



ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN FENOTÍPICA DE MANCHAS COSTALES DE
Anopheles (Nyssorhynchus) EN COLOMBIA

HEIBER CÁRDENAS HENAO

UNIVERSIDAD DEL VALLE
FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS
DEPARTAMENTO DE BIOLOGÍA
PROGRAMA DE DOCTORADO CIENCIAS-BIOLOGÍA-9194
SANTIAGO DE CALI

2018



ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN FENOTÍPICA DE MANCHAS COSTALES DE
Anopheles (Nyssorhynchus) EN COLOMBIA

HEIBER CÁRDENAS HENAO

Tesis para optar el título de Doctorado en Ciencias-Biología

Director

Jaime Eduardo Muñoz Flórez, Ph. D

Codirector

Ranulfo González Obando, Ph. D.

UNIVERSIDAD DEL VALLE

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y EXACTAS

DEPARTAMENTO DE BIOLOGÍA

PROGRAMA DE DOCTORADO CIENCIAS-BIOLOGÍA-9194

SANTIAGO DE CALI

2018

Nota de aceptación:

APROBADO

El jurado resalta la importancia del avance en el conocimiento de especies trasmisoras de malaria que tienen gran impacto en la salud pública.

YADIRA RANGEL, Ph. D., Universidad Central de Venezuela

Jurado

LUZ ÁNGELA ÁLVAREZ, Ph. D., Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira

Jurado

VICTOR MANUEL GONZÁLEZ, Ph.D., Universidad del Valle, Sede Meléndez

Jurado

Santiago de Cali, 26 de enero de 2018

Agradezco de manera muy especial a mis directores de tesis Dr. Jaime Eduardo Muñoz y Dr. Ranulfo González por su esfuerzo y su dedicación durante estos cuatro años, sus conocimientos, orientaciones, manera de trabajar y motivación han sido fundamentales en esta etapa de continua formación.

A los miembros del Comité Doctoral: Dra. Yadira Rangel, Dr. Víctor Manuel González y Dra. Angela Alvarez, por su interés, motivación y aportes que contribuyeron en el mejoramiento del proyecto y documento final de tesis. Muchas gracias por estar siempre disponibles.

Al Dr. Efraín De Luna del Depto. Biodiversidad y Sistemática, INECOL, Xalapa, y al Dr. Nicolás Jaramillo, del Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, quienes amablemente me recibieron durante la pasantía de esta investigación y con quienes inicié el trabajo de morfometría geométrica.

A los Jefes de Departamento, Dra. Patricia Chacón, quien me animó a emprender esta empresa y Dr. Edgardo Londoño por su apoyo y solidaridad. A los Directores de Postgrado, Dra. Alba Marina Torres, quien me animó y acompañó en los primeros años y Dra. Inge Ambrecht, por su dedicación, acompañamiento y solidaridad sobre todo en el último año. A la profesora Nancy Carrejo por sus consejos oportunos.

A todos mis colegas, en especial mis compañeros en la Sección de Genética profesor Nelson Toro, quien me apoyó especialmente con mis estudiantes de pregrado y postgrado, a los profesores Esteban Osorio, Guillermo Barreto y Andrés Castillo por motivarme y apoyarme en este proceso.

Agradezco a todos mis maestros, por compartir su conocimiento en mi formación como profesional e investigador en especial a la Dra. Graciela Valderrama de Díaz, al Dr. Enrique Bravo M., Dr. Efraín Rubio, Dr. Humberto Álvarez, Dr. Jaime Cantera, Dr. Hugo F. Hoenigsberg, quienes además contribuyeron en mi formación personal.

A mis discípulos y estudiantes, quienes siempre me animaron y estuvieron atentos a colaborar, especialmente a Mauricio Peñuela, Ronald Viafara, Omar, Mónica y Cristian.

A mi familia, fuente de apoyo constante e incondicional en toda mi vida y más aún en mis duros años de carrera profesional. Sin su ayuda hubiera sido imposible culminar estos estudios.

CONTENIDO

	pág.
INTRODUCCIÓN	27
1. ANTECEDENTES	34
2. OBJETIVOS	47
2.1 GENERAL	47
2.2 ESPECÍFICOS	47
2.3 HIPÓTESIS	48
3. MATERIALES Y MÉTODOS	49
3.1 TAMAÑO DE MUESTREO	49
3.2 MORFOMETRÍA TRADICIONAL	53
3.2.1 Patrones de las manchas costales alares	53
3.2.2 Estadística descriptiva	56
3.2.3 Estadística inferencial	56
3.2.4 Modelos genéticos	57
3.2.5 Comparación entre poblaciones dentro de la especie	58
3.3 MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA (MG) EN <i>Anopheles An. benarrochi</i> B	59
4. RESULTADOS	63
4.1 FRECUENCIAS DE LOS PATRONES DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES	63
4.1.1 Sección Albimanus	63

4.1.1.1 <i>An. nuneztovari</i>	63
4.1.1.2 <i>An. benarrochi</i> B	66
4.1.1.3 <i>An. strodei</i>	68
4.1.1.4 <i>An. triannulatus</i>	69
4.1.1.5 <i>An. albimanus</i>	71
4.1.2 Sección <i>Argyritarsis</i>	73
4.1.2.1 <i>An. albitarsis</i> F	73
4.1.2.2 <i>An. darlingi</i>	77
4.2 COMPARACIÓN ENTRE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS DE LOS PATRONES COSTALES DEL Al.Der. CON LOS DEL Al.Izq.	81
4.3 COMPARACIÓN ENTRE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS DE LOS PATRONES ALARES ENTRE SEXOS	83
4.4 COMPARACIÓN DE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS RELATIVAS DE LOS PATRONES ALARES ENTRE LOCALIDADES	84
4.4.1 <i>An. nuneztovari</i>	85
4.4.2 <i>An. albitarsis</i> F	85
4.4.3 <i>An. darlingi</i>	86
4.5 COMPARACIÓN DE LAS FRECUENCIAS DE LOS PATRONES DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES EN LAS SIETE ESPECIES ESTUDIADAS DE <i>Anopheles</i>	87
4.6 VARIACIÓN EN LA LONGITUD DE LAS MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA	89
4.6.1 Estadística descriptiva	89
4.6.1.1 Sección <i>Albimanus</i>	89
4.6.1.2 Sección <i>Argyritarsis</i> .	97
4.6.2 Comparación entre Al.Der. y Al.Izq.por especie.	107

4.6.2.1 Sección Albimanus	107
4.6.2.2 Sección Argyritarsis	111
4.6.2.3 Comparación entre sexos	112
4.6.3 Uso de la longitud total del ala (Long.A.) como indicador del tamaño	114
4.6.3.1 Sección Albimanus	114
4.6.3.2 Sección Argyritarsis	117
4.6.4 Componentes de varianzas y covarianzas, heredabilidad y coheredabilidad	119
4.6.4.1 Componentes de varianza	120
4.6.4.1.1 Sección Albimanus	120
4.6.4.1.2 Sección Argyritarsis	121
4.6.5 Covarianzas y correlaciones	122
4.6.5.1 Coeficientes de correlación genética, ambiental y fenotípica	128
4.6.6 Regresiones múltiples por etapas	139
4.7 MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA (MG) en <i>An. benarrochi</i> B	148
4.7.1 Hembras grávidas (progenitoras) de <i>An. benarrochi</i> B	148
4.7.2 Progenies hembras procedentes de hembras grávidas (progenitoras) de <i>An. benarrochi</i> B	152
4.7.2.1 Componentes de varianza para el tamaño centroide del ala de progenies hembras	157
4.7.2.2 Componentes de varianza para la conformación del ala en progenies hembras	160
4.7.3 Progenies machos procedentes de hembras grávidas de <i>An. benarrochi</i> B	162
4.7.3.1 Componentes de varianza para el tamaño centroide del ala de progenies machos	168

4.7.3.2 Componentes de varianza para la conformación del ala en progenies machos	171
5. DISCUSIÓN	174
5.1 VARIACIÓN EN LOS PATRONES DE MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA	174
5.2 VARIACIÓN EN EL TAMAÑO DE LAS MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA	179
5.3 DIMORFISMO SEXUAL EN HEMBRAS Y MACHOS RESPECTO A LOS PATRONES ALARES Y LA LONGITUD TOTAL DEL ALA (Long.A.) Y MANCHAS DE LA VENA COSTAL	179
5.4 COMPARACIÓN ENTRE LOCALIDADES	181
5.5 COMPONENTES DE VARIANZAS Y COVARIANZAS, HEREDABILIDAD Y COHEREDABILIDAD DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES	183
5.6 COVARIANZAS Y CORRELACIONES	184
5.7 COMPONENTES DE VARIANZA DE LA CONFORMACIÓN Y DEL TAMAÑO DEL ALA	195
6. CONCLUSIONES	198
7. RECOMENDACIONES	201
8. CONSIDERACIONES ÉTICAS Y SOCIALES	203
BIBLIOGRAFIA	204
ANEXOS	235

LISTA DE FIGURAS

	pág.
Figura 1. Ubicación geográfica de las localidades muestreadas para las siete especies estudiadas	50
Figura 1A. (A) Ala de <i>Anopheles</i> (<i>Nyssorrhynchus</i>). (B) Ala de <i>Anopheles</i> (<i>Anopheles</i>) de la serie Arribalzagia	54
Figura 2. Puntos anatómicos. Localización de los puntos anatómicos tomados en el ala de los mosquitos hembra	59
Figura 3. Gráfico de columnas en dos dimensiones de las frecuencias relativas de los patrones de las manchas costales del ala registrados en siete especies del genero <i>Anopheles</i> estudiadas	88
Figura 4. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) o el Factor canónico 2, FCR_2 (Y_2) y como variable predictora los tamaños centroide (X) para <i>An. benarrochi</i> B	151
Figura 5. Puntos de referencia o landmarks del ala y conformación consenso de las progenies hembras en <i>An. benarrochi</i> B	152
Figura 6. Diagrama de barras para las conformaciones del ala en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	153
Figura 7. De izquierda a derecha se indican los puntos de referencia o landmarks, la ubicación de las 94 alas medidas y conformación consenso de las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	153
Figura 8. Rangos comparativos P25-P75 o cuartiles 1 y 3 considerando como medida de tendencia central a la mediana (cajas rojas) en <i>An. benarrochi</i> B	154
Figura 9. Representación de los especímenes estudiados usando como ejes las dos variables canónicas (CV_1 , CV_2) resultante del análisis discriminante basados en los PW en hembras de <i>An. benarrochi</i> B	155

Figura 10. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) o el Factor canónico 2, FCR_2 (Y_2) y como variable predictora los tamaños centroide (X).	156
Figura 11. Puntos de referencia o landmarks del ala y conformación consenso de las progenies machos en <i>An. benarrochi</i> B	163
Figura 12. Diagrama de barras para las conformaciones del ala en las progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	164
Figura 13. De izquierda a derecha se indican los puntos de referencia o landmarks, la ubicación de las 94 alas medidas y la conformación consenso de las progenies machos en <i>An. benarrochi</i> B	164
Figura 14. Rangos comparativos P10-P90 considerando como medida de tendencia central a la mediana (cajas rojas) en los machos de <i>An. benarrochi</i> B	165
Figura 15. Representación de los especímenes estudiados usando como ejes las dos variables canónicas (CV_1 , CV_2) resultante del análisis discriminante basados en los PW en machos <i>An. benarrochi</i> B	166
Figura 16. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) o el Factor canónico 2, FCR_2 (Y_2) y como variable predictora los tamaños centroide (X)	167
Figura 17. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con las otras covariables en una población de <i>An. benarrochi</i> B	186
Figura 18. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con las otras covariables en una población de <i>An. benarrochi</i> B	187
Figura 19. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con las otras covariables en una población de <i>An. benarrochi</i> B	188

LISTA DE TABLAS

	pág.
Tabla 1. Altitud media, temperatura media mensual (Tm. Anual) y porcentaje de humedad relativa (HR) en las localidades de colección de las hembras progenitoras por sección y especie	51
Tabla 1A. Patrones de las manchas costales del ala de algunos anofelinos estudiados. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson y Peyton (1990)	55
Tabla 5. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986)	62
Tabla 6. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg y McIntyre, 1998)	62
Tabla 7. Descripción de los 14 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>Anopheles nuneztovari</i>	64
Tabla 8. Frecuencias absolutas de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>Anopheles nuneztovari</i> procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en tres localidades	65
Tabla 9. Descripción de los 6 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>An. benarrochi</i> B	67
Tabla 10. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>Anopheles benarrochi</i> B procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Puerto Asis, quebrada Huitoto-Putumayo	67
Tabla 11. Descripción de los 6 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>An. strodei</i>	68

Tabla 12. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>Anopheles strodei</i> procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y San Carlos de Guaroa-Palmeras-Meta	69
Tabla 13. Descripción de los 6 patrones de las manchas costales del ala registrados para <i>An. triannulatus</i>	70
Tabla 14. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>An. triannulatus</i> procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	70
Tabla 15. Descripción de los 9 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>An. albimanus</i>	71
Tabla 16. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>An. albimanus</i> procedentes de progenitoras grávidas recolectadas Iscuandé- Nariño	72
Tabla 17. Descripción de los 13 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>An. albitarsis</i> F	72
Tabla 18. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>An. albitarsis</i> F. procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	73
Tabla 19. Descripción de los 29 patrones de las manchas costales del ala registrados en <i>Anopheles darlingi</i>	78
Tabla 20. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de <i>An. darlingi</i> procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en tres localidades	79
Tabla 21. Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala derecha con el ala izquierda por sexo y localidad	82

Tabla 22. Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala derecha entre sexos	84
Tabla 23 Comparación entre localidades mediante Chi-cuadrado de las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala en las progenies hembras y machos de <i>An. nuneztovari</i> , <i>An. albitarsis</i> F y <i>An. darlingi</i>	85
Tabla 24. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en siete especies del género <i>Anopheles</i> estudiadas	88
Tabla 24A. Comparación por parejas de especies de la distribución de las frecuencias de los patrones costales del ala. Sobre la diagonal se indican los valores de Chi-cuadrado y por debajo de la diagonal la significancia	89
Tabla 40. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades para la longitud total, las manchas de la vena costal y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD considerando las longitudes (mm) conjuntamente de las Al.Der. y Al.Izq. de ambos sexos de <i>An. nuneztovari</i> . (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos/localidad	93
Tabla 41. Contribución de cada variable independiente a la discriminación entre las localidades Buenaventura-Valle del Cauca, Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander de <i>An. nuneztovari</i> , usando la prueba de Wilks para GDA	94
Tabla 92. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras la Long.A. y de las manchas de la vena costal (mm) y HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos en <i>An. albitarsis</i> . (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos medidos por localidad.	103
Tabla 93. Contribución de cada variable independiente a la discriminación entre las localidades Tibú-Norte de Santander; San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta; Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta; Bajo Pompeya-Villavicencio, Meta; Granada-Meta y Yaguará-Huila, donde se recolectaron los individuos de <i>An. albitarsis</i> , usando la prueba de Wilks para GDA	104

Tabla 109. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras Long.A. y de las manchas de la vena costal (mm) y HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos en <i>An. darlingi</i> . (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos medidos por localidad.	106
Tabla 110. Contribución de cada variable independiente a la discriminación entre las localidades Quibdo-Chocó; T.Alta=Tierralta-Córdoba; MGR= Granada-Meta, donde se recolectaron los individuos de <i>An. darlingi</i> , usando la prueba de Wilks para GDA	107
Tabla 111. Comparación entre los tamaños promedios de las manchas costales de las alas derechas (D) e izquierda (I), usando La prueba t-Student para igualdad de medias en grupos independientes	108
Tabla 112. Distancia de Mahalanobis (D^2) entre sexos por especie usando como variables predictoras Long.A. y de las manchas de la vena costal (mm) y HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda/localidad. También se presenta el porcentaje de asignación correcta de especímenes/sexo usando el análisis discriminante general (GDA).	112
Tabla 112A. Variables que discriminan significativamente los sexos, usando la prueba de Wilks para GDA	113
Tabla 161. Matriz de datos para el análisis del tamaño y la conformación del ala en <i>An. benarrochi</i>	149
Tabla 162. Porcentaje de contribución (%) de cada uno de los 24 componentes principales (PC)	150
Tabla 163. Contribución de los tres primeros componentes principales (CP) o “eigenvectors”	150
Tabla 164. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986)	151
Tabla 165. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg y McIntyre, 1998)	152

Tabla 166. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeq, 1986)	156
Tabla 167. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg y McIntyre, 1998)	157
Tabla 168. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de dos vías mixta (Palmer y Strobeq, 1986) para el tamaño centroide en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	157
Tabla 169. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	158
Tabla 170. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA jerarquizada de dos niveles para el tamaño centroide en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	159
Tabla 171. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i>	159
Tabla 172. Componentes de la varianza fenotípica de cada una de las variables de conformación del ala en progenies hembras y de la suma de todas ellas	161
Tabla 173. Componentes de la varianza específica especial (V_{ES}) en cada una de las variables de conformación del ala y de la suma de todas ellas en las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	162
Tabla 174. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeq, 1986)	167
Tabla 175. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg y McIntyre, 1998)	168
Tabla 176. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de dos vías mixta (Palmer y Strobeq, 1986) para el tamaño centroide en las progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	168

Tabla 177. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	169
Tabla 178. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA jerarquizada de dos niveles para el tamaño centroide en las progenies machos <i>An. benarrochi</i> B	169
Tabla 179. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies machos en <i>An. benarrochi</i> B	170
Tabla 180. Componentes de la varianza fenotípica de cada una de las variables de conformación del ala en las progenies machos y de la suma de todas ellas	172
Tabla 181. Componentes de la varianza específica especial ($V_{ES,}$) en cada una de las variables de conformación del ala en las progenies machos y de la suma de todas	173

LISTA DE ANEXOS

	pág.
Anexo A Relación de métodos estadísticos empleados en el análisis de datos	235
Anexo B Tablas complementarias citadas en los capítulos 3, 4	301

ABREVIATURAS Y SIGLAS

AD: mancha apical oscura (apical dark spot).

ADN: ácido desoxirribonucleico.

ADNmt: ácido desoxirribonucleico mitocondrial.

ADNr: ácido desoxirribonucleico ribosomal.

AF: asimetría fluctuante.

Al.Der.: ala derecha.

Al.Izq.: ala izquierda.

An.: *Anopheles*.

ANDEVA: análisis de varianza.

AP: mancha apical clara (apical pale spot).

ASP: sector accesorio claro (accessorial sector pale).

b: coeficiente de regresión.

b(-): coeficiente de regresión negativo.

BD: mancha basal oscura (basal dark spot).

BLAST: Basic Local Alignment Search Tool.

BP: mancha basal clara (basal pale spot).

(BP): Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

CANDISC: análisis discriminante canónico.

CB: Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Co-H²: Co-heredabilidad.

COI: Citocromo Oxidasa I.

COO: collection of coordinates.

Cov: covarianza.

Cov_P: covarianza fenotípica.

Cov_S: covarianza entre familias.

Cov_{SF}: covarianza de hermanos completos.

Cov_G: covarianza genética.

Cov_e: covarianza residual.

Cov_E: Covarianza ambiental.

CP: componentes principales.

CPR: componente canónico de la repetibilidad .

CS: centroid size.

C.V. %: coeficiente de variación expresado en porcentaje.

C.V.E.: coeficiente de variación ambiental.

C.V.G.: coeficiente de variación genética.

C.V.P.: coeficiente de variación fenotípica.

D: derecha

D^2 : distancia de Mahalanobis al cuadrado.

$\bar{D}^2$: distancia de Mahalanobis promedio al cuadrado.

DA: asimetría direccional (directional asymmetry).

DF: función discriminante.

DISCRIM: análisis discriminante.

DSD: mancha sectorial oscura distal (distal sectorial dark spot).

e.g.: por ejemplo.

Et al.: y otros.

Evo-Devo: Evolutionary Developmental Biology.

F: estadístico de Fisher-contraste de varianzas.

FC: factor canónico.

F.V.: fuentes de variación.

FCR₁: factor canónico 1 de la repetibilidad.

G₂: curtosis.

G: media geométrica.

G: componente genético heredable.

1-G: componente no genético.

GDA: análisis discriminante general.

G.L.: grados de libertad.

GLM: modelo lineal generalizado.

$\hat{H}$: media armónica.

H: hembra (s).

h^2 : heredabilidad en sentido estricto.

H^2 : heredabilidad en sentido amplio.

HC.: hermanos completos.

HD: mancha humeral oscura (humeral dark spot).

HP: mancha humeral clara (humeral pale spot).

HR(%): porcentaje de humedad relativa media.

HY: Huila-Yaguará.

I: izquierda.

i.e.: es decir.

IC: intervalo de confianza.

ITS-2: segunda región espaciadora transcrita interna del ADNr.

k_1 : número de progenie por hembra grávida (madre).

k_2 : número de alas estimado por lado.

Long.A.: longitud total del ala.

LL: San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta.

LM: puntos anatómicos o de referencia (landmarks).

M: macho(s).

MANOVA: análisis multivariado de varianza.

Max.: máximo.

Mc: mediana.

CMP_E: producto cruzado promedio esperado.

MG: morfometría geométrica.

MGR: Meta-Granada.

Min.: mínimo.

mm: milímetros.

Mo: moda.

MOG: módulo de morfometría geométrica del paquete CLIC.

MoMe-CLIC: Morfometría en Entomología Medica- Recolección de puntos anatómicos para identificación y caracterización (Morphometrics in Medical Entomology – Collection of Landmark for Identification and Characterization).

m.s.n.m.: metros sobre el nivel del mar.

N: número total de individuos analizados.

n_i: tamaño muestral por familia.

NH: número de hembras.

NM: número de machos.

Nm: número efectivo de migrantes.

NR: norma de reacción.

Nys.: *Nyssorhynchus*.

P: probabilidad.

(P): Putumayo.

P_n: población n.

PD: mancha preapical oscura (preapical dark spot).

P₁₀: Percentil 10.

P₉₀: Percentil 90.

PHD: mancha prehumeral oscura (prehumeral dark spot).

PHP: mancha prehumeral clara (prehumeral pale dark spot).

PP: mancha preapical clara (preapical pale spot).

Prm: precipitación promedio.

PrRes: residuales del ANOVA Procrustes.

PRSD: mancha sectorial oscura proximal (proximal sectorial dark spot).

PSD: mancha presectorial oscura (presectorial dark spot).

PSP: mancha presectorial clara (presectorial pale spot).

pw: valor de significancia de la prueba Shapiro-Wilk.

PW: Partial Warps.

Q_{ST}: coeficiente de diferenciación entre poblaciones para características poligénicas.

QB: Quibdó-Chocó.

r: coeficiente de correlación.

R²: coeficiente de determinación.

R²_{ajustado}: coeficiente de determinación ajustado.

R₁: repetición 1.

R₂: repetición 2.

RW: Relative Warps.

r_G: coeficientes de correlación genética.

r_E: coeficiente de correlación ambiental.

r_P: coeficiente de correlación fenotípica.

REML: restricted (or residual, or reduced) maximum likelihood.

S²: varianza muestral.

$\hat{S}_1^2$: varianza de la repetición R₁.

$\hat{S}_2^2$: varianza de la repetición R_2 .

S.C.: suma de cuadrados.

SCP: mancha subcostal clara (subcostal pale spot).

SD: mancha sectorial oscura (sectorial dark spot).

S.E.(h^2): error estándar de la heredabilidad.

S.E.(R): error estándar de la repetibilidad.

s.l.: en sentido amplio (*senso lato*).

SP: mancha sectorial clara (sectorial pale spot).

SSD: dimorfismo sexual por tamaño (sexual size dimorphism).

Std. Dev.: desviación estándar.

Std. Err.: error estándar.

TC: tamaño centroide.

T.Alta: Tierralta- Córdoba.

Ti: Tibú-Norte de Santander.

Tm: temperatura media.

UPGMA: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean.

V_A : varianza aditiva.

VC: variable de conformación del ala.

V_b : varianza entre individuos.

V_D : varianza de los efectos dominantes .

V_E : varianza ambiental.

V_{ES} : varianza ambiental especial.

V_{EG} : varianza ambiental general.

V_G : varianza genética.

V_L : varianza aportada por la variable fija lado del ala.

V_M : varianza de los efectos maternos.

V_m : varianza aportada por las mediciones sobre el individuo.

V_P : varianza fenotípica.

V_R : varianza de las repeticiones.

V_W : varianza dentro individuos.

V_{Dentro} : varianza dentro.

V_{Entre} : varianza entre.

W : parámetro de contraste de normalidad de Shapiro-Wilk.

RESUMEN

Se estudiaron los patrones de manchas costales alares y su variación métrica en poblaciones de siete especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) de importancia médica en Colombia, usando morfología tradicional. Adicionalmente, se estudió en *An. benarrochi* B la variación en la conformación y el tamaño del ala utilizando morfología geométrica. Con base en las progenies de hembras recolectadas en campo e isofamilias de especímenes conservados en la colección del Laboratorio de Entomología Médica-Universidad del Valle, se estimaron los componentes V_G - Cov_G y V_E de estas características, usando los modelos de Becker (1984), Kempthorne (1969) y Falconer (1989). La asignación de las manchas costales se hizo según Wilkerson y Peyton (1990). Se realizaron comparaciones entre lados del ala, sexos y localidades. Se observó dimorfismo sexual en las frecuencias de los patrones alares y en las longitudes de las manchas costales. Los componentes genéticos de V_P : V_G , Cov_G , r_G , H^2 y $Co-H^2$ fueron altos y significativos en la mayoría de características. Los análisis de morfología geométrica se realizaron siguiendo a Calle et al. (2008). El tamaño y conformación del ala en *An. benarrochi* B, mostraron alometría residual, asimetría fluctuante, efecto del recipiente de crianza significativas y heredabilidades promedio bajas. Las bajas h^2 del tamaño y conformación del ala indican que son mayormente afectadas por el ambiente, con altos niveles de estabilidad en el desarrollo expresado en el porcentaje bajo de los componentes de varianza de asimetría fluctuante y asimetría direccional. Se puede deducir que, posiblemente incluyen interacciones génicas reflejadas en las altas estimaciones de heredabilidad en sentido amplio. En esta investigación se probó la utilidad del modelo *Anopheles* en estudios de caracteres longitudinales asociados funcionalmente. Se evaluó que tan heredables fueron las manchas costales, la conformación del ala y el tamaño, características útiles en la identificación taxonómica de especies de este género.

Palabras claves: *Anopheles*, asimetría fluctuante, componentes de varianzas-covarianzas, heredabilidad, morfometría geométrica, patrones alares

ABSTRACT

The wing costal spots and their metric variation were studied in populations of seven species of *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) of medical importance in Colombia, using traditional morphology and the variation in the conformation and size of the wing by means of geometric morphology in *An. benarrochi* B. Based on the progenies of females collected in the field and isofamilies of specimens preserved in the collection of the Laboratory of Medical Entomology-Universidad del Valle, the components of V_G - Cov_G and V_E of these characteristics were estimated following the models proposed by Becker (1984), Kempthorne (1969) and Falconer (1989). The allocation of costal spots was done according to Wilkerson and Peyton (1990). Comparisons were made between wing sides, sexes and localities. In all seven species a marked sexual dimorphism was observed in terms of the frequencies of the wing patterns and the lengths (mm) of the costal spots. The genetic component of V_P : V_G , Cov_G , r_G , H^2 and $Co-H^2$ were high and significant in most traits. Geometric morphology analyzes were performed in *An. benarrochi* B, following Calle et al. (2008). The morphometric analysis showed residual allometry, fluctuating asymmetry, breeding vessel effect and average low heritabilities in the variables size and conformation of the wing. The low h^2 size and wing conformation indicate that they are variables largely affected by the environment, with high levels of stability in development expressed in the low percentage of the components of variance fluctuating asymmetry and directional asymmetry. It can be deduced that these variables possibly include gene interactions reflected in the high estimates of heritability in the broad sense. In this research the utility of the *Anopheles* model was tested in functionally associated longitudinal character studies. It was evaluated how inheritable were costal spots, wing conformation and size, useful characteristics in the taxonomic identification of species of this genus.

Key words: *Anopheles*, fluctuating asymmetry, geometric morphometry, heritability, variance-covariance components, Wing patterns

INTRODUCCION

El análisis cuantitativo de caracteres poligénicos se fundamenta en que la evolución fenotípica pueda ser modelada usando una función de parámetros descriptores de los procesos de selección y de las bases heredables de la variación fenotípica (Falconer y Mackay, 1996). Las estimaciones de heredabilidad se basan en el análisis de varianza de grupos familiares, correspondiendo a la proporción entre la varianza aditiva y la varianza fenotípica, V_A/V_P (Oftedal, 2005), o bajo un modelo de regresión madres-progenies, equivalente al doble del coeficiente de regresión (b) de esta relación (Falconer y Mackay, 1996). La heredabilidad para un fenotipo de interés, cuantifica la cantidad de variación de los padres expresada en el fenotipo de la descendencia (Visscher et al., 2008). Es atribuible a la acción génica aditiva y a la correlación genética estimada por la relación entre ellos (Roff, 1996).

Las heredabilidades (h^2), las correlaciones genéticas (r_G), las V_G - Cov_G aditivas y los gradientes de selección se estiman a partir del grado de semejanza fenotípica entre parientes en una población (Falconer y Mackay, 1996) o usando otros métodos (Lynch y Walsh, 1998) como el de isofamilias para analizar rasgos cuantitativos en condiciones de laboratorio, con un alcance más amplio que la simple heterogeneidad genética significativa entre líneas (David et al., 2005). Estas estimaciones provienen de estudios en poblaciones controladas (laboratorios, invernaderos, individuos domésticos, entre otros) y pueden tener poca relación con los parámetros de poblaciones naturales (Sgró y Hoffmann 1998, Hermida et al. 2002, Charmantier y Garant 2005), pues la variación ambiental, esconde patrones evolutivos subyacentes (Kruuk, 2004).

La heredabilidad y el diferencial de selección permiten predecir la respuesta del carácter cuantitativo. Cuando la selección actúa sobre más caracteres, como ocurre en poblaciones naturales, los parámetros claves son las V_G - Cov_G . En el método de isofamilias, la Cov_G (variación entre madres) permite comparar diferentes rasgos, poblaciones o ambientes. Es útil para el análisis de plasticidad fenotípica en un gradiente de condiciones ambientales y de rasgos como el dimorfismo sexual.

Para entender el potencial adaptativo de cualquier especie, se requiere la información de dichos parámetros (Carlson y Seamons, 2008), pues los cambios en los caracteres cuantitativos dependen de V_A y de las r_G . La h^2 (V_A/V_P) puede usarse como medida del potencial evolutivo de una población en una generación (Falconer y Mackay 1996, Gillespie 1998). Pero como es una proporción, V_P puede enmascarar a V_A , haciendo más apropiada la estandarización de V_A con la media poblacional como descriptor del potencial de la población al cambio (Houle, 1992). Como h^2 y la V_A son estimadas mediante un modelo lineal (ANDEVA, covarianza y/o regresión), los cambios ontogénicos y la multicolinealidad entre las variables pueden afectar dicha estimación. Siempre que dos o más variables supuestamente independientes esten altamente correlacionadas, será muy difícil evaluar su importancia relativa en la determinación de variables dependientes. Entre mayor sea la correlación entre las variables, mayor será el error de muestreo (Blalock, 1963). La multicolinealidad y las altas correlaciones entre variables, afectan las estandarizaciones realizadas en biología, las razones morfométricas, p.ej. la Long.A., usada para estandarizar el efecto del tamaño de las demás variables. Albrecht (1978) muestra que el uso de razones no elimina totalmente el efecto del tamaño.

Un tema debatido sobre la evolución de caracteres cuantitativos es la cantidad de variación mantenida en poblaciones naturales para diferentes tipos de rasgos. Se ha propuesto la existencia de jerarquización en los valores de h^2 entre categorías de rasgos: morfología>fisiología>comportamiento>ciclos de vida (Roff, 1997). Este patrón es consistente con la hipótesis que rasgos expuestos a selección natural direccional fuerte y cercanamente relacionados con “fitness”, V_A baja en las poblaciones debido a que se han fijado alelos en el tiempo, en contraste con los rasgos expuestos a una selección débil con altos niveles de V_A (Teplitsky et al., 2009).

Una segunda hipótesis es la plasticidad fenotípica alta de algunos caracteres, como los fisiológicos. Esto se debe a que h^2 está inversamente relacionada con la magnitud de los efectos ambientales sobre el rasgo (Geber y Griffen, 2003). En escenarios donde la integración entre caracteres es beneficiosa, la selección debería aumentar r_G entre rasgos funcionalmente relacionados, lo que llevaría a la evolución de complejos estructurales de caracteres integrados (McGlothlin et al. 2005, Gómez et al. 2009).

La morfometría-descripción análisis e interpretación de la forma y su variación, es fundamental en estudios biológicos e incluye información para investigaciones en ecología, genética y biología del desarrollo (Rohlf, 1990). Los estudios taxonómicos y sistemáticos se basan en la descripción y comparación de la forma de estructuras anatómicas (Calle et al. 2002, Petrarca et al. 1998, Yurtas et al. 2005). El desempeño de un organismo es el vínculo entre su fenotipo y su éxito ecológico. Pero la relación entre la morfología y “fitness” puede no ser lineal. Pequeños cambios morfológicos pueden llevar a nuevas funciones, mientras que en otros casos, cambios considerables pueden no redundar en consecuencias para su “fitness” (Koehl, 1996).

Las aproximaciones morfológicas y morfométricas extraen diferentes tipos de datos. Las primeras hacen una descripción detallada, fácil de visualizar, mientras que la morfometría aporta matrices de datos numéricos abstractos, situándose más al lado de la estadística que de la morfología. La morfometría es una rama del análisis matemático de formas que requiere ecuaciones matemáticas más que conceptos provenientes de la intuición biológica o de la morfología clásica (Zelditch et al., 2004). Los trabajos pioneros en morfometría geométrica (MG), se realizaron para responder interrogantes sobre los megalitos británicos (Kendall 1977, Kendall y Kendall 1980), sin relacionarse con la morfología de los organismos, pero la morfometría puede ser parte de la morfología y la estadística. Esto se logra cuando los análisis de formas se usan en los caracteres de los organismos, explicando las diferencias analizadas matemáticamente (Zelditch et al., 2004).

Se puede visualizar resultados y diferencias entre formas complejas haciendo una comparación de los cambios entre las formas que no se consigue con métodos merísticos tradicionales (Cavalcanti, 2004). MG capta la mayor cantidad de información biológica con un menor número de variables tomadas sobre la estructura anatómica, lo cual da mayor resolución estadística para evaluar visual y analíticamente las diferencias en conformación de estructuras biológicas (Rohlf y Marcus, 1993).

Los insectos tienen una alta capacidad para adaptarse a nuevas condiciones ambientales. Esto puede reflejarse en una variación de formas y proporciones heredables (Daly, 1985), medibles en

el exoesqueleto como expresión de la variabilidad genética, ambiental e interacción genotipo-ambiente. Por ello, MG ha demostrado su utilidad para resolver problemas taxonómicos (Matias et al. 2001, Villegas et al. 2002, Gumiel et al. 2003) discriminando integrantes de una especie de otros que no lo son. Ha sido útil en estudios de variación intraespecífica, de diferencias poblacionales y en el diseño de estrategias de control y uso como marcador fenético (Méndez-Pérez y Rebollar-Téllez 2012, Dujardin et al. 2000). En los vectores de malaria, ha sido utilizada en taxonomía de especies simpátricas y en la diferenciación entre especies (Calle et al. 2002, Petrarca et al. 1998, Yurttas et al. 2005).

En América Latina, más de la mitad de los vectores de malaria pertenecen a complejos de especies difíciles de diferenciar morfológicamente (Sinka et al., 2010). En Colombia, las especies de *Anopheles* se han diferenciado utilizando claves dicotómicas para el reconocimiento taxonómico de hembras, larvas y machos, mediante caracteres morfológicos (Faran 1980, Faran y Linthicum 1981, Linthicum 1988, Suárez et al. 1988, González y Carrejo 2009).

Cuando se depende exclusivamente de datos morfológicos, en larvas y hembras, hay dificultades en el diagnóstico de especies de varios subgéneros de *Anopheles*, especialmente *Nyssorhynchus* (Brochero et al. 2006, Motoki et al. 2009a, Gómez et al. 2010). En la región neotropical, varias especies de *Anopheles* constituyen complejos debido a las relaciones filogenéticas cercanas entre taxones, presencia de especies crípticas y variación intraespecífica de caracteres morfológicos (Brochero y Quiñones, 2008). Para resolver esta dificultad, se han empleado cromosomas politénicos (Frizzi 1947, 1953), isoenzimas (Miles 1979, Foley y Bryan 1993), MG (Calle et al., 2008), y técnicas moleculares (Wilkerson et al. 1995, Marelli et al. 1999, Ruiz et al. 2005, Silva-do-Nascimento et al. 2006, Posso et al. 2006, Cienfuegos et al. 2008, Gutierrez et al. 2010, Gómez et al. 2010, 2013, Scarpassa y Conn 2011, Foster et al. 2013, Harbach 2013).

Suponiendo que las formas y dimensiones del exoesqueleto de un insecto reflejan su modo de vida y que las estructuras externas son medibles, las variaciones fenotípicas podrían ser útiles en estudios de diferencias inter e intrapoblacionales, que reflejen el efecto de estos factores en cada población. La diversidad morfológica entre individuos (e.g. tamaño y forma del cuerpo), puede provocar diferencias en las demandas energéticas asociadas a conductas particulares y

frecuentemente relacionadas con variación en su eficiencia, desempeño y adecuación (Berwaerts et al. 2002, Mendoza-Cuenca y Macías-Ordóñez 2005, Outomuro et al. 2012).

La forma alar posee componentes alométricos y no-alométricos, de manera que el tamaño y la forma alar pueden evolucionar de manera independiente o concertada. En mosquitos, se ha demostrado que el tamaño corporal afecta factores como la longevidad (Nasci 1987, Packer y Corbert 1989), la fecundidad (Renshaw et al. 1994, Hurd et al. 1995) y el volumen de sangre tomado (Xue et al. 2010, Takken et al. 1998). La variabilidad del tamaño corporal dentro de las poblaciones de mosquitos como factor que afecta la transmisión de malaria ha recibido poca atención, aunque algunos estudios han demostrado que afecta los patrones de transmisión (Dye y Hasibeder 1986, Kingsolver 1987, Koella 1991). Entre *Anopheles*, la variación intraespecífica del tamaño corporal está inversamente correlacionada con la necesidad de múltiples comidas de sangre para completar el ciclo gonotrópico, y esto influye en la capacidad vectorial (Hurd et al. 1995, Hogg et al. 1996).

La Long.A., se utiliza como un índice del tamaño corporal (Nasci 1990, Siegel et al. 1992), mostrando correlación con el peso seco (Nasci 1987, Renshaw et al. 1994); el peso húmedo de la pupa (Blackmore y Lord, 2000) y el tamaño del mosquito (Mwangangi et al., 2004). Como único criterio para el tamaño se estudian la supervivencia, paridad y capacidad vectorial en relación con la Long.A. (Nasci 1986, Landry y DeFoliart 1987, Mwangangi et al. 2004). Estudios de laboratorio han demostrado que las hembras adultas pequeñas de *An. stephen* s.l., procedentes de las larvas estresadas durante el desarrollo, no pueden producir huevos después de su primera comida de sangre (Reisen, 1975).

Se ha reportado correlación inversa entre la temperatura y el tamaño corporal de varias especies de mosquitos (Petrarca et al, 1998). *Anopheles quadrimaculatus*, criados bajo fotoperiodos cortos y temperaturas bajas, tienen mayores Long.A. y peso que los criados bajo fotoperiodos prolongados y temperaturas altas (Lanciani, 1992). Otros estudios han demostrado efectos similares en la longitud y el tamaño del ala cuando los mosquitos fueron criados a temperaturas bajas (Siegel et al. 1992, Atkinson 1995, Nasci et al. 1996, Gleiser et al. 2000, Bochdanovits y De Jong 2003). Handel y Day (1989) encontraron una correlacion alta significativa entre

Long.A. y el contenido de proteínas con el tamaño (r : 0.91-0.98; $P < 0.001$) en machos de *Ae. aegypti* y hembras de *Ae. uerons*. Blackmore y Lord (2000) examinaron las relaciones entre el peso húmedo de la pupa y Long.A. de hembras adultas y entre Long.A. y la fecundidad en el primer ciclo gonotrópico en cepas de *Ae. albopictus*. Hubo una relación positiva significativa de Long.A. con el peso húmedo de la pupa y la fecundidad.

