y W. C. Michell. 1987. Sticky traps for monitoring leafminers *Liriomyza sativa* and *Liriomyza trifolii* (Diptera: Agromyzidae) and their associated hymenopterous parasites in watermelon. *J. Econ. Entomol.* 80: 1345-1347.
- Southwood, T. R. E. 1966. Ecological methods with particular reference to the study of insect populations. Chapman y Hall, N. Y.
- Southwood, T. R. E. 1978. Ecological methods with particular reference to the study of insect populations. Second ed. Chapman y Hall, N. Y.
- Symmons, P. M., G. J. W. Dean y C. W. Stortenberer. 1963. The assesment of the size of populations of adults of the red lacust, *Nomadacris septemfasciata* (Serville), in an outbreak area. *Bull. Ent. Res.* 54: 549-569.
- Taylor, L. R. 1961. Aggregation, variance and the mean. *Nature*, 189: 732-735.
- Taylor, L. R. 1984. Assessing and interpreting the spatial distributions of insect populations. *Ann. Rev. Entomol.* 29: 321-257.
- Taylor, L. R., I. P. Woiwood y N. Perry. 1979. The density dependence of spatial behaviour and the rarity of randomness. *J. Anim. Ecol.* 47: 383-406.
- Troii, T. 1971. The development of quantitative occurrence prediction of infestation by the rice stem-borer, *Chilo suppressalis* in Japan. *Entomophaga*, 16: 193-207.
- Wilson, L. F. y D. J. Gerard. 1971. A new procedure of rapidly estimating pine sawfly (Hymenoptera: Diprionidae) population levels in young pine plantations. *Can. Ent.* 103: 1315-1322.
- Yapp, W.B. 1956. The theory of line transects. *Bird Study*, 3: 93-104.
- Zippin, C. 1956. An evaluation of the removal method of estimating animal populations. *Biometrics*, 12: 163-189.