

# BIOFAC: PROGRAMA FORTRAN PARA EL ANALISIS MONOVARIANTE Y BIVARIANTE DE POBLACIONES

C. BRIME Y F. ALVAREZ

TRABAJOS DE GEOLOGIA Brime, C. y Alvarez, F. (1984).—BIOFAC: Programa FORTRAN para el análisis monovariante y bivalente de poblaciones. *Trabajos de Geología*, Univ. de Oviedo, 14, 131-135.



Este programa, escrito en FORTRAN, para la caracterización monovariante y bivalente de hasta 15 variables, realiza las siguientes funciones: (1) Cálculo de los estadísticos básicos para cada variable. (2) Determinación de las líneas de crecimiento por el método de «eje mayor reducido». (3) Discriminación estadística de la alometría (positiva o negativa) y la isometría. Además se proporciona una opción para la conversión logarítmica de los datos originales.

This program, written in FORTRAN, computes some uni and bivariate statistics for up to 15 variables. The program performs the following computations: Determination of the basic statistics for each variable, the relative growth lines using the reduced major axis method, the statistical discrimination of allometry (positive or negative) and isometry. A logarithmic option is also given.

*Covadonga Brime, Departamento de Cristalografía, Mineralogía y Mineralotecnía, Universidad de Oviedo y Fernando Alvarez, Departamento de Paleontología, Universidad de Oviedo. Manuscrito recibido el 11 de enero de 1984.*

Dado que la unidad natural en los organismos es la población más que el individuo (Huxley 1940; Imbrie 1956; Sylvester-Bradley 1956), la taxonomía moderna estudia la variación de las especies tanto dentro de las poblaciones como entre ellas. Con objeto de facilitar y agilizar los estudios biométricos hemos preparado el presente programa, escrito en FORTRAN, que permite la caracterización monovariante y bivalente de hasta 15 variables. El programa realiza las siguientes funciones: Cálculo de los estadísticos básicos para cada variable, determinación de las líneas de crecimiento relativo por el método del eje mayor reducido y discriminación estadística de alometría (positiva o negativa) e isometría. Proporcionándose además una opción para la conversión logarítmica de los datos originales.

## DESCRIPCIÓN GENERAL DEL PROGRAMA

El programa BIOFAC, escrito en FORTRAN, permite el análisis monovariante de 15 variables y el bivalente de todos los pares posibles que pueden formarse a partir de las 15 variables. Es además un programa secuencial que permite el estudio sucesivo de varias muestras sin que exista ningún límite, aparte de la

capacidad del ordenador, para el número de ejemplares dentro de cada muestra.

La secuencia lógica de este programa puede resumirse de la siguiente forma: 1) Entrada y escritura de todos los datos. 2) Cálculo y escritura de la media, error típico de la media, desviación típica y coeficiente de variación. 3) Cálculo y escritura de las matrices que permiten la caracterización bivalente. 4) Cálculo del factor de discriminación del tipo de crecimiento.

### a) *Entrada de datos* (INPUT)

Los datos deben ser registrados previamente en un fichero que tendrá las siguientes líneas:

1. TITULO, hasta 12 caracteres alfanuméricos.
2. NF, número de muestras que contiene el fichero.
3. N, número de ejemplares en la muestra IDTN, código de identificación de la muestra.
- 4 a  $n$ . X(J), serie de  $n$  líneas, dando cada línea las medidas realizadas en cada ejemplar. Cada línea contiene el número del ejemplar (hasta cuatro caracteres) seguido sin espacio de las medidas realizadas sobre cada ejemplar y que pueden

ocupar como máximo seis espacios con dos decimales.

La línea 3 se repite antes de cada una de las muestras objeto de estudio.

El número de medidas o variables puede ir desde 1 hasta 15. En caso de que este número fuera inferior a 15, el programa sigue su ejecución normal con las variables que pueda leer en el fichero.

b) *Caracterización monovariante*

El programa calcula (líneas 43 a 56) los valores de la media (MX), el error típico de la media (EX), la desviación típica (DX) y el coeficiente de variación (VX).

c) *Caracterización bivariante*

El programa realiza el estudio bivariante para todos los pares posibles de variables que se pueden formar con los datos de entrada e imprime los resultados en forma de matrices (15,15) con las características indicadas en la Fig. 1 en la que podemos ver que la variable X(J) corresponde al valor y del eje mayor redu-

cido ( $y = ax + b$ ) y la variable X(K) corresponde al valor x.