Gómez et al. (2014) en *An. albimanus*, mostraron que el tamaño y la forma del ala han sido influenciados por la altitud y la humedad relativa. Proponen que la estructura de metapoblación de *An. albimanus*, a lo largo de ecorregiones colombianas, está favoreciendo la plasticidad en rasgos del ala, característica de especies que viven en condiciones ambientales variables y colonizan nuevos hábitats.

Mwangangi et al. (2004) estudiaron tres sitios de la costa keniana, encontrando que la eficacia en la transmisión de *Plasmodium falciparum*, no parece estar influenciada por la variación en el tamaño del cuerpo del vector en *An. gambiae* s.s., *An. arabiensis*, *An. merus* y *An. funestus*. Ellos usaron Long.A. como índice de tamaño del mosquito y no encontraron diferencias significativas entre los *An. gambiae* s.s. infectados con esporozoitos y no infectados, registrando lo mismo para *An. funestus*.

La variación en los rasgos de historia de vida de los mosquitos como el tamaño de los adultos se ha estudiado con respecto a los factores ambientales, pero la contribución genética de tal variación ha recibido casi ninguna consideración. Lehmann et al. (2006) utilizando un diseño de F_1 's completo producido por hembras de *Anopheles gambiae* (forma molecular M) capturadas en el medio silvestre, estimaron H^2 del tiempo de desarrollo larvario, el tamaño adulto (basado en el peso seco y la Long.A.) y la longevidad de adultos no alimentados. Estos rasgos se correlacionaron (a nivel fenotípico) entre sí en las hembras y machos ($r_p > 0.5$, $P < 0.001$).

La longevidad de adultos sin alimentación aumentó con el tamaño adulto, y ambos rasgos disminuyeron con un desarrollo larval más largo. Las estimaciones de h^2 de los tres rasgos fueron de moderada a alta (rango: 0.05-0.48) y estadísticamente significativa ($P < 0.05$), lo que indica una contribución genética sustancial a la variación fenotípica en estos rasgos. Esto sugiere que,

probablemente, se encuentren diferencias adaptativas en estos rasgos entre poblaciones de *An. gambiae*. En *Aedes aegypti*, h^2 para el tamaño del cuerpo fue moderada o completamente erosionada entre las poblaciones de laboratorio, mientras que en poblaciones naturales se obtuvo alta variabilidad genética en hembras y machos. Individuos criados bajo óptimas condiciones de laboratorio fueron significativamente mayores y mostraron mucho menos variabilidad en la plasticidad del tamaño del cuerpo que sus cohortes de campo (Schneider et al., 2011). Por último, la estabilidad del desarrollo, es la capacidad de un organismo para producir un fenotipo predeterminado por un diseño corporal adaptativo, bajo condiciones genéticas y ambientales específicas (Palmer y Strobeck 2003, Benítez y Parra 2011). Se refiere a las capacidades intrínsecas de un individuo para resistir accidentes y perturbaciones durante su crecimiento y desarrollo.

En esta investigación se probó la utilidad del modelo *Anopheles* en estudios de caracteres longitudinales asociados funcionalmente. Se evaluó que tan heredables fueron las manchas costales, la conformación del ala y el tamaño, características útiles en la identificación taxonómica de especies de este género. Si son muy heredables se espera observar diferencias significativas entre progenies hembras y machos criados en laboratorio, procedentes de diferentes localidades dentro de la misma especie. Pero si se supone que parte de la variación morfológica de la conformación, el tamaño y los patrones de manchas costales alares está más asociada con mutaciones en genes responsables del desarrollo y que las hembras grávidas recolectadas en cada localidad de muestreo representan la interacción entre ambiente y desarrollo del carácter, se espera observar bajas heredabilidades y diferencias no significativas en el patrón de desarrollo del ala entre individuos procedentes de localidades diferentes, ya que las progenies fueron criadas en las mismas condiciones de laboratorio. Por otro lado, si las condiciones de laboratorio generaron algún grado de inestabilidad del desarrollo, por tratarse de la primera generación de especímenes criados en laboratorio, éste podría estimarse, en organismos bilaterales, usando AF (Zakharov, 1992), midiendo las diferencias (en tamaño, forma y patrón costal) entre Al.Izq. y Al.Der., de modo que se observarían diferencias significativas (i.e. más asimetría) en individuos de diferentes isofamilias (Álvarez et al., 1989), suponiendo que los genotipos dentro de cada isofamilia/localidad se comportan homogéneamente.

1. ANTECEDENTES

Los organismos realizan cambios ontogénicos en tamaño y forma, para hacer uso eficiente de los recursos disponibles, sobrevivir y reproducirse. Estos cambios, su asociación con la alometría (Wu y Hou, 2006), las relaciones y covarianzas entre las estructuras corporales han sido poco estudiadas desde el punto de vista cuantitativo. El punto de referencia en el análisis genético es que la evolución fenotípica puede ser modelada usando parámetros que describen la selección y la base heredable de esta variación (Falconer y Mackay, 1996). Estos parámetros son usados para describir la evolución de características relacionadas con cambios en los patrones espaciales o temporales de expresión de genes relevantes sobre la ontogenia, como lo intentaron Wilson y Reale (2006) usando un metaanálisis de rasgos de peso/edad en ungulados domésticos.

Se ha argumentado que V_P se debe a diferencias entre individuos durante los procesos del desarrollo en la ontogenia y que estos procesos modulan dicha variación (Willmore et al., 2007). Pero la síntesis moderna de la evolución no incorpora procesos que modulen la variación en la ontogenia de las características (Schlichting y Pigliucci 1998, West-Eberhard 2003, Arthur 2004) ya que existe evidencia de cambios en el tipo de selección en diferentes estadios del desarrollo (Milner et al., 1999). Además, se ha estudiado poco los componentes de Cov_G entre características, patrones ontogénicos asociados y la respuesta evolutiva que éstos puedan producir (Wilson y Reale, 2006).

Evo-Devo (*Evolution and Development*) sostiene que la naturaleza combinatoria de la regulación de la transcripción genética proporciona un rico sustrato para la diversidad morfológica, dado que las variaciones en el nivel, patrón o ritmo de la expresión genética pueden proporcionar más variación que los cambios generados por el producto génico, para que la selección natural actúe sobre ellos. Adicionalmente, los cambios epigenéticos incluyen modificaciones del material genético debido a metilación y otras alteraciones químicas reversibles (Jablonka y Lamb, 1998) y remodelación no programada del organismo por efectos ambientales, debida a la plasticidad fenotípica de los organismos en desarrollo (West-Eberhard, 2003). Es decir, la propiedad de un genotipo de producir más de un fenotipo cuando el organismo responde a diferentes condiciones

ambientales (Pigliucci et al. 2006, Whitman y Agrawal 2009) como pH, humedad, temperatura, fotoperiodo, estacionalidad, entre otros (Müller, 2007). Esta plasticidad puede expresarse como cambios químicos, fisiológicos, del desarrollo, morfológicos, de conducta, entre otros (Fusco y Minelli, 2010).

La plasticidad fenotípica puede visualizarse y estimarse a través de una “norma de reacción (NR)” o conjunto de fenotipos producidos por un solo genotipo en un gradiente de condiciones ambientales (Scheiner, 1993). Un carácter plástico presenta una NR variable, mientras que un carácter no-plástico muestra una NR constante u horizontal en una gráfica del cambio fenotípico vs. el cambio ambiental (Fitzpatrick, 2012). La plasticidad fenotípica adaptativa, juega un papel importante en la habilidad de una especie para tolerar y posteriormente, adaptarse a un cambio brusco en las condiciones ambientales. Puede ser definida como la NR resultante de la producción de un fenotipo en la misma dirección que el valor óptimo favorecido por la selección en el nuevo ambiente (Ghalambor et al., 2007). La plasticidad adaptativa, puede reducir la probabilidad de extinción en un nuevo ambiente, además, permite a las poblaciones moverse de un pico adaptativo a otro (Price et. al. 2003, Ghalambor et al. 2007, Pfennig et al. 2010, Wund, 2012) mientras que la no adaptativa incluye cualquier respuesta a una condición ambiental que no aumente “fitness” (Ghalambor et al., 2007).

La adaptación a un nuevo ambiente a través de la plasticidad fenotípica puede conllevar la conversión de la variación inducida ambientalmente no heredable a variación adaptativa heredable, proceso llamado “asimilación genética” (Pigliucci y Murren 2003, Pigliucci et al. 2006). Un rasgo inducido ambientalmente se expresa constitutivamente después de un proceso de selección, es decir, independientemente del ambiente se fija genéticamente (Waddington 1953 y 1956, Masel 2004, Pigliucci et al. 2006). La asimilación genética de un rasgo puede favorecer la evolución de la plasticidad en otros rasgos, ya que mientras un rasgo se vuelve invariable a las condiciones ambientales, puede incrementar la expresión condicional o presión de selección sobre la plasticidad de otro rasgo en el mismo organismo (Jablonka y Lamb, 2005). La plasticidad fenotípica, por su potencial para generar un fenotipo de forma casi inmediata en respuesta al ambiente, juega un papel muy importante en facilitar el surgimiento de fenotipos divergentes dentro de las poblaciones y dado los mecanismos de asimilación y estabilización

mencionados, puede conducir a la diversificación fenotípica. Pfennig et al. (2010) describen cómo la plasticidad fenotípica promueve la diversificación en cuatro niveles de organización biológica: (i) origen de nuevos fenotipos y divergencia dentro de las poblaciones, (ii) evolución de la divergencia entre las poblaciones y especies, (iii) formación de nuevas especies y (iv) radiación adaptativa.

La variación en la forma y el tamaño pueden ser estudiados mediante técnicas como la morfometría que permite hacer su descripción cuantitativa, análisis e interpretación (Kendall 1977, Bookstein 1986 y 1996, Zelditch et al. 2004, Klingenberg 2013). En el análisis de la conformación se remueven los cambios alométricos debidos al crecimiento (Mitteroecker et al. 2013, Rohlf y Slice 1990). La condición de este análisis es que no haya diferencias significativas en el crecimiento de diferentes individuos (Klingenberg, 2010). Si existen varios grupos con alometrías diferentes, es poco probable encontrar un eje común de crecimiento de todos (Dujardin et al., 2000). Sin embargo, es posible encontrar diferentes maneras de crecer (alometrías divergentes) entre poblaciones geográficas y ecológicas de la misma especie. La razón es que la separación alopátrica produce divergencias genéticas que aumentan gradualmente a medida que la separación permanece en el tiempo (Dujardin et al. 2000, Jaramillo y Dujardin 2002).

La conformación es la geometría del individuo, de una estructura anatómica, su configuración, apariencia o aspecto. En morfometría tradicional, el uso de una proporción o de un ángulo puede lograr eliminar el cambio isométrico de tamaño. Los análisis convencionales obtienen variables de conformación libres de tamaño isométrico mediante tratamientos estadísticos simples; por ejemplo, sustrayendo una variable de tamaño global de las variables que definen los organismos, transformadas a logaritmos naturales (Darroch y Mosimann, 1985).

Calle et al. (2002), Delgado y Rubio-Palis (1993) y Rubio-Palis (1998, 2000b) utilizaron morfometría tradicional para identificar especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) presentes en Colombia y Venezuela. Rubio-Palis (1998) en Venezuela, utilizó morfometría tradicional para contribuir con el esclarecimiento de la taxonomía de *An. darlingi*, comparó poblaciones de ocho localidades y encontró variaciones significativas en varios de los caracteres estudiados.

Sin embargo, la morfometría tradicional tiene menor poder estadístico que MG debido a que no logra preservar la información espacial de los LM a través de los análisis (Rohlf y Marcus, 1993). La MG capta la mayor cantidad de información biológica con un menor número de variables tomadas sobre la estructura anatómica estudiada, generando mayor poder estadístico para evaluar visual y analíticamente las diferencias en la conformación de estructuras biológicas (Rohlf y Marcus, 1993). Se ha usado como marcador fenético en flebótomos (Méndez-Pérez y Rebollar-Téllez, 2012) y triatominos (Dujardin et al., 2000), para resolver problemas taxonómicos (Matias et al. 2001, Villegas et al. 2002, Gumiel et al. 2003) discriminando integrantes de una especie en particular de otros que no lo son. Se ha empleado para asignar individuos desconocidos a su grupo o especie más probable (Pérez-Quñonez, 2014). Ha sido utilizada en entomología (Daly 1985, Rohlf 1990, Jaramillo y Dujardin 2002), en estudios de variación intraespecífica para separar poblaciones (Beauty y Marquardt, 1996).

En el caso de los vectores de malaria, ha sido utilizada en taxonomía de especies simpátricas y en la diferenciación entre especies (Calle et al. 2002, Petrarca et al. 1998, Yurttas et al. 2005). Estos hallazgos pueden tener implicaciones en el diseño de actividades y estrategias de control. En díptera, se ha utilizado para estudiar la variabilidad de las cepas de laboratorio de *Aedes aegypti*, la influencia de la densidad larvaria y de diferentes dietas sobre la arquitectura de las alas (Jirakanjanakit y Dujardin 2005, Jirakanjanakit et al. 2007).

Manoukis et al. (2006) utilizaron morfometría multivariada para estudiar el efecto de las densidades poblacionales sobre el tamaño de los adultos de *Anopheles gambiae* y la influencia de éste en el grado de transmisión de la malaria en áreas con y sin riego. Los individuos adultos sobrevivientes en áreas no irrigadas mostraron mayor transmisión y tamaño. Yurttas et al. (2005) utilizando MG para comparar poblaciones de *Anopheles sacharovi*, de subregiones ecológicas con altitudes entre 353-1126 m.s.n.m., encontraron mayores diferencias en la población ubicada a mayor altitud.

Partiendo del supuesto “las formas y dimensiones del exoesqueleto de un insecto reflejan su forma de vida y que las estructuras externas pueden medirse”, el uso de herramientas fenotípicas podría ser útil para estudios de diferenciación inter e intrapoblacionales. La diversidad

morfológica entre individuos (e.g. tamaño y conformación del cuerpo) puede provocar diferencias en las demandas energéticas asociadas a conductas particulares y frecuentemente está relacionada con variación en su eficiencia, desempeño y adecuación (Berwaerts et al. 2002, Mendoza-Cuenca y Macías-Ordóñez 2005, Outomuro et al. 2012). Análisis multivariado de medidas lineales del tamaño corporal han separado significativamente especies y poblaciones (Serrano-Meneses et al. 2007, Córdoba-Aguilar et al. 2009).

El tamaño y la conformación alar pueden evolucionar de manera independiente o concertada dependiendo de la magnitud de los componentes alométricos y no-alométricos. La teoría de optimización del vuelo, con base en selección natural, propone que la diversidad en la conformación alar a nivel intra e interespecífico, está relacionada con el tipo de vuelo realizado por los individuos. Especies de vuelo rápido con alas angostas y pequeñas tendrán un mejor desempeño, mientras que alas largas estarían relacionadas con vuelos lentos y de larga duración (Betts y Wootton, 1998). En odonatos, aproximaciones univariadas utilizando Long.A. y ancho del tórax, mostraron diferencias dentro y entre especies (Córdoba-Aguilar et al. 2009, Vega-Sánchez et al. 2011) relacionadas con “fitness” en los machos (Serrano-Meneses et al., 2007).

Se ha propuesto que en sistemas, donde la V_p no corresponde a la V_G , es resultado de plasticidad fenotípica asociada a heterogeneidad del hábitat de distribución, lo que puede provocar divergencia en la conformación alar con base en la optimización biomecánica- energética del vuelo (Lee y Lin, 2012). La consistencia de los análisis de conformación, sugiere que las presiones de selección asociadas a los retos impuestos por el tipo de hábitat, son el principal mecanismo que está moldeando la conformación de las alas en tres especies de *Hetaerina*. Las poblaciones de Chiapas y Veracruz de *H. titia*, mostraron la mayor similitud en la conformación alar y menos diferencias genéticas usando un marcador selectivamente neutral, lo que podría inferirse por el grado de influencia del genotipo sobre la forma alar (Vega-Sánchez et al., 2011).

En mosquitos, se ha demostrado que el tamaño corporal afecta factores como la longevidad (Nasci 1987, Packer y Corbert 1989), la fecundidad (Renshaw et al. 1994, Hurd et al. 1995) y el volumen de sangre consumido (Xue et al. 1995, Takken et al. 1998). Algunos estudios han probado que la variabilidad del tamaño corporal dentro de las poblaciones de mosquitos esta

asociada a los patrones de transmisión de malaria (Dye y Hasibeder 1986, Kingsolver 1987, Koella 1991). Entre *Anopheles*, la variación intraespecífica en el tamaño corporal está inversamente correlacionada con la necesidad de múltiples comidas de sangre para completar el ciclo gonotrópico, y esto influye en la capacidad vectorial (Hurd et al. 1995, Hogg et al. 1996).

La Long.A., se utiliza como un índice fiable del tamaño corporal (Nasci 1990), mostrando correlación con el peso seco (Nasci 1987, Renshaw et al. 1994); el peso húmedo de la pupa (Blackmore y Lord, 2000) y el tamaño del mosquito (Mwangangi et al., 2004). También se estudian la supervivencia, paridad y capacidad vectorial en relación con la Long.A., como único indicador del tamaño (Nasci 1986, Landry y DeFoliart 1987, Mwangangi et al., 2004). Estudios de laboratorio han demostrado que hembras adultas pequeñas de *An. stephen* s.l., procedentes de larvas estresadas durante su desarrollo, no pueden producir huevos después de su primera comida de sangre (Reisen, 1975). Las hembras pequeñas tardan más tiempo en reproducirse y dejan menos descendientes; sin embargo, tienen una alta frecuencia de alimentación de sangre durante el primer ciclo gonotrópico, mayores posibilidades de captar y transmitir parásitos de la malaria a edad temprana.

Siegel et al. (1992) estudiaron la relación entre la Long.A. y el peso corporal de mosquitos comparando el ajuste de regresiones mediante transformaciones logarítmicas y cúbicas. Una línea de dos parámetros utilizando una doble transformación logarítmica proporcionó el mejor ajuste. No encontraron evidencia para justificar el uso de (Long.A.)³ como una transformación. La Long.A. no fue directamente proporcional al peso corporal, aumentó a una tasa menor. Las ecuaciones que predicen el peso corporal a partir de Long.A., pueden no ser sustitutos apropiados para el peso de los mosquitos, al estudiar los extremos de tamaño en las poblaciones.

Otros estudios señalaron que el tamaño está relacionado con el fotoperiodo y la temperatura. Petrarca et al. (1998) reportaron una correlación inversa entre la temperatura y el tamaño corporal de varias especies de mosquitos. Handel y Day (1989) encontraron una correlación alta y significativa de la Long.A. y el contenido de proteínas con el tamaño ($r:0.91-0.98$; $P<0.001$) en machos de *Ae. Aegypti* y en hembras de *Ae. Uerons*.

En *An. quadrimaculatus*, Lanciani (1992) y Lanciani y Le (1995) en experimentos de laboratorio, investigaron el efecto del fotoperiodo y de la temperatura sobre la Long.A., el peso corporal y la relación de éste con la Long.A. Individuos criados bajo un fotoperiodo corto (8h de luz: 16h de oscuridad) a 23°C tenían alas más largas y pesos más grandes que aquellos criados bajo un fotoperiodo largo (16h de luz: 8h de oscuridad) y a 28°C. Estos resultados sugieren que el fotoperiodo y la temperatura tienen efectos similares sobre el desarrollo del insecto.

Otros estudios han demostrado efectos similares entre Long.A. y el tamaño del ala cuando los mosquitos fueron criados a temperaturas bajas (Siegel et al. 1992, Atkinson 1995, Nasci et al. 1996, Gleiser et al. 2000, Bochdanovits y De Jong 2003). Blackmore y Lord (2000) en cepas de *Ae. Albopictus* encontraron una relación positiva significativa de la Long.A. de hembras con el peso húmedo de la pupa y la fecundidad en el primer ciclo gonotrópico. Pero con la fecundidad los coeficientes de correlación fueron más bajos y con mayor varianza, indicando que otros factores también la afectaron.

Mwangangi et al. (2004) estudiaron la influencia del tamaño corporal de *An. gambiae* s.s., *An. arabiensis*, *An. merus* y *An. funestus* en la transmisión de *Plasmodium falciparum* en tres sitios a lo largo de la costa keniana. Usaron Long.A. (mm) como índice de tamaño del mosquito y no encontraron diferencias significativas entre los *An. gambiae* s.s. infectados con esporozoitos y no infectados; lo mismo se registró para *An. funestus*. La eficacia de la transmisión del parásito de la malaria no parece estar influenciada por la variación en el tamaño del cuerpo del vector.

Gómez et al. (2014) en *An. albimanus*, estudiaron la variabilidad del ala (tamaño y conformación) en poblaciones del Maracaibo colombiano y de ecorregiones biogeográficas del Chocó y la relación de estos rasgos con factores ambientales. Mostraron que el tamaño del ala fue influenciado por la elevación y HR, mientras que la conformación del ala se vio afectada por estas dos variables y por la precipitación, la latitud, la temperatura y la ecorregión. El tamaño del ala fue similar entre las poblaciones con diferencias significativas entre las ecorregiones. Proponen que la estructura de metapoblación de *An. albimanus* a lo largo de estas ecorregiones colombianas está favoreciendo la plasticidad en rasgos de ala, en especies que viven en condiciones ambientales variables y colonizan nuevos hábitats.

La mayoría de las especies animales presentan dimorfismo sexual (SSD), rasgo difícil de cuantificar para propósitos genéticos ya que debe medirse simultáneamente en dos tipos de individuos, y se expresa como una diferencia o como una relación entre sexos. Se plantean dos preguntas: ¿Cuál es la mejor manera de describir SSD, y es posible demostrar su variabilidad genética en una población natural? Para ello, David et al. (2003) demostraron que el diseño experimental con isofamilias (familias de HC., descendientes de hembras grávidas silvestres), puede proporcionar una estimación de la variabilidad genética, utilizando el coeficiente de correlación intraclase. Se consideraron dos índices SSD: la diferencia macho-hembra y la proporción hembra/macho, rasgos relacionados con tamaño, Long.A. y longitud del tórax. El diseño experimental con isofamilias es básico para la investigación de la arquitectura genética de las poblaciones naturales que permite el análisis de los rasgos cuantitativos en condiciones de laboratorio, con un alcance más amplio que la mera evidencia de una heterogeneidad genética significativa entre líneas.

La variación en los rasgos de la historia de vida de los mosquitos como el tamaño de los adultos se ha estudiado con respecto a los factores ambientales, pero la contribución genética de tal variación no ha recibido casi ninguna consideración. Lehmann et al. (2006) utilizando un diseño de F_1 's completo producido por hembras de *Anopheles gambiae* (forma molecular M) capturadas en el medio silvestre, estimaron la H^2 del tiempo de desarrollo larvario, el tamaño (basado en el peso seco y la Long.A.) y la longevidad de adultos no alimentados. Estos rasgos se correlacionaron fenotípicamente entre sí en las hembras y machos ($r_p > 0.5$, $P < 0.001$). La longevidad de adultos sin alimentación aumentó con el tamaño, y ambos rasgos disminuyeron con un desarrollo larval más largo. Las estimaciones de heredabilidad de los tres rasgos fueron de moderada a alta (rango: 0,05-0,48) y estadísticamente significativa ($P < 0,05$), lo que indica la contribución genética a V_p de estos rasgos. Esto sugiere que probablemente se encuentren diferencias adaptativas entre poblaciones de *An. gambiae*.

En *Aedes aegypti*, la H^2 para el tamaño del cuerpo fue moderada o completamente erosionada en las poblaciones de laboratorio, mientras que en poblaciones naturales se obtuvo alta V_G en hembras y machos. Individuos criados bajo condiciones de laboratorio óptimas fueron

significativamente mayores y mostraron menos variabilidad en la plasticidad del tamaño del cuerpo que sus cohortes de campo (Schneider et al., 2011).

Generalmente, V_G se estima con r intraclase. Este parámetro permite realizar comparaciones entre diferentes rasgos, poblaciones o ambientes. El uso de isofamilias puede utilizarse para estimar r_G entre rasgos y para el análisis de la plasticidad fenotípica en relación con un gradiente ambiental. Es posible hacer una descripción precisa de las normas de reacción, parámetros de rasgos distintivos y plasticidad (Hoffmann y Parsons 1988, David et al. 2005).

En esta investigación se estudió la variación métrica inter e intraespecífica en poblaciones anofelinas de siete especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) en Colombia, estableciéndose la importancia de la aplicación de técnicas morfométricas combinadas con modelos genéticos cuantitativos como herramientas útiles para estudiar el aporte V_G a V_P de los patrones de manchas claras y oscuras del área costal, comparando Al.Der. y Al.Izq., sexos, localidades y especies. Además, conocer a través de las matrices de correlación, la variación intraespecífica del grado de canalización, integración morfológica y asimetría fluctuante.

La clasificación de Anophelinae incluye tres géneros: *Chagasia* Cruz, *Bironella* Theobald, *Anopheles* Meigen. *Bironella* es de Australasia, *Chagasia* es neotropical y *Anopheles* es cosmopolita y presenta el mayor número de especies (Harbach, 2004). En *Anopheles*, propuesto por Meigen en 1818, se reconocen 488 especies, de las cuales 444 están formalmente nombradas y 40 son miembros no descritos de complejos de especies. Estas se agrupan en seis subgéneros: *Anopheles* con 189 especies, *Stethomyia* Teobald con 5, *Nyssorhynchus* Blanchard con 33, *Cellia* Theobald con 239, *Lophomyia* Antunes con 6, y *Kerteszia* Theobald con 12. De estos, únicamente *Cellia* no contiene especies en el Nuevo Mundo (Harbach, 2004).

Nyssorhynchus está restringido principalmente a la región Neotropical, subdividido en tres secciones: Albimanus, Argyratarsis y Mizorrhynchella. La Sección Albimanus se divide en las series Oswaldoi y Albimanus. La serie Oswaldoi se divide en los Grupos Oswaldoi y Strodei. A su vez el grupo Oswaldoi se divide en los subgrupos Oswaldoi y Strodei. La sección Argyratarsis se divide en las series Albitarsis y Argyratarsis. La serie Albitarsis se divide en los grupos

Albitarsis y Braziliensis. Las series Argyritarsis está conformada por los grupos Darlingi, Argyritarsis, Pictipennis y Lanei (Harbach 2004, Motoki et al. 2009a).

En *Nyssorhynchus*, no se conocen trabajos que permitan estimar cómo se descompone V_p de la conformación, el tamaño y el patrón de manchas costales alares, a pesar de que estas características son muy usadas para diferenciar poblaciones, identificar especies de importancia epidemiológica como vectores de malaria, y demostrar plasticidad fenotípica. Por ello, en esta investigación se incluyeron: de la Sección Albimanus, serie Oswaldoi, grupo Oswaldoi, subgrupo Oswaldoi a *An. nuneztovari*; del subgrupo Strodei a *An. benarrochi* B y *An. strodei*; de las serie Albimanus a *An. albimanus*; y de la sección Argyritarsis, serie Albitarsis, grupo Albitarsis a *An. albitarsis* F; de las series Argyritarsis, grupo Darlingi a *An. darlingi*.

Estas especies se usaron como modelos biológicos para asociar los análisis estadísticos univariados y multivariados con los modelos cuantitativos (Falconer y Mackay, 2001) mediante el método de isofamilias (David et al., 2005). Especialmente, para estimar la heredabilidad de la longitud de las manchas costales alares y con *An. benarrochi* B para estudiar la conformación del ala y su relación con el tamaño. Las razones por las cuales se escogieron estas especies se exponen a continuación:

a) En Colombia, con base en registros epidemiológicos, entomológicos o de detección de parásitos, al menos nueve especies de *Anopheles* han sido incriminadas como vectores de malaria. Tres son vectores primarios: *An. (Nys.) albimanus* Wiedemann 1920, *An. (Nys.) darlingi* Raíz 1926, y *An. (Nys.) nuneztovari* Gabaldón 1940 (Rosero et al., 2013). Este último, es infectado naturalmente con *P. vivax* en el oeste de Colombia (Naranjo-Díaz et al., 2016). Además, existen otras seis especies de relevancia como vectores secundarios o locales (Olano et al. 2001, Quiñones et al. 2006, Gutierrez et al. 2008).

b) Según Conn et al. (1993) *An. nuneztovari* es una especie monofilética con cinco linajes: uno de Venezuela/Colombia=Citotipos B/C, tres poblaciones exclusivamente amazónicas=Citotipo A y otra combinando poblaciones representativas de los citotipos A y B. Naranjo-Díaz et al. (2016) propusieron para Colombia tres grupos genéticos separados por los Andes, conformados por

poblaciones del noroeste-oeste, noreste y este. La heterogeneidad del paisaje influyó en la diferenciación poblacional colombiana. Desde el punto de vista morfológico, varios trabajos han demostrado gran variación en los patrones costales.

c) *An. (Nys.) benarrochi* B, junto a *An. (Nys.) oswaldoi* y *An. (Nys.) rangeli* son los mosquitos antropófilos más comunes en el departamento del Putumayo. Las hembras adultas de *An. (Nys.) benarrochi* B son comúnmente recogidas en estudios epidemiológicos y muestran un alto grado de variabilidad morfológica en esta región (Ruiz et al., 2005).

d) Estudios de *An. strodei* basados en la morfología de las hembras adultas, larvas (Faran, 1980), huevos (Galvão, 1938) y patrones de cromosomas politénicos de glándulas salivales (Schreiber y Guedes, 1961) mostraron altos niveles de polimorfismo a lo largo de su rango y llevó a Faran (1980) a sinonimizar a *An. albertoi*, *An. arthuri*, *An. artigasi*, *An. lloydi*, *An. ramosi* y *An. strodei* en una sola especie. Un estudio reciente del gen COI y del gen blanco (Sallum et al., 2010) permitió la resurrección de *An. albertoi* y *An. arthuri* de la sinonimia con *An. strodei*, y reveló un taxón no descrito, llamado preliminarmente morfo-CP, actualmente descrito como *Anopheles (Nys.) striatus* (Sant'Ana y Sallum, 2017).

Aunque las especies anófeles neotropicales son conocidas como vectores de filariasis (*Wuchereria bancrofti* Cobbold [Manguin et al., 2010]), arbovirus (*Anopheles A Virus* [Mitchell et al., 1985]) y la malaria (Tadei et al., 2000), la importancia del Subgrupo Strodei como vector es en gran parte desconocido. Sin embargo, *An. strodei* se ha encontrado previamente infectado naturalmente con *Plasmodium vivax* Grassi y Feletti en Ariquemes, Rondônia, en la región del Amazonas, (Oliveira-Ferreira et al., 1990), aunque sigue siendo desconocido si este registro se refiere a *An. strodei* s.s. o a otro miembro del Subgrupo Strodei. La distribución continental de este complejo reúne esfuerzos para describir exhaustivamente la diversidad de especies y su capacidad vectorial.

e) *An. (Nys.) strodei* Neiva y Pinto 1922, especie ampliamente distribuida en el país (González y Carrejo, 2009), ha sido considerada polimórfica y vector local secundario para las regiones endémicas de malaria de Colombia. Varios estudios han evaluado a *An. strodei* para la infección

por *Plasmodium* (Fritz et al., 2004), utilizando glándulas salivales y disección del intestino medio (Cadena 1939, Galvis 1943) o Elisa y PCR (Quiñones et al. 2006, Gutierrez et al. 2008 y 2009, Naranjo-Diaz 2013). Presenta comportamiento endofágico y alta capacidad adaptativa a nuevos hábitats creados por cambios ambientales (Brochero y Quiñonez 2008, Quiñones et al. 1987).

En Colombia, no hay evidencia de la existencia de más de una especie del complejo *An. strodei*. Sólo un estudio reciente encontró una división genética sustancial, con dos *An. strodei*, NW y SE, coincidiendo con sus distribuciones geográficas en Colombia (Rosero et al., 2013). Consecutivamente, el linaje *An. strodei* NW se detectó infectado con *P. vivax* (Naranjo-Diaz, 2013).

f) *An. albimanus* constituye un grupo monofilético (*An. albimanus*) morfológicamente constante a lo largo de su rango de distribución. Generalmente, su variación intrapoblacional es mas grande que la que se observa entre poblaciones (Faran, 1980). Es reconocido por su importancia en la costa Pacífica donde es la especie predominante y es infectada naturalmente por *Plasmodium vivax*, cepas VK247 y VK210 y *Plasmodium falciparum*. También se encuentra en la Costa Atlántica, aunque su papel vectorial no es claro (Gutierrez et al., 2008).

g) Existen evidencias que indican que *Anopheles (Nyssorhynchus) albitarsis* Lynch-Arribalzaga constituye un complejo de especies crípticas. Para *An. albitarsis* s.l. (=complejo *An. albitarsis*) se ha sugerido que se diferencia en los niveles epidemiológico, conductual, morfológico, citológico y bioquímico (Galvão y Damasceno 1944, Kreutzer et al. 1976, Steiner et al. 1982, Linthicum 1988, Rosa -Freitas 1989, Narang et al. 1993). Se ha considerado un vector importante de los parásitos del paludismo en ciertas localidades, mientras que en otras su papel es secundario o sin importancia (Rosa-Freitas et al., 1990).

Varios estudios han definido el estado y las relaciones filogenéticas entre los miembros del complejo *An. albitarsis* utilizando marcadores moleculares nucleares y mitocondriales (Lehr et al. 2005, Merritt et al. 2005, Wilkerson et al. 2005, Brochero et al. 2007, Li y Wilkerson 2007). Han demostrado la existencia de al menos seis especies: *An. albitarsis* Lynch-Arribálzaga, *An.*

deaneorum Rosa-Freitas, 1989, *An. marajoara* Galvão y Damasceno, *An. albitarsis* B (Wilkerson et al. 2005, Wilkerson et al. 1995), *An. albitarsis* E (Lehr et al., 2005) y *An. albitarsis* F (Brochero et al., 2007). Motoki et al. (2009a) presentaron datos morfológicos, descripciones de machos y hembras adultas, larvas de cuarto estadio y pupas de *An. albitarsis*, *An. marajoara*, *An. deaneorum* y *An. albitarsis* F y hembras y machos adultos de *An. albitarsis* E. Estos autores también validaron y nombraron las especies B y E como *An. oryzalimnetes* Wilkerson y Motoki y *An. janconnae* Wilkerson y Sallum, respectivamente; sin embargo, la especie F aún no se ha descrito formalmente. Un nuevo estudio ha determinado que *An. deaneorum* es un complejo (Bourke et al., 2010), y por tanto, el número de especies del complejo *An. albitarsis* es mayor que seis.

Se han registrado distribuciones simpátricas para *An. albitarsis* F y *An. marajoara* en Colombia (Brochero et al., 2007). *An. marajoara*, mediante identificación morfológica, se ha registrado en 25 de los 32 departamentos colombianos (González y Carrejo 2009). En Villavicencio al este de Colombia, se encontró en alta abundancia y tuvo una amplia distribución en áreas urbanas, lo que sugiere su eficiente adaptación a los ambientes humanos (Brochero et al., 2005). *An. albitarsis* F es un vector de malaria sospechado en el departamento de Vichada, al este de Colombia (Brochero et al., 2007).

h) *An. (Nys.) darlingi* es el principal vector del Neotrópico (Foote y Cook 1959, Forattini 1962, Faran y Linthicum 1981, Roberts et al. 1997, Conn et al. 1999, Manguin et al. 1999, Galardo et al. 2007, Ahumada-Franco 2009, Brochero et al. 2005, Quiñones et al. 2006). Esta eficiencia se debe a su alto grado de antropofilia, diversos hábitos de endofilia y endofagia, adaptabilidad a ambientes domésticos y a su dispersión, en combinación con su alto grado de susceptibilidad natural (1%) y experimental (23%) a la infección (Flores-Mendoza et al. 2004, Bharti et al. 2006) con especies de plasmodio humano.

2. OBJETIVOS

2.1 GENERAL

Estimar el grado de variación fenotípica, el componente de varianza genética de los patrones de manchas costales alares y su variación métrica en poblaciones de siete especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) de importancia médica en Colombia, usando morfología tradicional.

Adicionalmente, en *An. benarrochi* B estudiar la variación en la conformación y el tamaño del ala utilizando morfología geométrica.

2.2 ESPECIFICOS

Determinar el grado de homogeneidad entre las progenies de diferentes isofamilias por sexo y localidad en siete especies seleccionadas para el estudio.

Estimar los componentes de varianzas-covarianzas de la forma, el tamaño y el patrón de manchas costales alares, por sexo con base en isofamilias procedentes de diferentes localidades/especie.

Estimar la heredabilidad en sentido amplio de la forma, el tamaño y las manchas costales alares.

Estimar el grado de asimetría fluctuante en las poblaciones estudiadas.

Establecer el grado de diferenciación morfológica entre poblaciones aportado por la forma, el tamaño y las manchas costales alares de mosquitos de cada una de las especies estudiadas.

2.3 HIPÓTESIS

Si los especímenes de las especies y de las poblaciones se pueden distinguir por caracteres de manchas costales alares y estos patrones son homogéneos dentro de localidades y de alta heredabilidad, se espera que el patrón costal alar presente diferencias significativas entre localidades y entre especies.

Si cada localidad representa un ambiente diferente y esto se traduce en distintos grados de desarrollo, al medir las diferencias (en tamaño y forma) en las longitudes de las manchas costales de Al.Izq. y Al.Der. en las progenies, se espera observar diferencias significativas entre individuos procedentes de diferentes localidades, bajo el supuesto que los genotipos dentro de cada isofamilia dentro de cada localidad se comportan homogéneamente.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio morfométrico de la conformación, el tamaño, el patrón y longitud de manchas costales alares en *Anopheles (Nyssorhynchus)* se llevó a cabo con un mínimo de una localidad/especie, dos isolíneas y dos individuos por sexo. Las figuras, las tablas y la interpretación estadística relacionadas con el presente documento se ubican en los Anexos A y B.

3.1 TAMAÑO DE MUESTREO

De la Sección Albimanus se incluyeron dos poblaciones de *An. albimanus* Weiedemann, 1820; tres de *An. nuneztovari* Gabladón, 1940; cuatro de *An. triannulatus* Neiva y Pinto, 1922, una de *An. benarrochi* B Gabaldón, Cova-García y López, 1941 y una de *An. strodei* Root, 1926. De la Sección Argyritarsis se incluyeron tres poblaciones de *An. darlingi* Root, 1926 y seis de *An. albitarsis* F.

Los especímenes de *An. nuneztovari* Gabladón fue recolectados en tres municipios: Sitronella (Buenaventura, Valle del Cauca); Tierralta (Córdoba) y Tibú (Norte de Santander). Las muestras de *An. triannulatus* (Neiva y Pinto) se tomaron en: Sonso (Valle del Cauca); Fuente de Oro (Meta); Puerto Asis (Quebrada Huitoto, Putumayo) y Yaguará (Huila). *Anopheles (Nys.) albimanus* Wiedemann 1920 fue recolectado en La Ensenada (Nariño); *An. strodei* Root en Fuente de Oro (Meta) y *An. benarrochi* B en Puerto Asis (Quebrada Huitoto, Putmayo). Los especímenes de *An. darlingi* Root se recolectaron en tres localidades con alta incidencia de malaria y separadas geográficamente: Quibdó (Chocó), Granada (Meta) y Tierralta (Córdoba). Las muestras de *An. albitarsis* F se tomaron en Fuente de Oro (Meta), San Carlos de Guaroa (Meta), Tibú (Norte de Santander) y Yaguará (Huila).

La Figura 1 muestra la ubicación de las localidades muestreadas y la Tabla 1 indica sus coordenadas geográficas, altitud media, temperatura media anual (Tm. Anual) y porcentaje de humedad relativa anual (HR).

Figura 1. Ubicación geográfica de las localidades muestreadas para las siete especies estudiadas.



