

COMPARACIONES DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE LOS ESPERMATOZOIDES DE DOS PROTOCOLOS UTILIZANDO LA DISTRIBUCIÓN T^2 DE HOTELLING

Danfier Rivero

Estudiante de La Escuela de Estadística,
Universidad de Los Andes,
Mérida 5101, Venezuela.
e.mail: danfier@hotmail.com

Rafael E. Borges P.

Escuela de Estadística,
Universidad de Los Andes,
Mérida 5101, Venezuela.
e-mail: borgesr@ula.ve

María Isabel Albers

Profesora de la Facultad de Ciencias Veterinarias,
Universidad Central de Venezuela,
Maracay, Estado Aragua, Venezuela.
e-mail: albers27@hotmail.com

Resumen

En este trabajo se presenta la comparación simultánea de siete características morfológicas secundarias de los espermatozoides de toros comunes, evaluados post-mortem sometidos a uno de dos posibles protocolos de almacenamientos de espermatozoides dependientes de la temperatura de almacenamiento. Los datos se analizan de manera univariada, utilizando la distribución t de Student y de manera multivariada, utilizando la distribución T^2 de Hotelling. Se presenta también una discusión de los dos métodos de análisis.

1. Introducción.

En el presente trabajo se presenta una comparación simultánea de siete características morfológicas de los espermatozoides provenientes del epidimio de toros para dos protocolos. Los protocolos de almacenamiento de testículos utilizados varían de acuerdo a la temperatura a los cuales son almacenados. Los datos provienen de toros comunes obtenidos de 10 visitas al Matadero Industrial de Turmero, Estado Aragua, Venezuela.

2. Metodología.

2.1. Definición de los protocolos de almacenamiento.

Los dos protocolos de almacenamiento de los testículos varían de acuerdo a la temperatura de almacenamiento y transporte hasta el laboratorio para su posterior análisis. Los protocolos utilizados son:

- **Protocolo 1 (Protocolo “tibio”):** Testículos transportados a una temperatura entre 32 y 37 °C
- **Protocolo 2 (Protocolo “frio”):** Testículos transportados a una temperatura entre 22 y 25 °C

2.2. Datos.

El manejo de los testículos bovinos, una vez recolectados del matadero, se realizó según protocolo de los Drs. G. Flores-Foxworth y B. Foxworth de la Universidad de Texas A&M (EE.UU.).

En este estudio se analiza la información para siete variables relacionadas con que se piensa pudieran afectadas y que pueden ser consideradas como atipias, y pueden ser consideradas como irregularidades morfológicas que presentan los espermatozoides luego de su almacenamiento y transporte. Mientras mayor sea el valor de estas variables, mayor será la atipia de la característica estudiada y por consiguiente, peor será la calidad del espermatozoide.

Las variables consideradas son:

GOTADIST: porcentaje de espermatozoides con gota citoplasmática distal.+

ENRDISTAL: porcentaje de espermatozoides con enrollamiento distal de la cola.+

FLEXFLAG. porcentaje de espermatozoides con flexión del flagelo.+

CABDESP: porcentaje de espermatozoides con cabezas desprendidas.+

FRACTCOLA: porcentaje de espermatozoides con fractura de la cola.+

ATIPSEC: porcentaje total de espermatozoides con las atipias secundarias anteriormente citadas (+).

ATIPTOT: porcentaje total de espermatozoides con las atipias primarias y secundarias anteriormente citadas (* y +).

2.3. Metodología Estadística.

Para aplicar la comparación de dos vectores de media mediante la distribución T^2 de Hotelling se utilizó la librería `mvnormtest`, desarrollada por Slawomir Jarek (Royston, 1982a, 1982b y 1995).

La comparación simultánea de las siete características morfológicas de los espermatozoides bajo los dos protocolos de almacenamiento fue hecha utilizando comparaciones de vectores de media usando la distribución T^2 de Hotelling asumiendo igualdad de las matrices de varianzas y covarianzas (Diaz, 2002, Anderson, 1984)

Para establecer estas comparaciones se utiliza el estadístico:

$$T^2 = \frac{n_1 n_2}{n_1 + n_2} (\bar{X}_1 - \bar{X}_2)' S_p^{-1} (\bar{X}_1 - \bar{X}_2)$$

donde:

\bar{X}_1 es el vector de medias muestrales para el protocolo 1.

\bar{X}_2 es el vector de medias muestrales para el protocolo 2.

S_p es la matriz de varianzas y covarianzas muestral mancomunada, calculada mediante la expresión:

$$S_p = \frac{(n_1 - 1)S_1 + (n_2 - 1)S_2}{(n_1 + n_2 - 2)}$$

n_1 es el tamaño muestral del protocolo 1.

n_2 es el tamaño muestral del protocolo 2.