En el listado se incluye el método del «eje mayor reducido» (Kermack y Haldane 1950) para la determinación de las líneas de regresión, ya que durante la preparación del programa encontramos empíricamente que éste se ajustaba mejor a las distribuciones de puntos que las líneas establecidas por el método de «mínimos cuadrados». Conclusiones similares han sido obtenidas por otros autores como Waller (1969), Ghose (1970), Barnett (1971), Feldman (1977), Jones (1974, 1977, 1979).

El programa permite también, basándose en el índice de Hayami y Matsukuma (1971) que en el programa hemos denominado (ZA), la discriminación del carácter alométrico o isométrico del crecimiento relativo. La discriminación se realiza de acuerdo con la siguiente relación de valores:

- $1,96 \leq ZA \leq 1,96$  ... isometría.
- $ZA > 1,96$  ... alometría positiva.
- $ZA < -1,96$  ... alometría negativa.

La conversión de los datos originales en logaritmos, necesaria en caso de que el crecimiento sea alométrico, puede hacerse con facilidad sustituyendo las líneas 34 y 35 del programa por las que se indican a continuación:

```

34 READ (8,40) NRO, (X(J), J = 1,8)
35 40 FORMAT (14,8 F 6,2)
36 C CALCULO DE LOS LOGARITMOS
37 DO 50 J = 9,15
38 50 X(J) = ALOG 10 (X(J-8))
    
```

Debemos tener en cuenta que si se realiza esta modificación, el número de variables que se pueden introducir en la entrada de datos es de 8, quedando las otras 7 columnas destinadas al registro de la conversión logarítmica de los valores originales.

d) *Salida de datos (OUTPUT)*

El formato está preparado de forma que la secuencia de salida es como sigue: Primero se imprime el código de identificación de la muestra. A continuación todos los datos estudiados, seguidos por los valores de la media, error típico de la media, desviación típica y coeficiente de variación. Por último, y precedidos de la identificación correspondiente, se escriben las matrices bivariantes.

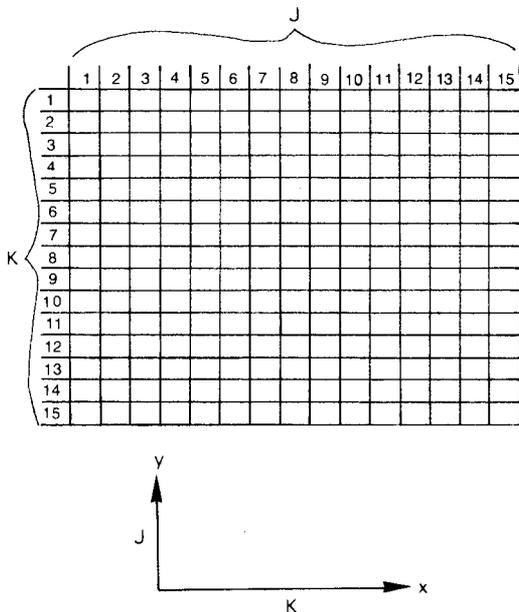


Fig. 1.-Características de las matrices de caracterización bivariante.