Fuente: Adaptado de https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/f/fc/Mapa_de_Colombia_%28regiones_naturales%29.png

Tabla 1. Altitud media, temperatura media mensual (Tm. Anual) y porcentaje de humedad relativa (HR) en las localidades de colección de las hembras progenitoras por sección y especie

Sección	Especie	Localidad	Coordenadas	Altitud media m.s.n.m	Tm. anual °C	HR (%)
Albimanus	<i>An. albimanus</i> Weiedemann, 1820	Santa Bárbara Iscuandé (Nariño)	2°27'00"N, 77°58'46"W	10	30	85
	<i>An. nuneztovari</i> Gabaldón	Sitronella (Buenaventura, Valle del Cauca)	3°53'36"N, 77°04'11"W	7	27	85
		Tierralta (Córdoba)	8°10'25"N, 76°03'33"W	98	28	94
		Tibú (Norte de Santander)	8°38'53"N, 72°44'22"W	115	28	81
	<i>An. triannulatus</i> Neiva & Pinto, 1922	Laguna de Sonso (Valle del Cauca)	3°51'43"N, 76°20'57"W	936	23	75
		Fuente de Oro, Caño Blanco (Meta)	3°19'43"N, 73°30'50"W	350	26	92
		Yaguara (Huila)	2°40'01"N, 75°31'01"W	650	26	75
	<i>An. benarrochi</i> B Gabaldón, Cova-García & López, 1941	Puerto Asis, quebrada Huitoto (Putumayo)	0°30'57"N, 76°29'42"W	250	25	80
	<i>An. strodei</i> Root, 1926	San Carlos de Guaroa-Palmeras (Meta)	3°42'40"N, 73°14'33"W	350	27	92
		Fuente de Oro-Caño blanco (Meta)	3°19'43"N, 73°30'50"W	350	26	75
Argyritarsis	<i>An. albitarsis</i> F	Tibú (Norte de Santander)	8°38'53"N, 72°44'22"W	115	28	80
		San Carlos de Guaroa-Palmeras-Meta	3°42'40"N, 73°14'33"W	350	27	92
		Fuente de Oro, Caño Blanco (Meta)	3°19'43"N, 73°30'50"W	350	26	75
		Villavicencio-Barrio Pompeya (Meta)	4°08'33"N, 73°37'46"W	449	27	95
		Granada: Barrio El bosque (Meta)	3°32'50"N, 73°42'31"W	372	23	75
	<i>An. darlingi</i> Root, 1926	Yaguara (Huila)	2°40'01"N, 75°31'01"W	650	26	94
		Chocó- Quibdó: Amé.	5°41'32"N, 76°39'29"W	43	23	94
		Tierralta (Córdoba)	8°10'25"N, 76°03'33"W	98	28	95
		Granada: Barrio El bosque (Meta)	3°32'50"N, 73°42'31"W	372	23	75

Las hembras recolectadas con cebo humano, animal y en reposo (Departamento de Entomología–SENEPA, 2013) se individualizaron en vasos plásticos de 45 ml con algodón humedecido en el fondo y sobre éste se colocó un papel filtro de tal forma que quedaron acondicionadas para la ovoposición. Se alimentaron con sangre de cobayo y agua azucarada. Cada hembra se llevó a frigotermos y se trasladó a la colonia de mosquitos-Sección de Entomología, Departamento de Biología, Universidad del Valle. Una vez realizadas las posturas, las progenitoras se retiraron de los envases, se preservaron en alfileres entomológicos, se rotularon con el código de su postura y se identificaron a nivel específico según los caracteres diagnósticos (Faran 1980, Linthicum 1988). Las posturas se criaron en bandejas plásticas (180 ml) con agua reposada. Las larvas de todos los estadios se alimentaron con Conejina pulverizada mezclada con levadura de cerveza. Las larvas de estadio IV, se individualizaron en vasos plásticos hasta la emergencia del imago. Los adultos se mataron en frío para su montaje. Los especímenes “Voucher” se depositaron en la colección de *Anopheles*-Laboratorio de Entomología Médica, Departamento de Biología, Universidad del Valle.

Todos los ejemplares provinieron de progenies de hembras recolectadas en las localidades de muestreo, identificados morfológicamente, excepto *An. benarrochi* B verificado molecularmente. También se utilizaron isofamilias de especímenes de museo conservados en la colección de *Anopheles*-Laboratorio de Entomología Médica, Departamento de Biología, Universidad del Valle, desde 1995 hasta la fecha.

Para confirmar la identificación de todas las progenies de hembras grávidas de la región del Putumayo como *An. benarrochi* B, ya que usando las claves morfológicas (Faran 1980, Faran y Linthicum 1981, Suárez et al. 1988, Rubio-Palis 2000), existe superposición de caracteres morfológicos entre esta especie y *An. oswaldoi*, se generaron secuencias de la segunda región espaciadora transcrita interna (ITS-2) de ADNr (Ruiz et al., 2005) y de la región código de barras del gen Citocromo Oxidasa I (COI-ADNmt) (Ruiz et al., 2013), métodos moleculares que permiten distinguir estas dos especies en el sur de Colombia.

El ADN se extrajo utilizando el sistema DNeasy® Blood and Tissue Kit (QIAgen®, USA). ITS-2 se amplificó usando los cebadores publicados por Collins y Paskewitz (1996) y siguiendo el protocolo Linton et al. (2001). COI-ADNmt se amplificaron utilizando los cebadores universales desarrollados por Folmer et al. (1994) y el protocolo “Mosquito Barcoding Initiative” listado en Ruiz et al. (2010). Las reacciones de secuenciación fueron realizadas por MacroGen Advancing Through Genomics–Corea del Sur. Las secuencias de ADN de buena calidad se seleccionaron con el software Geneious v8.14 (Drummond et al., 2009). Con estas secuencias se realizó un BLAST que confirmó la identidad de las muestras. Los alineamientos se llevaron a cabo con el programa Clustal W (Thompson et al., 1997) incluido en el software Mega 6 (Tamura et al., 2013). La identificación y confirmación de las progenies se realizó mediante la estimación de la similaridad entre las secuencias en el estudio y las depositadas en el *GenBank*. Todas las progenies correspondieron a *An. benarrochi* B, a excepción de P6.1 y P6.2, identificadas como *An. strodei*. Estas fueron excluidas de los análisis de esta investigación.

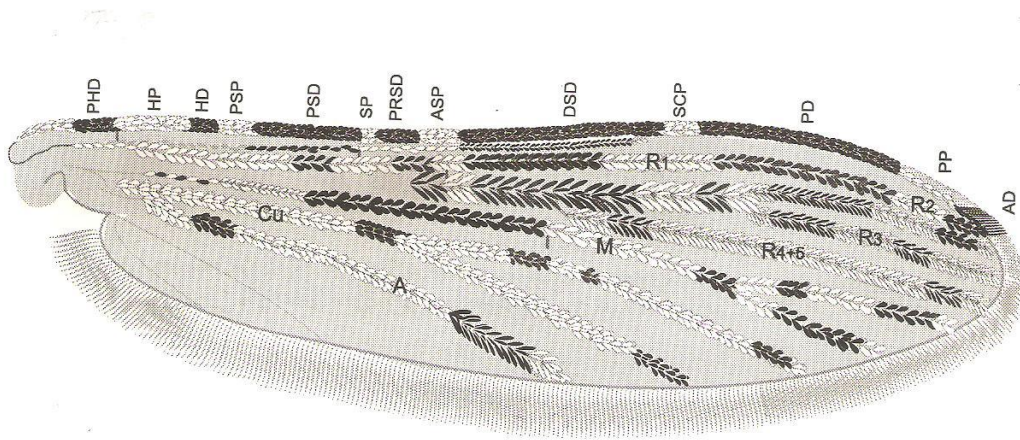
3.2 MORFOMETRÍA TRADICIONAL

La terminología usada para las manchas costales alares siguió la conversión al sistema propuesto por Wilkerson y Peyton (1990) con una excepción: para distinguir entre las dos partes del sector de la mancha oscura, se utilizaron los términos "mancha oscura del sector proximal" y "mancha oscura del sector distal" (Figura 1A). La nomenclatura de las manchas costales alares es: basal clara (BP), basal oscura (BD), prehumeral clara (PHP), prehumeral oscura (PHD), humeral clara (HP), humeral oscura (HD), presectorial clara (PSP), presectorial oscura (PSD), sectorial clara (SP), sectorial oscura (SD) que en presencia del sector accesorio claro (ASP), forma la sectorial oscura proximal (PRSD) y la sectorial oscura distal (DSD), subcostal clara (SCP), preapical oscura (PD), preapical clara (PP), apical oscura (AD) y la apical clara (AP). La Long.A., se midió desde la base hasta la punta del ala, incluyendo la franja. La ausencia de una o mas manchas define el patrón costal alar.

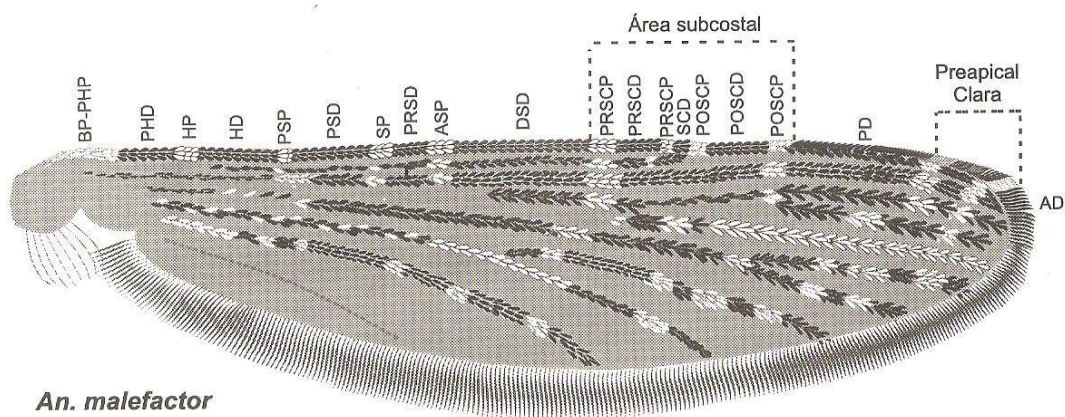
3.2.1 Patrones de las manchas costales alares. Se registraron 46 patrones alares en los *Anopheles* muestreados (Tabla 1A). Para estimar la variación y el grado de diferenciación intra e interespecífico, las frecuencias de los patrones de manchas de las progenies se analizaron por especie, localidad y sexo. También se usaron la Long.A. (mm) y los tamaños (mm) de las manchas costales. Las mediciones de cada una se registraron a lo largo de su mayor longitud anterior, utilizando el micrómetro ocular de un estereomicroscopio Nikon 645.

Figura 1A. (A) Ala de *Anopheles* (*Nyssorrhynchus*). (B) Ala de *Anopheles* (*Anopheles*) de la serie Arribalzagia.

(A)



(B)



Fuente: González y Carrejo (2009). Introducción al análisis taxonómico de *Anopheles* de Colombia. Claves y notas de distribución

Tabla 1A. Patrones de las manchas costales del ala de algunos Anophelinos estudiados. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la mancha y con 0 su ausencia. Cada fusión se resalta con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
II	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
III	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
VIII	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
IX	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XI	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XII	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIII	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIV	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XV	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XVI	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XVII	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XVIII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XIX	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XX	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
XXI	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
XXIII	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXIV	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
XXV	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVI	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVII	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVIII	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XXIX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXI	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXII	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXIII	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXIV	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXV	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXVI	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XXXVII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXXVIII	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
XXXIX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XL	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
XLI	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XLII	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XLIII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
XLIV	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XLV	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XLVI	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

3.2.2 Estadística descriptiva. Se realizó para las variables Long.A. (mm) y los tamaños (mm) de las manchas costales en las progenies de hembras grávidas (madres) recolectadas por especie, localidad, sexo y en ambas alas por espécimen. Para el sesgo y la curtosis se siguieron los criterios indicados en el Anexo A numeral 1.2.1.

Para comprobar la hipótesis nula de que las muestras fueron extraídas de una población con distribución de probabilidad normal se usó la prueba de Shapiro-Wilk (1965) (W , p_w) del programa STATISTICA-versión 8.0 (StatSoft Inc. 2004). Esta prueba se explica en el Anexo A numeral 1.2.2.

Para comprobar la existencia de asimetría se compararon medias y varianzas de Al.Der. y Al.Izq., para Long.A. y los tamaños de las manchas costales (mm), de progenies hembras y machos (Anexo A, numeral 1.2.3.1). Para decidir si la varianza en ambos grupos es o no la misma se usó la prueba de razón de varianzas de Levene (Anexo A, numeral 1.2.3.1.3). En aquellas variables donde no hubo diferencias significativas entre los promedios de las Al.Izq. y Al.Der., estas mediciones se consideraron repeticiones dentro de cada individuo y en los análisis siguientes se excluyó la variable lado.

Para establecer la existencia de dimorfismo sexual, se llevó a cabo una comparación de medias y varianzas de hembras (H) y machos (M) para la Long.A. y el tamaño de las manchas costales (Anexo A, numeral 1.2.3.1).

3.2.3 Estadística inferencial. Los siguientes análisis se realizaron para las progenies hembras y machos. Como la Long.A., se considera una estimación del tamaño del individuo y este afecta las mediciones de las manchas costales alares, se realizaron análisis de regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la Long.A. como variable predictora (Anexo A, numeral 1.4). Los siguientes análisis se realizaron con las proporciones transformadas según Freeman y Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) (Anexo A, numeral 1.4).

Se utilizó el análisis multivariado de varianza (MANOVA opción GLM) para variables con asimetría bilateral significativa. Los análisis de varianza se realizaron considerando las variables categóricas madre (aleatoria) y lado (fija). El número de prole (k_1)/hembra grávida (madre) y el número de alas/lado (k_2), se calcularon según Becker (1984) para diseños desbalanceados. También se estimaron los componentes V_G , V_E y V_P , asumiendo independencia entre las variables estudiadas. Con el propósito de poner a prueba este supuesto, se construyeron matrices de coeficientes de regresión lineal por parejas de manchas costales transformadas según Freeman y Tukey (1950) y de HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) (Anexo A, pág. 20-21).

3.2.4 Modelos genéticos. Se aplicaron los modelos de repetibilidad y correlación entre HC a las variables medidas en los análisis morfométricos tradicionales, al tamaño y a las VC obtenidas con los análisis de MG en *An. benarrochi* B. Se asumió que: 1) la endogamia de las poblaciones de origen de las hembras recolectadas fue cero; 2) las hembras grávidas recolectadas fueron monoandricas y que el parentesco entre la descendencia de una sola hembra (dentro de isofamilia) es de 0.5. Es decir, que la V_G se estimó asumiendo que sus descendientes son HC. Esta última restricción, se basa en que las hembras de *Anopheles* normalmente copulan con un solo macho (Shutt et al., 2010) y la tasa de poliandria se estimó en 2.5% en hembras de *An. gambiae* (Tripet et al., 2003). Además, Richardson et al. (2015) evidenciaron poliandria limitada (2.5%) en poblaciones naturales de *Aedes aegypti*.

Los componentes de varianza se estandarizaron usando los $C.V._G$, $C.V._E$ y $C.V._P$ y las asociaciones entre los caracteres se evaluaron por medio de r_P , r_G y r_E . El coeficiente r_P se estimó directamente de los valores medios fenotípicos, siendo resultante de causas genéticas y ambientales. La r_G corresponde a la porción genética de r_P . Las r_P , r_G y r_E entre dos características se calcularon por métodos similares a los usados para estimar las varianzas genéticas (Anexo A, numeral 3).

3.2.5 Comparación entre poblaciones dentro de la especie. Se utilizó el análisis multivariado de varianza (MANOVA opción GLM). Con el fin de comprobar si los tamaños de las manchas variaron significativamente entre isofamilias y entre los sitios de recolección, el MANOVA se realizó con las isofamilias anidadas dentro del lugar de recolección. Con MANOVA, se calcularon los valores residuales y predichos para cada mancha del ala y se representó uno contra el otro para detectar la heterocedasticidad de varianzas.

El método de clasificación supervisado corresponde con el análisis discriminante, el cual proporciona el modelo para clasificar un *Anopheles* en una población o especie. Siguiendo MANOVA, para las variables individuales se realizaron ANOVAS utilizando el mismo modelo anidado. También se utilizó GLM que corrige el desbalanceo. Se llevaron a cabo pruebas F para probar la hipótesis nula de diferencias no significativas entre poblaciones. Las pruebas de separación de medias se realizaron con los rangos múltiples de Ryan- Einot -Gabriel- Welsch. Los resultados de la MANOVA se presentaron como proporciones o tasas transformadas; todos los otros resultados fueron reportados como valores no transformados. Después de MANOVA, se usó el procedimiento UNIVARIADO para la prueba de normalidad. Las manchas del ala significativamente diferentes entre poblaciones separadas y cuyas distribuciones se ajustaron a las pruebas de normalidad y homogeneidad de varianza fueron utilizadas en el análisis discriminante.

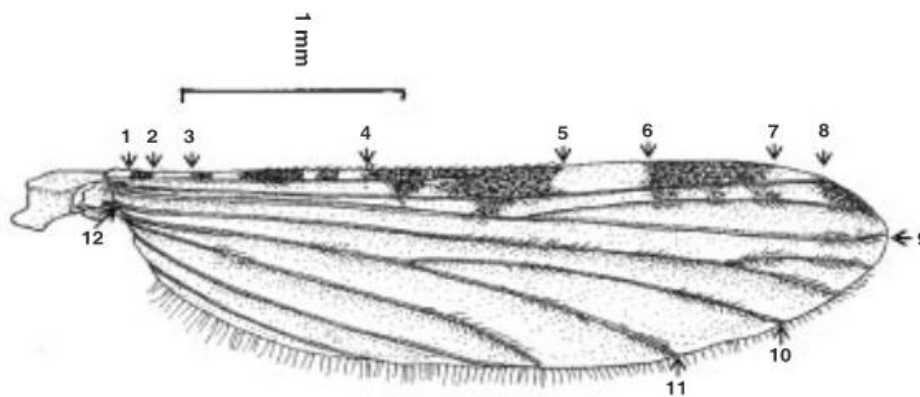
Con las bases de datos se realizó una regresión múltiple por etapas para detectar y eliminar las variables redundantes. Se usó análisis discriminante para determinar si los individuos de cada una de las especies estudiadas de las diferentes poblaciones se pueden distinguir por caracteres de manchas costales alares. El análisis discriminante se realizó con una probabilidad a priori igual de afiliación para cada población suponiendo que un espécimen hipotético no identificado tendría la misma oportunidad de ser de una o de otra población. La frecuencia de errores de clasificación se determinó mediante el procedimiento de retención de Lachenbruch (opción CROSSVALIDATE). Para el análisis discriminante canónico, se determinó tanto la sensibilidad (porcentaje de identificaciones correctas de total de los especímenes examinados por sitio) y la exactitud (porcentaje del total de las identificaciones de las muestras totales de las poblaciones examinadas) de las fórmulas (Griner et al., 1981).

3.3 MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA (MG) EN *An. benarrochi* B

Los análisis de MG se realizaron con el programa Morphometrics in Medical Entomology–Collection of Landmark for Identification and Characterization (MoMeCLIC) de Dujardin (2016). Además, a los datos de MG se les hizo otros análisis para conocer qué tan heredable es la variación de la conformación y el tamaño y como se afectan los métodos de agrupamiento que complementan los análisis discriminantes. A las Al.Izq. y Al.Der. de cada espécimen se les tomó fotografías con una cámara digital Canon T3i, y con el software Helicon Focus 6.0 (HELICON SOFT, 2014) se realizó el procesamiento digital de las imágenes. Sobre las imágenes de las alas se seleccionaron 12 puntos LM (Figura 2) siguiendo los procedimientos de Calle et al. (2008).

La asignación de los LM sobre las fotos se llevó a cabo con el módulo COO (“Collection of coordinates”) siguiendo la orientación de las manecillas del reloj (1, 2....12). El punto 1 corresponde al inicio de la PHD y el punto 12, a la intersección entre el final del margen anal y el comienzo del área jugal del ala, alula (Figura 2). Para cada imagen, se realizaron dos mediciones por punto denominadas R_1 y R_2 . Con las repeticiones R_1 y R_2 se realizaron las pruebas de repetibilidad descritas en el numeral 5.2 (Anexo A).

Figura 2. Puntos anatómicos. Localización de los puntos anatómicos tomados en el ala de los mosquitos hembra. (1) inicio de la mancha basal oscura (BD), (2) inicio de la mancha humeral clara (HP), (3) inicio de la mancha humeral oscura (HD), (4) inicio de la mancha subcostal oscura (SCD), (5) inicio de la mancha subcostal clara (SCP), (6) inicio de la mancha preapical oscura (PD), (7) inicio de la mancha preapical clara (PP), (8) finalización de la mancha apical clara (AP), (9) intersección de la vena R3 y el borde distal del ala, (10) intersección entre la vena Cu 1 y el borde distal del ala, (11) intersección entre la vena Cu 2 y el borde distal del ala y (12) intersección entre la vena plical y la vena cubital. La nomenclatura usada fue la propuesta por Faran en 1980.



Fuente: Calle et al. 2008. Discriminación por morfometría geométrica de once especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) presentes en Colombia.

Para realizar las comparaciones entre poblaciones dentro de especie se siguen los mismos procedimientos usados para la estimación de R del tamaño del centroide y la conformación del ala (Anexo A, numeral 5.2). En este caso, las poblaciones se representaron por $P_1, P_2, \dots; P_n$. En el análisis discriminante cada población tuvo su propio centroide y su propio polígono de distribución de las conformaciones de las alas de los especímenes que las representa. También se calcularon las distancias de Mahalanobis promedio con su desviación estándar por pares de poblaciones. Se reducen los riesgos de error asociados a cada distancia llevando el cálculo sobre 10000 permutaciones. Como se realizaron comparaciones múltiples, se utilizó la corrección de Bonferroni, donde la primera distancia que se consideró significativa para $P < 0.05$ debe tener: $P_{ajustado} < 0,05/(\text{número de comparaciones})$.

Con base en modelo discriminante se identificó a que población pertenecen las conformaciones del ala de los especímenes que hicieron parte del análisis (Re-clasificación simple). Se estimó el número de asignaciones correctas expresado en porcentaje. Luego se llevó a cabo una verificación cruzada de clasificación (=Cross Check Classification): donde cada individuo clasificado no hizo parte del análisis discriminante y se recalculó el número de asignaciones correctas expresada en porcentaje.

Se estimó la alometría con los componentes Procrustes o PW's. Se examinó el efecto del tamaño centroide sobre las VC, usando los dos primeros componentes Procrustes, ya que ellos representan el mayor porcentaje de la varianza total. Se realizó una regresión lineal utilizando como variable dependiente el componente canónico 1, $CPR_1 (Y_1)$ y como variable predictora los tamaños centroide (X). Se calculó el coeficiente de correlación (r), se estimó su significancia usando una distribución t de Student con $k_1 - 2$ G.L. y se llevó a cabo su representación gráfica.

Para la correlación "se introdujo la variable tamaño" en la primera columna y las funciones discriminantes (en las próximas columnas) de poblaciones $P_1, P_2, \dots P_n$ con tamaños muestrales de $n_1, n_2, \dots n_i$. Se examinó la contribución del parámetro seleccionado sobre cada función discriminante (DF) aunque algunos DF fueron factores que no contribuyeron. Generalmente, con los dos primeros se explica un alto porcentaje de la varianza total (>80%). También se estimó la

disparidad métrica total y parcial (por población), la diferenciación fenotípica, usando los 14 PW. Se estimó la significancia estadística mediante métodos no paramétricos con 10000 permutaciones. En el análisis de asimetría se tomaron las alas del Al.Izq. y del Al.Der. de cada individuo. A cada una de ellas se le asignó las coordenadas crudas con dos repeticiones siguiendo los pasos descritos del análisis de R. Se creó un único archivo con las coordenadas de los LM de digitalizaciones sucesivas. Se realizó una superposición Procrustes antes de aplicar un ANOVA de dos vías para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck 1986; Tabla 5) y un ANOVA Procrustes para las VC (Klingenberg y McIntyre, 1998; Tabla 6). Además, se calcularon los componentes simétricos y asimétricos, así como las puntuaciones de asimetría fluctuante (AF) de la conformación alar del individuo (Klingenberg y Monteiro, 2005). En el Anexo A, numeral 5.2.2 se muestran estos análisis.

Las diferencias significativas entre el tamaño o la conformación del Al.Izq. respecto al Al.Der. indicaría la existencia de asimetría direccional (AD). Las diferencias significativas de la interacción lado*individuo señalarían la existencia de asimetría fluctuante (AF). Las diferencias significativas entre individuos puede deberse a diferencias genéticas por hacer parte de familias de HC. y por efecto del ambiente común donde se desarrollaron.

Todos análisis estadísticos se realizaron utilizando los programas STATISTICA-Versión 8.0. (StatSoft Inc. 2004) y XLSTAT DE EXCEL. También se usó el software PAST (Hammer, 2001) versión 3.14 (<http://folk.uio.no/ohammer/past/>).

Tabla 5. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986). Donde: r = Número de individuos/población; c = Número de lados (alas izquierda y derecha; n = número de repeticiones.

Fuente	G.L.	SS	MS	F
Modelo	(rc-1)	SS_{Modelo}	MS_{Modelo}	$MS_{\text{Modelo}}/SS_{\text{Residual}}$
Individuo	(r-1)	$SS_{\text{Individuo}}$	$MS_{\text{Individuo}}$	$MS_{\text{Individuo}}/MS_{\text{Lado*Individuo}}$
Lado	(c-1)	SS_{Lado}	MS_{Lado}	$MS_{\text{Lado}}/MS_{\text{Lado*Individuo}}$
Lado*Individuo	(r-1)(c-1)	$SS_{\text{Lado*Individuo}}$	$MS_{\text{Lado*Individuo}}$	$MS_{\text{Lado*Individuo}}/SS_{\text{Residual}}$
Residual	rc(n-1)	SS_{Residual}	SS_{Residual}	
Total	rcn-1 =N-1	SS_{Total}		

Tabla 6. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg McIntyre, 1998). L = Número de variables de conformación; r = Número de individuos/población; c = Número de lados (alas izquierda y derecha; n = número de repeticiones.

Fuente	G.L.	SS	MS	F
Modelo	L(rc-1)	SS_{Modelo}	MS_{Modelo}	$MS_{\text{Modelo}}/SS_{\text{Residual}}$
Individuo	L(r-1)	$SS_{\text{Individuo}}$	$MS_{\text{Individuo}}$	$MS_{\text{Individuo}}/MS_{\text{Lado*Individuo}}$
Lado	L(c-1)	SS_{Lado}	MS_{Lado}	$MS_{\text{Lado}}/MS_{\text{Lado*Individuo}}$
Lado*Individuo	L(r-1)(c-1)	$SS_{\text{Lado*Individuo}}$	$MS_{\text{Lado*Individuo}}$	$MS_{\text{Lado*Individuo}}/SS_{\text{Residual}}$
Residual	Lrc(n-1)	SS_{Residual}	SS_{Residual}	
Total	Lrcn-1 =N-1	SS_{Total}		

4. RESULTADOS

Se presentan para cinco especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*)-Sección Albimanus (*An. nuneztovari*, *An. benarrochi* B, *An. strodei*, *An. strodei* y *An. albimanus* s.l.) y dos especies-Sección Argyritarsis (*An. albitarsis* F y *An. darlingi*) según la clasificación de Harbach (2004) y Motoki et al. (2009b). Se describieron las frecuencias de los patrones de las manchas costales alares considerando la variación intraindividual (Al.Der., Al.Izq.), el sexo, la procedencia de las progenitoras recolectadas (localidad), las especies y la sección. Posteriormente, se analizaron la Long.A. (mm) y los tamaños (mm) de las manchas costales alares considerando las variables categóricas anteriores. Por último, se presentaron los análisis de las variables tamaño y conformación alar mediante MG en *An. benarrochi* B.

4.1 FRECUENCIAS DE LOS PATRONES DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES

BP, DSD y AP se presentaron en los 46 patrones observados; PP y AD en 45; HD, PSD y PD en 44; HP en 39; PRSD en 38; PSP en 36; ASP en 35; PHP y SCP en 33 (Tabla 1A).

4.1.1 Sección Albimanus

4.1.1.1 *An. nuneztovari*. Se reconocieron 14 patrones (Tabla 7) y en la Tabla 8 se presentan sus frecuencias absolutas y relativas.

Buenaventura-Valle del Cauca. En hembras se analizaron 27 familias y 268 Al.Der. y 119 Al.Izq. Se registraron 10 patrones en Al.Der. y 9 en Al.Izq. El I fue el más frecuente (64.2% Al.Der.; 56.9% Al.Izq.). IV, V, VI y X oscilaron entre 5.2% y 9.7% en el Al.Der. y entre 3.3% y 18.0% en Al.Izq.

En machos se analizaron 25 familias, 372 Al.Der. y 149 Al.Izq. Se reconocieron 5 patrones en Al.Der. y 6 Al.Izq. El I fue el más frecuente (80.9% Al.Der.; 77.2% Al.Izq.). V y X mostraron frecuencias de 6.2% y 10.2% (Al.Der.) y de 8.7% y 11.4% (Al.Izq.), respectivamente.

Tabla 7. Descripción de los 14 patrones de las manchas costales del ala registrados en *Anopheles nuneztovari*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). 1 indica la presencia de la mancha y 0 su ausencia. Cada fusión se resalta con un color.

Patrón costal	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
II	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
III	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
VIII	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XI	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XIII	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XV	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XVI	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XVIII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tierralta–Córdoba. En hembras se analizaron 6 familias, 47 Al.Der. y 16 Al.Izq. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 3 Al.Izq. El I fue el más frecuente (59.6% Al.Der.; 56.3% Al.Izq.). V y VI mostraron frecuencias del 12.8% y 23.4% (Al.Der.) y del 31.3% y 12.5% (Al.Izq.) respectivamente. En machos se analizaron 7 familias, 61 Al.Der. y 8 Al.Izq. Se registraron 3 patrones en ambas alas. El I fue el más frecuente (68.9% Al.Der.; 50.0% Al.Izq.). V y VI mostraron frecuencias de 21.3% y 9.8% (Al.Der.), respectivamente, y cada uno con 25.0% en Al.Izq.

Tabla 8. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles nuneztovari* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en tres localidades. Donde N representa el número total de alas registradas.

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón costal						N
				I	IV	V	VI	X	Otros*	
Buenaventura- Valle del Cauca	Hembras	Derecha	A	172	24	26	25	14	7	268
			R	0.6418	0.0896	0.0970	0.0933	0.0522	0.0261	1.0000
		Izquierda	A	66	14	22	9	4	4	119
			R	0.5690	0.1207	0.1897	0.0776	0.0345	0.0336	1.0000
		Subtotal	A	238	38	48	34	18	11	387
			R	0.6198	0.0990	0.1250	0.0885	0.0469	0.0284	1.0000
	Machos	Derecha	A	301	6	23	38	4	0	372
			R	0.8091	0.0161	0.0618	0.1022	0.0108	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	115	1	13	17	2	1	149
			R	0.7718	0.0067	0.0872	0.1141	0.0134	0.0067	1.0000
		Subtotal	A	416	7	36	55	6	1	521
			R	0.7985	0.0134	0.0691	0.1056	0.0115	0.0019	1.0000
	Total		A	654	45	84	89	24	12	908
			R	0.7227	0.0497	0.0928	0.0983	0.0265	0.0132	1.0000
Tierralta - Cordoba	Hembras	Derecha	A	28	1	6	11	1	0	47
			R	0.5957	0.0213	0.1277	0.2340	0.0213	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	9	0	5	2	0	0	16
			R	0.5625	0.0000	0.3125	0.1250	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	37	1	11	13	1	0	63
			R	0.5873	0.0159	0.1746	0.2063	0.0159	0.0000	1.0000
	Machos	Derecha	A	42	0	13	6	0	0	61
			R	0.6885	0.0000	0.2131	0.0984	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	4	0	2	2	0	0	8
			R	0.5000	0.0000	0.2500	0.2500	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	46	0	15	8	0	0	69
			R	0.6667	0.0000	0.2174	0.1159	0.0000	0.0000	1.0000
	Total		A	83	1	26	21	1	0	132
			R	0.6288	0.0076	0.1970	0.1591	0.0076	0.0000	1.0000

* = patrones raros con una frecuencia <1% (II, III, VII, VIII, XI, XIII, XV, XVI, XVIII)

Continuación de la tabla 8

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón costal						N
				I	IV	V	VI	X	Otros*	
Tibú - Norte de Santander	Hembras	Derecha	A	55	0	7	3	0	0	65
			R	0.8462	0.0000	0.1077	0.0462	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	21	1	1	0	0	0	23
			R	0.9130	0.0435	0.0435	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	76	1	8	3	0	0	88
			R	0.8636	0.0114	0.0909	0.0341	0.0000	0.0000	1.0000
	Machos	Derecha	A	79	1	9	10	0	0	99
			R	0.7980	0.0101	0.0909	0.1010	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	9	0	1	2		0	12
			R	0.7500	0.0000	0.0833	0.1667	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	88	1	10	12	0	0	111
			R	0.7928	0.0090	0.0901	0.1081	0.0000	0.0000	1.0000
	Total	A	164	2	18	15	0	0	199	
		R	0.8241	0.0101	0.0905	0.0754	0.0000	0.0000	1.0000	
Total hembras			A	351	40	67	50	19	11	538
			R	0.6524	0.0743	0.1245	0.0929	0.0353	0.0204	1.0000
Total machos			A	550	8	61	75	6	1	701
			R	0.7846	0.0114	0.0870	0.1070	0.0086	0.0014	1.0000
Total /especie			A	901	48	128	125	25	12	1239
			R	0.7272	0.0387	0.1033	0.1009	0.0202	0.0097	1.0000

* = patrones raros con una frecuencia <1% (II, III, VII, VIII, XI, XIII, XV, XVI, XVIII)

Tibú–Norte de Santander. En hembras se analizaron 10 isofamilias, 65 Al.Der. y 23 Al.Izq. Se registraron 3 patrones. El I fue el más frecuente (84.6% Al.Der.; 91.3% Al.Izq.). En Al.Der., V y VI mostraron frecuencias del 10.8% y 4.6%, respectivamente. En el Al.Izq., IV y V registraron 4.3%. En machos se analizaron 10 familias, 65 Al.Der. y 23 Al.Izq. Se reconocieron 3 patrones. El I fue el más frecuente (89.8% Al.Der.; 75.0% Al.Izq.). V y VI registraron 9.1% y 10.1% (Al.Der.) y 8.3% y 16.7% (Al.Izq.), respectivamente.

4.1.1.2 An. benarrochi B. Se reconocieron 7 patrones (Tabla 9) y en la Tabla 10 se registraron sus frecuencias absolutas y relativas.

Tabla 9. Descripción de los 7 patrones de las manchas costales del ala registrados para *An. benarrochi*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
III	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XLV	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tabla 10. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles benarrochi* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Puerto Asis, quebrada Huitoto- Putumayo. Donde N representa el número total de alas registradas.

Progenie	Ala	Frec.	Patrón costal							N
			I	II	III	V	VI	VII	XLV	
Hembras	Derecha	A	67	1	0	1	4	0	0	73
		R	0,9178	0,0137	0,0000	0,0137	0,0548	0,0000	0,0000	1,0000
	Izquierda	A	63	1	1	0	4	1	0	70
		R	0,9000	0,0143	0,0143	0,0000	0,0571	0,0143	0,0000	1,0000
	Subtotal	A	130	2	1	1	8	1	0	143
		R	0.9091	0.0140	0.0070	0.0070	0.0559	0.0070	0.0000	1.0000
Machos	Derecha	A	67	2	0	0	4	0	1	74
		R	0,9178	0,0274	0,0000	0,0000	0,0548	0,0000	0,0137	1,0000
	Izquierda	A	73	1	0	2	4	0	0	80
		R	0,9125	0,0125	0,0126	0,0250	0,0500	0,0000	0,0000	1.0000
	Subtotal	A	140	3	0	2	8	0	1	154
		R	0.9091	0.0195	0.0000	0.0130	0.0519	0.0000	0.0065	1.0000
Total/especie		A	270	5	1	3	16	1	1	297
		R	0.9091	0.0168	0.0034	0.0101	0.0539	0.0034	0.0034	1.0000

En hembras se analizaron 21 familias, 73 Al.Der. y 70 Al.Izq. Se registraron 4 patrones en Al.Der. y 5 en Al.Izq. El I fue el más frecuente (91.8% Al.Der.; 90.0% Al.Izq.), seguido en Al.Der. por el VI (5.5%) y por II y IV (1.4%) y en Al.Izq. por el VI (5.7%) y por II, III y VII (1.4%).

En machos se analizaron 21 familias, 74 Al.Der. y 80 Al.Izq. Se registraron 4 patrones en ambas alas. El I fue el más frecuente (91.8% Al.Der.; 91.2% Al.Izq.). En Al.Der., VI registró 5.5%, II (2.7%) y XLV (1.4%). En Al.Izq., VI registró 5.0% y II y V 1.25% y 2.5%, respectivamente.

4.1.1.3 An. strodei. Se describieron 6 patrones (Tabla 11) y la Tabla 12 muestra sus frecuencias absolutas y relativas. Como en Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta se registraron dos familias y en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta una, el análisis se presentó por especie.

En las hembras se analizaron 3 familias, 13 Al.Der. y 10 Al.Izq. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 3 en Al.Izq. En Al.Der., el V fue el más frecuente (53.8%), seguido por I (23.1%) y por VI, VII y X (7.7%). En Al.Izq., el I fue el más común (40.0%), seguido por IV y V (30%).

En machos se analizaron 3 familias, 32 Al.Der. y 28 Al.Izq. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 4 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (62.5% Al.Der.; 61.5% Al.Izq.). En el Al.Der., I y X registraron 21.9% y 9.4%, respectivamente. En el Al.Izq., el I registró 23.1% y VI y X 7.7%.

Tabla 11. Descripción de los 6 patrones de las manchas costales del ala registrados para *An. strodei*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tabla 12. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles strodei* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Fuente de Oro-Caño blanco (CB) – Meta y San Carlos de Guaroa-Palmeras (LL) - Meta. Donde N representa el número total de alas registradas.

Progenie	Lado	Frec.	Patrón						N
			I	IV	V	VI	VII	X	
Hembras	Derecho	A	3	0	7	1	1	1	13
		R	0.23077	0.00000	0.53846	0.07692	0.07692	0.07692	1.00000
	Izquierdo	A	4	3	3	0	0	0	10
		R	0.40000	0.30000	0.30000	0.00000	0.00000	0.00000	1.00000
	Subtotal	A	7	3	10	1	1	1	23
		R	0.30435	0.13043	0.43478	0.04348	0.04348	0.04348	1.00000
Machos	Derecho	A	7	1	20	1	0	3	32
		R	0.21875	0.03125	0.62500	0.03125	0.00000	0.09375	1.00000
	Izquierdo	A	6	0	16	2	0	2	26
		R	0.23077	0.00000	0.61538	0.07692	0.00000	0.07692	1.00000
	Subtotal	A	13	1	36	3	0	5	58
		R	0.22414	0.01724	0.62069	0.05172	0.00000	0.08621	1.00000
Total/especie		A	20	4	46	4	1	6	81
		R	0.24691	0.04938	0.56790	0.04938	0.01235	0.07407	1.00000

4.1.1.4 *An. triannulatus*. Se reconocieron 6 patrones (Tabla 13). Como se registraron una familia en Yaguará-Huila una familia y dos en: Sonso-Valle del Cauca y Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo, el análisis se presentó por especie (Tabla 14).

En hembras se analizaron 9 familias, 31 Al.Der. y 29 Al.Izq. Se registraron 4 patrones. El I fue el más frecuente (67.7% Al.Der.; 69.0% Al.Izq.), seguido por V (22.6% Al.Der.; 13.8% Al.Izq.), VI (6.5% Al.Der.; 13.8% Al.Izq.) y X (3.2% Al.Der.; 3.4% Al.Izq.). En machos se analizaron 9 familias, 53 Al.Der. y 42 Al.Izq. Se registraron 4 patrones, el I fue el más frecuente (58.5% Al.Der.; 66.7% Al.Izq.). En Al.Der., V registró 37.7% y VI y X 1.9%. En Al.Izq., V presentó 28.6% y IV y VII 2.4%.

Tabla 13. Descripción de los 6 patrones de las manchas costales del ala registrados para *An. triannulatus*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tabla 14. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles triannulatus* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco–Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo. Donde N representa el número total de alas registradas.