S_1 es la matriz de varianzas y covarianzas muestral de los datos del protocolo 1.

S_2 es la matriz de varianzas y covarianzas muestral de los datos del protocolo 2.

Para efectos de tomar una decisión, el valor del estadístico T^2 se debe comparar con un valor teórico obtenido mediante:

$$T_{teorico}^2 = \frac{\nu p}{\nu - p + 1} F_{p, \nu - p + 1, \alpha}$$

donde:

$$\nu = n_1 + n_2 - 2$$

p es el número de variables en estudio.

$F_{p, \nu-p+1, \alpha}$ es el valor crítico de una función de densidad de una F de Snedecor con p y $\nu - p + 1$ grados de libertad y que deja por encima una probabilidad α , siendo este último valor el nivel de significancia.

La hipótesis nula de igualdad de vectores de media, $H_0 : \mu_1 = \mu_2$, se rechaza si el estadístico T^2 es mayor que el $T^2_{teorico}$.

Los cálculos fueron realizado mediante el lenguaje R (R Development Core Team, 2004)

3. Resultados.

Al estudiar si los datos correspondientes a los protocolos 1 y 2 se distribuyen de acuerdo a distribuciones normales multivariadas, se observa que ambos conjuntos de datos parecieran distribuirse mediante las distribuciones antes mencionadas

Para las comparaciones de los vectores de medias, el estadístico calculado fue:

$$T^2 = 44.49105$$

el cual resultó mayor que:

$$T^2_{teorico} = \frac{\nu p}{\nu - p + 1} F_{7, 58, \alpha=0.01} = \frac{(64)(7)}{58} 2.9645 = 22.89821$$

Con lo cual se estaría rechazando la hipótesis nula de igualdad de los vectores medias de los protocolos para un nivel de significancia del 1%.

4. Conclusiones.

Como se rechaza la hipótesis nula de igualdad de los vectores medias de los protocolos (al 1%), se procede a estudiar los vectores de medias, observándose atipias menores para el protocolo 1, lo cual pudiera ser explicado a que mediante el protocolo 2 pareciera producirse un shock térmico, que pudiera estar produciendo mayores atipias.

5. Bibliografía.

Anderson, T.W. (1984). *An Introduction to Multivariate Statistical Analysis*. N.Y., Estados Unidos: John Wiley & Sons.

Diaz, L.G. (2002). *Estadística Multivariada: Inferencia y Métodos*. Bogotá, Colombia: Universidad Nacional de Colombia.

R Development Core Team (2004). *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.(URL <http://www.R-project.org>.)

Royston, P. (1982a) An Extension of Shapiro and Wilk's W Test for Normality to Large Samples. *Applied Statistics*, **31**: 115–124.

Royston, P. (1982b) Algorithm AS 181: The W Test for Normality. *Applied Statistics*, **31**: 176–180.

Royston, P. (1995) A Remark on Algorithm AS 181: The W Test for Normality. *Applied Statistics*, **44**: 547–551.

Anexo (Salidas del lenguaje R).

R : Copyright 2004, The R Foundation for Statistical Computing
Version 1.9.0 (2004-04-12), ISBN 3-900051-00-3

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for a HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

```
>
> Sec1<-read.table("Sec1.txt", header=T)
>
> Sec2<-read.table("Sec2.txt", header=T)
>
> library(stats)
> VARSec1<-var(Sec1)
> VARSec1
      GOTADIST  ENRDISTAL  FLEXFLAG  CABDESP  FRACTCOLA  ATIPSEC  ATIPTOT
GOTADIST  70.427015   2.139076 -44.041705 -47.92052  14.762960 -6.702577 -24.569138
ENRDISTAL  2.139076  23.067482  -4.382163 -10.06089  -4.408471  6.019710  5.266476
FLEXFLAG  -44.041705  -4.382163  99.929890 -26.88290 -23.052848 -1.088161 -12.528776
CABDESP   -47.920521 -10.060888 -26.882898 121.95625  -5.897780 37.643246  70.086602
FRACTCOLA 14.762960  -4.408471 -23.052848  -5.89778  32.339225 12.324532 11.166942
ATIPSEC   -6.702577  6.019710  -1.088161  37.64325  12.324532 49.579628 52.282142
ATIPTOT  -24.569138  5.266476 -12.528776  70.08660  11.166942 52.282142 75.274101
>
> VARSec2<-var(Sec2)
> VARSec2
      GOTADIST  ENRDISTAL  FLEXFLAG  CABDESP  FRACTCOLA  ATIPSEC  ATIPTOT
GOTADIST 121.52358 -19.1298998 -52.168928 -14.9861610 -10.9080836 23.855633 26.559291
ENRDISTAL -19.12990  42.8913965  28.958784 -21.0460535  0.8910385 32.333280 27.940273
FLEXFLAG  -52.16893  28.9587840  84.892497 -30.2019327  -4.0861163 27.092862 26.455036
CABDESP   -14.98616 -21.0460535 -30.201933  84.7196577  0.3820468 18.564561 22.230462
FRACTCOLA -10.90808  0.8910385  -4.086116  0.3820468  10.1494075 -3.639733  -5.190484
ATIPSEC   23.85563  32.3332801  27.092862 18.5645607  -3.6397327 97.118866  97.073577
ATIPTOT   26.55929  27.9402728  26.455036  22.2304617  -5.1904842 97.073577 107.330119
>
> MEANSec1<-mean(Sec1)
> MEANSec1<-as.matrix(MEANSec1)
> MEANSec1
```