## APENDICE: Listado del programa

```

0001 FTM77,Q,Y,I
0002 #FILES(1,1)
0003 PROGRAM BIOFAC
0004 C CARACTERIZACION UNIVARIANTE Y BIVARIANTE
0005 C CALCULO DE ESTADISTICOS
0006 C LINEAS DE REGRESION EJE MAYOR REDUCIDO
0007 INTEGER F
0008 CHARACTER*12 BAR
0009 REAL X(15),MX(15),DX(15),VX(15),EX(15),SX(15),SXX(15,15)
0010 REAL A(15,15),B(15,15),R(15,15)
0011 REAL DE(15,15),DD(15,15),DAE(15,15),ZA(15,15)
0012 REAL ALFA(15,15),BETA(15,15)
0013 WRITE(1,('(Nombre del fichero?')')
0014 READ(1,500) BAR
0015 500 FORMAT(A12)
0016 OPEN(8,FILE=BAR)
0017 READ(8,10)NF
0018 10 FORMAT(I4)
0019 DO 300 F=1,NF
0020 DO 13 J=1,15
0021 DO 15 K=1,15
0022 15 SXX(J,K)=0
0023 13 SX(J)=0
0024 C IDENTIFICACION DE LA MUESTRA Y LECTURA DE LOS DATOS
0025 READ(8,20)N,IDTN
0026 20 FORMAT(2I4)
0027 WRITE(6,30)IDTN
0028 30 FORMAT(/," MUESTRA ",I2,/)
0029 WRITE(6,35)
0030 35 FORMAT(2X,3HNRO,5X,1H1,7X,1H2,6X,1H3,7X,1H4,9X,1H5,7X,1H6,7X,
0031 11H7,7X,1H8,7X,1H9,6X,2H10,6X,2H11,6X,2H12,6X,2H13,6X,2H14,
0032 26X,2H15,2X,/)
0033 DO 80 I=1,N
0034 READ(8,40)NRO,(X(J),J=1,15)
0035 40 FORMAT(I4,15F6.2)
0036 DO 70 J=1,15
0037 DO 60 K=1,15
0038 60 SXX(J,K)=SXX(J,K)+X(J)*X(K)
0039 70 SX(J)=SX(J)+X(J)
0040 WRITE(6,77)NRO,(X(J),J=1,15)
0041 77 FORMAT(I5,15F8.3)
0042 90 CONTINUE
0043 C CALCULO DE LOS ESTADISTICOS BASICOS, CARACTERIZACION UNIVARIANTE
0044 DO 85 J=1,15
0045 DX(J)=SQRT((SXX(J,J)-SX(J)**2/N)/(N-1))
0046 MX(J)=SX(J)/N
0047 VX(J)=100.*DX(J)/MX(J)
0048 85 EX(J)=DX(J)/SQRT(FLOAT(N))
0049 WRITE(6,87)(MX(J),J=1,15)
0050 87 FORMAT (/,/,3X,2HMX,15F8.3,/)
0051 WRITE(6,89)(EX(J),J=1,15)
0052 89 FORMAT(3X,2HEX,15F8.3,/)
0053 WRITE(6,91)(DX(J),J=1,15)
0054 91 FORMAT(3X,2HDX,15F8.3,/)
0055 WRITE(6,93)(VX(J),J=1,15)
0056 93 FORMAT(3X,2HVX,15F8.3,/)
0057 C CARACTERIZACION BIVARIANTE
0058 C DETERMINACION DE LAS LINEAS DE CRECIMIENTO SEGUN EL METODO
0059 C DEL EJE MAYOR REDUCIDO
0060 DO 99 J=1,15