Progenie	Ala	Frec.	Patrón						N
			I	IV	V	VI	VII	X	
Hembras	Derecha	A	21	0	7	2	0	1	31
		R	0.6774	0.0000	0.2258	0.0645	0.0000	0.0323	1.0000
	Izquierda	A	20	0	4	4	0	1	29
		R	0.6897	0.0000	0.1379	0.1379	0.0000	0.0345	1.0000
	Subtotal	A	41	0	11	6	0	2	60
		R	0.6833	0.0000	0.1833	0.1000	0.0000	0.0333	1.0000
Machos	Derecha	A	31	0	20	1	0	1	53
		R	0.5849	0.0000	0.3774	0.0189	0.0000	0.0189	1.0000
	Izquierda	A	28	1	12	0	1	0	42
		R	0.6667	0.0238	0.2857	0.0000	0.0238	0.0000	1.0000
	Subtotal	A	59	1	32	1	1	1	95
		R	0.6211	0.0105	0.3368	0.0105	0.0105	0.0105	1.0000
Total/especie	A	100	1	43	7	1	3	155	
	R	0.6452	0.0065	0.2774	0.0452	0.0065	0.0194	1.0000	

4.1.1.5 An. albimanus. Se describieron 9 patrones (Tabla 15) y la Tabla 16 muestra sus frecuencias absolutas y relativas. En hembras se analizaron 8 familias, 42 Al.Der. y 37 Al.Izq. Se registraron 6 patrones. El V fue el más frecuente (50.0% Al.Der.; 46.0% Al.Izq.), seguido en Al.Der. por I (33.3%), VI, XII, XIII (4.8%) y XLVI (2.4%) y en Al.Izq. por I (40.5%), XII (5.4%) y XIII y XXXI con 2.7%. En machos se analizaron 8 isofamilias, 47 Al.Der. y 37 Al.Izq.. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 6 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (48.9% Al.Der.; 51.4% Al.Izq.). En Al.Der., el I registró 40.4%, el VI 6.4% y los patrones XII y XXXI 2.1%. En Al.Izq., el I registró 37.8% seguido de los patrones raros: IV, VI, XIII y XXXI con 2.7%.

Tabla 15. Descripción de los 9 patrones de las manchas costales del ala registrados para *An. albimanus*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XII	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIII	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1
XXXI	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XLVI	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tabla 16. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles albimanus* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas Iscuandé - Nariño. Donde N representa el número total de alas registradas.

Progenie	Ala	Frec.	Patrón									N
			I	IV	V	VI	VII	XII	XIII	XXXI	XLVI	
Hembras	Derecha	A	14	0	21	2	0	2	2	0	1	42
		R	0.3333	0.0000	0.5000	0.0476	0.0000	0.0476	0.0476	0.0000	0.0238	1.0000
	Izquierda	A	15	0	17	0	1	2	1	1	0	37
		R	0.4054	0.0000	0.4595	0.0000	0.0270	0.0541	0.0270	0.0270	0.0000	1.0000
	Subtotal	A	29	0	38	2	1	4	3	1	1	79
		R	0.3671	0.0000	0.4810	0.0253	0.0127	0.0506	0.0380	0.0127	0.0127	1.0000
Machos	Derecha	A	19	0	23	3	0	1	0	1	0	47
		R	0.4043	0.0000	0.4894	0.0638	0.0000	0.0213	0.0000	0.0213	0.0000	1.0000
	Izquierda	A	14	1	19	1	0	0	1	1	0	37
		R	0.3784	0.0270	0.5135	0.0270	0.0000	0.0000	0.0270	0.0270	0.0000	1.0000
	Subtotal	A	33	1	42	4	0	1	1	2	0	84
		R	0.3929	0.0119	0.5000	0.0476	0.0000	0.0119	0.0119	0.0238	0.0000	1.0000
Total/especie	A	62	1	80	6	1	5	4	3	1	163	
	R	0.3804	0.0061	0.4908	0.0368	0.0061	0.0307	0.0245	0.0184	0.0061	1.0000	

Tabla 17. Descripción de los 17 patrones de las manchas costales del ala registrados para *An. albitarsis* F. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
II	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XII	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIII	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIV	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XV	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XVII	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XXI	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
XXV	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVI	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XLIV	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

4.1.2 Sección Argyritarsis

4.1.2.1 *An. albitarsis* F. Se registraron 17 patrones (Tabla 17) y en la Tabla 18 se indican sus frecuencias absolutas y relativas.

Tabla 18. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenes hembras y machos de *An. albitarsis* F. procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en seis localidades. Donde N representa el número total de alas registradas.

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón						N
				I	V	X	XII	XXI	Otros*	
Tibú – Norte de Santander	Hembras	Derecha	A	12	71	8	7	4	5	107
			R	0.1121	0.6636	0.0748	0.0654	0.0374	0.0467	1.0000
		Izquierda	A	8	49	5	1	1	2	66
			R	0.1212	0.7424	0.0758	0.0152	0.0152	0.0303	1.0000
		Subtotal	A	20	120	13	8	5	7	173
			R	0.1156	0.6936	0.0751	0.0462	0.0289	0.0405	1.0000
	Machos	Derecha	A	24	80	22	0	4	13	143
			R	0.1678	0.5594	0.1538	0.0000	0.0280	0.0909	1.0000
		Izquierda	A	12	48	11	1	3	3	78
			R	0.1538	0.6154	0.1410	0.0128	0.0385	0.0385	1.0000
		Subtotal	A	36	128	33	1	7	16	221
			R	0.1629	0.5792	0.1493	0.0045	0.0317	0.0724	1.0000
	Total		A	56	248	46	9	12	23	394
			R	0.1421	0.6294	0.1168	0.0228	0.0305	0.0584	1.0000
San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta	Hembras	Derecha	A	2	37	13	0	0	1	53
			R	0.0377	0.6981	0.2453	0.0000	0.0000	0.0189	1.0000
		Izquierda	A	2	27	5	1	0	2	37
			R	0.0541	0.7297	0.1351	0.0270	0.0000	0.0541	1.0000
		Subtotal	A	4	64	18	1	0	3	90
			R	0.0444	0.7111	0.2000	0.0111	0.0000	0.0333	1.0000
	Machos	Derecha	A	12	42	17	0	1	2	74
			R	0.1622	0.5676	0.2297	0.0000	0.0135	0.0270	1.0000
		Izquierda	A	6	37	12	0	0	3	58
			R	0.1034	0.6379	0.2069	0.0000	0.0000	0.0517	1.0000
		Subtotal	A	18	79	29	0	1	5	132
			R	0.1364	0.5985	0.2197	0.0000	0.0076	0.0379	1.0000
	Total		A	22	143	47	1	1	8	222
			R	0.0991	0.6441	0.2117	0.0045	0.0045	0.0360	1.0000

* = patrones raros con una frecuencia <1% (II, IV, VI, VII, XIII, XIV, XV, XVII, XXII, XXV, XXVI y XLIV)

Continuación de la tabla 18.

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón						N
				I	V	X	XII	XXI	Otros*	
Bajo Pompeya (BP), Villavicencio - Meta	Hembras	Derecha	A	2	19	0	0	0	3	24
			R	0.0833	0.7917	0.0000	0.0000	0.0000	0.1250	1.0000
		Izquierda	A	3	16	0	1	0	1	21
			R	0.1429	0.7619	0.0000	0.0476	0.0000	0.0476	1.0000
		Subtotal	A	5	35	0	1	0	4	45
			R	0.1111	0.7778	0.0000	0.0222	0.0000	0.0889	1.0000
	Machos	Derecha	A	13	19	3	0	1	1	37
			R	0.3514	0.5135	0.0811	0.0000	0.0270	0.0270	1.0000
		Izquierda	A	8	14	7	1	0	1	31
			R	0.2581	0.4516	0.2258	0.0323	0.0000	0.0323	1.0000
		Subtotal	A	21	33	10	1	1	2	68
			R	0.3088	0.4853	0.1471	0.0147	0.0147	0.0294	1.0000
	Total		A	26	68	10	2	1	6	113
			R	0.2301	0.6018	0.0885	0.0177	0.0088	0.0531	1.0000
Fuente de oro, Caño Blanco (CB) - Meta	Hembras	Derecha	A	1	16	1	0	0	0	18
			R	0.0556	0.8889	0.0556	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	3	14	1	0	0	0	18
			R	0.1667	0.7778	0.0556	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	4	30	2	0	0	0	36
			R	0.1111	0.8333	0.0556	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
	Machos	Derecha	A	4	17	0	0	0	0	21
			R	0.1905	0.8095	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	4	13	0	1	0	0	18
			R	0.2222	0.7222	0.0000	0.0556	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	8	30	0	1	0	0	39
			R	0.2051	0.7692	0.0000	0.0256	0.0000	0.0000	1.0000
	Total		A	12	60	2	1	0	0	75
			R	0.1600	0.8000	0.0267	0.0133	0.0000	0.0000	1.0000

* = patrones raros con una frecuencia <1% (II, IV, VI, VII, XIII, XIV, XV, XVII, XXII, XXV, XXVI y XLIV)

Continuación de la tabla 18.

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón						N
				I	V	X	XII	XXI	Otros*	
Granada - Meta	Hembras	Derecha	A	1	8	0	2	0	0	11
			R	0.0909	0.7273	0.0000	0.1818	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	1	8	0	0	0	0	9
			R	0.1111	0.8889	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	2	16	0	2	0	0	20
			R	0.1000	0.8000	0.0000	0.1000	0.0000	0.0000	1.0000
	Machos	Derecha	A	3	19	3	0	0	0	25
			R	0.1200	0.7600	0.1200	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	4	15	1	2	0	0	22
			R	0.1818	0.6818	0.0455	0.0909	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	7	34	4	2	0	0	47
			R	0.1489	0.7234	0.0851	0.0426	0.0000	0.0000	1.0000
	Total	A	9	50	4	4	0	0	67	
		R	0.1343	0.7463	0.0597	0.0597	0.0000	0.0000	1.0000	
Yaguará - Huila	Hembras	Derecha	A	1	15	1	0	0	1	18
			R	0.0556	0.8333	0.0556	0.0000	0.0000	0.0556	1.0000
		Izquierda	A	1	14	0	0	0	1	16
			R	0.0625	0.8750	0.0000	0.0000	0.0000	0.0625	1.0000
		Subtotal	A	2	29	1	0	0	2	34
			R	0.0588	0.8529	0.0294	0.0000	0.0000	0.0588	1.0000
	Machos	Derecha	A	1	7	0	0	0	1	9
			R	0.1111	0.7778	0.0000	0.0000	0.0000	0.1111	1.0000
		Izquierda	A	1	5	0	0	0	0	6
			R	0.1667	0.8333	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	1.0000
		Subtotal	A	2	12	0	0	0	1	15
			R	0.1333	0.8000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0667	1.0000
	Total	A	4	41	1	0	0	3	49	
		R	0.0816	0.8367	0.0204	0.0000	0.0000	0.0612	1.0000	
Total/Especie			A	129	610	110	17	14	40	920
			R	0.1402	0.6630	0.1196	0.0185	0.0152	0.0435	1.0000

* = patrones raros con una frecuencia <1% (II, IV, VI, VII, XIII, XIV, XV, XVII, XXII, XXV, XXVI y XLIV)

Tibú–Norte de Santander. En hembras se analizaron 61 isofamilias, 107 Al.Der. y 66 Al.Izq. Se registraron 9 patrones en Al.Der. y 7 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (66.4% Al.Der.; 74.2% Al.Izq.). Le siguió el I (11.2% Al.Der.; 12.1% Al.Izq.). En Al.Der., X y XII mostraron frecuencias del 7.5% y 6.5%, respectivamente. En Al.Izq., X registró 7.6%.

En los machos se analizaron 61 familias, 66 Al.Der. y 78 Al.Izq. Se registraron 11 patrones en Al.Der. y 9 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (55.9% Al.Der.; 61.5% Al.Izq.). I y X se registraron con 16.8% y 15.4% (Al.Der.) y 15.4% y 14.1% (Al.Izq.), respectivamente.

San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta. En hembras se analizaron 20 familias, 53 Al.Der. y 37 Al.Izq. Se registraron 4 patrones en Al.Der. y 6 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (69.8% Al.Der.; 73.0% Al.Izq.) seguido del X (24.5% Al.Der.; 13.5% Al.Izq.). En Al.Der. I y XX registraron 3.8% y 1.9%, respectivamente. En machos, se analizaron 20 familias, 74 Al.Der. y 58 Al.Izq. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 6 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (56.8% Al.Der.; 63.8% Al.Izq.); seguido del X (23.0% Al.Der.; 20.7% Al.Izq.). El I ocupó el tercer lugar (16.2% Al.Der.; 10.3% Al.Izq.).

Bajo Pompeya, Villavicencio–Meta. En hembras se analizaron 6 familias, 24 Al.Der. y 21 Al.Izq. Se registraron 5 patrones en Al.Der. y 4 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (79.2% Al.Der.; 76.2% Al.Izq.) seguido del I (8.3% Al.Der.; 14.3% Al.Izq.). En machos se analizaron 6 familias, 37 Al.Der. y 31 Al.Izq. Se registraron 5 patrones. El V fue el más frecuente (51.4% Al.Der.; 45.2% Al.Izq.) seguido del I (35.1% Al.Der.; 25.8% Al.Izq.). El X ocupó el tercer lugar (8.1% Al.Der.; 22.6% Al.Izq.).

Fuente de oro, Caño Blanco–Meta. En hembras se analizaron 5 familias, 18 Al.Der. y 18 Al.Izq. Se registraron 3 patrones. El V fue el más frecuente (88.9% Al.Der.; 77.8% Al.Izq.; seguido del I (5.6% Al.Der.; 16.7% Al.Izq.). En ambos lados, la frecuencia de X fue 5.6%.

En machos se analizaron 5 familias, 21 Al.Der. y 18 Al.Izq. Se registraron 2 patrones en Al.Der. y 3 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (81.0% Al.Der.; 72.2% Al.Izq.) seguido del I (19.0% Al.Der.; 22.2% Al.Izq.). El X no está presente en machos y el XII solo se registró en Al.Izq., ocupando el tercer lugar (5.6%).

Granada–Meta. En hembras se analizaron 4 familias, 11 Al.Der. y 9 Al.Izq. Se registraron 3 patrones en Al.Der. y 2 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (72.7% Al.Der.; 88.9% Al.Izq.) seguido del XII con 18.2% en Al.Der., este patrón no se registró en el Al.Izq.

En machos se analizaron 4 familias, 25 Al.Der. y 22 Al.Izq. Se registraron 3 patrones en Al.Der. y 4 Al.Izq. El V fue el más frecuente (76.0% Al.Der.; 68.2% Al.Izq.) seguido del I (12.0% Al.Der.; 18.2% Al.Izq.), el X (12.0% Al.Der.; 4.6% Al.Izq.). El XII solo se registró en Al.Izq. (9.1%).

Yaguará–Huila. En las hembras se analizaron 5 familias, 18 Al.Der. y 16 Al.Izq. Se registraron 4 patrones en Al.Der. y 3 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (83.3% Al.Der.; 87.5% Al.Izq.) seguido del I, VI y X con 5.6% en Al.Der. y de I y VII en Al.Izq. con 6.25%.

En machos se analizaron 5 familias, 9 Al.Der. y 6 Al.Izq. Se registraron 3 patrones en Al.Der. y 2 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (77.8% Al.Der.; 83,3% Al.Izq.) seguido de I y VI con 11.1% en Al.Der. y el I con 16.7% en Al.Izq. El X registró 12% Al.Der. y 4.6% Al.Izq. y el VI solo se observó en el Al.Der.

4.1.2.2 An. darlingi. Se reconocieron 32 patrones (Tabla 19) y en la Tabla 20 se muestran las frecuencias absolutas y relativas de estos patrones.

Quibdó-Chocó, 1995. En hembras se analizaron 28 familias, 119 Al.Der. y 54 Al.Izq. Se reconocieron 13 patrones en Al.Der.y 7 en Al.Izq. Los patrones más frecuentes fueron el I (36.1% Al.Der. y 31.5% Al.Izq.) y el V (29.4% Al.Der. y 40.7% Al.Izq.). En el Al.Der., VI y X registraron 10.1% y 9.2% y en el Al.Izq. 13.0% y 9.3%, respectivamente. En los machos se analizaron 26 familias, 104 Al.Der. y 54 Al.Izq. Se registraron 13 patrones en Al.Der. y 10 en Al.Izq. Los patrones más frecuentes fueron el I (40.4% Al.Der.; 46.2% Al.Izq.) y el V (30.8% Al.Der.; 28.2% Al.Izq.), seguidos del X (11.5% Al.Der.; 7.7% Al.Izq.).

Tabla 19. Descripción de los 29 patrones de las manchas costales del ala registrados en *Anopheles darlingi*. Las abreviaturas de las manchas siguen la nomenclatura escrita por Wilkerson & Peyton (1990). Con 1 se indica la presencia de la banda y 0 su ausencia. Cada fusión se indica con un color.

Patrón	BP	BD	PHP	PHD	HP	HD	PSP	PSD	SP	PRSD	ASP	DSD	SCP	PD	PP	AD	AP
I*	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
IV	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
VI	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
VII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
X	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XII	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIII	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XIV	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XVII	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XIX	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXI	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXII	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
XXIII	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXIV	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
XXV	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVI	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXVIII	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
XXIX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
XXX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXI	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXII	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XXXIII	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXIV	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXV	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1
XXXVI	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XXXVII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
XXXIX	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
XL	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
XLI	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
XLII	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
XLIII	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

*: La fusión del patrón 1 es señalada por Wilkerson & Peyton (1990) como BP+PHP.

Tabla 20. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en las progenies hembras y machos de *Anopheles darlingi* procedentes de progenitoras grávidas recolectadas en tres localidades. Donde N representa el número total de alas registradas.

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón Costal								N
				I	V	VI	X	XII	XXIV	XXX	Otros*	
Quibdó – Chocó 1995	Hembras	Derecha	A	43	35	12	11	2	3	5	8	119
			R	0.3613	0.2941	0.1008	0.0924	0.0168	0.0252	0.0420	0.0672	1.0000
		Izquierda	A	17	22	7	5	0	1	0	2	54
			R	0.3148	0.4074	0.1296	0.0926	0.0000	0.0185	0.0000	0.0370	1.0000
		Subtotal	A	60	57	19	16	2	4	5	10	173
			R	0.3468	0.3295	0.1098	0.0925	0.0116	0.0231	0.0289	0.0578	1.0000
	Machos	Derecha	A	42	32	1	12	1	6	3	7	104
			R	0.4038	0.3077	0.0096	0.1154	0.0096	0.0577	0.0288	0.0673	1.0000
		Izquierda	A	18	11	1	3	0	1	1	4	39
			R	0.4615	0.2821	0.0256	0.0769	0.0000	0.0256	0.0256	0.1026	1.0000
		Subtotal	A	60	43	2	15	1	7	4	11	143
			R	0.4196	0.3007	0.0140	0.1049	0.0070	0.0490	0.0280	0.0769	1.0000
	Total		A	120	100	21	31	3	11	9	21	316
			R	0.3797	0.3165	0.0665	0.0981	0.0095	0.0348	0.0285	0.0665	1.0000
Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón								N
				I	V	VI	X	XII	XXIV	XXX	Otros*	
Quibdó: Amé. – Chocó, 1996	Hembras	Derecha	A	22	23	3	1	6	7	10	14	86
			R	0.2558	0.2674	0.0349	0.0116	0.0698	0.0814	0.1163	0.1628	1.0000
		Izquierda	A	29	20	0	0	3	4	2	15	73
			R	0.3973	0.2740	0.0000	0.0000	0.0411	0.0548	0.0274	0.2055	1.0000
		Subtotal	A	51	43	3	1	9	11	12	29	159
			R	0.3208	0.2704	0.0189	0.0063	0.0566	0.0692	0.0755	0.1824	1.0000
	Machos	Derecha	A	40	30	1	5	1	11	10	6	104
			R	0.3846	0.2885	0.0096	0.0481	0.0096	0.1058	0.0962	0.0577	1.0000
		Izquierda	A	47	27	1	1	0	6	7	4	93
			R	0.5054	0.2903	0.0108	0.0108	0.0000	0.0645	0.0753	0.0430	1.0000
		Subtotal	A	87	57	2	6	1	17	17	10	197
			R	0.4416	0.2893	0.0102	0.0305	0.0051	0.0863	0.0863	0.0508	1.0000
	Total		A	138	100	5	7	10	28	29	39	356
			R	0.3876	0.2809	0.0140	0.0197	0.0281	0.0787	0.0815	0.1096	1.0000

Continuación de la Tabla 20

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón								N
				I	V	VI	X	XII	XXIV	XXX	Otros	
Granada – Meta	Hembras	Derecha	A	27	10	1	0	4	1	1	10	54
			R	0.5000	0.1852	0.0185	0.0000	0.0741	0.0185	0.0185	0.1852	1.0000
		Izquierda	A	37	4	1	0	1	1	1	10	55
			R	0.6727	0.0727	0.0182	0.0000	0.0182	0.0182	0.0182	0.1818	1.0000
		Subtotal	A	64	14	2	0	5	2	2	20	109
			R	0.5872	0.1284	0.0183	0.0000	0.0459	0.0183	0.0183	0.1835	1.0000
	Machos	Derecha	A	27	4	0	0	0	2	1	2	36
			R	0.7500	0.1111	0.0000	0.0000	0.0000	0.0556	0.0278	0.0556	1.0000
		Izquierda	A	23	6	1	0	0	0	0	4	34
			R	0.6765	0.1765	0.0294	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.1176	1.0000
		Subtotal	A	50	10	1	0	0	2	1	6	70
			R	0.7143	0.1429	0.0143	0.0000	0.0000	0.0286	0.0143	0.0857	1.0000
	Total		A	114	24	3	0	5	4	3	26	179
			R	0.6369	0.1341	0.0168	0.0000	0.0279	0.0223	0.0168	0.1453	1.0000
	Total/Especie		A	431	323	30	42	25	45	51	95	1042
			R	0.4136	0.3100	0.0288	0.0403	0.0240	0.0432	0.0489	0.0912	1.0000

Localidad	Progenie	Ala	Frec.	Patrón								N
				I	V	VI	X	XII	XXIV	XXX	Otros*	
Tierralta – Córdoba	Hembras	Derecha	A	15	39	0	2	4	0	4	4	68
			R	0.2206	0.5735	0.0000	0.0294	0.0588	0.0000	0.0588	0.0588	1.0000
		Izquierda	A	15	25	0	0	2	1	2	3	48
			R	0.3125	0.5208	0.0000	0.0000	0.0417	0.0208	0.0417	0.0625	1.0000
		Subtotal	A	30	64	0	2	6	1	6	7	116
			R	0.2586	0.5517	0.0000	0.0172	0.0517	0.0086	0.0517	0.0603	1.0000
	Machos	Derecha	A	18	19	1	1	0	1	1	0	41
			R	0.4390	0.4634	0.0244	0.0244	0.0000	0.0244	0.0244	0.0000	1.0000
		Izquierda	A	11	16	0	1	1	0	3	2	34
			R	0.3235	0.4706	0.0000	0.0294	0.0294	0.0000	0.0882	0.0588	1.0000
		Subtotal	A	29	35	1	2	1	1	4	2	75
			R	0.3867	0.4667	0.0133	0.0267	0.0133	0.0133	0.0533	0.0267	1.0000
	Total		A	59	99	1	4	7	2	10	9	191
			R	0.3089	0.5183	0.0052	0.0209	0.0366	0.0105	0.0524	0.0471	1.0000

(*) Patrones registrados con baja frecuencia, <1% (IV, VII, XIII, XIV, XVII, XIX, XXI, XXII, XXIII, XXIV, XXV, XXVI, XXVIII, XXIX, XXXI, XXXII, XXXIII, XXXIV, XXXV, XXXVI, XXXVII, XXXIX, XL, XLI, XLII, XLIII).

Quibdó–Chocó, 1996. En hembras, se analizaron 19 isofamilias, 86 Al.Der. y 73 Al.Izq. Se registraron 16 patrones en Al.Der. y 10 en Al.Izq. Los patrones más frecuentes fueron el I (25.6% Al.Der.; 39.7% Al.Izq.) y el V (26.7% Al.Der.; 27.4% Al.Izq.). En el Al.Der., XII y XXIV registraron 7.0% y 8.1%, respectivamente y en Al.Izq. 4.1%. El XXX registró 11.6% en el Al.Der. En machos, se contabilizaron 11 patrones en Al.Der. y 10 en Al.Izq. Los patrones más frecuentes fueron el I (38.5% Al.Der.; 50.5% Al.Izq.) y el V (28.8% Al.Der.; 29.0% Al.Izq.), seguido del XXIV (10,6% Al.Der.; 6,5% Al.Izq.) y del XXX (9,6% Al.Der.; 7,5% Al.Izq.).

Tierralta – Córdoba. En hembras, se analizaron 6 familias con 68 Al.Der. y 48 Al.Izq., se registraron 8 patrones en Al.Der. y 7 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (57.4% Al.Der.; 52.1% Al.Izq.), seguido del I (22.1% Al.Der.; 31.3% Al.Izq.). En el Al.Der., XII y XXX registraron 5.9%. En machos se analizaron 6 familias, 41 Al.Der. y 34 Al.Izq., se observaron 6 patrones en Al.Der. y 7 en Al.Izq. El V fue el más frecuente (46.3% Al.Der.; 47.1% Al.Izq.), seguido del I (43.9% Al.Der.; 32,4% Al.Izq.). En Al.Izq., el patrón XXX registró 8.8%.

Granada-Meta. En hembras, se analizaron 13 isofamilias, 54 Al.Der. y 55 Al.Izq. Se registraron 12 patrones. Los más frecuentes fueron el I (50.0% Al.Der.; 67.3% Al.Izq.) y el V (18.5% Al.Der.; 7.3% Al.Izq.). En machos se analizaron 14 familias, 36 Al.Der. y 34 Al.Izq.; se observaron 6 patrones; los más frecuentes fueron: el I (75.0% Al.Der.; 67.6% Al.Izq.) y V (11.1% Al.Der.; 17.6% Al.Izq.).

4.2 COMPARACIÓN ENTRE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS DE LOS PATRONES COSTALES DEL Al.Der. CON LOS DEL Al.Izq.

Las pruebas Chi-cuadrado no mostraron diferencias significativas entre las distribuciones de frecuencias de los patrones costales del Al.Der. y del Al.Izq., por sexo/localidad/especie (Tabla 21).

Tabla 21. Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala derecha con el ala izquierda por sexo y localidad.

Especie	Localidades	Sexo	G.L. ajustados	Valor Chi - cuadrado	P
<i>An. nuneztovari</i>	Buenaventura- Valle del Cauca	Hembras	5	8.50	0.1307
		Machos	5	4.60	0.4680
	Tierralta - Cordoba	Hembras	4	3.70	0.4442
		Machos	2	1.80	0.4017
	Tibú - Norte de Santander	Hembras	3	4.70	0.1914
		Machos	3	5.00	0.1683
<i>An. benarrochi</i>	Puerto Asis, quebrada Huitoto- Putumayo	Hembras	1	0.10	0.7240
		Machos	1	0.10	0.8840
<i>An. strodei</i>	Puerto Asis, quebrada Huitoto- Putumayo	Hembras	1	0.20	0.9416
		Machos	1	0.01	0.9402
<i>An. trianulatus</i>	Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco – Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo	Hembras	2	1.30	0.5289
		Machos	2	0.6	0.7267
<i>An. albimanus</i>	Iscuandé - Nariño	Hembras	2	0.10	0.9377
		Machos	2	1.1	0.5743
<i>An. albitarsis F</i>	Tibú - Norte de Santander	Hembras	2	2.0	0.3588
		Machos	3	0.8	0.8534
	San Carlos de Guaroa, Palmeras – Meta	Hembras	2	2.9	0.2388
		Machos	3	1.3	0.7392
	Bajo Pompeya (BP), Villavicencio – Meta	Hembras	1	0.1	0.2388
		Machos	3	2.6	0.7392
	Fuente de oro, Caño Blanco (CB) – Meta.	Hembras	1	0.8	0.3711
		Machos	1	0.4	0.5189
	Granada – Meta.	Hembras	1	0.8	0.3687
		Machos	1	0.4	0.5499
	Yaguará - Huila	Hembras	1	0.1	0.7320
		Machos	1	0.4	0.5151
<i>An darlingi</i>	Quibdó – Chocó, 1995	Hembras	4	4.8	0.3126
		Machos	3	0.7	0.8747
	Quibdó – Chocó, 1996	Hembras	4	7.2	0.1275
		Machos	3	4.7	0.3194
	Tierralta - Cordoba	Hembras	2	1.3	0.5250
		Machos	2	2.1	0.3447
	Granada - Meta	Hembras	2	4.4	0.1100
		Machos	2	0.7	0.7177

4.3 COMPARACIÓN ENTRE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS DE LOS PATRONES COSTALES ALARES ENTRE SEXOS

La comparación entre sexos de las distribuciones de frecuencias de los patrones, considerando conjuntamente Al.Izq. y Al.Der., ajustadas para los patrones raros, mostró diferencias significativas en *An. nuneztovari*, Buenaventura-Valle del Cauca; en *An. strodei*; en *An. albitarsis* F, localidades: Tibú-Norte de Santander y Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta; en *An. darlingi*, Quibdó-Chocó. En *An. triannulatus*, para aumentar el tamaño muestral, se tomaron en conjunto: Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco -Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo (Tabla 22).

La diferencia entre sexos en *An. nuneztovari*, Buenaventura-Valle del Cauca se debe a que los machos mostraron una frecuencia significativamente mayor del patrón I y frecuencias de IV, V y X significativamente menores respecto a las de hembras (Tabla 8, p.67). En *An. strodei*, el patrón VI en hembras tiene una frecuencia 10 veces mayor ($6/60=0.10$) que la de machos ($1/95=0.01$).

La diferencia entre sexos en Tibú-Norte de Santander de *An. albitarsis* F se debe a que los machos mostraron el doble de frecuencia para el X ($33/221=0,1493$) respecto a hembras ($13/173=0,0751$). En cambio, la diferencia entre sexos en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta se debe a una disminución del I y a un incremento del V en las hembras respecto a machos. Adicionalmente, el X está ausente en hembras y presente en machos (Tabla 18, p.76).

La diferencia entre sexos en *An. darlingi*, Quibdó-Chocó-recolecta 1995, se debe a que la frecuencia del VI en hembras es aproximadamente 8 veces mayor que la de machos, mientras que en la recolecta 1996, esta diferencia se debe a que en hembras las frecuencias del XII y XXI son significativamente mayores mientras que la frecuencia del patrón I es significativamente menor respecto a machos.

Tabla 22. Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala entre sexos.

Especie	Localidad	G.L. ajustados	Valor de Chi - cuadrado	P
<i>An. nuneztovari</i>	Buenaventura- Valle del Cauca	5	74.7	<0.0001
	Tierralta - Cordoba	4	4.5	0.3404
	Tibú - Norte de Santander	3	2.8	0.4108
<i>An. benarrochi</i>	Puerto Asís, quebrada Huitoto- Putumayo	2	0.1	0.9734
<i>An. strodei</i>	Fuente de Oro-Caño blanco/San Carlos de Guaroa-Palmeras - Meta	2	0.1	0.9416
<i>An. trianulatus</i>	Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco - Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo	2	7.1	0.0291
<i>An. albimanus</i>	Iscuandé - Nariño	2	0.6	0.7287
<i>An. albitarsis F</i>	Tibu-Norte de Santander	3	8.2	0.0428
	San Carlos de Guaroa-Palmeras - Meta	3	5.7	0.1263
	Bajo Pompeya , Villavicencio - Meta	3	11.4	0.0098
	Fuente de oro, Caño Blanco - Meta	2	1.5	0.4609
	Granada - Meta	1	0.6	0.4438
	Yaguará - Huila	1	0.3	0.5626
	Quibdó - Chocó, 1995	4	13.1	0.0107
<i>An. darlingi</i>	Quibdó - Chocó, 1996	6	24.1	0.0004
	Tierralta - Córdoba	2	3.5	0.1703
	Granada - Meta	2	4.9	0.0873

4.4 COMPARACIÓN DE LAS DISTRIBUCIONES DE FRECUENCIAS RELATIVAS DE LOS PATRONES ALARES ENTRE LOCALIDADES

En la Tabla 23 se muestra la comparación entre localidades de las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales alares en hembras y machos, ajustada para los patrones raros en *An. nuneztovari*, *An. albitarsis F* y *An. darlingi*. El ajuste consistió en agrupar las categorías con frecuencias esperadas <5 usando el Software STATISTICA-Versión 8.0. (StatSoft Inc. 2004).

Tabla 23 Comparación entre localidades mediante Chi-cuadrado de las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala en las progenies hembras y machos de *An. nuneztovari*, *An. albitarsis F* y *An. darlingi*.

Especie	Sexo	G.L. ajustados	Valor de Chi - cuadrado	P
<i>An. nuneztovari</i>	Hembras	8	29.2	0.0003
	Machos	8	18.1	0.0208
<i>An. albitarsis F</i>	Hembras	5	2.0	0.8518
	Machos	5	35.6	0.0020
<i>An. darlingi</i>	Hembras*	8	48.6	<0.0001
	Machos*	5	24.8	0.0002
	Hembras	4	150.5	0.0001
	Machos	5	59.0	<0.0001

(*) Comparación entre los dos muestreos de Quibdó- Chocó (1995 y 1996).

4.4.1 *An. nuneztovari*. La comparación entre las poblaciones: Buenaventura-Valle del Cauca, Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander, mostró diferencias significativas. En Buenaventura se detectaron los patrones raros y el X con una frecuencia alta (Tabla 8, p.67). Tibú-Norte de Santander tiene 3 patrones (I, V y VI) de los 10 descritos en Buenaventura. Tierralta-Córdoba mostró los mismos patrones de Tibú pero los patrones IV y X tienen frecuencias bajas. En cambio, la frecuencia del VI está incrementada significativamente respecto a las otras dos localidades. Tibú muestra el I con una frecuencia significativa mayor, IV y V con frecuencias significativamente bajas respecto a las otras dos localidades. Además, el VI no está presente en el Al.Izq. En machos, Tierralta mostró un incremento significativo de la frecuencia del V respecto a las localidades Buenaventura y Tibú. Por otro lado, Buenaventura registró una disminución significativa de este patrón respecto a Tierralta y Tibú (Tabla 8).

4.4.2 *An. albitarsis F*. La comparación entre las seis localidades (San Carlos de Guaroa-Palmeras, Bajo Pompeya-Villavicencio, Fuente de Oro-Caño Blanco y Granada-Meta, Tibú-Norte de Santander y Yaguará-Huila), solo mostró diferencias significativas en las progenies machos.

En Bajo Pompeya-Villavicencio, la frecuencia del patrón I se incrementó y la del V disminuyó significativamente; en Fuente de Oro-Caño Blanco la frecuencia del V se incrementó significativamente y no se registró el X; y por último, San Carlos de Guaroa-Palmeras mostró un exceso significativo del X mientras que en Yaguará-Huila está ausente (Tabla 18, p.76 y Tabla 23).

4.4.3 An. *darlingi*. La comparación entre los años 1995-1996 en Quibdó: Amé.-Chocó, mostró diferencias altamente significativas. En las hembras-año 1995, las frecuencias de VI y X se incrementaron y las de XII y XXI disminuyeron significativamente respecto a las frecuencias del 1996. En machos-año 1995, la frecuencia del patrón X se incrementó significativamente y no se registró el patrón XXX respecto a las frecuencias del muestreo de 1996 (Tabla 20, p. 82 y Tabla 23).

La comparación entre las tres localidades (Quibdó-Chocó 1995 y 1996, Tierralta-Córdoba y Granada-Meta), mostró diferencias significativas. Para hembras, en Tierralta-Córdoba la frecuencia del patrón I disminuyó y la del V se incrementó significativamente, mientras que en Granada-Meta ocurrió lo contrario; en Quibdó Chocó-1996, los patrones raros (VI, X, XXI, XXIV y XXX) mostraron una frecuencia significativamente mayor que en Tierralta y Granada; en Tierralta-Córdoba el VI no está presente, es raro en Granada-Meta y en Quibdó-Chocó 1995 su frecuencia es del 10%; los patrones X, XXIV y XXX tienen una frecuencia significativamente mayor en Quibdó que en Tierralta y Granada (Tabla 20 p. 82). Para los machos, en Granada-Meta la frecuencia del I aumentó; en Tierralta-Córdoba la frecuencia del V se incrementó significativamente, mientras que en Granada-Meta es baja. En Granada-Meta los patrones raros, en conjunto, muestran una frecuencia mayor que en Tierralta (Tabla 20).

4.5 COMPARACIÓN DE LAS FRECUENCIAS DE LOS PATRONES DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES EN SIETE ESPECIES ESTUDIADAS DE *Anopheles*

En la Tabla 24 y en la Figura 3 se indican las frecuencias de los patrones de las manchas costales alares de siete especies de *Anopheles* considerando localidades, sexos y lados, conjuntamente.

En la Sección Albimanus, el patrón I en *An. strodei* mostró una frecuencia significativamente menor y el V significativamente mayor que las de *An. nuneztovari*. En *An. triannulatus*, IV y VI mostraron frecuencias significativamente menores y el V significativamente mayor que las de *An. nuneztovari*. En *An. benarrochi* B se observó la frecuencia más alta del patrón I (0.91) y la frecuencia más baja del patrón V (0.01). *An. nuneztovari* mostró frecuencias significativamente mayores que las de *An. darlingi* para I, IV y VI y significativamente menores para V y X. En la Sección Argyratarsis, *An. albitarsis* F mostró la frecuencia más baja del I (0.14) y la más alta del V (0.66) mientras que *An. darlingi* mostró significativamente más patrones raros que las especies restantes. Los patrones XXIV y XXX solo se observaron en *An. darlingi*. En *An. albitarsis* F, las frecuencias de I, IV y VI son significativamente menores y la de V y X son significativamente mayores respecto a *An. nuneztovari*.

La comparación de la distribución de frecuencias de los patrones, ajustada para los patrones raros, entre especies mostró diferencias altamente significativas ($X^2=1773.2$; G.L._(ajustados)=42; $P<0.0001$) al igual que la comparación por parejas de especies (Tabla 24A).

Tabla 24. Frecuencias (Frec.) absolutas (A) y relativas (R) de los patrones de las manchas costales del ala registrados en siete especies del genero *Anopheles* estudiadas. Los datos corresponden al total considerando localidad de muestreo, sexo y lado. En otros se incluyen los patrones raros e infrecuentes. N indica el número de alas/especie y n el número total de alas/patrón.

Patrón costal	Frec.	Patrón / Especie									n
		An. nuneztovari	An. benarrochi	An. strodei	An. triannulatus	An. albimanus	Sección albimanus	An. albitarsis	An. darlingi	Sección Argyritarsis	
I	A	901	270	20	100	62	1353	129	431	560	1913
	R	0.7272	0.9091	0.2469	0.6452	0.3804	0.6992	0.1402	0.4136	0.2854	0.4909
IV	A	48	0	4	1	1	54	4	8	12	66
	R	0.0387	0.0000	0.0494	0.0065	0.0061	0.0279	0.0043	0.0077	0.0061	0.0169
V	A	128	3	46	43	80	300	610	323	933	1233
	R	0.1033	0.0101	0.5679	0.2774	0.4908	0.1550	0.6630	0.3100	0.4755	0.3164
VI	A	125	16	4	7	6	158	6	30	36	194
	R	0.1009	0.0539	0.0494	0.0452	0.0368	0.0817	0.0065	0.0288	0.0183	0.0498
X	A	25	0	6	3	0	34	110	42	152	186
	R	0.0202	0.0000	0.0741	0.0194	0.0000	0.0176	0.1196	0.0403	0.0775	0.0477
XXIV	A	0	0	0	0	0	0	0	45	45	45
	R	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0432	0.0229	0.0115
XXX	A	0	0	0	0	0	0	0	51	51	51
	R	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0489	0.0260	0.0131
Otros*	A	12	8	1	1	14	36	61	112	173	209
	R	0.0097	0.0269	0.0123	0.0065	0.0859	0.0186	0.0663	0.1075	0.0882	0.0536
N	A	1239	297	81	155	163	1935	920	1042	1962	3897
	R	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

* = Patrones infrecuentes descritos en la tabla 1.

Figura 3. Gráfico de columnas en dos dimensiones mostrando las frecuencias relativas de los patrones de las manchas costales del ala registrados en siete especies del genero *Anopheles* estudiadas. Los datos corresponden al total considerando localidad de muestreo, sexo y lado.