[,1]

```

GOTADIST 10.298276
ENRDISTAL 5.350345
FLEXFLAG 14.145172
CABDESP 13.316207
FRACTCOLA 11.289655
ATIPSEC 54.690690
ATIPTOT 63.036897
>
> MEANSec2<-mean(Sec2)
> MEANSec2<-as.matrix(MEANSec2)
> MEANSec2
      [,1]
GOTADIST 16.636486
ENRDISTAL 8.200811
FLEXFLAG 17.419189
CABDESP 10.610811
FRACTCOLA 5.443784
ATIPSEC 58.470541
ATIPTOT 64.965946
>
> n1<-29
> n2<-37
>
> Sp<-((n1-1)*VARSec1+(n2-1)*VARSec2)/(n1+n2-2)
> Sp
      GOTADIST ENRDISTAL FLEXFLAG CABDESP FRACTCOLA ATIPSEC ATIPTOT
GOTADIST 99.1688321 -9.824723 -48.613268 -29.394944 0.3229980 10.486416 4.190603
ENRDISTAL -9.8247231 34.218434 14.372120 -16.240044 -1.4274970 20.821093 18.020487
FLEXFLAG -48.6132679 14.372120 91.471356 -28.749855 -12.3840615 14.763664 9.399618
CABDESP -29.3949435 -16.240044 -28.749855 101.010668 -2.3653774 26.911485 43.167523
FRACTCOLA 0.3229980 -1.427497 -12.384061 -2.365377 19.8574526 3.344633 1.965890
ATIPSEC 10.4864157 20.821093 14.763664 26.911485 3.3446333 76.320450 77.477324
ATIPTOT 4.1906034 18.020487 9.399618 43.167523 1.9658896 77.477324 93.305611
>
> library(MASS)
> Spinv<-ginv(Sp)
> Spinv
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7]
[1,] 1.48665858 1.50633123 1.46991991 1.52141601 1.43671282 -1.5298770 0.03042789
[2,] 1.50633123 1.57202237 1.48990750 1.5543951 1.46359017 -1.5643439 0.02763964
[3,] 1.46991991 1.48990750 1.46864442 1.5104674 1.43183589 -1.5187888 0.03044101
[4,] 1.52141601 1.55439507 1.51046739 1.5764559 1.47831426 -1.5621454 0.01595320
[5,] 1.43671282 1.46359017 1.43183589 1.4783143 1.44925875 -1.4915992 0.03265455
[6,] -1.52987701 -1.56434393 -1.51878878 -1.5621454 -1.49159916 1.6727757 -0.11101730
[7,] 0.03042789 0.02763964 0.03044101 0.0159532 0.03265455 -0.1110173 0.08506180
>
> MEANdif<-MEANSec1-MEANSec2
> MEANdif
      [,1]
GOTADIST -6.338211
ENRDISTAL -2.850466
FLEXFLAG -3.274017
CABDESP 2.705396
FRACTCOLA 5.845871
ATIPSEC -3.779851
ATIPTOT -1.929049
>
> MEANdif.t<-t(MEANdif)
> MEANdif.t
      GOTADIST ENRDISTAL FLEXFLAG CABDESP FRACTCOLA ATIPSEC ATIPTOT
[1,] -6.33821 -2.850466 -3.274017 2.705396 5.845871 -3.779851 -1.929049
>
> T2<-(n1*n2/(n1+n2))*(MEANdif.t**%Spinv**%MEANdif)
> T2
      [,1]
[1,] 44.49105
>
> p<-7
> v<-n1+n2-2
>

```

```
> F.7.58.05<-2.1721
>
> T2.t.05<- (v*p/(v-p+1))*F.7.58.05
> T2.t.05
[1] 16.7776
>
> # Como T2>T2.t.05, al 5%, se rechaza la hipotesis nula de igualdad de los vectores de
medias.
>
> F.7.58.01<-2.9645
> T2.t.01<- (v*p/(v-p+1))*F.7.58.01
> T2.t.01
[1] 22.89821
>
> # Como T2>T2.t.01, al 1%, se rechaza la hipotesis nula de igualdad de los vectores de
medias.
>
```