```

```

0061      DO 99 K=1,15
0062      A(J,K)=DX(J)/DX(K)
0063      B(J,K)=MX(J)-MX(K)*A(J,K)
0064      R(J,K)=(SXX(J,K)+N*MX(J)*MX(K)-MX(K)*SX(J)-MX(J)
0065      1*SX(K))/(N-1)*DX(J)*DX(K)
0066      IF(ABS(R(J,K)-1.) .LT. 0.001)R(J,K)=1.
0067 C DETERMINACION DE LA VARIABILIDAD RESPECTO AL EJE MAYOR REDUCIDO
0068      ALFA(J,K)=1.-(R(J,K)*R(J,K))/FLOAT(N)
0069      IF(ALFA(J,K) .LT. 0.)GO TO 96
0070      DAE(J,K)=A(J,K)*SQRT(ALFA(J,K))
0071 96 CONTINUE
0072      AA=2.*(1-R(J,K))*(DX(K)*DX(K)+DX(J)*DX(J))
0073      DD(J,K)=SQRT(AA)
0074      BETA(J,K)=(MX(K)**2+MX(J)**2)
0075      DE(J,K)=100.*DD(J,K)/SQRT(BETA(J,K))
0076 C DISCRIMINACION DE ISOMETRIA Y ALOMETRIA (HAYAMI Y MATSUKUMA 1971)
0077      ZA(J,K)=A(J,K)-1./DAE(J,K)
0078 99 CONTINUE
0079      WRITE(6,104)
0080 104 FORMAT(" PENDIENTE LINEA CRECIMIENTO A(J,K)",/)
0081      WRITE (6,110)((A(J,K),J=1,15),K=1,15)
0082 110 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0083      WRITE(6,115)
0084 115 FORMAT(" INDICE DE CRECIMIENTO INICIAL B(J,K)",/)
0085      WRITE(6,126)((B(J,K),J=1,15),K=1,15)
0086 126 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0087      WRITE(6,137)
0088 137. FORMAT(5X"COEFICIENTE DE CORRELACION R(J,K)",/)
0089      WRITE(6,148)((R(J,K),J=1,15),K=1,15)
0090 148 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0091      WRITE(6,159)
0092 159 FORMAT(" ERROR TIPICO DE LA PENDIENTE DAE(J,K)",/)
0093      WRITE(6,165)((DAE(J,K),J=1,15),K=1,15)
0094 165 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0095      WRITE(6,171)
0096 171 FORMAT(5X,"DISPERSION ABSOLUTA RESPECTO AL EJE MAYOR REDUCIDO DD(J
0097 1,K)",/)
0098      WRITE(6,182)((DD(J,K),J=1,15),K=1,15)
0099 182 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0100      WRITE(6,193)
0101 193 FORMAT(5X"DISPERSION RELATIVA RESPECTO AL EJE MAYOR REDUCIDO DE(J
0102 1,K)",/)
0103      WRITE(6,204)((DE(J,K),J=1,15),K=1,15)
0104 204 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0105      WRITE(6,208)
0106 208 FORMAT(5X,"DISCRIMINACION DE ISOMETRIA Y ALOMETRIA (HAYAMI Y MATSU
0107 1KUMA 1971), ZA(J,K)",/)
0108      WRITE(6,216)((ZA(J,K),J=1,15),K=1,15)
0109 216 FORMAT(15(5X,15F8.3,/))
0110 300 CONTINUE
0111      END

```

## BIBLIOGRAFIA

- Barnett, S. G. (1971).—Biometric determination of the evolution of *Spathognathodus remscheidensis*: A method for precise intrabasinal time correlations in the northern Appalachians. *J. Paleontol.*, 45, 274-300.
- Feldman, H. R. (1977).—Paleoecology and morphologic variation of a Paleocene terebratulid brachiopod (*Oleneothyris harlani*) from the Hornerstown Formation of New Jersey. *J. Paleontol.*, 51, 86-107.
- Ghose, B. K. (1970).—Regression analysis in Paleobiometrics - A reappraisal. *J. Geol.*, 78, 547-557.
- Hayami, I. y Matsukuma, A. (1971).—Mensuration of fossils and statistics - Analysis of allometry and variation. *Kyushu Univ., Dept. Geol. Sci. Rept.*, 10, 135-160.
- Huxley, J. S. (Ed.) (1940).—*The new systematics*, Clarendon Press, Oxford, 583 pp.
- Imbrie, J. (1956).—Biometrical methods in the study of invertebrate fossils. *Amer. Mus. Nat. Hist. Bull.*, 102, 217-252.
- Jones, B. (1974).—A biometrical analysis of *Atrypella foxi* n. sp. from the Canadian Arctic. *J. Paleontol.*, 48, 963-977.
- (1977).—Variation in the Upper Silurian brachiopod *Atrypella phoca* (Salter) from Somerset and Prince of Wales Islands, Arctic Canada. *J. Paleontol.*, 51, 459-479.
- (1979).—*Atrypoidea erebus* n. sp. from the Late Silurian of Arctic Canada. *J. Paleontol.*, 53, 187-196.
- Kermack, K. A. y Haldane, J. B. S. (1950).—Organic correlation and allometry. *Biometrika*, 37, 30-41.
- Sylvester-Bradley, P. C. (Ed.) (1956).—*The species concept in Palaeontology*. Syst. Assoc. Publi., 2, 148 pp.
- Waller, T. R. (1969).—The evolution of *Argopecten gibbus* stock (Mollusca: Bivalvia) with emphasis on the Tertiary and Quaternary species of eastern North America. *J. Paleontol.*, 43 (5 Supplement; Paleont. Soc. Mem. 3), 125 pp.