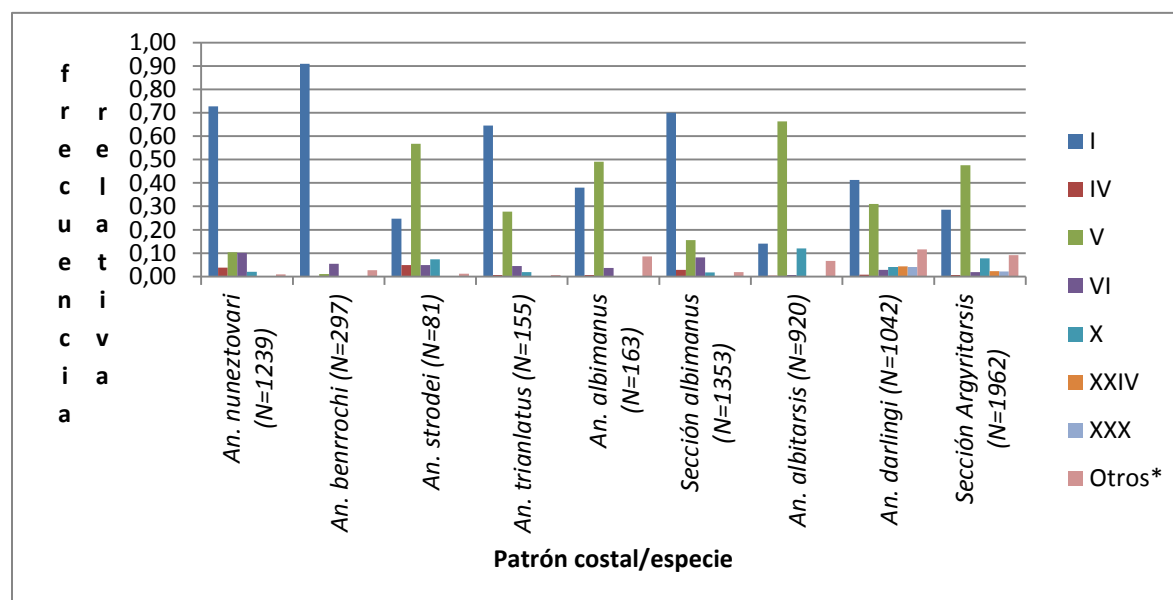


Tabla 24A. Comparación por parejas de especies de la distribución de las frecuencias de los patrones costales del ala. Sobre la diagonal se indican los valores de Chi-cuadrado y por debajo de la diagonal la significancia.

Especie	<i>An. nuneztovari</i>	<i>An. benarrochi</i>	<i>An. strodei</i>	<i>An. triannlatus</i>	<i>An. albimanus</i>	<i>An. albitarsis</i>	<i>An. darlingi</i>
<i>An. nuneztovari</i>	-	59.4	163.3	65.1	208.0	1064.4	469.9
<i>An. benarrochi</i>	<0.00001	-	226.4	107.0	185.6	665.1	256.5
<i>An. strodei</i>	<0.00001	<0.00001	-	33.9	25.5	41.0	50.0
<i>An. triannlatus</i>	<0.00001	<0.00001	<0.00001	-	33.6	215.2	48.1
<i>An. albimanus</i>	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	-	83.6	36.0
<i>An. albitarsis</i>	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	-	401.4
<i>An. darlingi</i>	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	<0.00001	-

4.6 VARIACIÓN EN LA LONGITUD DE LAS MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA

En los análisis estadísticos de la Sección Albimanus, se excluyeron las fusiones de los patrones alares con el fin de hacer uso de la mayoría de las alas medidas en las progenies de hembras grávidas por lado, sexo, localidad y especie. Las variables analizadas correspondieron a la Long.A. y los tamaños de 15 manchas alares (mm), y dos proporciones de manchas. En la Sección Argiritarsis, se incluyó el patrón V por ser el más frecuente.

4.6.1 Estadística descriptiva

4.6.1.1 Sección Albimanus. En la especie *An. nuneztovari* se excluyó AP por la dificultad para la medición en especímenes de museo.

Buenaventura–Valle del Cauca. Las Tablas 25-28 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva para Al.Izq.y Al.Der. de hembras y machos. En ambas progenies y alas: PSD, DSD y PD registraron la mayor longitud promedio, seguidas de BP+PHP, HP, SCP, PP y las de menor

fueron: PSP, SP, PRSD y AD. Las longitudes totales promedio de las dos alas fueron similares y mostraron los C.V. más bajos, entre 5.6% y 6.0%.

En ambas alas, los C.V. más altos se registraron en hembras-PSP y en machos-PRSD. En el Al.Izq., el C.V. de HP/HPD fue alto (41.0%). En ambas progenies, HP/PHD osciló entre 0.625 y 6.667 y SCP/DSD entre 0.259 y 3.133. Las medias de HP/PHD y SCP/DSD no mostraron diferencias significativas entre Al.Izq. y Al.Der. (Tablas 25-26).

En hembras-ASP y HP/PHD y en machos-Al.Der. HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. En el Al.Izq., Long.A., HP/PHD y SCP/DSD mostraron sesgos altos negativos. En hembras, todas las variables fueron mesocúrticas a excepción de ASP y AD con distribuciones leptocúrticas. En machos, mostraron distribuciones leptocúrticas en el Al.Der.: PD, PP, AD y HP/PHD y en el Al.Izq.: Long.A., DSD, SCP, PD, PP, HP/PHD y SCP/DSD. El resto de variables mostraron distribuciones mesocúrticas (Tablas 25-26).

Se ajustaron a la distribución normal en hembras-Al.Der.: HD, PSD, SCP y SCP/DSD y en machos-Al.Der. SCP/DSD y en Al.Izq. PHD, HD, PSP, PSD, SP y PRSD. En las hembras-Al.Izq., solamente PHD y ASP se desviaron significativamente.

La longitud promedio en hembras fue significativamente mayor que la de machos para Long.A., PHD, DSD, PD y AD. Esta diferencia se invirtió significativamente para HD, PSP, ASP y SCP/DSD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativa para PD, AD y SCP/DSD (Tabla 29, Anexo B).

Tierralta-Córdoba. Las Tablas 30-33 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva para Al.Der Al.Izq. de hembras y machos. En ambas progenies y alas: PSD, DSD y PD mostraron la mayor longitud promedio y PSP, SP, PRSD y AD la menor. La longitud total promedio del Al.Izq. fue significativamente mayor que la del Al.Der. en ambas progenies y mostró los C.V. más bajos, entre 2.9% y 4.5%. En hembras: HP/PHD-Al.Der. y SP-Al.Izq. y en machos: HP/PHD en ambas alas, registraron los C.V. más altos. En hembras: HP/PHD osciló entre 0.813

y 4.400 y SCP/DSD entre 0.381 y 0.739. En machos: HP/PHD osciló entre 0.667 y 5.500, y SCP/DSD entre 0.377 y 0.760.

En ambas progenies-Al.Der., HP/PHD, en hembras-Al.Izq., SP y PD y en machos, BP+PHP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. En machos-Al.Izq.: Long.A., PHD y HD mostraron sesgos altos negativos. En hembras, todas las variables fueron mesocúrticas a excepción de SP y PD en el Al.Izq., con distribuciones leptocúrticas (Tablas 30-31). En machos-Al.Der.: BP+PHP, ASP, PD, AD y HP/PHD y en el Al.Izq.: Long.A., BP+PHP, PHD, HD, PSP, PRSD y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas y SP, PD y PP platicúrticas.

Se ajustaron a la distribución normal, en hembras-Al.Der.: BP+PHP, HP, PSP, PSD, AD y HP/PHD; en el Al.Izq.: SP y HP/PHD y en machos-Al.Der., BP+PHP, PHD, ASP, PD, AD, HP/PHD y SCP/DSD. Esta prueba no se aplicó en el Al.Izq. de machos por su tamaño muestral pequeño (n=8).

El tamaño promedio en hembras fue significativamente mayor que el de machos para: Long.A., BP+PHP, ASP, DSD, PD y PP. Esta diferencia se invirtió significativamente para: HP, HD, PSD, SCP y SCP/DSD. No se registró heterogeneidad de varianzas significativas (Tabla 34, Anexo B).

Tibú–Norte de Santander. Las Tablas 35-38 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de los datos crudos de Al.Der y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas alas y sexos: PSD, DSD y PD mostraron la mayor longitud promedio y PSP, SP, PRSD y AD la menor. La longitud promedio del Al.Izq. fue similar en ambas alas y sexos con los C.V. más bajos, entre 2.8% y 5.6%. En las hembras, los C.V. más altos se registraron para SP-Al.Der. (32.7%) y para Al.Izq.-PRSD (36.7%) y en los machos para HP/PHD-Al.Der. (44.0%) y en el para SP-Al.Izq. (52.0%). En hembras, HP/PHD osciló entre 0.643 y 2.625 y SCP/DSD entre 0.242 y 0.648. En machos HP/PHD osciló entre 0.8 y 6.000 y SCP/DSD entre 0.3.68 y 0.884.

En hembras y machos, HP/PHD mostró sesgo alto positivo. En hembras-Al.Izq.: BP+PHP y AD y en machos-Al.Izq.: HD y PSP, BP+PHP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. En

machos-Al.Izq., BP+PHP presentó sesgo alto negativo. En hembras-Al.Der.: PD, PP y HP/PHD; en el Al.Izq.: BP+PHP, HP, AD y HP/PHD y en machos-Al.Der.: PRSD, PD y HP/PHD y en el Al.Izq.: Long.A., BP+PHP, PSP, PSD, ASP y DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. En hembras-Al.Izq., PP y PHD y en machos, SCP presentaron distribuciones platicúrticas.

Se ajustaron a la distribución normal, en hembras-Al.Der.: Long.A., HD, PSD, PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, AD y SCP/DSD y en machos-Al.Der.: HP, HD, PSP, PSD y HP/PHD.

Las longitudes promedio de Long.A., BP+PHP, PRSD, DSD, PD y AD en hembras son significativamente mayores que en machos. Esta diferencia se invierte significativamente para HP, HD, PSD, SCP, HP/PHD y SCP/DSD. Las pruebas de heterogeneidad de varianzas mostraron significancia para HP/PHD (Tabla 39).

Comparación entre localidades. Se realizó un análisis discriminante general (GDA) usando la distancia de Mahalanobis, su significancia y el porcentaje de asignación correcta de los individuos/localidad (Tabla 40). D^2 mostró diferencias significativas entre las tres localidades. Buenaventura-Valle del Cauca mostró la mayor D^2 , respecto a las otras dos localidades, con una asignación correcta del 94.6% de sus individuos, seguida de Tibú-Norte de Santander con 77.8% y Tierralta-Córdoba con 29.8%. Tibú-Tierralta registró la menor distancia. PHD, HP, PSP, PSD, PRSD, SCP, PD, PP y AD discriminaron significativamente las localidades (Tabla 41). Por lo tanto, en *An. nuneztovari* se proponen dos agrupaciones: una conformada por Buenaventura y la otra por Tibú-Santander del Norte y Tierralta- Córdoba.

An. benarrochi B. Las Tablas 42-46 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas progenies, Long.A. de Al.Der. y Al.Izq. mostraron promedios similares y los C.V. más bajos. En hembras-Al.Der., HP/PHD presentó sesgo alto positivo. PHD y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-PHD mostró sesgo alto positivo y HP sesgo alto negativo. En ambas alas: PHD, HP, PSP, PSD y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas y AP platicúrtica. En el Al.Der., los C.V. oscilaron entre 9.2% (DSD) y 38.5% (HP/PHD) y en el Al.Izq. entre 9.4% (DSD y PD) y 36.6% (PRSD). En machos-Al.Der., HP/PHD registró sesgo alto positivo y SCP y AP sesgos altos negativos. DSD, SCP, PD, AP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. oscilaron entre 9.4-

9.5% (PD y DSD) y 39.8% (HP/PHD). En el Al.Izq.-HP/PHD mostró sesgo alto positivo y SCP sesgo alto negativo. DSD, SCP, PSP, PD, HP/PHD y SCP/DSD presentaron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. oscilaron entre 10.3-10.4% (PSD y DSD) y 36.8% para (HP/PHD).

Tabla 40. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras la longitud total del ala y de las manchas de la vena costal (mm) y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos en *An. nuneztovari*. (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos medidos por localidad.

(a)

Localidades	Distancia de Mahalanobis (D^2)	F	p
Buenaventura - Tierralta	5.653095	43.8516	<0.0001
Bunaventura-Tibú	6.043420	78.7732	<0.0001
Tierralta -Tibú	0.7734486	4.6988	<0.0001

(b)

Localidad	Asignación correcta (%)	B/tura p=0.6418	T. Alta p=0.1213	Tibu p=0.2368	Total
Buenaventura	94.59	420	9	15	444
Tierralta	29.76	19	25	40	84
Tibú	72.83	32	12	118	162
Total	81.59	471	46	173	690

Tabla 41. Contribución de cada variable independiente a la discriminación entre las localidades Buenaventura-Valle del Cauca, Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander donde se recolectaron los individuos de *An. nuneztovari*, usando la prueba de Wilks para GDA.

Variable	Valor de Wilks	F	G.L Localidad	G.L _{Error}	p
Intercept	0.713925	136.0405	2	679	<0.0001
PHD	0.745580	115.8500	2	679	<0.0001
HP	0.883918	44.5852	2	679	<0.0001
PSP	0.965730	12.0477	2	679	<0.0001
PSD	0.985589	4.9639	2	679	0.0072
PRSD	0.989496	3.6040	2	679	0.0277
SCP	0.911520	32.9550	2	679	<0.0001
PD	0.965661	12.0726	2	679	<0.0001
PP	0.889225	42.2930	2	679	<0.0001
AD	0.867220	51.9809	2	679	<0.0001

En hembras, Al.Der.: Long.A., BP+PHP, PSD, SP, PD, PP y SCP/DSD, y en el Al.Izq.: Long.A., HD, PSD, PRSD, ASP, PD y AD se ajustaron a la distribución normal. La hipótesis de normalidad se rechazó en machos, Al.Der. para: BP+PHP, PHD, DSD, SCP, PD, AD, AP, HP/PHD y SCP/DSD y en el Al.Izq. para: BP+PHP, PHD, HP, PSP, DSD, SCP, HP/PHD y SCP/DSD.

Long.A., HD, DSD, PD y AD en hembras fueron significativamente mayores que las de machos. Lo contrario ocurre para PSP, PSD, PRSD, ASP, SCP y SCP/DSD. Las pruebas de heterogeneidad de varianzas mostraron significancia para Long.A., DSD, PP, AP y SCP/DSD (Tabla 46, Anexo B).

An. strodei. Las Tablas 47-50 (Anexo B) mostraron la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas progenies, la longitud promedio en las dos alas fueron similares con los C.V. más bajos.

En hembras-Al.Der.: PSD, PRSD, SCP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. SP, SCP, HP/PHD y SCP/DSD revelaron distribuciones leptocúrticas y HD platicurtica. En el Al.Izq., BP+PHP, PSP, ASP y SCP/DSD mostraron sesgos altos positivos. BP+PHP, PSP, PSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas y SP y AD platicurticas.

Los C.V. oscilaron en el Al.Der. entre 8.8% (BP+PHP) y 36.4% (SCP/DSD) y en el Al.Izq. entre 10.1% (BP+PHP) y 128.2% (SCP/DSD).

En machos-Al.Der., PSD, AD y SCP/DSD reportaron sesgos altos positivos. PD, PP, AD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas y Long.A. y PSD platicúrticas. En el Al.Izq.: SP, AD y HP/PHD registraron sesgos altos positivos. SP, ASP, AD, HP/PHD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. oscilaron entre 11.3% (BP+PHP) y 58.3% (SP) para Al.Der. y entre 7.4% (BP+PHP) y 55.1% (SP) para Al.Izq.

Se rechaza la hipótesis de normalidad, en hembras-Al.Der. para: Long.A. y BP+PHP; en el Al.Izq. para: PSP, PSD, SP, ASP, DSD, SCP, PD y SCP/DSD; en los machos-Al.Der. para: Long.A., PP, AD y en el Al.Izq., para Long.A. y AD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para HP, PSD, PP y HP/PHD. Lo contrario, ocurre para DSD y PD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativa para HP, SP y HP/PHD (Tabla 51, Anexo B).

An. triannulatus. Las Tablas 52-55 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva en hembras y machos. En ambas progenies, la longitud de Al.Der. y Al.Izq., mostraron promedios similares y los C.V. más bajos. En hembras-Al.Der., PRSD mostró sesgo alto positivo y DSD sesgo alto negativo. En HD, SCP, DSD y SCP/DSD registraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-HP/PHD presentó sesgo alto positivo. Long.A., SCP, HP/PHD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Der., los C.V. oscilaron entre 7.0% (Long.A.) y 40.3% (HP/PHD) y en el Al.Izq. entre 6.0% (Long.A.) y 47.1% (PRSD).

En machos-Al.Der., Long.A., BP+PHP, PSP, PRSD, HP/PHD y SCP/DSD presentaron sesgos altos positivos y PHD sesgo alto negativo. BP+PHP, PHD, PSP, PRSD, SCP, HP/PHD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-BP+PHP, SCP, HP/PHD y SCP/DSD revelaron sesgos altos positivos. BP+PHP, PHD, PRSD, SCP, PD, HP/PHD y SCP/DSD registraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Der., los C.V. oscilaron entre 9.0% (Long.A.) y 91.5% (PRSD) y en el Al.Izq., entre 9.0% (Long.A.) y 51.0% (SCP).

Se ajustaron a una distribución normal, en hembras-Al.Der.: Long.A., PHD, HD, PSD, SP, ASP, DSD, PD, PP y AD y en el Al.Izq.: BP+PHP, PHD, HP, HD, PSD, SP, ASP, DSD, PD y PP. Se rechazó la hipótesis en machos-Al.Der para: BP+PHP, HP, PSP, PRSD, SCP, HP/PHD y SCP/DSD y en el Al.Izq. para: PSP, SCP, AD, HP/PHD y SCP/DSD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de los machos para: Long.A., DSD y PD y significativamente menor para: PSD, PRSD, ASP, SCP, PP y SCP/DSD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativas para: Long.A., BP+PHP, PSP, DSD, SCP, AD y SCP/DSD (Tabla 56, Anexo B).

An.albimanus. Las Tablas 57-60 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas progenies, la longitud de Al.Der. y Al.Izq., mostró promedios similares y los C.V. más bajos. En hembras-Al.Der.: HD, ASP, SCP/DSD mostraron sesgos altos positivos y DSD sesgo negativo. PSP, ASP, DSD, SCP y SCP/DSD registraron distribuciones leptocúrticas y PRSD y AP platicurticas. En el Al.Izq.-SP mostró sesgo alto positivo. BP+PHP, SP, DSD, SCP y PD mostraron distribuciones leptocúrticas y AP platicurtica. En el Al.Der., los C.V. oscilaron entre 7.0% (Long.A.) y 183.4% (SCP/DSD). Esto es debido a que en una hembra se observó, para ASP y SCP, longitudes mayores que en el resto de especímenes. En Al.Izq., los C.V. oscilaron entre 7.1% (Long.A.) y 60.0% (SP).

En machos-Al.Der.: SP, ASP, SCP, AD y SCP/DSD presentaron sesgos altos positivos y BP+PHP y DSD sesgos altos negativos. BP+PHP, SP, ASP, DSD, SCP, PD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas y HP platicurtica. En el Al.Izq. PSD, SP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. BP+PHP registró una distribución leptocúrtica. En el Al.Der., los C.V. oscilaron entre 8.0% (Long.A.) y 69.1% (ASP), mientras que en el Al.Izq. oscilaron entre 7.4% (Long.A.) y 53.0% (SP).

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para: Long.A., PHD, HD, PSD, SP, ASP, DSD, PD, PP y AD y en el Al.Izq. para: BP+PHP, PHD, HP, HD, PSD, SP, ASP, DSD, PD y PP. Se aceptó en machos-Al.Der. para: Long.A., HD, PSD, PRSD y PP, y en el Al.Izq. para: Long.A., PHD, HP, HD, PSP, PRSD, ASP, PD, PP, AD y SCP/DSD.

La longitud promedio en hembras es significativamente menor que la de machos para: Long.A., BP+PHP, DSD y PD y significativamente mayor para: PSD, ASP, SCP y SCP/DSD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativa para AD y HP/PHD (Tabla 61, Anexo B).

4.6.1.2 Sección Argyritarsis. En *An. albitarsis* F se presenta la estadística descriptiva de Long.A. y de los tamaños de las manchas costales alares registrados en hembras y machos de progenitoras grávidas recolectadas/localidad.

Tibú–Norte de Santander. Las Tablas 62-65 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas progenies, Long.A. mostró los C.V. más bajos y HP/PHD los más altos. En ambas alas, en hembras, HP/PHD mostró sesgo alto positivo. En el Al.Der.: BP+PHP, PHD y HP/PHD y en el Al.Izq.: HD, PD y HP/PHD registraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Der.-AD y en el Al.Izq.-PSD mostraron distribuciones platicúrticas. En machos-Al.Der.: AP, HP/PHD y SCP/DSD presentaron sesgos altos positivos y SCP, PD y PP mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-HP/PHD mostró sesgo alto positivo y PRSD sesgo alto negativo. BP+PHP, HP, HD, PRSD, PP y HP/PHD registraron distribuciones leptocúrticas.

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para: BP+PHP, PHD, HP, PSP, SP, AD y HP/PHD y en el Al.Izq.-HD y HP/PHD y en machos-Al.Izq. para: BP+PHP, PHD, HP, PSP, ASP, SCP, PP y HP/PHD. Se aceptó en Al.Der. para: Long.A., PSD, PRSD y DSD.

La longitud promedio de hembras es significativamente mayor que la de machos para: Long.A., BP+PHP, DSD, PD y AD y significativamente menor para: PSP, PRSD, ASP y SCP/DSD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativas para: Long.A., HD, PD, AD y HP/PHD (Tabla 66, Anexo B).

San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta. Las Tablas 67-70 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En ambas progenies, en las dos alas, la Long.A. mostró los C.V. más bajos y HP/PHD los más altos. En ambas alas, hembras-HP/PHD mostró sesgo alto positivo. En el Al.Der.: PSP, PSD y AP registraron sesgos altos positivos y

distribuciones leptocúrticas y SP y PRSD mostraron distribuciones platicúrticas. En el Al.Izq.: BP+PHP, HD, PSP y DSD mostraron distribuciones leptocúrticas y SP y PRSD platicúrticas. En machos-Al.Der., HP/PHD presentó sesgo alto positivo. PSD mostró una distribución platicúrtica. En el Al.Izq.: PSP, PP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos. BP+PHP, PHD, HD, PSP, PD, PP, AD y HP/PHD registraron distribuciones leptocúrticas.

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para: BP+PHP, PHD, PSP, SCP, AP y HP/PHD; en el Al.Izq. para: BP+PHP, HD, PSP, SP, ASP y HP/PHD y en machos-Al.Izq. para: Long.A., PHD, PSP, PD, PP, AD, AP y HP/PHD. En machos-Al.Der. se aceptó para: HD, PSP, SP, ASP, PD y SCP/DSD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para Long.A., DSD, PD, AD y AP y significativamente menor para PRSD y SCP/DSD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativas para Long.A., HD, PD, AD y HP/PHD (Tabla 71, Anexo B).

Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta. Las Tablas 72-75 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. PSD, SP, PRSD, AP no se discuten aquí por tener un $n < 4$. En ambas progenies y en las dos alas, Long.A. mostró los C.V. más bajos. En hembras-Al.Der., BP+PHP y SCP/DSD registraron sesgos altos positivos y distribuciones leptocúrticas. En Al.Izq.-HP/PHD mostró sesgo alto positivo y distribución leptocúrtica. PHD y DSD mostraron sesgos negativos altos. Los C.V. más altos fueron: Al.Der.-SCP/DSD (40.0%) y Al.Izq.-HP/PHD (53.0%). En machos-Al.Der., AD presentó sesgo alto positivo y una distribución leptocúrtica y HP, SCP y HP/PHD mostraron distribuciones platicúrticas. En el Al.Izq.-PSP presentó sesgo positivo alto y ASP sesgo negativo alto. ASP y AD registraron distribuciones leptocúrticas y PHD y HD platicúrticas. HP/PHD mostró los C.V. más altos (Al.Izq.: 42.6%; Al.Der.: 61.2%).

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para PHD, en el Al.Izq.: Long.A., PHD, DSD y HP/PHD, en machos-Al.Der. para PHD y en el Al.Izq.: BP+PHP, ASP y AD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para: Long.A., DSD y PD. Se observó heterogeneidad de varianzas significativas para: Long.A., HD, PD, AD y HP/PHD (Tabla 76, Anexo B).

Bajo Pompeya, Villavicencio–Meta. Las Tablas 77-80 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de las dos alas, en hembras y machos. En hembras: PSD, SP, y PRSD no se discuten aquí por tener un $n \leq 4$. En ambas progenies, Long.A. mostraron los C.V. más bajos (hembras: 5.8%; machos: 5.7%).

En hembras-Al.Der., HP/PHD y SCP/DSD, registraron sesgos altos positivos y ASP y DSD sesgos altos negativos. PHD, ASP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-BP+PHP y AP mostraron sesgos altos positivos y Long.A., HP, ASP, DSD y PD sesgos altos negativos. BP+PHP, HP, HD, DSD, PD, AP y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. AD registró sesgo negativo alto. Los C.V. más altos se registraron en: Al.Der.-HP/PHD (70.8%) y Al.Izq.-BP+PHP (56.8%).

En machos-Al.Der., SP, PP y HP/PHD presentaron sesgos altos positivos y PSD sesgo alto negativo. PHD, PSD, SP, PD, PP, AD y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas y PSP platicúrtica. En el Al.Izq.-PRSD y AP mostraron sesgos positivos altos. SP, PRSD y PD registraron distribuciones leptocúrticas y PHD y HP/PHD platicúrticas. Los C.V. más altos se registraron en: Al.Der.-SP (94.9%) y Al.Izq.-HP/PHD (49.8 %).

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para Long.A., ASP, DSD, PD, AD y HP/PHD y en el Al.Izq.-Long.A., BP+PHP, ASP, DSD y AP. En machos-Al.Der. para PHD, HP, PSD, SP, ASP, PD, PP y HP/PHD, y en el Al.Izq.-AP.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para: Long.A., SCP, PD, PP, AD y AP. Se observa heterogeneidad de varianzas significativas para BP+PHP y DSD (Tabla 81, Anexo B).

Granada Meta. Las Tablas 82-85 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de las alas en hembras y machos. En hembras, PSD, SP, PRSD y AP no se discuten por tener un $n \leq 4$. En ambas progenies, Long.A. mostraron los C.V. más bajos.

En hembras- Al.Der., AD registró sesgo alto positivo y PP sesgo alto negativo. ASP y AD mostraron distribuciones leptocúrticas y BP+PHP, PHD, HP y PSD platicúrticas. En el Al.Izq.- HP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos y ASP sesgo alto negativo. BP+PHP, HP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas y Long.A., PHD, PD, AD y SCP/DSD platicúrticas. Los C.V. más altos se registraron para ASP en las dos alas.

En machos-Al.Der., AP y HP/PHD presentaron sesgos altos positivos y BP+PHP sesgo alto negativo. BP+PHP, PP, AP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.- BP+PHP y HP/PHD mostraron sesgos positivos altos y Long.A. sesgo negativo. Long.A., BP+PHP y HP/PHD registraron distribuciones leptocúrticas. Para las dos alas, HP/PHD mostró los C.V. más altos.

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der., para HP y en el Al.Izq.-ASP y HP/PHD. En machos-Al.Der. para BP+PHD y HP/PHD, y en el Al.Izq.-Long.A., BP+PHP y HP/PHD.

La longitud promedio en hembras fue significativamente mayor que la de machos para Long.A., PHD, DSD, PD y AD. Se observa heterogeneidad de varianzas significativas entre sexos para Long.A. y HD (Tabla 86, Anexo B).

Yaguará-Huila. Las Tablas 87-90 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. En hembras PSD, SP, PRSD y AP y en los machos-Al.Der., adicionalmente, AP y en el Al.Izq.-BP+PHP, PHD, AP y HP/PHD no se discuten aquí por tener un $n \leq 4$. En ambas progenies, Long.A. en las dos alas mostró los C.V. más bajos.

En las hembras-Al.Der., AD registró sesgo alto positivo y PP sesgo alto negativo. ASP y AD mostraron distribuciones leptocúrticas y BP+PHP, PHD, HP y PSD platicúrticas. En el Al.Izq.-

PHD y AP mostraron sesgos altos positivos y PD y HP/PHD sesgos altos negativos. PHD, HD, PD, AP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas y BP+PHP, PSP y DSD platicurticas. Los C.V. más altos fueron en: Al.Der.-ASP (46.0%) y Al.Izq.-PHD (143.3%).

En los machos-Al.Der., HP/PHD presentó sesgo alto positivo y HP, SCP y SCP/DSD sesgos altos negativos. PHD, SCP, HP/PHD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas y BP+PHP, ASP, DSD y PD platicurticas. En el Al.Izq.-HP, ASP y PD mostraron sesgos positivos altos. HP, ASP y PD registraron distribuciones leptocúrticas y DSD platicurtica. Los C.V. más altos los mostró HP/PHD en ambas alas (48.6%).

La hipótesis de normalidad se rechazó en hembras-Al.Der. para PP y HP/PHD, en el Al.Izq.-PHD, PD y SCP/DSD y en machos-Al.Der. para HP/PHD y SCP/DSD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para BP+PHP, PD y AD y significativamente menor para HP y ASP. No se observa heterogeneidad de varianzas significativas (Tabla 91, Anexo B).

Comparación entre localidades. Se realizó un análisis discriminante general (GDA) usando la distancia de Mahalanobis con su significancia y el porcentaje de asignación correcta de los individuos/localidad (Tabla 92a). La distancia de Mahalanobis por parejas mostró diferencias significativas entre las seis localidades. La pareja (BP)-MGR registró la mayor distancia y Ti-LL la menor. La mayor asignación correcta del modelo GDA fue del 71.7% de los individuos de Ti y la menor de MGR con 30.4% (Tabla 92b). Las variables que discriminaron significativamente las localidades fueron: Long.A., PHD, HP, HD, PSD+SP+PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, AD y SCP/DSD (Tabla 93). Se aplicó el método de agrupamiento UPGMA con las distancias de Mahalanobis por parejas de poblaciones. Este mostró dos grupos: en el primero, las poblaciones más cercanas Ti-LL ($\bar{D}^2 = 0.6878$) se juntaron con MGR ($\bar{D}^2 = 1.7164$); y en el segundo, la pareja CB-(BP) ($\bar{D}^2 = 1.1357$) se agrupó con HY ($\bar{D}^2 = 1.8365$) y entre estos dos grupos hubo una $\bar{D}^2 = 2.3957$.

An. *darlingi*. Para Quibdó–Chocó, las Tablas 94- 97 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. Long.A. en ambas progenies mostró los C.V. más bajos. En hembras-Al.Der., PD y SCP/DSD registraron sesgos altos positivos. SCP; PP, AD, HP/PHD y SCP/DSD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-BP+PHP, PRSD, ASP SCP, AP y SCP/DSD mostraron sesgos altos positivos y DSD registró sesgo alto negativo. Las variables anteriores mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. más altos se encontraron en: Al.Der.-SCP/DSD (44.2%) y Al.Izq.-AP (68.1%).

En machos-Al.Der., presentaron sesgos altos positivos: BP+PHP, HP, SCP, AP, HP/PHD y SCP/DSD, y sesgos altos negativos: PHD y ASD. Todas las variables anteriores más PSP y PP mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-BP+PHP, HP, PSP, SCP, AP, HP/PHD y SCP/DSD mostraron sesgos positivos. PHD registró sesgo negativo alto. Todas las variables anteriores a excepción de PHD y adicionalmente, PP mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. más altos se observaron en Al.Der.-SCP/DSD (113,1%) y Al.Izq.-HP/PHD (111.3%).

La hipótesis de normalidad se rechazó en el Al.Der. para todas las variables excepto PSP y PD en hembras y HD, PSD, PRSD y PD en machos. Se aceptó en las hembras-Al.Izq. para: Long.A., PHD, HP, HD, PSD, PD, AD y HP/PHD.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para PHD, DSD, PD y AD y significativamente menor para HP, PSD, SP, PRSD, ASP, SCP, PP, AP y HP/PHD. Se observa heterogeneidad de varianzas significativas entre sexos para BP+PHP, PHD, HP, HD, SP, SCP, PP y HP/PHD (Tabla 98, Anexo B).

Tabla 92. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras la longitud total del ala y de las manchas de la vena costal (mm) y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos en *An. albitarsis*. (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos medidos por localidad. Donde Ti = Tibú–Norte de Santander; LL = San Carlos de Guaroa, Palmeras – Meta; CB = Fuente de Oro, Caño blanco-Meta; BP = Bajo Pompeya-Villavicencio, Meta; MGR= Granada-Meta; HY= Yaguará-Huila.

(a)

Localidades	Distancia de Mahalanobis (D ²)	F	p
Ti-LL	1.375627	8.04592	<0.0001
Ti-CB	4.040429	9.15056	<0.0001
Ti-BP	5.065511	19.28667	<0.0001
Ti-HY	4.116648	9.56956	<0.0001
Ti-MGR	3.978636	7.00365	<0.0001
LL-CB	3.758443	8.22460	<0.0001
LL-BP	4.113536	14.79321	<0.0001
LL-HY	4.281154	9.60745	<0.0001
LL-MGR	2.886874	4.94746	<0.0001
CB-BP	2.271495	4.140178	<0.0001
CB-HY	4.481888	6.258000	<0.0001
CB-MGR	3.460954	4.052239	<0.0001
BP-HY	2.863954	5.33048	<0.0001
BP-MGR	6.330452	9.37598	<0.0001
HY-MGR	5.826144	6.913528	<0.0001

(b)

Localidad	Asignación correcta (%)	Ti p=0.3511	LL p=0.2930	CB p=0.0751	BP p=0.1477	HY p=0.0775	MGR p=0.0557	Total
Ti	71.72	104	21	3	5	10	2	145
LL	57.85	40	70	1	4	1	5	121
CB	41.94	7	6	13	3	2	0	31
BP	62.30	8	5	8	38	1	1	61
HY	46.88	8	5	0	4	15	0	32
MGR	30.43	4	9	3	0	0	7	23
Total	59.81	171	116	28	54	29	15	413

Tabla 93. Contribución de cada variable independiente a la discriminación entre las localidades Tibú – Norte de Santander; San Carlos de Guaroa, Palmeras – Meta; Fuente de Oro, Caño blanco-Meta; Bajo Pompeya-Villavicencio, Meta; Granada-Meta y Yaguará-Huila. Donde se recolectaron los individuos de *An. albitarsis*, usando la prueba de Wilks para GDA.

Variable	Valor de Wilks	F	G.L Localidad	G.L Error	p
Intercept	0.785939	21.62561	5	397	<0.0001
Long.A.	0.891902	9.62324	5	397	<0.0001
PHD	0.940134	5.05608	5	397	0.0002
HP	0.934133	5.59857	5	397	0.0001
HD	0.908051	8.03998	5	397	<0.0001
PSD+SP+PRSD	0.957721	3.50513	5	397	0.0041
ASP	0.949731	4.20260	5	397	0.0010
DSD	0.935901	5.43802	5	397	0.0001
SCP	0.958438	3.44311	5	397	0.0047
PD	0.947640	4.38712	5	397	0.0007
AD	0.878293	11.00262	5	397	<0.0001
SCP/DSD	0.955680	3.68217	5	397	0.0029

Tierralta – Córdoba. Las Tablas 99-102 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. Long.A. mostró los C.V. más bajos en ambas progenies.

En hembras- Al.Der., Long.A., ASP, PP y HP/PHD registraron sesgos altos positivos y con PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-PHD y PSP mostraron sesgos altos positivos. Long.A., PHD, PSP y ASP mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. más altos se encontraron en Al.Der.-ASP (115.4%) y Al.Izq.-PSP (57.3%).

En machos-Al.Der., PHD y PSD mostraron distribuciones leptocúrticas y BP+PHP y SP distribuciones platicurticas. En el Al.Izq., AD mostró distribución leptocúrtica y PHD, PSP, PSD, SP, AP y HP/PHD distribuciones platicurticas. SP mostró los C.V. más altos (Al.Der.=41.7%; Al.Izq.=38.1%).

La hipótesis de normalidad se aceptó en las hembras-Al.Der.-PHD, PSD, SP, PRSD, SCP, PD y SCP/DSD y en el Al.Izq., todas excepto: Long.A., PHD, PSP, SP y AD. En machos todas excepto BP+PHP y SP en el Al.Der. y Long.A., PSP y AP en el Al.Izq.

La longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para DSD, PD y AP y significativamente menor para Long.A., PHD, PSD, PRSD, SCP, PP y SCP/DSD. Se observa heterogeneidad de varianzas significativas entre sexos para SP (Tabla 103, Anexo B).

Granada–Meta. Las Tablas 104-107 (Anexo B) muestran la estadística descriptiva de Al.Der. y Al.Izq. en hembras y machos. Long.A. registró los C.V. más bajos en ambas progenies.

En hembras-Al.Der., HD y AP registraron sesgos altos positivos y distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq., BP+PHP, PSP, AP y HP/PHD mostraron sesgos altos positivos y PSD sesgo alto negativo. BP+PHP, HP, PSP, PSD, PD, PP, AP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. Los C.V. más altos fueron: Al.Der.-PP (52.0%) y Al.Izq.-BP+PHP (43.9%).

En machos-Al.Der., AP presentó sesgo alto positivo. HP, HD, PSP, AP y HP/PHD mostraron distribuciones leptocúrticas. En el Al.Izq.-SP mostró sesgo positivo alto y distribución leptocúrtica y BP+PHP, AP y HP/PHD distribuciones platicúrticas. AP mostró los C.V. más altos (Al.Der.=42.1%; Al.Izq.=48.5%).

La hipótesis de normalidad se rechazó en las hembras-Al.Der. para: BP+PHP, HP, PP, AD y AP y en el Al.Izq. para: BP+PHP, HP, PSP, PSD, SP, ASP, PD, AP y HP/PHD; en los machos-Al.Der. para BP+PHP, HP, HD y DSD y en el Al.Izq. para: BP+PHP, HP, SP, AD y AP.

Long.A. promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para DSD, PD y AD y significativamente menor para: HP, PSD, SP, PRSD, ASP, SCP, PP, HP/PHD y SCP/DSD. Se observa heterogeneidad de varianzas significativas entre sexos para HD y DSD (Tabla 108, Anexo B).

Comparación entre localidades en *An. darlingi*. Para la comparación entre localidades se realizó un análisis discriminante general (GDA) usando la distancia de Mahalanobis con su significancia y el porcentaje de asignación correcta de los individuos/localidad (Tabla 109a). La distancia de Mahalanobis mostró diferencias significativas entre las tres localidades. Las parejas Ti.Alta-MGR y QB-MGR mostraron las mayores distancias y la pareja QB-T.Alta la menor. La

mayor asignación correcta del modelo GDA fue del 89.17% de los individuos de QB y la menor fue la de T.Alta con 29.63% (Tabla 109b). Las variables que discriminaron significativamente las localidades fueron HP, HD, PSP, SP, PRSD, ASP, PP, AP (Tabla 110). Aplicando el método de agrupamiento UPGMA con la distancias de Mahalanobis por parejas de poblaciones se encontró que las poblaciones más cercanas fueron T.Alta-QB ($\bar{D}^2 = 1.6550$) y éstas se agruparon con MGR a una $\bar{D}^2 = 4.7798$. De acuerdo con estos resultados en *An. darlingi* se proponen dos agrupaciones: una conformada por Tierralta-Córdoba-Norte de Santander y otra por Granada-Meta.

Tabla 109. (a) Distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras la longitud total del ala y de las manchas de la vena costal (mm) y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos en *An. darlingi*. (b) Asignación de especímenes/localidad usando el análisis discriminante general (GDA), donde p representa las frecuencias relativas de los individuos medidos por localidad. Donde QB = Quibdo-Chocó; T.Alta = Tierralta – Córdoba; MGR= Granada-Meta.

(a)

Localidades	Distancia de Mahalanobis (D^2)	F	p
QB-T.Alta	1.654989	4.40087	<0.0001
QB-MGR	4.692030	21.87557	<0.0001
T.Alta-MGR	4.867657	10.75957	<0.0001

(b)

Localidad	Asignación correcta (%)	QB p=0.5882	T.Alta p=0.1324	MGR p=0.2794	Total
QB	89.16667	107	4	9	120
T.Alta	29.62963	18	8	1	27
MGR	78.94737	11	1	45	57
Total	78.43137	136	13	55	204

Tabla 110. Variables que discriminaron significativamente las localidades, donde se recolectaron los individuos de *An. darlingi*, (Quibdo-Chocó; T.Alta = Tierralta – Cordoba; MGR= Granada-Meta) usando la prueba de Wilks para GDA.

Variable	Valor de Wilks	F	G.L Localidad	G.L Error	p
Intercepto	0.923046	8.08691	2	194	0.0004
HP	0.810858	22.62640	2	194	<0.0001
HD	0.893271	11.58963	2	194	<0.0002
PSP	0.948115	5.30824	2	194	0.0057
SP	0.890853	11.88438	2	194	<0.0001
PRSD	0.737179	34.58275	2	194	<0.0002
ASP	0.969225	3.07998	2	194	0.0482
PP	0.941961	5.97668	2	194	0.0030
AP	0.901077	10.64893	2	194	<0.0002

4.6.2 Comparación entre Al.Der. y Al.Izq. por especie. Se llevó a cabo usando La prueba t-Student para igualdad de medias de grupos independientes. En la Tabla 111 se indican las variables por sección, especie, localidad y sexo, los valores de t y su significancia.

4.6.2.1 Sección Albimanus. *An. nuneztovari*, entre las Al.Der-Al.Izq., los tamaños promedios de la Long.A. y los tamaños de las manchas costales, no mostraron diferencias significativas para la mayoría de variables, excepto en:

a) Buenaventura-Valle del Cauca, en hembras-BP+PHP y SCP y en machos-HD, el tamaño de la mancha del Al.Der. fue significativamente menor que la del Al.Izq. En hembras-PP (F=4.122; G.L.=262; P=0.0433) y en machos-HP/PHD (F=11.062; G.L.=343; P=0.0010) y SCP/DSD (F=6.125; G.L.=344; P=0.0138) mostraron heterogeneidad de varianzas.

b) Tierralta-Cordoba, en hembras-Long.A. y BP+PHP y en machos- BP+PHP, PRSD y DSD el tamaño de la mancha del Al.Der. fue significativamente menor que la del Al.Izq.

Tabla 111. Comparación entre los tamaños promedios de las manchas costales de las alas derechas (D) e izquierda (I), usando La prueba t-Student para igualdad de medias en grupos independientes. Donde G.L. indica loss grados de libertad, N el número de alas registradas y p la significancia.

Especie	Localidad	Sexo	Variable	Media D	Media I	Valor t	G.L.	p	N D	N I
<i>An. nuneztovari</i>	Buenaventura-Valle del Cauca	Hembras	BP+PHP	0.152	0.160	-3.256	300	0.0013	261	41
			SCP	0.294	0.309	-2.256	306	0.0248	264	44
		Machos	HD	0.132	0.142	-2.104	335	0.0361	301	36
			BP+PHP	0.159	0.165	-2.015	60	0.0484	47	15
	Tierralta-Cordoba	Hembras	Long.A.	2.838	2.908	-2.405	97	0.0181	81	18
			BP+PHP	0.154	0.162	-2.192	96	0.0308	81	17
		Machos	PRSD	0.081	0.107	-2.610	63	0.0113	55	10
			DSD	0.540	0.574	-2.649	97	0.0094	81	18
	Tibú-Norte de Santander	Hembras	PSP	0.088	0.101	-2.135	85	0.0356	65	22
		Machos	PP	0.266	0.249	2.047	86	0.0437	65	23
<i>An. benarrochi</i>	Considerando las tres localidades en conjunto	Hembras	BP+PHP	0.155	0.161	-3.580	406	0.0004	329	79
			PSD	0.325	0.339	-2.100	322	0.0365	263	61
	Puerto Asís, quebrada	Hembras	BP+PHP	0.141	0.155	-3.871	130	0.0002	69	63
			BP+PHP	0.140	0.151	-3.325	132	0.0011	67	67
	San Carlos de Guaroa,	Hembras	PP	0.187	0.156	2.170	18	0.0437	11	9
	Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.	Machos	BP+PHP	0.131	0.149	-3.480	39	0.0013	31	10
<i>An. trianulatus</i>	Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño blanco-Meta,	Hembras	SCP	0.111	0.099	2.460	112	0.0154	61	53
			SCP/DSD	0.180	0.160	2.164	110	0.0327	59	53
	Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	Machos	BP+PHP	0.095	0.115	-2.199	65	0.0314	42	25
<i>An. albimanus</i>	Iscuandé-Nariño	Hembras	BP+PHP	0.135	0.153	-3.724	53	0.0005	37	18
		Machos	Lado derecho =lado izquierdo							

Continuación de la tabla 111.

Especie	Localidad	Sexo	Variable	Media D	Media I	Valor t	G.L.	p	N D	N I
<i>An. albitarsis</i>	Tibú-Norte de Santander	Hembras	BP+PHP	0.153	0.167	-3.037	114	0.0030	91	25
			AD	0.104	0.090	2.085	90	0.0399	56	36
		Machos	BP+PHP	0.145	0.156	-2.641	147	0.0092	125	24
			AD	0.080	0.068	2.976	135	0.0035	88	49
	Meta - San Carlos de Guaroa-Palmeras	Hembras	PHD	0.055	0.070	-2.900	83	0.0048	51	34
			HP/PHD	3.231	2.500	2.322	83	0.0227	51	34
		Machos	BP+PHP	0.141	0.156	-3.788	86	0.0003	63	25
			AD	0.092	0.082	2.547	126	0.0121	69	59
	Meta - Fuente de Oro-Caño blanco	Hembras				Lado derecho =lado izquierdo				
						Lado derecho =lado izquierdo				
		Machos				Lado derecho =lado izquierdo				
						Lado derecho =lado izquierdo				
	Meta - Villavicencio-Bajo Pompeya	Hembras				Lado derecho =lado izquierdo				
						Lado derecho =lado izquierdo				
		Machos				Lado derecho =lado izquierdo				
						Lado derecho =lado izquierdo				
	Granada - Meta	Hembras				Lado derecho =lado izquierdo				
						Lado derecho =lado izquierdo				
		Machos	BP+PHP	0.145	0.156	-2.112	28	0.0437	20	10
			BP+PHP	0.169	0.187	-2.317	24	0.0294	17	9
	Yaguará-Huila	Hembras	HP	0.168	0.181	-2.191	28	0.0369	17	13
			AD	0.120	0.098	2.329	29	0.0271	16	15
		Machos	PD	0.519	0.464	3.331	15	0.0046	10	7
			Long.A.	2.617	2.662	-2.382	404	0.0177	233	173
	Considerando las seis localidades en conjunto	Hembras	BP+PHP	0.154	0.172	-4.236	274	0.0000	206	70
			PHD	0.059	0.070	-2.804	348	0.0053	223	127
			PSP	0.067	0.076	-2.189	350	0.0293	206	146
			AD	0.109	0.099	2.779	268	0.0058	155	115
		Machos	HP/PHD	3.231	2.761	2.569	347	0.0106	222	127
			BP+PHP	0.147	0.157	-4.438	344	0.0000	271	75
			AD	0.085	0.079	2.660	383	0.0081	225	160

Continuación de la tabla 111.

Especie	Localidad	Sexo	Variable	Media D	Media I	Valor t	G.L.	p	N D	N I
<i>An. darlingi</i>	Quibdó-Chocó	Hembras	Long.A.	2.718	2.662	3.454	929	0.0006	731	200
			HP	0.140	0.126	3.651	871	0.0003	715	158
			PSD	0.342	0.331	2.223	658	0.0265	542	118
			PRSD	0.076	0.083	-2.197	609	0.0284	501	110
			ASP	0.110	0.099	3.003	840	0.0028	660	182
			DSD	0.564	0.589	-3.668	896	0.0003	707	191
			SCP	0.246	0.193	6.469	908	0.0000	716	194
			PD	0.483	0.520	-5.062	905	0.0000	714	193
			PP	0.212	0.175	6.721	921	0.0000	724	199
			AD	0.109	0.127	-4.691	891	0.0000	708	185
	Tierralta-Cordoba	Machos	PHD	0.240	0.216	2.354	154	0.0198	123	33
		Hembras	PRSD	0.087	0.104	-2.135	36	0.0396	18	20
		Machos		Lado derecho =lado izquierdo						
	Granada - Meta	Hembras		Lado derecho =lado izquierdo						
		Machos		Lado derecho =lado izquierdo						
			HP	0.080	0.075	2.204	434	0.0280	288	148
	Considerando las tres localidades en conjunto	Hembras	PSD	0.298	0.284	2.341	249	0.0200	144	107
			PRSD	0.083	0.097	-2.812	229	0.0053	126	105
			DSD	0.652	0.637	2.285	477	0.0227	283	196
			PD	0.577	0.565	2.159	487	0.0313	295	194
			PP	0.118	0.109	2.433	502	0.0153	304	200
			AD	0.170	0.157	3.809	456	0.0002	276	182
			HP/PHD	0.336	0.287	3.564	306	0.0004	229	79
		Machos	PD	0.508	0.492	2.425	387	0.0158	251	138

c) Tibú-Norte de Santander, en hembras-PSP el tamaño del lado derecho es significativamente menor que el del lado izquierdo mientras que para PP ocurre lo contrario.

d) En *An. nuveztovari*, considerando las tres localidades en conjunto, en hembras-BP+PHP y PSD, la longitud promedio del Al.Der. es significativamente menor que la del Al.Izq.

En hembras y machos de *An. benarrochi* B, la longitud promedio de BP+PHP de las Al.Der. es significativamente menor que la de las Al.Izq. En *An. strodei*, en machos-BP+PHP del Al.Der es significativamente menor que la del Al.Izq. En *An. triannulatus*, en hembras-SCP y SCP/DSD mostraron que el tamaño promedio del Al.Der fue significativamente mayor que el del Al.Izq. En machos-BP+PHP del Al.Der es significativamente menor que la del Al.Izq. En *An. albimanus*, en hembras-BP+PHP del Al.Der., es significativamente menor que la del Al.Izq.

4.6.2.2 Sección Argyritarsis. En *An. albitarsis* F, Tibú–Norte de Santander, la longitud promedio de Al.Der. es significativamente menor que la de las Al.Izq. para BP+PHP mientras que ocurre lo contrario con AD. En San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta, la longitud promedio de Al.Der. es significativamente menor que la de Al.Izq. para hembras-PHD y machos-BP+PHP. Lo contrario ocurre en hembras-HP/PHD y en machos-AD. En Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta y en Bajo Pompeya, Villavicencio–Meta, entre Al.Der. y Al.Izq., no se observaron diferencias significativas en el tamaño de las manchas costales. En Granada-Meta, para machos-BP+PHP se observó que el tamaño del Al.Der. es significativamente menor que el del Al.Izq. En Yaguará-Huila, en hembras-BP+PHP, HP y AD ($t=2.329$; G.L.=29; $P=0.0271$), el tamaño del Al.Der. es significativamente menor que el Al.Izq.; lo contrario ocurre para machos-PD.

Considerando las seis localidades en conjunto de *An. albitarsis* F, se observó que la longitud promedio del Al.Der., es significativamente menor que la del Al.Izq. para hembras-Long.A., BP+PHP, PHD y PSP, y para machos-BP+PHP. Lo contrario ocurrió para hembras-AD y HP/PHD y machos-AD.

En *An. darlingi*, Quibdó-Chocó, en hembras-Long.A., HP, PSD, ASP, SCP y PP, los tamaños del Al.Izq fueron significativamente menores que los del Al.Der. Ocurrió lo contrario para hembras-PRSD, DSD, PD y AD y machos-PHD. En Tierralta-Cordoba, solamente en hembras-PRSD el tamaño del Al.Der. es significativamente menor que el Al.Izq. En Granada-Meta, en hembras y machos no se registraron diferencias significativas entre los tamaños de las manchas costales de las Al.Izq. y Al.Der.

En *An. darlingi*, considerando las tres localidades en conjunto, se observa que la longitud en hembras-Al.Der. es significativamente mayor que las del Al.Izq. para: HP, PSD, DSD, PD, PP, AD y HP/PHD. Igualmente, ocurre en machos-PD y lo contrario en hembras-PRSD.

En todas las especies, localidades y sexos donde hubo diferencias significativas entre Al.Izq. y Al.Der., las manchas BP+PHP, PSD, PRSD mostraron que $D < I$ y en PP y AD, $D > I$ (Tabla 111, p.107).

4.6.2.3 Comparación entre sexos. Para probar que la longitud (mm) de estas manchas discrimina los sexos se usó la distancia de Mahalanobis con su significancia y el porcentaje de asignación correcta de los individuos/sexo/especie (Tabla 112). *An. strodei* no se incluyó en este análisis por el tamaño muestral pequeño de las progenies. Para las otras seis especies, todas las distancias de Mahalanobis fueron significativas y el porcentaje de asignación correcto por sexo osciló entre 88.9% y 98.0% para hembras y entre 85.9% y 98.2% para machos.

Tabla 112. Distancia de Mahalanobis (D^2) entre sexos por especie usando como variables predictoras la longitud total del ala y de las manchas de la vena costal (mm) y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda/localidad. También se presenta el porcentaje de asignación correcta de especímenes/sexo usando el análisis discriminante general (GDA). Donde G.L. representa los grados de libertad (v_1 = Número de variables consideradas; v_2 = Numero de especímenes menos el numero de variables menos 1).

Especie	D^2	G.L. (v_1, v_2)	F	P	% asignación correcta					
					Hembras		Machos		Total	
					n	%	n	%	N	%
<i>An. nuneztovari</i>	10.006	9, 775	208.18	<0.0001	318	94.0	467	96.4	785	95.3
<i>An. benarrochi</i>	14.287	7, 229	117.668	<0.0001	123	98.0	114	98.2	237	97.9
<i>An. triannulatus</i>	12.898	3, 67	59.977	<0.0001	50	98.0	21	100.0	71	98.6
<i>An. albimanus</i>	2.714	2, 147	50.454	<0.0001	72	88.9	78	85.9	150	87.3
<i>An. albitarsis</i>	7.086	6, 598	171.598	<0.0001	249	91.2	356	95.2	605	93.6
<i>An. darlingi</i>	7.850	8, 195	47.747	<0.0001	113	92.0	91	89.0	204	90.7

Las variables que contribuyeron significativamente a la discriminación entre sexos fueron en *An. nuneztovari*: HP, HD, PSP, PSD, DSD, SCP, PD, PP y AD; en *An. benarrochi* B: PHD, PSP, PSD, DSD, PD, HP/PHD y SCP/DSD; en *An. triannulatus*: PSD, DSD y PD; en *An. albimanus*: HD y DSD; en *An. albitarsis* F: Long.A, ASP, PD, PP, AD y SCP/DSD; y en *An. darlingi*: BP+PHP, HP, HD, PSD, PRSD, DSD, PD, SCP/DSD (Tabla 112A).

Tabla 112A. Variables que discriminan significativamente los sexos, usando la prueba de Wilks para GDA

Especie		<i>An. nuneztovari</i>				<i>An. benarrochi</i>				
Variable	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p
Intercept	0.944	45.731	1	775	<0.0001	0.954	10.919	1	229	0.0011
PHD						0.863	36.245	1	229	<0.0001
HP	0.987	9.962	1	775	0.0017					
HD	0.903	83.282	1	775	<0.0001					
PSP	0.925	63.105	1	775	<0.0001	0.950	12.140	1	229	0.0006
PSD	0.729	288.613	1	775	<0.0001	0.767	69.506	1	229	<0.0001
DSD	0.896	90.129	1	775	<0.0001	0.898	25.934	1	229	<0.0001
SCP	0.953	38.536	1	775	<0.0001					
PD	0.668	384.608	1	775	<0.0001	0.837	44.743	1	229	<0.0001
PP	0.952	39.497	1	775	<0.0001					
AD	0.977	18.366	1	775	<0.0001					
HP/PHD						0.951	11.866	1	229	0.0007
SCP/DSD						0.953	11.298	1	229	0.0009

Continuación de la tabla 112A

Especie		<i>An. triannuatus</i>				<i>An. albimanus</i>				
Variable	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p
Intercept	0.972	1.959	1	67	0.1662	0.868	22.261	1	147	<0.0001
HD						0.895	17.333	1	147	<0.0001
PSD	0.408	97.167	1	67	<0.0001					
DSD	0.472	75.079	1	67	<0.0001	0.613	92.893	1	147	<0.0001
AD	0.880	9.098	1	67	0.0036					
Especie		<i>An. albitarsis</i>				<i>An. darlingi</i>				
Variable	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p	Valor de Wilks	F	G.L Sexo	G.L Error	p
Intercept	0.949	32.113	1	598	<0.0001	0.989	2.119	1	195	0.1471
Long. Ala	0.816	134.608	1	598	<0.0001					
BP+PHP						0.894	23.144	1	195	<0.0001
HP						0.930	14.724	1	195	0.0002
HD						0.924	16.091	1	195	0.0001
PSD						0.627	116.128	1	195	<0.0001
PRSD						0.965	7.106	1	195	0.0083
ASP	0.985	9.377	1	598	0.0023					
DSD						0.833	39.153	1	195	<0.0001
PD	0.469	677.724	1	598	<0.0001	0.721	75.385	1	195	<0.0001
PP	0.900	66.449	1	598	<0.0001					
AD	0.937	40.383	1	598	<0.0001					
SCP/DSD	0.867	91.580	1	598	<0.0001	0.935	13.513	1	195	0.0003

4.6.3 Uso de la longitud total del ala (Long.A.) como indicador del tamaño. Considerando que el tamaño de cuerpo adulto en los mosquitos se equipara, generalmente, con Long.A. y que variables como la supervivencia, paridad y capacidad vectorial se estudiaron a menudo en relación con Long.A., como único criterio para el tamaño (Nasci 1986, Landry y DeFoliart 1987) se estimó útil establecer cuán estrechamente Long.A. se relaciona linealmente con las localidades de muestreo y los tamaños (mm) de las manchas costales. Las Tablas 113-136 (Anexo B) muestran esta asociación con su significancia para hembras y machos de las especies estudiadas.

4.6.3.1 Sección Albimanus. En *An. nuneztovari*, Long.A. promedio, considerando las tres localidades conjuntamente, fue 2.7483 ± 0.0055 mm. Las hembras en promedio fueron significativamente más grandes que los machos (hembras: 2.8013 ± 0.0076 mm.; machos: 2.7062 ± 0.0075 mm.). Buenaventura-Valle fue significativamente la más pequeña (2.7077 ± 0.0072 mm.) y Tierralta-Córdoba la más grande (2.8576 ± 0.0097 mm.). Esta última no se diferenció de Tibú-Norte de Santander (2.8010 ± 0.0089 mm.). 17.7% de la varianza fenotípica de Long.A., es explicada por la variable “localidad” y 8.4% por la variable “sexo”. La interacción entre estas dos variables no fue significativa ($F=2.43$; $P=0.0887$). Por lo tanto, el tamaño de hembras y de machos es independiente del lugar de procedencia.

En las tres localidades, las hembras fueron en promedio significativamente más grandes que los machos (Buenaventura-Valle, hembras: 2.7688 ± 0.0102 mm.; machos: 2.6610 ± 0.0094 mm.; Tierralta-Córdoba, hembras: 2.8841 ± 0.0142 mm.; machos: 2.8333 ± 0.0125 mm. Tibú-Norte de Santander, hembras: 2.898 ± 0.0120 mm.; machos: 2.7694 ± 0.0121 mm.).

En Buenaventura-Valle, las hembras-BP+PHP, HP, PSD, PRSD, DSD, SCP, PD, PP y AD y en machos, excepto: PSP, SP, HP/PHD y SCP/DSD, se observaron regresiones lineales positivas significativas con Long.A., aunque la varianza explicada por el modelo fue baja, R^2 osciló entre 3.1% y 30.1% en hembras y entre 1.3% y 28.8% en machos (Tablas 113 y 114).

En conjunto, Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander en hembras-PHD, HD, PSD, ASP, DSD, PD y PP; y en machos-BP+PHP, PHD, HP, HD, PSD, PRSD, DSD, PD y PP se observaron regresiones lineales positivas significativas con Long.A., mientras que en hembras-

HP/PHD y en machos-SCP/DSD, estas regresiones fueron negativas significativas (Tablas 115-116). En hembras, la varianza explicada fue baja, R^2 osciló entre 1.9% y 33.4% para hembras y entre 2.3% y 33.9% para machos.

En *An. benarrochi* B, la Long.A. promedio fue 3.6439 ± 0.0142 mm. Las hembras fueron en promedio significativamente más grandes que los machos (hembras: 3.7027 ± 0.0226 mm.; machos: 3.5900 ± 0.0166 mm.). 9.3% de V_p de Long.A. es explicada por la variable “sexo”.

En hembras-Al.Der., BP+PHP, HP, PSP, PSD, SP, PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP, AP y HP/PHD y en Al.Izq. excluyendo PHD, HD, SP, ASP, AD y SCP/DSD se observaron regresiones lineales positivas significativas con Long.A. (Tablas 117-118). La varianza explicada fue baja en 8 regresiones lineales en el Al.Der. y 6 en el Al. Izq. El R^2 osciló entre 5.6% y 20.7% Al.Der. (Tabla 117) y entre 6.3% y 24.4% Al Izq. (Tabla 118) e intermedia, R^2 entre 35.5% y 47.4% en las Al.Der. y entre 39.1% y 46.7% para las Al. Izq.

En los machos-Al.Izq., BP+PHP, HP, PSD, PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP y HP/PHD y en el Al.Izq. excluyendo BP+PHP y ASP mostraron regresiones lineales significativas con Long.A. (Tablas 119-120) aunque la varianza explicada por el modelo fue baja, R^2 osciló entre 7.7% y 34.2% en las Al.Der. (Tabla 119) y entre 5.1% y 34.5% en las Al.Izq. (Tabla 12).

En *An. strodei*, la Long.A. promedio, considerando las dos localidades conjuntamente, fue 2.5168 ± 0.0185 mm. Las hembras fueron significativamente más grandes que los machos (hembras: 2.6167 ± 0.0212 mm.; machos: 2.5233 ± 0.0219 mm.) en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta. La localidad de San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta fue significativamente la más pequeña (2.2700 ± 0.0406 mm.). 70.2% de la varianza fenotípica de Long.A. es explicada por la variable “localidad” y 3.7% por la variable “sexo”. La interacción entre estas dos variables no fue significativa ($F=0.107$; $P=0.7447$).

En hembras de *An. strodei*, BP+PHP, PHD, DSD y HP/PHD mostraron asociación lineal significativa con Long.A., HP/PHD mostró esta asociación pero negativa. La varianza explicada por el modelo de regresión lineal fue baja, R^2 osciló entre 16.6% y 19.8% (Tabla 121). En los

machos-HP, PSD, PRSD, DSD, PD, PP y AD mostraron regresiones lineales significativas con la Long.A., los R^2 oscilaron entre 9.9% y 36.7%. Solamente la pareja Long.A-DSD mostró un $R^2=71,2\%$ (Tabla 122).

En *An. triannulatus*, la Long.A. promedio, considerando las tres localidades conjuntamente, fue 2.5586 ± 0.0155 mm. Las hembras fueron significativamente más grandes que los machos (hembras: 2.6645 ± 0.0163 mm.; machos: 2.4391 ± 0.0221 mm.). Yaguará-Huila fue significativamente la más pequeña (2.4300 ± 0.0166 mm.) mientras que Laguna de Sonso, Buga-Valle fue significativamente la más grande (2.6301 ± 0.0316 mm.). 4.9% de la varianza fenotípica de la Long.A. es explicada por la variable “localidad”, 32.9% por la variable “sexo” y 27.4% por la interacción. La interacción entre estas dos variables fue altamente significativa ($F=17.15$; $P<0.0001$). Por lo tanto, el tamaño de las hembras y de los machos no es independiente del lugar de procedencia.

En las tres localidades, las hembras fueron en promedio significativamente más grandes que los machos (Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, hembras: 2.6846 ± 0.0196 mm.; machos: 2.3098 ± 0.0215 mm.; Laguna de Sonso, Buga-Valle, hembras: 2.6793 ± 0.0337 mm.; machos: 2.4500 ± 0.0560 mm. Yaguará-Huila, hembras: 2.5000 ± 0.0212 mm.; machos: 2.4016 ± 0.0198 mm.).

En hembras-Al.Der., DSD y PD y en el Al.Izq. HP, PSP, DSD y PD mostraron asociaciones lineales positivas significativas con Long.A. SCP/DSD-Al.Izq., mostró una asociación lineal negativa significativa. La varianza explicada fue baja en 7 regresiones lineales en el Al.Der. y 4 en el Al. Izq. El R^2 osciló entre 16.4% y 21.7% Al. Der. (Tabla 123), entre 8.4% y 21.8% Al.Izq. e intermedia, $R^2=31.0\%$ para PD-Al.Izq. (Tabla 124). En machos-Al.Der., BP+PHP, PHD, HP, HD, PSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP, HP/PHD y SCP/DSD y en el Al.Izq., excluyendo PHD, HD, ASP, PD y SCP/DSD mostraron asociaciones lineales significativas con Long.A. En Al.Der., se observaron regresiones lineales inversas significativas con PHD y HD. La varianza explicada fue baja en 7 regresiones lineales en el Al.Der. y 2 en el Al. Izq. El R^2 osciló entre 6.3% y 23.2% para el Al.Der. (Tabla 125) y entre 8.2% y 15.1% Al.Izq. (Tabla 126). Los R^2 fueron intermedios, entre 38.0% y 52.6% para 4 regresiones en el Al. Der. (Tabla 125) y entre 31.8% y

45.1% para 5 regresiones del Al.Izq. (Tabla 126). Solamente Long.A-DSD, Al.Der mostró un $R^2=76.5\%$.

En *An. albimanus*, la Long.A. promedio fue 2.7232 ± 0.0157 mm. Las hembras fueron significativamente más grandes que los machos (hembras: 2.7860 ± 0.0215 mm.; machos: 2.6634 ± 0.0211 mm.). 15.7% de la varianza fenotípica de Long.A. es explicada por la variable “sexo”.

En hembras-PHD, HD, PSD, ASP, DSD, PD, PP y HP/PHD; y en machos-BP+PHP, PHD, HP, HD, PSP, PSD, PRSD, DSD, PD, PP y SCP/DSD mostraron asociaciones lineales positivas significativas con Long.A. La varianza explicada por el modelo de regresión lineal fue baja, R^2 osciló entre 1.9% y 33.9% (Tablas 127-128).

4.6.3.2 Sección Argyritarsis. En *An. albitarsis* F, Long.A. promedio, considerando las tres localidades conjuntamente, fue 2.5805 ± 0.0061 mm. Las hembras fueron significativamente más grandes que los machos (hembras: 2.6360 ± 0.0095 mm.; machos: 2.5390 ± 0.0074 mm.). San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta fue significativamente la más pequeña (2.5124 ± 0.0092 mm.) y Yaguará-Huila la más grande (2.663 ± 0.0258 mm.). 28.5% de la varianza fenotípica de Long.A., es explicada por la variable “localidad”, 9.4% por la variable “sexo”. La interacción entre estas dos variables no fue significativa ($F=1.616$; $P<0.1530$).

En cinco de seis localidades, las hembras fueron en promedio significativamente más grandes que los machos (Tibú-Norte de Santander, hembras: 2.5857 ± 0.0142 mm.; machos: 2.4959 ± 0.0108 mm.; San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta, hembras: 2.5608 ± 0.0150 mm.; machos: 2.4799 ± 0.0110 mm.; Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, hembras: 2.7690 ± 0.0231 mm.; machos: 2.6217 ± 0.0233 mm. Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta, hembras: 2.8000 ± 0.0236 mm.; machos: 2.7268 ± 0.0153 mm.; Granada-Meta, hembras: 2.6568 ± 0.0334 mm.; machos: 2.5140 ± 0.0154 mm.). En Yaguará-Huila no se registraron diferencias significativas entre sexos (hembras: 2.7657 ± 0.0299 mm.; machos: 2.7676 ± 0.0505 mm.).

Considerando en conjunto Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta, en hembras para: BP+PHP, PHD, HP, PSP, PSD, DSD, SCP, PD y PP; y en machos para: BP+PHP, PHD, HP, PSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP, AD presentaron asociaciones lineales positivas significativas con Long.A. En hembras, HP/PHD mostró una asociación negativa significativa (Tablas 129-130). La varianza explicada fue baja para dos regresiones lineales en hembras y 8 en machos. R^2 osciló entre 5.7% y 14.5% en hembras (Tabla 129) y 3.2% y 21.4% en machos (Tabla 130). Los R^2 fueron intermedios, entre 25.6% y 45.8% para 3 regresiones en hembras (Tabla 129).

Considerando en conjunto Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila, En hembras para: HP, DSD, PD y PP; y en machos para: BP+PHP, HP, HD, PSP, ASP, DSD, SCP y PD, PP se observaron asociaciones lineales positivas significativas con Long.A. SCP/DSD presentó una asociación negativa significativa (Tablas 131-132, Anexo B). La varianza explicada fue baja en 10 regresiones lineales en hembras y 8 en machos. R^2 osciló entre 2.2% y 23.5% en hembras (Tabla 131) y entre 1.3% y 24.0% en machos (Tabla 132). Los R^2 fueron intermedios en hembras-DSD ($R^2=48.0\%$) y en machos para PSD ($R^2=30.0\%$) y DSD ($R^2=44.0\%$) (Tablas 131-132).

En *An. darlingi*, la Long.A. promedio, considerando las tres localidades conjuntamente, fue 2.5455 ± 0.0060 mm. Las hembras fueron significativamente más pequeñas que los machos (hembras: 2.5230 ± 0.0080 mm.; machos: 2.5739 ± 0.0089 mm.). Granada-Meta fue significativamente la más pequeña (2.4781 ± 0.0101 mm.) y Tierralta-Córdoba la más grande (2.5772 ± 0.0117 mm.). 4.6% de la varianza fenotípica de la Long.A., es explicada por la variable “localidad”, 2.2% por la variable “sexo” y 1.8% por la interacción. La interacción entre estas dos variables fue significativa ($F=3.610$; $P<0.0274$). Por lo tanto, la diferencia de tamaño entre hembras y machos no es independiente del lugar de procedencia.

En las tres localidades, las hembras fueron en promedio significativamente más pequeñas que los machos (Quibdó-Chocó, hembras: 2.5430 ± 0.0117 mm.; machos: 2.5733 ± 0.0122 mm.; Tierralta-Córdoba, hembras: 2.5343 ± 0.0157 mm.; machos: 2.64755 ± 0.0142 mm.; Granada-Meta, hembras: 2.4625 ± 0.0132 mm.; machos: 2.5026 ± 0.0152 mm.).

Considerando en conjunto Tierralta-Córdoba y Quibdó-Chocó, en hembras para: PHD, HP, HD, PSD, SP, ASP, DSD, SCP, PD, PP y AD; y en machos para: BP+PHP, HP, HD, PSSD, SP, PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, PP, AD y HP/PHD mostraron asociaciones lineales positivas y significativas con Long.A. (Tablas 133-134.). La varianza explicada fue baja en 7 regresiones lineales en hembras y 11 en machos. R^2 osciló entre 1.4% y 11.3% en hembras (Tabla 133, Anexo B) y 1.9% y 20.9% en machos (Tabla 134). Los R^2 fueron intermedios en hembras para DSD ($R^2=37.3\%$), PHD ($R^2=41.4\%$) y PSD ($R^2=44.4\%$) y machos para DSD ($R^2=26.3\%$) y PSD ($R^2=56.0\%$). Solamente la pareja Long.A.-PSD Al.Der mostró un $R^2=60.4\%$ (Tablas 133-134). En hembras de Granada-Meta, para: PHD, PSD, ASP, DSD y PD, y en machos para: BP+PHP, HP, PSP, SP, ASP, DSD, SCP, PD, PP, AD y HP/PHD se observaron asociaciones lineales significativas (Tablas 135-136). La varianza explicada fue baja en 4 regresiones lineales en hembras y 5 en machos. R^2 osciló entre 2.9% y 18.7% en hembras (Tabla 135) y 7.8% y 18.0% en machos (Tabla 136). Los R^2 fueron intermedios en hembras-PD ($R^2=28.4\%$) y en machos para PD ($R^2=27.8\%$), PSD ($R^2=37.5\%$) y PHD ($R^2=42.4\%$).

Aunque en las especies estudiadas, la varianza explicada de las regresiones lineales significativas, entre la longitud de las manchas costales y Long.A., fueron bajas y unas pocas fueron intermedias y altas, se procedió a convertir los tamaños (mm) de las manchas costales alares en proporciones respecto a la longitud total (mm) y a transformar estos valores siguiendo la ecuación de Freeman y Tukey (1950). Igualmente, las proporciones HP/PHD y SCP/DSD fueron transformadas según Kihlberg et al. (1972). Esto con el propósito de reducir el efecto del tamaño sobre las variables estudiadas y hacer sus distribuciones mas simétricas.

4.6.4 Componentes de varianzas y covarianzas, heredabilidad y coheredabilidad. Las estimaciones de estos parámetros se llevaron a cabo, considerando hembras y machos separadamente ya que en las frecuencias de los patrones y en las longitudes de las manchas costales alares se observó dimorfismo significativo (Tablas 112 y 112A). Como, en general, no existen diferencias entre las medias de las variables estudiadas entre Al.Izq. y Al.Der., existe homogeneidad de varianzas, por ello, en los siguientes análisis se excluirá la variable categórica lado del ala.

Como algunas de las longitudes (mm) de las manchas costales no se ajustaron a la distribución normal, Freeman y Tukey (1950) propusieron transformar los datos expresados como proporciones entre la longitud de cada una de las manchas y la longitud total, para centrar y ajustar los datos a una distribución normal. Esta transformación también permite estandarizar las mediciones para hacer comparables los diferentes especímenes, basándose en que el tamaño de las manchas costales se asocia positivamente con Long.A., al calcular la proporción entre el tamaño de la mancha y la Long.A., se reduce este efecto.

4.6.4.1 Componentes de varianza. Los siguientes análisis de varianza-covarianza se muestran con los datos transformados por sexo, considerando la variable categórica madres como aleatoria. Las Tablas 137-154 (Anexo B) indican los componentes V_G , V_E y V_P para las hembras y machos.

4.6.4.1.1 Sección Albimanus. En *An. nuneztovari* para Buenaventura-Valle del Cauca, en con excepción de DSD/Long.A en hembras, todas las variables mostraron diferencias significativas entre familias. En hembras, (BP+PHP)/Long.A. y DSD/Long.A. y en machos, HD/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. registraron $H^2 < 0.25$. En hembras, Long.A., HD/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. y en machos, Long.A., (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A. y PP/Long.A. presentaron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tablas 137-138).

Considerando en conjunto Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander, con excepción de PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y machos, todas las variables mostraron diferencias significativas entre familias. En ambas progenies, DSD/Long.A., mostró $H^2 < 0.25$. En hembras, Long.A., (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. y en machos, Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., PP/Long.A., ADLong.A. y HP/PHD presentaron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tablas 139-140).

En *An. benarrochi* B con excepción de hembras-ASP/Long.A. y machos-AP/Long.A, todas las variables mostraron diferencias significativas entre familias. En hembras, (BP+PHP)/Long.A. y PSD/Long.A. y machos, (BP+PHP)/Long.A., registraron $H^2 < 0.25$. En hembras: Long.A., PSP/Long.A. y SP/Long.A., y en machos-ASP/Long.A., presentaron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tablas 141-142).

Los componentes de V_G , V_E y V_P en *An. strodei* no se estimaron por contar solo con tres familias de HC. En *An. triannulatus*, en hembras con excepción de PSP/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y PD/Long.A. y en machos con excepción de PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y AD/Long.A., se observaron diferencias significativas entre familias. En hembras, Long.A. y SCP/DSD mostraron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tabla 143). En machos: HP/PHD y SCP/DSD mostraron las heredabilidades significativas más bajas ($0.25 < H^2 < 0.44$) y el resto $H^2 > 0.44$ (Tabla 144) Los Std.Err.(H^2) fueron altos, por el número de familias reducido (7-9).

En *An. albimanus*, para (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., AD/Long.A. y SCP/DSD en hembras y para PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A., AD/Long.A. y SCP/DSD en machos: no mostraron diferencias significativas entre familias mientras que el resto de variables sí. En hembras: HP/Long.A., SCP/Long.A., AD/Long.A. y HP/PHD y en machos (BP+PHP)/Long.A. y SCP/Long.A., mostraron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tablas 145-146). Los Std.Err. (H^2) fueron altos, posiblemente, porque el componente error se incrementó por el número de familias reducido (5-8) y en algunas variables por un número bajo de progenie/familia (3.2-4.1).

4.6.4.1.2 Sección Argyritarsis. *An. albitarsis* F, Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta. En ambas progenies, todas las variables mostraron diferencias altamente significativas entre familias. A excepción de HP/PHD en machos, las $H^2 > 0.5$. Los R^2 para Long.A., HP/PHD y SCP/DSD fueron en hembras: 31.5%, 28.2% y 39.5% y en machos: 38.0%, 22.9% y 35.0%, respectivamente. El resto de variables mostró un rango de R^2 entre 97.2% y 99.9% (Tablas 147-148).

An. albitarsis F, Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila. En ambas progenies, todas las variables mostraron diferencias significativas entre familias. A excepción de HP/PHD en hembras, las $H^2 > 0.5$. Los R^2 para Long.A., HP/PHD y SCP/DSD en hembras fueron: 63.3%, 21.2% y 39.5%, y en machos 23.7%, 33.2% y 31.2%, respectivamente. El resto de variables mostró un rango de R^2 entre 86.9% y 99.9% (Tablas 149-150).

An. darlingi, Tierralta-Córdoba y Quibdo-Chocó. En ambas progenies, todas las variables mostraron diferencias altamente significativas entre familias. A excepción de HP/PHD y de SCP/DSD en hembras, las $H^2 > 0.5$. Los R^2 para Long.A., HP/PHD y SCP/DSD en hembras fueron: 48.1%, 23.0% y 19.8%, y en machos: 68.6%, 35.7% y 39.4%, respectivamente. El resto de variables mostró un rango de R^2 entre 96.1% y 99.8% (Tablas 151-152).

An. darlingi, Granada-Meta. Von excepción de Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A., AP/Long.A. y HP/PHD en hembras y de BP+PHP/Long.A. y PHD/Long.A. en machos, se observaron diferencias significativas entre familias. En hembras: (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., ASP/Long.A., SCP/Long.A. y SCP/DSD y en machos: HD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A., mostraron heredabilidades intermedias ($0.25 < H^2 < 0.5$) y el resto $H^2 > 0.5$ (Tablas 153-154). Los Std.Err. (H^2) fueron altos, posiblemente, por el número de familias bajo (3-8) y en algunas variables por un número bajo de progenie/familia (3.3-5.0).

4.6.5 Covarianzas y correlaciones. Para estos análisis se escogió la especie *An. benarrochi* B por presentar el menor número de fusiones y por lo tanto, las manchas costales están representadas con un número de progenie y de familias altos. Se examinaron las asociaciones lineales entre parejas de manchas costales alares en progenies hembras y machos (Tablas 155-156, Anexo B). También se estimaron, las Cov_P , Cov_G y Cov_e , y se calculó la $Co-H^2$ entre parejas de variables, el error estándar y su significancia (Tablas 157-158, Anexo B).

A excepción de PSD/Long.A.-SCP/Long.A. y ASP/Long.A.-PP/Long.A., en hembras y de PRSD/Long.A.-machos, los r significativos positivos se registraron entre parejas de manchas claras o entre parejas de manchas oscuras mientras que los r significativos negativos se observaron entre parejas conformadas por una mancha clara y una mancha oscura. En hembras y machos, PRSD/Long.A., muestra las asociaciones descritas anteriormente cuando covaría con HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A., pero en las hembras no se observó asociación significativa con las manchas posteriores a ASP/Long.A. y en los machos, la covarianza fue negativa y significativa con DSD/Long.A., SCP/Long.A. y PD/Long.A.

En hembras y machos, para los valores de Co-H^2 significativos, se observan Cov_G , Cov_e y Cov_P positivas entre parejas de manchas costales del mismo color (pálida-pálida, oscura-oscura) y Cov_G , Cov_e y Cov_P negativas entre parejas de color diferente (pálida-oscura, oscura-pálida). En ambos casos, la Cov_G es alta y significativa. También se observaron Cov_G positivas y Cov_e negativas o viceversa. Cuando $\text{Cov}_e > \text{Cov}_G$, los valores de $\text{Co-H}^2 < 0$ y oscilaron entre -4.5 y 0.0. Cuando $\text{Cov}_G > \text{Cov}_e$, los valores de Co-H^2 oscilaron entre 1.0 y 3.0. Por último, cuando la magnitud de Cov_G es similar a la de Cov_e , se produce una sobreestimación elevada de $\text{Co-H}^2 > 4.5$. En los dos últimos casos, la dirección antagónica de los dos componentes de covarianza reduce la magnitud de Cov_P haciendo que $\text{Cov}_P < \text{Cov}_G$. Especialmente, en las parejas con AP, covariable con el tamaño muestral/familia y el número de familias más bajos.

En hembras, no se observaron valores significativos de Co-H^2 entre PHD/Long.A.-PSP/Long.A., HP/Long.A.-PSP/Long.A., HD/Long.A.-PRSD/Long.A., HD/Long.A.-ASP/Long.A., PSP/Long.A.-AD/Long.A. y PSD/Long.A.-ASP/Long.A. y en machos entre PHD/Long.A.-PRSD/Long.A., HD/Long.A.-PRSD/Long.A., PSP/Long.A.-AP/Long.A., PSD/Long.A., PSD/Long.A.-PP/Long.A., PSD/Long.A.-AD/Long.A. y PSD/Long.A.-AP/Long.A.. Esto significa que Cov_P tiene un componente elevado de Cov_e , el cual incluye la Cov_E .

En hembras, (BP+PHP)/Long.A., no mostró asociación lineal significativa con HD/Long.A., ASP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. sin considerar la variable categórica madres. Cuando se incluyó se observó que Cov_G es significativa con todas las covariables. En las hembras y machos, Cov_G entre (BP+PHP)/Long.A. y AP/Long.A. fue negativa y Cov_e positiva y

menor que Cov_G , esto ocasionó que $Cov_P < Cov_G$, y por lo tanto, valores de $Co-H^2 > 1$. En los machos, esta mancha mostró una relación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A. y PD/Long.A. Además, Cov_G fue significativa con DSD/Long.A. y SCP/Long.A. Los valores de Cov_G de (BP+PHP)/Long.A. fueron positivos, altamente significativos con HP/Long.A. y SCP/Long.A. Negativos con PHD/Long.A. y PD/Long.A. (BP+PHP)/Long.A. muestra valores de $Co-H^2$ significativos altos con PHD/Long.A. y HP/Long.A. y bajos con PD/Long.A.

PHD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras (Tabla 155, Anexo B) y con (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos. Se observó que Cov_G y $Co-H^2$ son altos significativos para estas parejas. También, en ambas progenies, $Cov_G < 0$ y menor que el $Cov_e > 0$ para PSD/Long.A.; $Cov_G > 0$ y su magnitud es menor que $Cov_e < 0$ para SP/Long.A.; $Cov_G > 0$ y su magnitud es mayor que $Cov_e < 0$ para ASP/Long.A. y DSD/Long.A.; negativo y mayor $Cov_e > 0$ para PRSD/Long.A. y esta última relación, se observó solamente en machos-AP/Long.A.

HP/Long.A. mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y machos (Tablas 155-156, Anexo B). HP/Long.A.-DSD/Long.A. en hembras y HP/Long.A.-PSP/Long.A. en machos, mostraron asociación lineal significativa, Cov_G y $Co-H^2$ altas. En ambas progenies, HP/Long.A.-SP/Long.A. mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativas.

HD/Long.A., mostró asociación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y, SCP/Long.A. en ambos sexos, con DSD/Long.A. en hembras y con AD/Long.A. en machos. A excepción de PRSD/Long.A. en ambas progenies, PSP/Long.A. en hembras y SCP/Long.A. en machos, se observaron valores de Cov_G y $Co-H^2$ altos significativos. En ambas progenies, HD/Long.A., mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativas con (BP+PHP)/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A.

PSP/Long.A. mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y SCP/Long.A. en machos, con valores de Cov_G y $Co-H^2$ altos (Tabla 155-156). Esta tendencia se observó con SCP/Long.A. y PD/Long.A. en hembras y AD/Long.A.-machos.

PSD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A. y SCP/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y SCP/Long.A. en machos. Se observaron valores de Cov_G y $Co-H^2$ altos significativos para estas parejas en hembras y para HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Esta tendencia se registró con PRSD/Long.A. y HD/Long.A. en hembras y con PD/Long.A.-machos.

SP mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., PRSD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A. y PRSD/Long.A. en machos. A excepción de AP/Long.A., SP/Long.A., mostró valores de Cov_G y $Co-H^2$ significativamente altos con estas covariables. Se observó esta tendencia para las covariables: HP/Long.A. en ambas progenies, PSD/Long.A.-hembras, y ASP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos.

PRSD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A. y PD/Long.A. en machos. A excepción de HD/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y HD/Long.A., PSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos, mostró valores de Cov_G y $Co-H^2$ significativamente altos. Esta tendencia se observó para AD/Long.A. en machos.

PRSD/Long.A. en machos, mostró Cov_G positivas significativas con las manchas costales oscuras y negativas con las manchas claras, desde HD/Long.A. hasta ASP/Long.A. Esta asociación se invierte con DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y

AP/Long.A. Esta mancha es la única que muestra una inversión en la asociación entre manchas claras y oscuras.

ASP/Long.A. mostró asociación lineal significativa con PP/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Los valores Cov_G y $Co-H^2$ fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras, con PSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos y con SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en ambas progenies.

A excepción de PSD/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras, DSD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con el resto de manchas costales y con HP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. DSD/Long.A. mostró valores de Cov_G y $Co-H^2$ significativos con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. en ambas progenies, con HD/Long.A. y PP/Long.A. en hembras y con PRSD/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Los valores de $Co-H^2 > 1$ se pueden explicar por la covariación residual antagónica a la covariación entre familias. Esto ocasiona una covariación fenotípica menor que la covariación entre familias, generándose una $Co-H^2 > 1$.

SCP/Long.A. mostró asociación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A. y PP/Long.A. en ambas progenies. Se observó esta misma asociación con (BP+PHP)/Long.A. en hembras y con PSP/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. en machos. SCP/Long.A. mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativos con estas covariables, con PSP/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A., y AD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A. en machos. Los valores de $Co-H^2$ de SCP/Long.A. con HP/Long.A. y con PRSD/Long.A. en hembras, con HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A. y PP/Long.A. en machos y con ASP/Long.A. en ambas progenies fueron > 1 .

PD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos. PD/Long.A. mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativos con

estas covariables, con PSD/Long.A. y SCP/Long.A. en hembras, con (BP+PHP)/Long.A. y HD/Long.A. en machos y con PSP/Long.A. en ambas progenies. Los valores de $Cov_G < 0$ fueron mayores que $Cov_e > 0$ con las covariables SP/Long.A. y AP/Long.A. en ambas progenies y con ASP/Long.A.-hembras generándose estimaciones de $Co-H^2 > 1$.

PP/Long.A. mostró asociación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A., SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., HP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. en machos (Tablas 155-156). PP/Long.A. mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativos con estas covariables, con (BP+PHP)/Long.A. y PSP/Long.A. en hembras, con AP/Long.A.-machos y con HD/Long.A. en ambas progenies. Los valores $Cov_G < 0$ fueron mayores que los valores $Cov_e > 0$ con ASP/Long.A., DSD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Los valores $Cov_G > 0$, fueron mayores que los valores de $Cov_e < 0$ con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A. y SCP/Long.A. en machos y con PRSD/Long.A. en ambas progenies. Estos valores antagónicos generaron estimaciones de $Co-H^2 > 1$.

AD/Long.A. mostró asociación lineal significativa con PHD/Long.A., HP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A. HP/Long.A., HD/Long.A., ASP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. en machos. Los valores de Cov_G y $Co-H^2$ fueron significativos con PHD/Long.A., ASP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras; con HD/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos y con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. en ambas progenies. Los valores $Cov_G < 0$ fueron mayores que los valores $Cov_e > 0$ con AP/Long.A.-hembras y PRSD/Long.A. en ambas progenies. Los valores $Cov_G > 0$ fueron mayores que los valores $Cov_e < 0$ con ASP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Estos valores antagónicos generaron estimaciones de $Co-H^2 > 1$.

AP mostró asociación lineal significativa con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con HP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. AP/Long.A. mostró Cov_G y $Co-H^2$ significativos con PHD/Long.A.-hembras, con HD/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y

AD/Long.A. en machos y con HP/Long.A. en ambas progenies. Los valores $Cov_G < 0$ fueron mayores que $Cov_e > 0$ con HD/Long.A., SP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras, con PHD/Long.A.-machos y con (BP+PHP)/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y PD/Long.A. en ambas progenies. Los valores $Cov_G > 0$ fueron mayores que los valores de $Cov_e < 0$ con SCP/Long.A.-machos. Estos valores antagónicos generaron estimaciones de $Co-H^2 > 1$.

4.6.5.1 Coeficientes de correlación genética, ambiental y fenotípica. Las Tablas 159-160 (Anexo B) muestran los coeficientes r_G , r_E y r_P entre parejas de manchas costales alares con sus Std. Err. y significancia para hembras y machos, respectivamente.

(BP+PHP)/Long.A. En hembras, los r_P de (BP+PHP)/Long.A. con ASP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. no fueron significativos. En machos, con PHD/Long.A., HP/Long.A., SCP/Long.A. y PD/Long.A. mostró valores significativos. Los r_P significativos fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de PSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Todos los r_G fueron altamente significativos ($P < 0.0001$) a excepción de los de (BP+PHP)/Long.A.-SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con AP/Long.A. en machos.

Los r_E de (BP+PHP)/Long.A. fueron significativos, a excepción de las parejas con PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras, y con SP/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Estos coeficientes, a excepción de PSD/Long.A., mostraron signos opuestos a los de los r_G indicando con ello, que la magnitud de los $r_P < r_G$. El r_E de (BP+PHP)/Long.A.-PSD/Long.A. en machos, tiene el mismo signo y es significativamente menor ($r_E = -0.1379$) que r_G (-0.3473). En este caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

PHD/Long.A. Los r_P en hembras, no fueron significativos con PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. y en machos con SP/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A.. Los r_P significativos fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras.

Todos los r_G fueron significativos a excepción de PHD/Long.A. con PSP/Long.A. y SP/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A.-machos. Estos coeficientes fueron negativos con las manchas claras y positivos con las manchas oscuras, excepto con PSD/Long.A., SP/Long.A., y PRSD/Long.A. en hembras y con SP/Long.A., y ASP/Long.A. en machos.

La mayoría de los r_E de PHD/Long.A. no se estimaron por las razones expuestas en las Tablas 159-160. Los r_E de PHD/Long.A. con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos fueron significativamente diferentes de 0. Estos coeficientes, a excepción de PSP/Long.A., mostraron signos opuestos a los de los r_G . Las magnitudes de los $r_P < r_G$, a excepción de PSP/Long.A.-hembras y PSP/Long.A. y PSD/Long.A. en machos. En cambio, r_E de PHD/Long.A.-PSP/Long.A. en machos, tiene el mismo signo y es significativamente menor ($r_E = -0.7590$) que r_G ($= -0.1777$) mientras que con PD/Long.A. es significativamente mayor ($r_E = -0.14225$; $r_G = -0.7818$). En estos casos, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

HP/Long.A. En hembras, los r_P de HP/Long.A. fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. y en machos con todas las manchas costales a excepción de PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de r_P con AP/Long.A. en hembras.

Los r_G de HP/Long.A. fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HD/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y en todas las parejas en machos, a excepción de SP/Long.A. y ASP/Long.A. Las magnitudes de estos coeficientes fueron mayores que las de los r_P , a excepción de PSD/Long.A.-machos. La mayoría de los r_E de HP/Long.A. no se estimaron por las razones descritas en las Tablas 159-160. El r_E de HP/Long.A.-SP/Long.A. fue positivo y altamente significativo ($r_E > r_G$ y r_P).

HD/Long.A. Los r_p de HD/Long.A. fueron significativos, a excepción en hembras de ASP/Long.A. y en machos de (BP+PHP), PSP/Long.A., PD/Long.A. y AP/Long.A. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras.

Los r_G de HD/Long.A. con cada una de las manchas costales fueron significativos a excepción de PRSD/Long.A.-hembras y de PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y PP/Long.A. en machos. En hembras, fueron negativos con las manchas claras y positivas con las manchas oscuras, a excepción de PSP/Long.A. Las magnitudes de $r_G > r_p$ a excepción de PSP/Long.A.-hembras y PP/Long.A. en ambas progenies.

En hembras, los r_E de HD/Long.A. con PSP/Long.A., PSD/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A., y con (BP+PHP)/Long.A. y SP/Long.A. en machos, fueron significativos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_p con PSP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Las magnitudes de los $r_p < r_G$, a excepción de PD/Long.A.-hembras y SP/Long.A.-machos. El r_E de HD/Long.A.-PD/Long.A. en hembras, tiene el mismo signo y es significativamente mayor ($r_E=0.3528$) que r_G (0.1707).

PSP/Long.A. Los r_p de PSP/Long.A. no fueron significativos con PHD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., ASP/Long.A., PP/Long.A., PD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. El resto de parejas mostró r_p significativos positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras.

En hembras, los r_G de PSP/Long.A. fueron significativos a excepción de PHD/Long.A., HP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A. y con DSD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de HD/Long.A.-hembras y ASP/Long.A.-machos. La magnitud de los $r_p < r_G$, a excepción de HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y SCP/Long.A. en hembras y PHD/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y PD/Long.A. en machos.

Los r_E de PSP/Long.A. con (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. fueron significativos en hembras y con todas las manchas a excepción de DSD/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Los r_E fueron significativos y mostraron signos opuestos a los r_G a excepción de PSD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y PHD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en machos (Tablas 159-160).

Los valores de r_E tienen el mismo signo y fueron significativamente mayores que los r_G , para PSP/Long.A. con DSD/Long.A. ($r_G=-0.1552$; $r_E=-0.5107$) y PSP/Long.A.-PRSD/Long.A. ($r_G=-0.2661$; $r_E=-0.4658$) en hembras y PSP/Long.A.-PHD/Long.A. ($r_G=-0.1777$; $r_E=-0.7590$) y PSP/Long.A.-PRSD/Long.A. ($r_G=-0.1613$; $r_E=-0.3483$) en machos. En este caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

PSD/Long.A. Los r_P de PSD/Long.A. no fueron significativos con PHD/Long.A., HP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos (Tablas 159-160, Anexo B). Los r_P significativos fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de SP/Long.A.-machos.

Los r_G de PSD/Long.A. fueron significativos a excepción de HP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y de DSD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras. Las magnitudes de los $r_P < r_G$, a excepción de PSP/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. en hembras y (BP+PHP)/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos (Tablas 159-160).

Los r_E de PSD/Long.A. con PHD/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. fueron significativos en hembras y con todas las manchas a excepción de SP/Long.A. y PD/Long.A. en machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con PSP/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos.

Los r_E fueron significativos y mostraron signos opuestos a los r_G , a excepción de PSD/Long.A. con PSP/Long.A. y SP/Long.A. en hembras y con ASP/Long.A. en machos. Estos coeficientes tienen el mismo signo y son significativamente mayores que los r_G , para PSD/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=-0.1552$; $r_E=-0.5107$) en hembras y ASP/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=-0.1877$; $r_E=-0.2475$) en machos y significativamente menor para PSD/Long.A.-SP/Long.A. ($r_G=-0.5692$; $r_E=-0.3996$) en hembras. En este caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

SP/Long.A. Los r_P de SP/Long.A. no fueron significativos con PHD/Long.A., HP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Los r_P significativos fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras.

En hembras, todos los r_G de SP/Long.A. fueron significativos a excepción de PHD/Long.A., HP/Long.A., DSD/Long.A. y de HP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de PHD/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A., AD/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Las magnitudes de los $r_P < r_G$, a excepción de PSP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y PHD/Long.A., HP/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos.

Los r_E de SP/Long.A. con PSP/Long.A., PSD/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y AP/Long.A. fueron significativos en hembras y con todas las manchas a excepción de (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., PSD/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A. y AP/Long.A.

en machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con PSP/Long.A., DSD/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., HP/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos.

Los r_E significativos, a excepción de PSP/Long.A., PSD/Long.A., PRSD/Long.A. y PP/Long.A. en hembras y PSP/Long.A. y PRSD/Long.A. en machos, muestran signos opuestos a los r_G . Los r_E positivos significativos con el mismo signo de los r_G se registraron entre SP/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=0.4070$; $r_E=0.4643$), SP/Long.A.-PP/Long.A. ($r_G=0.9718$; $r_E=0.9943$) en hembras y entre SP/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=0.5142$; $r_E=0.1836$) en machos. Los r_E negativos significativos con el mismo signo de los r_G , se observaron para SP/Long.A.-PSD/Long.A. ($r_G=-0.5692$; $r_E=-0.3996$) y SP/Long.A.-PRSD/Long.A. ($r_G=-0.8266$; $r_E=-0.2945$) en hembras y SP/Long.A.-PRSD/Long.A. ($r_G=-0.4785$; $r_E=-0.5137$) en machos. En este último caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

PRSD/Long.A. Los r_P de PRSD/Long.A. no fueron significativos con PHD/Long.A., HP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., PP/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Los r_P significativos fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AD/Long.A.

Los r_G de PRSD/Long.A. fueron significativos a excepción de HP/Long.A., HD/Long.A. y SCP/Long.A. en hembras y de HD/Long.A. y PSD/Long.A. en machos. PRSD/Long.A. mostró coeficientes negativos con PHD/Long.A., DSD/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con DSD/Long.A. y PD/Long.A. en machos, y coeficientes positivos con PP/Long.A. en hembras y con HP/Long.A., SCP/Long.A. y PD/Long.A. en machos. La magnitud de los $r_P < r_G$, a excepción de PSP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y PHD/Long.A., HP/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos.

Los r_E de PRSD/Long.A. con (BP+PHP)/Long.A., PSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A. y AP/Long.A. en machos, no fueron significativos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con HD/Long.A., PSP/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y AP/Long.A. en hembras y con HD/Long.A., PSP/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Los r_E significativos, a excepción de HD/Long.A., PSP/Long.A. y SP/Long.A. en hembras y de HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos, mostraron signos opuestos a los de r_G .

Los r_E positivos significativos con el mismo signo de los r_G se registraron para PRSD/Long.A.-HD/Long.A. ($r_G=0.0371$; $r_E=0.3621$) en hembras y en machos entre PRSD/Long.A.-HD/Long.A. ($r_G=0.0020$; $r_E=0.9313$) y PRSD/Long.A.-PSD/Long.A. ($r_G=0.0177$; $r_E=0.7327$). Los r_E negativos significativos con el mismo signo de los r_G , se observaron para PRSD/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=-0.2661$; $r_E=-0.4658$) y PRSD/Long.A.-SP/Long.A. ($r_G=-0.8266$; $r_E=-0.2945$) en hembras y con PRSD/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=-0.1613$; $r_E=-0.3483$) y PRSD/Long.A.-ASP/Long.A. ($r_G=-0.1660$; $r_E=-0.4597$) en machos. En este último caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

ASP/Long.A. Los r_P de ASP/Long.A. fueron significativos con PHD/Long.A. y PP/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Los r_P significativos fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras en los machos, mientras que en hembras ocurre lo contrario. En las hembras, los r_G de ASP/Long.A. con cada una de las otras manchas costales no se estimaron debido a que la heredabilidad de esta característica no fue significativamente diferente de 0 (Tabla 141, Anexo B).

En machos, los r_G de ASP/Long.A. mostraron valores significativos a excepción HP/Long.A. y HD/Long.A. A diferencia de las otras manchas, ASP/Long.A. registró coeficientes negativos con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., SCP/Long.A. y PP/Long.A. y positivos con PD/Long.A. en machos. La magnitud de los $r_P < r_G$, a excepción de HP/Long.A. y PRSD/Long.A. en machos.

Los r_E de ASP/Long.A. con (BP+PHP)/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y AD/Long.A. en hembras y con SP/Long.A. y AP/Long.A. en machos, no fueron significativos. En machos, las magnitudes de estos coeficientes fueron mayores que r_G y r_P con HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. Los r_E significativos, a excepción de HD/Long.A., PSD/Long.A., PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. en los machos, mostraron signos opuestos a los r_G .

Los r_E negativos significativos con el mismo signo de los r_G , se observaron para ASP/Long.A.-HD/Long.A. ($r_G=-0.0961$; $r_E=-0.1789$), ASP/Long.A.-PSD/Long.A. ($r_G=-0.1877$; $r_E=-0.2475$), ASP/Long.A.-PRSD/Long.A. ($r_G=-0.1660$; $r_E=-0.4597$), y ASP/Long.A.-DSD/Long.A. ($r_G=-0.3727$; $r_E=-0.4056$) en machos. En este último caso, se detectó antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

DSD/Long.A. Los r_P de DSD/Long.A., no fueron significativos con PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A., en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de PRSD/Long.A.-machos.

Los r_G de DSD/Long.A. fueron significativos a excepción de PSD/Long.A. y SP/Long.A. en hembras, y de PSP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos y de PRSD/Long.A. en ambas progenies. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras. Las magnitudes de $r_G > r_P$ excepción de ASP/Long.A.-machos y SP/Long.A. en ambas progenies.

En hembras, la mayoría de los r_E de DSD/Long.A. no se estimaron por las razones descritas en la Tabla 159. Los r_E de DSD/Long.A. fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con PSD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A., ASP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AD/Long.A. en machos. r_E de

DSD/Long.A.-ASP/Long.A. en machos, tiene el mismo signo y es mayor ($r_E = -0.4056$) que el r_G ($= -0.3727$). En este último caso, se detectó antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

SCP/Long.A. Los coeficientes r_P de SCP/Long.A. no fueron significativos con PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y con SP/Long.A., ASP/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de AP en las hembras.

Los r_G de SCP/Long.A. fueron significativos, a excepción de PSP/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras. En machos, estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de PRSD/Long.A. y ASP/Long.A.. Las magnitudes de $r_G > r_P$ a excepción de PRSD en hembras.

La mayoría de los valores de los r_E de SCP/Long.A. en hembras no se estimaron porque el componente entre familias fue mayor que el componente entre progenies dentro de familia, lo cual ocasionó una raíz cuadrada negativa en el denominador, como se describió en las Tablas 159-160. Los r_E de SCP/Long.A.-PRSD/Long.A. y SCP/Long.A.-ASP/Long.A. fueron significativos en hembras. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P para SCP/Long.A.-PRSD/Long.A.

PD/Long.A. Los r_P de PD/Long.A. no fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y con HD/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de PRSD/Long.A. en machos.

Los r_G de PD/Long.A. fueron significativos a excepción de HP/Long.A. y PSP/Long.A. en hembras y de PSD/Long.A.-machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de PSD/Long.A.-hembras y SP/Long.A.,

PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Con excepción de HD/Long.A.-hembras, las magnitudes $r_G > r_P$.

Algunos r_E de PD/Long.A. con otras proporciones no se estimaron por las mismas razones descritas para PHD/Long.A. Los r_E de PD/Long.A. con HP/Long.A. y SP/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A. y PSD/Long.A. en machos no fueron significativos. Los r_E mostraron signos opuestos a los de r_G , exceptuando HD/Long.A., PSP/Long.A. y DSD/Long.A. en hembras y PSP/Long.A.-machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y con SP/Long.A., ASP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos.

Los r_E de PD/Long.A. con HD/Long.A. y PSP/Long.A. en hembras y con SP/Long.A.-machos, tiene el mismo signo. Positivo con HD/Long.A. ($r_E=0.3528$) y mayor que r_G (0.1707) y negativo con PSP/Long.A.-hembras ($r_E=-0.1701$; $r_G=0.1056$) y en machos ($r_E=-0.1655$; $r_G=-0.1444$). En estos dos casos, se detectó antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

PP/Long.A. Los r_P de PP/Long.A., no fueron significativos con HP/Long.A., HD/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y con (BP+PHP)/Long.A., PSP/Long.A., PSD/Long.A., SP/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de ASP/Long.A. y AP/Long.A. en hembras.

Los r_G de PD/Long.A. fueron significativos a excepción de HP/Long.A.-hembras y HD/Long.A. y PSD/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de PSD/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y de SP/Long.A. y ASP/Long.A. en machos. Las magnitudes de los $r_G > r_P$ en ambas progenies.

Algunos r_E de PP/Long.A. no se estimaron por las razones descritas en las Tablas 159-160. Los r_E de PP/Long.A. con HP/Long.A., HD/Long.A. y PSP/Long.A. en hembras y con AP/Long.A.-machos no fueron significativos. Los r_E mostraron signos opuestos a los de r_G , exceptuando

SP/Long.A.-hembras y AD/Long.A.-machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con PSD/Long.A. y DSD/Long.A. en machos. Los r_E de PP/Long.A.-SP/Long.A. en hembras y PP/Long.A.-AD/Long.A. en machos, tienen el mismo signo. r_E fue positivo ($r_E=0.9943$) y similar al r_G (0.9718) con SP/Long.A. y negativo con AD/Long.A. ($r_E=-0.4423$) y similar a r_G (-0.5438) en machos. En este caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

AD/Long.A. Los r_P de AD/Long.A. fueron significativos con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., DSD/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. en hembras y con PHD/Long.A., HP/Long.A., HD/Long.A., PRSD/Long.A., ASP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A., PP/Long.A. y AP/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de PRSD/Long.A. y ASP/Long.A. en machos.

Los r_G de AD/Long.A. fueron significativos a excepción de PSP/Long.A., SP/Long.A. y ASP/Long.A. en hembras y de PSD/Long.A.-machos. Estos coeficientes fueron positivos con las manchas oscuras y negativos con las manchas claras, a excepción de PSD/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y SP/Long.A.-machos. Las magnitudes de los $r_G > r_P$ en ambas progenies.

Los r_E de AD/Long.A. no fueron significativos con ASP/Long.A.-hembras y PSP/Long.A.-machos. Los r_E mostraron signos opuestos a los r_G , exceptuando las manchas PP/Long.A.-machos. Su magnitud fue mayor que r_G y r_P con (BP+PHP)/Long.A., HD/Long.A., SP/Long.A. y PRSD/Long.A. en hembras y con PSD/Long.A. y SP/Long.A. en machos. El r_E de AD/Long.A.-PP/Long.A. en machos, fue negativo y menor que r_G ($r_E=-0.4423$; $r_G=-0.5438$). En este caso, se detecta antagonismo ambiental entre las manchas claras y oscuras.

AP/Long.A. Los r_P de AP/Long.A. fueron significativos con (BP+PHP)/Long.A., PHD/Long.A., HP/Long.A., PSP/Long.A., SCP/Long.A., PD/Long.A. y PP/Long.A. en hembras y con HP/Long.A., DSD/Long.A. y AD/Long.A. en machos. Estos coeficientes fueron positivos con

las manchas claras y negativos con las manchas oscuras, a excepción de PSP/Long.A., SCP/Long.A. y PP/Long.A. en hembras. La mayoría de los r_G en hembras fueron sobreestimados ($r_G < -1$) mientras que en machos, no fueron significativamente diferentes de 0.

En hembras, r_G de AP/Long.A.-PHD/Long.A. fue significativo, en el resto de manchas fue sobreestimado ($r_G < -1$) y en machos, no fueron significativos con PSP/Long.A. y PSD/Long.A. El resto no se pudo estimar por las razones expuestas en las Tablas 159-160. A excepción de ASP/Long.A.-machos, estos coeficientes fueron positivos con las manchas claras y negativos con las manchas oscuras. Las magnitudes de los $r_G >$ los r_P en machos, a excepción de PSD/Long.A. (Tabla 160).

En hembras, r_E de AP/Long.A.-(BP+PHP)/Long.A. fue significativo, con el resto de manchas se sobreestimó ($r_E > 1$) y en los machos fue significativo con PD/Long.A. El resto de coeficientes no se estimó por las razones expuestas en la Tabla 160.

4.6.6 Regresiones múltiples por etapas. Las heredabilidades se estimaron asumiendo que las manchas son variables independientes (Tablas 141-142, Anexo B). Las $Co-H^2$ y Cov_G demostraron que este supuesto no se cumple en *An. benarrochi* B. Por ello, mediante regresiones múltiples por etapas se ajustaron los valores de heredabilidad. Como criterio se consideró el mayor $R^2_{ajustado}$ con el menor número de variables predictoras y se incluyó como variable categoría aleatoria madres (familias). A continuación se indican los resultados por mancha y sexo.

(BP+PHP)/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada} = 0.2446 \pm 0.1592$ y en machos, $H^2_{estimada} = 0.1177 \pm 0.0525$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-segunda etapa incluyó a PSP/Long.A. ($F_{(1;68)} = 9.20$; $P = 0.0034$; $R^2_{ajustado} = 14.5\%$). Esta asociación explicó 6.1% de V_P . La $H^2_{ajustada} = 0.1947 \pm 0.1517$, no se diferenció significativamente de la estimada (Tabla 141). En machos, se incluyó a PD/Long.A. ($F_{(1;74)} = 6.33$; $P = 0.0141$; $R^2_{ajustado} = 0.0672$). Esta asociación explicó el 5.0% de la V_P . La $H^2_{ajustada} = 0.0250 \pm 0.1382$, fue significativamente menor que la

estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por la r_G fue alta y antagónica entre (BP+PHP)/Long.A.-PD/Long.A. ($r_G=-0.7818\pm0.0576$).

PHD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=1.2288\pm0.2144$ y en machos, $H^2_{estimada}=0.9602\pm0.2041$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-tercera etapa incluyó a HP/Long.A. ($F_{(1;80)}=34.51$; $P<0.0001$; $R^2_{ajustado}=64.8\%$). Esta asociación explicó 55.46% de la V_P . La $H^2_{ajustada}=0.0827\pm0.1509$. En machos, se incluyeron: HP/Long.A. ($F_{(1;74)}=4.77$; $P<0.0001$) y SCP/Long.A. ($F_{(1;74)}=12.63$; $P<0.0001$) con $R^2_{ajustado}=50.3\%$. La asociación PHD/Long.A.-HP/Long.A. explicó 46.50% y PHD/Long.A.-SCP/Long.A. explicó 6.53% de V_P . La $H^2_{ajustada}=0.0250\pm0.1382$. En ambas progenies, la $H^2_{ajustada}$ fue significativamente menor que la estimada (Tablas 141-142). Esto podría explicarse por r_G alta y antagónica de PHD/Long.A.-HP/Long.A. (hembras: $r_G=-0.9222\pm0.0339$; machos: $r_G=-0.9690\pm0.0218$) y con SCP/Long.A. (machos: $r_G=-0.8560\pm0.0457$).

HP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=1.0827\pm0.2216$ y en machos, $H^2_{estimada}=1.0218\pm0.1957$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-cuarta etapa, incluyó: PHD/Long.A. ($F_{(1;79)}=27.82$; $P<0.0001$) y SCP/Long.A. ($F_{(1;79)}=5.51$; $P<0.0001$) con $R^2_{ajustado}=65.3\%$. La asociación HP/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 56.5% y HP/Long.A.-SCP/Long.A. el 10.7% de V_P . La $H^2_{ajustada}=0.1093\pm0.1351$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141, Anexo B). Esto podría explicarse por r_G alta y antagónica de HP/Long.A.-PHD/Long.A. ($r_G=-0.9222\pm0.0339$) y directa con HP/Long.A.-SCP/Long.A. ($r_G=0.9955\pm0.0817$).

En machos, se incluyeron: PHD/Long.A. ($F_{(1;65)}=19.05$; $P<0.0001$), HD/Long.A. ($F_{(1;65)}=26.07$; $P<0.0001$), AD/Long.A. ($F_{(1;65)}=10.62$; $P=0.0018$), PSD/Long.A. ($F_{(1;65)}=12.17$; $P<0.0009$) y PSP/Long.A. ($F_{(1;65)}=6.27$; $P=0.0148$) con $R^2_{ajustado}=66.3\%$. La asociación HP/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 47.6%, HP/Long.A.-HD/Long.A. el 10.5%, HP/Long.A.-PSD/Long.A. el 5.5%, HP/Long.A.-AD/Long.A. el 2.4% y 0.0% por HP/Long.A.-PSP/Long.A. de V_P . Al ajustar el modelo, excluyendo a PSP/Long.A. y PSD/Long.A., se obtuvo un $R^2_{ajustado}$ similar (66.4%) y el siguiente aporte a la V_P de HP/Long.A.: 47.4% por PHD/Long.A., 10.4% por HD/Long.A. y 2.4% AD/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.1326\pm0.2483$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G alta y antagónica de HP/Long.A. con

PHD/Long.A. ($r_G = -0.9690 \pm 0.0218$), HD/Long.A. ($r_G = -0.7083 \pm 0.0586$); y con AD/Long.A. ($r_G = -0.7575 \pm 0.0679$).

HD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada} = 0.5954 \pm 0.2129$ y en machos, $H^2_{estimada} = 0.9803 \pm 0.1972$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-quinta etapa incluyó: PSP/Long.A. ($F_{(1;78)} = 13.56$; $P = 0.0004$), PSD/Long.A. ($F_{(1;78)} = 4.02$; $P = 0.0484$) y PD/Long.A. ($F_{(1;78)} = 10.71$; $P = 0.0016$) con $R^2_{ajustado} = 38.8\%$. La asociación HD/Long.A.-PSP/Long.A. explicó 5.5%, HD/Long.A.-PSD/Long.A., 0.0% y HD/Long.A.-PD/Long.A. 3.8% de V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.6861 \pm 0.2327$. Excluyendo a PSD/Long.A. se obtuvo un $R^2_{ajustado}$ similar (38.1%) y el aporte a la V_p de HP/Long.A. fue de 5.1% por PSP/Long.A. y 3.3% por PD/Long.A.. La $H^2_{ajustada} = 0.6696 \pm 0.2292$, fue similar a la estimada (Tabla 141, Anexo B). En machos se incluyeron a: HP/Long.A. ($F_{(1;57)} = 18.70$; $P < 0.0001$) y PSP/Long.A. ($F_{(1;57)} = 14.30$; $P < 0.0004$ con un $R^2_{ajustado} = 61.9\%$. HD/Long.A.-HP/Long.A. explicó 23.4%, HD/Long.A.-PSP/Long.A. 21.11% de la V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.2854 \pm 0.1695$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142, Anexo B). Esto podría explicarse por las r_G altas y antagónicas de HD/Long.A.-HP/Long.A. ($r_G = -0.7083 \pm 0.0586$) y HD/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G = -0.8067 \pm 0.0482$).

PSP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada} = 0.2940 \pm 0.1650$ y en machos, $H^2_{estimada} = 0.7467 \pm 0.1990$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-quinta etapa, incluyó: HD/Long.A. ($F_{(1;78)} = 8.31$; $P = 0.0051$), PSD/Long.A. ($F_{(1;78)} = 4.43$; $P = 0.0385$) y SP/Long.A. ($F_{(1;78)} = 6.69$; $P = 0.0115$) con $R^2_{ajustado} = 41.6\%$. La asociación PSP/Long.A.-HD/Long.A., explicó 7.27%, PSP/Long.A.-PSD/Long.A. 10.2% y PSP/Long.A.-SP/Long.A. 6.5% de la V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.4510 \pm 0.2068$. Cuando se excluyó SP/Long.A. se obtuvo un $R^2_{ajustado}$ similar (40.6%) y el siguiente aporte a la V_p de PSP/Long.A.: 7.7% por HD/Long.A. y 10.3% por PSD/Long.A. La $H^2_{ajustada} = 0.5014 \pm 0.2067$, fue mayor que la calculada anteriormente (Tabla 141). Este aumento podría explicarse por r_E alta y antagónica de PSP/Long.A.-HD/Long.A. ($r_E = -0.6297 \pm 0.0659$) y por r_G y r_E antagónicos con PSD/Long.A. ($r_G = -0.1552 \pm 0.0879$; $r_E = -0.5167 \pm 0.0726$).

En machos, en la tercera etapa, se incluyeron: HD/Long.A. ($F_{(1;74)} = 40.12$; $P < 0.0001$) y PSD/Long.A. ($F_{(1;74)} = 20.71$; $P = 0.0002$) con $R^2_{ajustado} = 54.2\%$. La asociación PSP/Long.A.-HD/Long.A. explicó 32.64% y PSP/Long.A.-PSD/Long.A. 17.65% de la V_p . La

$H^2_{ajustada}=0.1459\pm0.1380$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142, Anexo B). Esto podría explicarse por r_G alta y antagónica de PSP/Long.A con HD/Long.A. ($r_G=-0.8067\pm0.0482$) y con PSD/Long.A. ($r_G=-0.8450\pm0.0441$).

PSD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=0.4565\pm0.1948$ y en machos, $H^2_{estimada}=0.8042\pm0.2003$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-quinta etapa incluyó: SP/Long.A. ($F_{(1;91)}=35.05$; $P<0.0051$) y PP/Long.A. ($F_{(1;91)}=6.63$; $P=0.0116$) con $R^2_{ajustado}=0.2784$. La asociación PSD/Long.A.-SP/Long.A. explicó 11.28% de la V_P de y PSD/Long.A.-PP/Long.A. el 0.00%. Cuando se excluyó PP/Long.A., se obtuvo $R^2_{ajustado}$ mayor (34.9%) y el aporte a la V_P por SP/Long.A. fue 20.6%. La $H^2_{ajustada}=0.3158\pm0.2067$ fue menor que la estimada (Tabla 141). Esto podría explicarse por r_G alta y r_E intermedia antagónicas de PSD/Long.A con SP/Long.A. ($r_G=-0.5692\pm0.0721$; $r_E=-0.3996\pm0.0804$).

En machos, en la quinta etapa se incluyó a PSP/Long.A. ($F_{(1;58)}=16.70$; $P=0.0001$; $R^2_{ajustado}=58.7\%$). Esta asociación explicó 36.7% de la V_P de PSD/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.3741\pm0.1732$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G alta, antagónica y r_E intermedia antagónica de PSD/Long.A.-PSP/Long.A. ($r_G=-0.8450\pm0.0441$; $r_E=-0.3305\pm0.0778$).

SP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=0.3663\pm0.1850$ y en machos, $H^2_{estimada}=0.2862\pm0.1599$. En hembras, el análisis de regresión múltiple-quinta etapa incluyó: PSP/Long.A. ($F_{(1;89)}=6.97$; $P<0.0098$), PSD/Long.A. ($F_{(1;89)}=18.09$; $P<0.0001$), PRSD/Long.A. ($F_{(1;89)}=18.33$; $P<0.0001$) y PD/Long.A. ($F_{(1;89)}=11.82$; $P=0.0009$) con $R^2_{ajustado}=47.6\%$. La asociación SP/Long.A.-PSP/Long.A. explicó 17.4%, SP/Long.A.-PSD/Long.A. 8.8%, SP/Long.A.-PRSD/Long.A. 11.1% y SP/Long.A.-PD/Long.A. 4.7% de la V_P . La $H^2_{ajustada}=0.0579\pm0.1382$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141). Esta reducción podría explicarse por r_G y r_E altas y directas de SP/Long.A.-PSP/long.A. ($r_G=0.4070\pm0.0807$; $r_E=0.4643\pm0.0783$), r_G y r_E antagónicas de SP/Long.A-PSD/Long.A. ($r_G=-0.5692\pm0.0721$; $r_E=-0.3996\pm0.0804$), PRSD/Long.A. ($r_G=-0.8266\pm0.0496$; $r_E=-0.2945\pm0.0841$) y PD/Long.A. ($r_G=-0.4098\pm0.0441$).

En machos, en la quinta etapa se incluyó a PRSD/Long.A. ($F_{(1;58)}=24.35$; $P<0.0001$; $R^2_{ajustado}=54.3\%$). Esta asociación explicó 22.5% de la V_p de SP/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.2410\pm0.1565$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esta reducción podría explicarse por r_G y r_E antagónicas de SP/Long.A con PRSD/Long.A. ($r_G=-0.4785\pm0.0737$; $r_E=-0.5137\pm0.0720$).

PRSD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=0.5122\pm0.2087$ y en machos, $H^2_{estimada}=0.4888\pm0.1856$ (Tabla 142). En hembras, el análisis de regresión múltiple-sexta etapa, incluyó: PHD/Long.A. ($F_{(1;77)}=8.53$; $P<0.0046$), SP/Long.A. ($F_{(1;77)}=10.75$; $P<0.0016$), ASP/Long.A. ($F_{(1;77)}=12.31$; $P=0.0008$) y PD/Long.A. ($F_{(1;77)}=12.06$; $P=0.0008$) con $R^2_{ajustado}=50.6\%$. La asociación PRSD/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 0.0%, PRSD/Long.A.-SP/Long.A. 24.7%, PRSD/Long.A.-ASP/Long.A. 0.6% y PRSD/Long.A.-PD/Long.A. 2.1% de la V_p . La $H^2_{ajustada}=0.3629\pm0.2105$. Cuando se excluyeron PHD/Long.A. y ASP/Long.A., se obtuvo un $R^2_{ajustado}$ similar (40.0%) y el aporte a la V_p de PRSD/Long.A. fue 25.1% por SP/Long.A. y 1.7% por PD/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.2967\pm0.1862$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141). Esto podría explicarse por r_G y r_E antagónicas de PRSD/Long.A con SP/Long.A. ($r_G=-0.8266\pm0.0496$; $r_E=-0.2945\pm0.0841$) y con r_G directo y r_E antagónico de PRSD/Long.A.-PD/Long.A. ($r_G=0.1609\pm0.0901$; $r_E=-0.3122\pm0.0867$).

En machos, en la quinta etapa, se incluyeron: SP/Long.A. ($F_{(1;72)}=35.74$; $P<0.0001$), ASP/Long.A. ($F_{(1;72)}=23.27$; $P<0.0001$), DSD/Long.A. ($F_{(1;72)}=5.31$; $P<0.0240$) y PD/Long.A. ($F_{(1;72)}=7.52$; $P<0.0240$), con $R^2_{ajustado}=49.5\%$). La asociación PRSD/Long.A.-SP/Long.A., explicó 21.9%, PRSD/Long.A.-ASP/Long.A. 10.8%, PRSD/Long.A.-DSD/Long.A. 8.5% y PRSD/Long.A.-PD/Long.A. 1.1% de la V_p . La $H^2_{ajustada}=0.2601\pm0.1765$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse porque r_G y r_E de PRSD/Long.A. con SP/Long.A. ($r_G=-0.4785\pm0.0737$; $r_E=-0.5137\pm0.0720$), ASP/Long.A. ($r_G=-0.1660\pm0.0828$; $r_E=-0.4597\pm0.0745$) y PD/Long.A. ($r_G=-0.7575\pm0.0575$; $r_E=-0.4752\pm0.0775$) son antagónicas y porque r_G antagónica y r_E directa de PRSD/Long.A.-DSD/Long.A. ($r_G=-0.7076\pm0.0593$; $r_E=0.3349\pm0.0791$)

ASP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada} = -0.0120 \pm 0.0886$ (Tabla 141) no se diferencia significativamente de 0. El análisis de regresión múltiple-sexta etapa incluyó: PHD/Long.A. ($F_{(1;77)} = 4.23$; $P = 0.0430$), PRSD/Long.A. ($F_{(1;77)} = 17.71$; $P < 0.0001$), DSD/Long.A. ($F_{(1;77)} = 17.02$; $P < 0.0001$) y PD/Long.A. ($F_{(1;77)} = 7.18$; $P = 0.0090$), con $R^2_{ajustado} = 46.4\%$. La asociación ASP/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 0.5%, ASP/Long.A.-PRSD/Long.A. 2.5%, ASP/Long.A.-DSD/Long.A. 2.4% y ASP/Long.A.-PD/Long.A. 0.9%, de la V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.0942 \pm 0.1411$ fue mayor que la estimada (Tabla 141, Anexo B) pero no se diferenció significativamente de 0. Las r_G de ASP/Long.A. con PHD/Long.A., PRSD/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. y r_E con PHD/Long.A. no se estimaron por las razones expuestas en la Tabla 159. Las r_E de ASP/Long.A.-DSD/Long.A. ($r_E = -0.0120 \pm 0.0886$) y ASP/Long.A.-PD/Long.A. ($r_E = -0.0120 \pm 0.0886$) fueron antagónicas y significativas. Por lo tanto, la V_p de ASP/Long.A. está más relacionada con el componente ambiental y la afecta de manera antagonica respecto a DSD/Long.A. y PD/Long.A.

En machos, $H^2_{estimada} = 0.2600 \pm 0.1550$ (Tabla 142) fue significativamente diferente de 0. El análisis de regresión múltiple-tercera etapa incluyó: PRSD/Long.A. ($F_{(1;74)} = 19.31$; $P < 0.0001$) y DSD/Long.A. ($F_{(1;74)} = 17.44$; $P < 0.0001$), con $R^2_{ajustado} = 29.6\%$. La asociación ASP/Long.A.-PRSD/Long.A. explicó 11.8% y ASP/Long.A.-DSD/Long.A., 17.5% de la V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.1511 \pm 0.1437$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G y r_E antagónicas de ASP/Long.A. con PRSD/Long.A. ($r_G = -0.1660 \pm 0.0828$; $r_E = -0.4597 \pm 0.0745$) y con DSD/Long.A. ($r_G = -0.3727 \pm 0.0779$; $r_E = -0.4056 \pm 0.0767$).

DSD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada} = 0.8935 \pm 0.2291$. El Análisis de regresión múltiple-tercera etapa incluyó ASP/Long.A. ($F_{(1;80)} = 22.61$; $P < 0.0001$). Esta asociación explicó 6.25% de la V_p . La $H^2_{ajustada} = 0.4698 \pm 0.2257$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141). Esta reducción podría explicarse por r_E antagonica de DSD/Long.A.-ASP/Long.A. ($r_E = -0.4944 \pm 0.0768$). Por ello, la heredabilidad puede ser sobreestimada por r_E antagónica.

En machos, la $H^2_{estimada} = 0.6244 \pm 0.1926$. El análisis de regresión múltiple-quinta etapa, incluyó: PHD/Long.A. ($F_{(1;56)} = 4.59$; $P = 0.0366$), ASP/Long.A. ($F_{(1;56)} = 4.52$; $P = 0.0379$) y SCP/Long.A.

($F_{(1;56)}=28.19$; $P<0.0001$), con un $R^2_{\text{ajustado}}=62.7\%$. La asociación DSD/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 3.5%, DSD/Long.A.-ASP/Long.A. 12.8% y DSD/Long.A.-SCP/Long.A. 28.7% de la V_p . La $H^2_{\text{ajustada}}=0.3267\pm0.1966$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G directa de DSD/Long.A.-PHD/Long.A. ($r_G=0.9278\pm0.0330$); por r_G y r_E antagonicas con ASP/Long.A. ($r_G=-0.3727\pm0.0779$; $r_E=-0.4056\pm0.0767$) y por r_G antagonica con SCP/long.A. ($r_G=-0.7510\pm0.0539$).

SCP/Long.A. En hembras, $H^2_{\text{estimada}}=1.0928\pm0.2209$. El Análisis de regresión múltiple-quinta etapa incluyó: HP/Long.A. ($F_{(1;89)}=40.76$; $P<0.0001$), DSD/Long.A. ($F_{(1;89)}=6.06$; $P<0.0157$), PD/Long.A. ($F_{(1;89)}=28.72$; $P<0.0001$) y PP/Long.A. ($F_{(1;89)}=15.97$; $P<0.0001$) con un $R^2_{\text{ajustado}}=53.9\%$. SCP/Long.A.-HP/Long.A. explicó 39.1%, SCP/Long.A.-DSD/Long.A. 11.7%, SCP/Long.A.-PD/Long.A. 6.3% y SCP/Long.A.-PP/Long.A. 10.0% de la V_p . La $H^2_{\text{ajustada}}=0.2660\pm0.1909$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141). Esto podría explicarse por r_G directa de SCP/Long.A.-HP/Long.A. ($r_G=0.99955\pm0.0817$) y SCP/Long.A.-PP/Long.A. ($r_G=0.6488\pm0.0698$) y por r_G antagónica con DSD/Long.A. ($r_G=-0.8448\pm0.0454$) y PD/long.A. ($r_G=-0.5279\pm0.0739$).

En machos, $H^2_{\text{estimada}}=1.5704\pm0.1193$. El análisis de regresión múltiple-quinta etapa, incluyó: PHD/Long.A. ($F_{(1;56)}=7.41$; $P=0.0086$), DSD/Long.A. ($F_{(1;56)}=23.81$; $P<0.0001$) y PD/Long.A. ($F_{(1;56)}=9.91$; $P=0.0026$), con $R^2_{\text{ajustado}}=84.0\%$. La asociación SCP/Long.A.-PHD/Long.A. explicó 29.3%, SCP/Long.A.-DSD/Long.A. 16.0% y SCP/Long.A.-PD/Long.A., 5.9% de la V_p . La $H^2_{\text{ajustada}}=0.6605\pm0.2208$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G antagónica de SCP/Long.A. con PHD/Long.A. ($r_G=-0.9143\pm0.0361$), SCP/Long.A.-PP/Long.A. ($r_G=-0.7512\pm0.0539$), SCP/Long.A.-DSD/Long.A. ($r_G=-0.7510\pm0.0539$) y SCP/Long.A.-PD/long.A. ($r_G=-0.7611\pm0.0554$).

PD/Long.A. En hembras, $H^2_{\text{estimada}}=0.7297\pm0.2274$. El análisis de regresión múltiple-séptima etapa, incluyó: HD/Long.A. ($F_{(1;77)}=8.62$; $P=0.0044$), PRSD/Long.A. ($F_{(1;77)}=11.87$; $P=0.0009$), ASP/Long.A. ($F_{(1;77)}=4.82$; $P=0.0312$) y SCP/Long.A. ($F_{(1;77)}=27.10$; $P<0.0001$) con $R^2_{\text{ajustado}}=51.1\%$. PD/Long.A.-HD/Long.A. explicó 3.9% PD/Long.A.-PRSD/Long.A. 0.1%, PD/Long.A.-ASP/Long.A. 0.2% y PD/Long.A.-SCP/Long.A. 16.3% de la V_p . La

$H^2_{ajustada}=0.6507\pm0.2366$. Cuando se excluyó PRSD/Long.A. y ASP/Long.A., se obtuvo un $R^2_{ajustado}$ similar al anterior (50.1%) y la varianza explicada de PD/Long.A.-HD/Long.A. fue 4.7% y 19.3% por SCP/Long.A.. La $H^2_{ajustada}=0.5836\pm0.2223$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G directa de PD/Long.A.-HD/Long.A ($r_G=0.1707\pm0.0867$) y r_G antagónica con SCP/Long.A ($r_G=-0.5279\pm0.0739$).

En machos, $H^2_{estimada}=0.7903\pm0.204$. El análisis de regresión múltiple-cuarta etapa, incluyó: SCP/Long.A. ($F_{(1;89)}=24.65$; $P<0.0001$) y PP/Long.A. ($F_{(1;89)}=9.68$; $P=0.0029$) con un $R^2_{ajustado}=53.7\%$. La asociación PD/Long.A.-SCP/Long.A. explicó 33.4% y PD/Long.A.-PP/Long.A., 9.1% de la V_p . La $H^2_{ajustada}=0.3398\pm0.21056$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G antagónica de PD/Long.A.-SCP/Long.A ($r_G=-0.7611\pm0.0554$) y por r_G antagónica y r_E directa con PP/Long.A ($r_G=-0.7579\pm0.0625$; $r_E=0.3570\pm0.0895$).

PP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=0.5372\pm0.2165$. Los análisis de regresión múltiple-cuarta etapa, incluyó: HP/Long.A. ($F_{(1;77)}=4.39$; $P=0.0393$) y AD/Long.A. ($F_{(1;77)}=4.39$; $P=0.0105$) con $R^2_{ajustado}=63.5\%$. PP/Long.A.-HP/Long.A. explicó 10.1% de la V_p y PP/Long.A.-AD/Long.A., 3.2%. La $H^2_{ajustada}=0.1897\pm0.1725$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G antagónica de PP/Long.A.-AD/Long.A ($r_G=-0.8415\pm0.0511$).

En machos, $H^2_{estimada}=0.7009\pm0.2166$. Los análisis de regresión múltiple-tercera etapa, incluyó: PD/Long.A. ($F_{(1;74)}=10.91$; $P=0.0015$) y AD/Long.A. ($F_{(1;74)}=23.87$; $P<0.0001$), con $R^2_{ajustado}=37.6\%$. Esta asociación explicó 20.8% de la V_p de PP/Long.A.-PD/Long.A. y el 15.8% por PP/Long.A.-AD/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.2900\pm0.2100$ fue significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esto podría explicarse por r_G antagónica y r_E directo de PP/Long.A.-PD/Long.A ($r_G=-0.7579\pm0.0625$; $r_E=0.3570\pm0.0895$) y por r_G y r_E antagónicas de PP/Long.A.-AD/Long.A ($r_G=-0.5478\pm0.0848$; $r_E=-0.4423\pm0.0906$).

AD/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=1.0082\pm0.2345$. Los Análisis de regresión múltiple-sexta etapa, incluyó: PP/Long.A. ($F_{(1;78)}=8.18$; $P=0.0054$), PSD/Long.A. ($F_{(1;78)}=4.33$; $P<0.0001$) y DSD/Long.A. ($F_{(1;78)}=4.39$; $P=0.0105$) con $R^2_{ajustado}=44.2\%$. PSD/Long.A. explicó 0.6% de la V_p

de AD/Long.A., DSD/Long.A. 12.4% y 7,6% por PP/Long.A. La $H^2_{ajustada}=0.6775\pm0.2416$. Cuando se excluyó, la variable PSD/Long.A., con $R^2_{ajustado}$ mayor que el anterior (53.9%), AD/Long.A.-DSD/Long.A. explicó el 12.3% de la V_P y AD/Long.A.-PP/Long.A. el 7.3%. La $H^2_{ajustada}=0.5980\pm0.2336$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141). Esto podría explicarse por r_G antagónicas de AD/Long.A. con PP/Long.A. ($r_G=-0.8415\pm0.0511$) y con PSD/Long.A. ($r_G=-0.2466\pm0.0920$) y por r_G directa de AD/Long.A.-DSD/Long.A. ($r_G=0.8590\pm0.0488$).

En machos, $H^2_{estimada}=0.7844\pm0.2254$. Los Análisis de regresión múltiple-cuarta etapa, incluyeron: PP/Long.A. ($F_{(1;57)}=14.66$; $P=0.0003$) y HP/Long.A. ($F_{(1;57)}=7.25$; $P=0.0093$), con $R^2_{ajustado}=50.1\%$. La asociación AD/Long.A.-HP/Long.A. explicó 25.22% de la V_P y AD/Long.A.-PP/Long.A. el 14.90%. La $H^2_{ajustada}=0.2528\pm0.2145$, significativamente menor que la estimada (Tabla 142). Esta reducción podría explicarse por r_G antagónica y r_E directo de AD/Long.A.-PP/Long.A. ($r_G=-0.7579\pm0.0625$; $r_E=0.3570\pm0.0895$) y por r_G antagónico de AD/Long.A.-HP/Long.A. ($r_G=-0.7576\pm0.0679$).

AP/Long.A. En hembras, $H^2_{estimada}=0.8688\pm0.2656$. El análisis de regresión múltiple-tercera etapa, incluyó AD/Long.A. ($F_{(1;58)}=7.94$; $P=0.0008$) con $R^2_{ajustado}=43.0\%$. AD/Long.A. explicó el 24.9% de la V_P . La $H^2_{ajustada}=0.4468\pm0.2482$, fue significativamente menor que la estimada (Tabla 141).

En machos, la $H^2_{estimada}=0.2451\pm0.2713$, no fue significativamente mayor que cero. El análisis de regresión múltiple-segunda etapa, incluyó: HP/Long.A. ($F_{(1;57)}=14.66$; $P=0.0003$) y HD/Long.A. ($F_{(1;44)}=7.94$; $P=0.0072$), con $R^2_{ajustado}=13.4\%$. La asociación AP/Long.A.-HP/Long.A. explicó 11.4% de la V_P . Esto podría explicarse por r_G directa de AP/Long.A.-AD/Long.A. ($r_G=0.6225\pm0.1007$) y por r_G antagónico de AP/Long.A.-HD/Long.A. ($r_G=-0.4282\pm0.1230$).

4.7 MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA (MG) en *An. benarrochi* B.

4.7.1 Hembras grávidas (progenitoras) de *An. benarrochi* B. Se tomaron siete hembras grávidas recolectadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo. En cada ala, se asignaron 12 “landmarks” para Al.Izq. y Al.Der., siguiendo a Calle et al. (2008). Se realizaron dos repeticiones (Tabla 161), se obtuvo: una matriz con 28 configuraciones (7 madres, 2 lados y 2 repeticiones) y 24 variables (coordenadas x, y=12 landmarks*2), la configuración consenso, la translación de los objetos sobre un mismo centroide, generándose una matriz/objeto (No. de matrices=28). Luego, los especímenes fueron rotados y alineados generándose el último consenso. Con dos iteraciones se consiguieron los PW. El componente uniforme se estimó de acuerdo con Rohlf (1996). Se estimaron 24 “eigenvalues” y su suma fue 0,001178 (Tabla 162). Se estimaron los CP de los residuos Procrustes. La contribución de los primeros tres CP fue del 79.26% (Tabla 163).

Se estimó la alometría con los CP. Se realizó una regresión lineal entre el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) y los tamaños centroide (X). Esta regresión mostró un $r=-0.475$ y un $r^2=0.226$. El valor de t de Student con 26 G.L. fue 2.75 ($p=0.0054$). Por lo tanto, se observó un efecto significativo del tamaño sobre las VC (Figura 4).

Para el análisis de la variación del tamaño entre parejas de repeticiones se estimó el promedio ($\bar{R}_1=3355.3$; $\bar{R}_2=3358.0$) y la varianza ($\sigma_{R1}^2=700422.9$; $\sigma_{R2}^2=693354.9$). La comparación de las dos repeticiones no mostró diferencias significativas para los tamaños promedios ($t_{(26 \text{ G.L.})}=0.0087$; $P=0.9931$), ni para las varianzas ($F_{(v1=13; v2=13 \text{ G.L.})}=1.0102$; $P=0.9857$). El análisis de la repetibilidad (R) para tamaño mostró un $R=0.9999$ y para las VC, $R=0.9552$. Estos valores indican que las mediciones fueron muy precisas.

Tabla 161. Matriz de datos para el análisis del tamaño y la conformación del ala en *An. benarrochi*. LM representa el punto de referencia o “landmark” y X_{IJK} representa la pareja x, y de coordenadas de referencia donde i indica la progenitora, j el ala izquierda o derecha y k la repetición de la medición.

Indo	Repetición	LM1	LM2	LM3	LM4	LM5	LM6	LM7	LM8	LM9	LM10	LM11	LM12
1	1	$X_{006,1,1,1}$	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	$X_{006,1,1,12}$
2	1	.											
1	1	.											
2	1	.											
1	1	.											
2	1	.											
1	1	.											
2	1	.											
1	1	.											
2	1	.											
1	1	.											
2	1	$X_{032,2,1,1}$	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	$X_{032,2,1,12}$
1	2	$X_{006,1,2,1}$	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	$X_{006,1,2,12}$
2	2	.											
1	2	.											
2	2	.											
1	2	.											
2	2	.											
1	2	.											
2	2	.											
1	2	.											
2	2	.											
1	2	.											
2	2	.											
1	2	.											
2	2	$X_{32,2,2,1}$	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	$X_{32,2,2,12}$

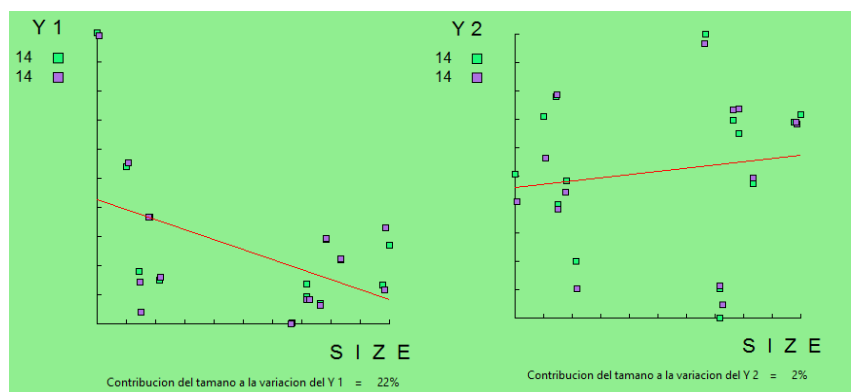
Tabla 162. Porcentaje de contribución (%) de cada uno de los 24 componentes principales (CP).

Componente Principal	%	Componente Principal	%
Contribución PC01	0.48650964	Contribución PC13	0.00223117
Contribución PC02	0.21486304	Contribución PC14	0.00153058
Contribución PC03	0.09121625	Contribución PC15	0.00103285
Contribución PC04	0.06818438	Contribución PC16	0.00079426
Contribución PC05	0.04364981	Contribución PC17	0.00036169
Contribución PC06	0.02689415	Contribución PC18	0.00026196
Contribución PC07	0.02268444	Contribución PC19	0.00023267
Contribución PC08	0.01467738	Contribución PC20	0.00010937
Contribución PC09	0.00831937	Contribución PC21	0.00000000
Contribución PC10	0.00770618	Contribución PC22	0.00000000
Contribución PC11	0.00513036	Contribución PC23	0.00000000
Contribución PC12	0.00361044	Contribución PC24	0.00000000

Tabla 163. Contribución de los tres primeros componentes principales o “eigenvectors”.

CP1	CP2	CP3	CP1	CP2	CP3
0.129	0.062	-0.284	-0.373	0.201	0.076
-0.053	0.151	0.165	-0.157	-0.278	0.023
0.146	0.049	-0.259	-0.033	-0.143	-0.395
-0.066	0.090	0.151	-0.043	-0.252	-0.145
0.088	-0.005	0.026	0.164	0.004	-0.214
-0.098	0.077	0.036	0.069	0.176	0.364
-0.214	0.130	0.021	0.355	-0.347	0.351
-0.122	-0.149	-0.059	0.315	0.341	0.052
-0.218	0.237	0.058	0.276	-0.320	0.247
-0.123	-0.263	-0.019	0.393	0.382	-0.158
-0.364	0.122	0.084	0.044	0.010	0.289
-0.153	-0.246	-0.058	0.038	-0.029	-0.354

Figura 4. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR₁ (Y₁) o el Factor canónico 2, FCR₂ (Y₂) y como variable predictora los tamaños centroide (X) para *An. benarrochi* B de color verde se indican las 14 alas de la repetición 1 y con color morado las 14 alas de la repetición 2.



Para el análisis de asimetría se compararon Al.Izq. con Al.Der. de cada individuo. Se siguieron los pasos descritos en el análisis de repeticiones (Anexo A numeral 5.2.2). Para el tamaño centroide (Tabla 164) y las VC (Tabla 165), las ANOVAs, el efecto madres y la interacción entre lado*madre fueron significativos. Esto podría deberse a diferencias genéticas entre madres o varianza de ambiente comun aportada por variables microambientales dentro de los envases de cria de las progenies y la significancia de la interacción podría indicar la existencia AF en el tamaño y la conformación del ala (Klingenberg y Monteiro, 2005). No se detectaron diferencias significativas entre Al.Izq. y Al.Der., indicando que no existe un efecto significativo aportado por DA.

Tabla 164. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986). Donde “r” representa el número de madres=7; “c” el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; “n” el número de repeticiones (R₁ y R₂)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	13	18118047.612	1393695.970	17481.86	<0.0001
Madres	6	17989317.358	2998219.560	139.75	<0.0001
Lado	1	1.298	1.298	0.00	0.9940
Lado*Madre	6	128728.955	21454.826	269.12	<0.0001
Residual	14	1116.114	79.722		
Total	27	18119163.725			

Tabla 165. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg McIntyre, 1998). Donde L representa el número de variables de conformación=20; r el número de madres=7; c el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; n=número de repeticiones (R_1 y R_2)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	260	0.02960	0.000114	22.44	<0.0001
madres	120	0.02140	0.000178	2.94	<0.0001
Lado	20	0.00100	0.000048	0.79	0.7261
Lado*madre	120	0.00730	0.000061	11.94	<0.0001
Residual	280	0.00140	0.000005		
Total	540	0.03100			

4.7.2 Progenies hembras procedentes de hembras grávidas (progenitoras) de *An. benarrochi* B.

Se tomaron 15 familias de progenies hembras. A cada espécimen/progenie se le asignaron los mismos 12 “landmarks” de sus madres con dos repeticiones. Se realizó el procedimiento descrito para progenitoras. En la Figura 5-lado izquierdo se indican los 12 puntos LM y en el lado derecho, la conformación promedio entre las dos repeticiones. En la Figura 6 se observó que las dos repeticiones se superponen y en el diagrama de barras, 185 especímenes de 188 comparten el mismo intervalo, indicando que la ubicación de los puntos no muestra variaciones que desvirtúen la toma de datos.

Figura 5. Puntos de referencia o landmarks del ala y conformación consenso de las progenies hembras en *An. benarrochi* B. El punto rojo indica repetición 1 y el punto negro repetición 2. El numero 94 corresponde al número de alas medidas.

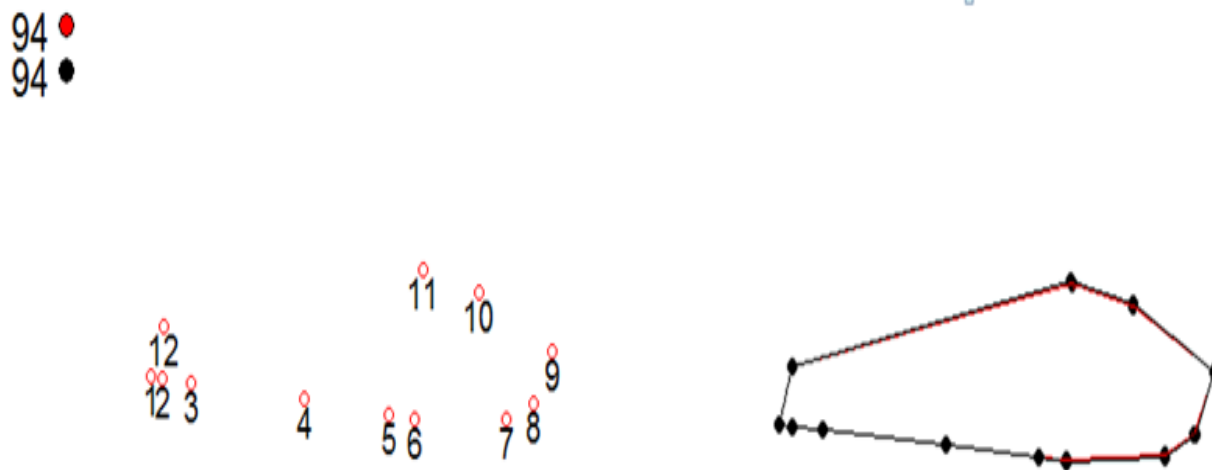
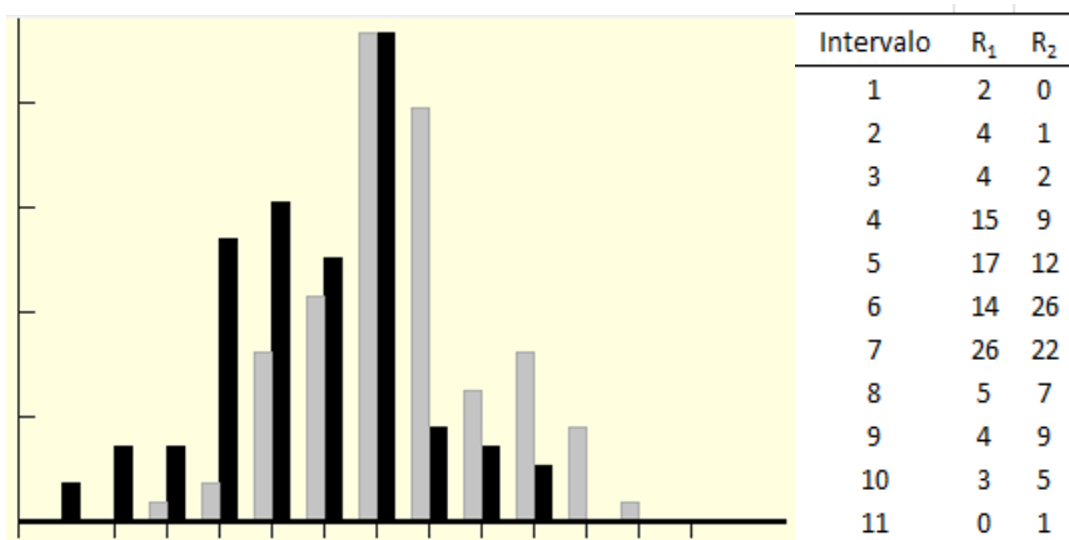
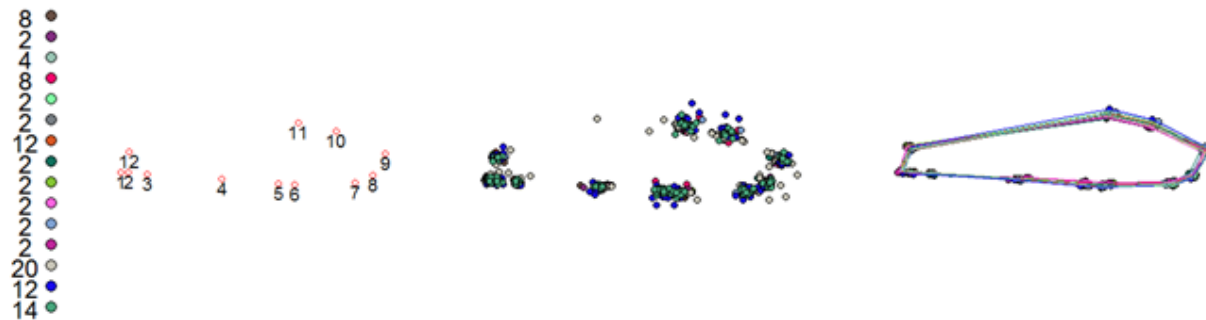


Figura 6. Diagrama de barras para las conformaciones del ala en las progenies hembras de *An. benarrochi* B. Donde en el eje “Y” se indica el número de alas dentro de cada intervalo y el eje de las X corresponde al Factor discriminante 1, el cual está dividido en 11 intervalos. El color negro representa las conformaciones de la repetición 1 (R_1) y el color gris las conformaciones de la repetición 2 (R_2).



Una vez confirmada la validez de las mediciones, se llevó a cabo el mismo análisis, considerando como variable categórica “madres”. En la Figura 7-lado izquierdo, se indican los 12 puntos LM y en la Figura 7-lado derecho, la conformación promedio generada por las dos repeticiones.

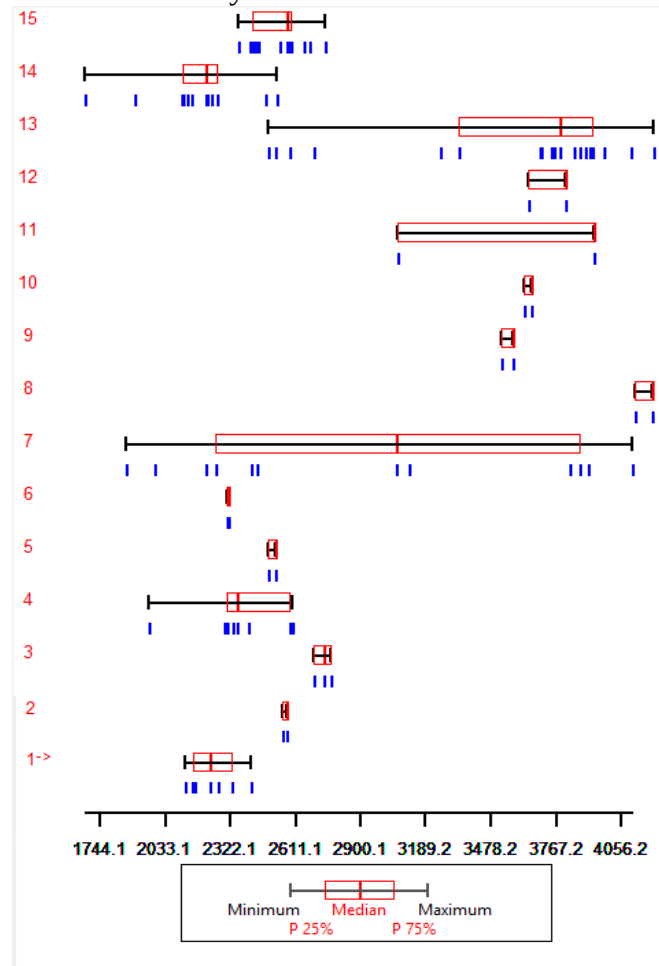
Figura 7. De izquierda a derecha se indican los puntos de referencia o landmarks, la ubicación de las 94 alas medidas y conformación consenso de las progenies hembras de *An. benarrochi* B. Cada color corresponde a cada progenie hembras y el número indica la cantidad de alas derechas e izquierdas medidas por familia.



Con estas coordenadas se estimaron el tamaño centroide y los PW para las hembras. En la Figura 8 se indica los rangos comparativos P_{25} - P_{75} o cuartiles 1 y 3 de las 15 progenies estudiadas. Se

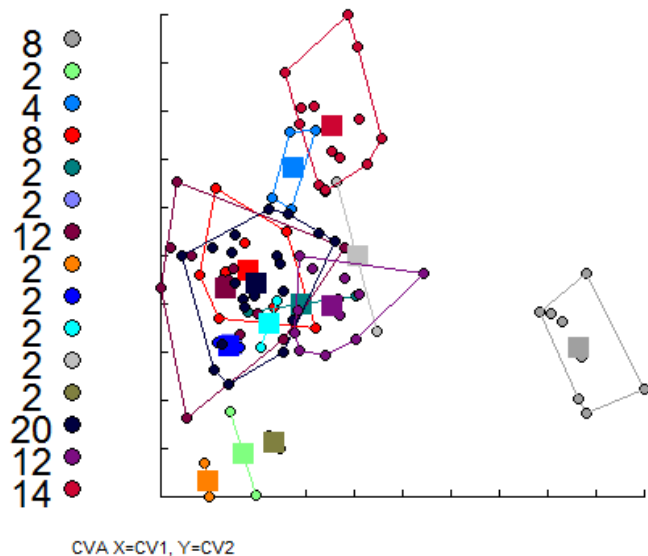
puede observar que existen diferencias en el tamaño de varias isofamilias. También se llevó a cabo un análisis discriminante para saber si existen diferencias significativas entre las conformaciones de las familias estudiadas.

Figura 8. Rangos comparativos P25-P75 o cuartiles 1 y 3 considerando como medida de tendencia central a la mediana (cajas rojas). Las barras azules representan las alas medidas/familia y los números del 1 al 15 las familias estudiadas en *An. benarrochi* B.



La Figura 9 muestra la distribución de las alas izquierdas y derechas/familia para las CV_1 y CV_2 . Se puede observar que existen familias con conformación diferente, por ejemplo, la familia P_0 (gris).

Figura 9. Representación de los especímenes estudiados usando como ejes las dos variables canónicas (CV_1 , CV_2) resultante del análisis discriminante basados en los PW. Los diferentes colores representan las diferentes familias y los recuadros bordean a los especímenes hembras de *An. benarrochi* B. Los cuadrados corresponden a los centroides de cada familia. Los números indican las alas medidas por familia.



Como se observaron diferencias entre familias para el tamaño y la conformación alar se probó la alometría residual siguiendo el procedimiento descrito en el Anexo A, numeral 5.2.2 (Figura 10). La regresión con el primer componente (Y_1) mostró un $r = -0.357$ y un $r^2 = 0.127$ ($t_{(92 \text{ G.L.})} = 3.66$; $P = 0.0265$). Por lo tanto, se registró un efecto significativo del tamaño sobre las VC.

Para el análisis de asimetría se siguieron los pasos descritos en el análisis de repeticiones. Se aplicó un ANOVA de dos vías para el tamaño centroide (Tabla 166) y un ANOVA Procrustes para las VC (Tabla 167). Las dos ANOVAS fueron altamente significativas. Se observaron diferencias significativas entre familias, las cuales podrían deberse a V_G aportada por las progenitoras o al ambiente común de los recipientes de cría. No existen diferencias significativas entre Al.Izq. y Al.Der., por lo tanto, no se detecta DA significativa en hembras. En cambio, la interacción entre lado*madre sí fue significativa, indicando con ello la existencia de AF. Las diferencias significativas entre madres podrían deberse a diferencias genéticas aportadas por los lugares de procedencia o ambientales aportados por los recipientes donde se desarrollaron las progenies.

Figura 10. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) o el Factor canónico 2, FCR_2 (Y_2) y como variable predictora los tamaños centroide (X). Los colores señalan las hembras/familia y los números el tamaño de muestreo/familia.

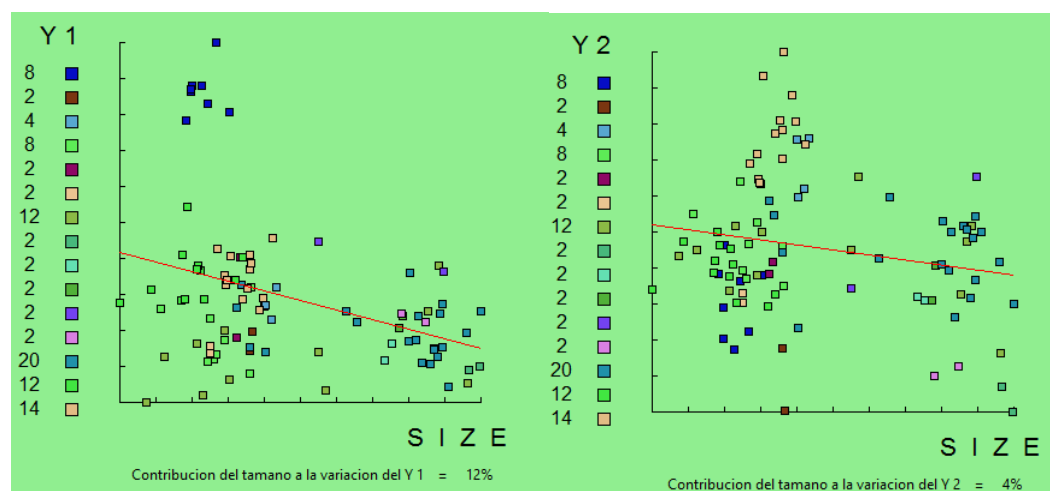


Tabla 166. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986). Donde “r” representa el número de progenies hembras=47; “c” el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; “n” el número de repeticiones (R_1 y R_2)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	93	76332415.389	820778.660	1349.84	<0.0001
Progenie hembras	46	75135827.271	1633387.549	63.06	<0.0001
Lado	1	5109.097	5109.097	0.20	0.6590
Lado*progenies hembras	46	1191479.021	25901.718	42.60	<0.0001
Residual	94	57157.358	608.057		
Total	187	76389572.747			

Tabla 167. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg McIntyre, 1998). Donde L representa el número de variables de conformación=20; r el número de madres=7; c el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; n=número de repeticiones (R₁ y R₂)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	1860	0.3601	0.0001940	1349.84	<0.0001
Madres	920	0.2580	0.0002800	63.06	<0.0001
Lado	20	0.0008	0.0000380	0.20	0.9970
Lado*Madre	920	0.1014	0.0001100	42.60	<0.0001
Residual	1880	0.1187	0.0000630		
Total	3740	0.4789			

4.7.2.1 Componentes de varianza para el tamaño centroide del ala de progenies hembras.

Con base en la Tabla 166 se deducen los componentes de la varianza del tamaño del ala (Tabla 168). La variación entre repeticiones y entre Al.Izq. y Al.Der. correspondió a 0.16% de la V_p mientras que la variación aportada por la interacción lado*progenies es 3.04% y la variación entre familias de 96.8%.

Tabla 168. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de dos vías mixta (Palmer y Strobeck, 1986) para el tamaño centroide en las progenies hembras de *An. benarrochi*.

Componente de varianza	Valor	%
Medidas (Residual)	655.436	0.0016
Remanente (Lado*Progenie hembras)	12623.141	0.0304
Progenies hembras	401871.458	0.9680
Lado del ala		0.0000
Total	415150.035	1.0000

Con base en la Tabla 166 se pueden deducir los componentes de la V_p. La F.V. entre progenies hembras corresponde a la variación entre individuos y la suma de las F.V.: lado, lado*madre y medidas correspondio a la variación dentro de individuos (residual de la Tabla 168). En el modelo genético, el componente de varianza entre progenies hembras (R), estima en conjunto V_G y V_{EG}. Por lo tanto, R es el máximo valor posible de V_G (0.9786±0,0025). Por último, el componente V_e corresponde a la estimación de V_{ES} o del desarrollo, el cual incluye los efectos producidos por DA (V_L), AF (V_{L*I}) y las mediciones (V_m).

La S.C. entre progenies hembras (Tabla 168) puede dividirse en la S.C. entre familias (V_b) y entre progenies hembras dentro de familias, V_w (Tabla 169). V_b estima V_M+V_{EG} (efecto del recipiente de cría de las hembras, Tabla 170). La variación entre progenies estima V_G y la variación dentro de progenies estima V_{ES} . Esto permite separar el efecto materno y del ambiente común del efecto genético. Así, el aporte a la V_P de V_G es 40.47%, de V_M+V_{EG} es 57.39% y V_{ES} es 2.14%.

Tabla 169. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroeide en las progenies hembras *An. benarrochi*.

Fuentes de variación	S.C	G.L.	C.M.	F	P
Entre progenies hembras	75135827.271	46	1633387.549	183.696	<0.0001
Residual	1253745.476	141	8891.812		
Total	76389572.747	187			
Componentes de varianza					
Items	Valor	%			
Residual (V_{ES})	8891.812	0.0214			
Progenies hembras (V_G+V_{EG})	406123.934	0.9786			
Total ($V_T = V_G+V_{EG}+ V_{ES}$)	415015.746	1.0000			

Esto significa que, V_P del tamaño se debe a V_G aportada por el acervo genético de las progenitoras y por V_M+V_{EG} ocasionada por el efecto “vasija de crianza” de las progenies y el efecto materno. V_{ES} se asocia a la estabilidad del desarrollo, en este caso corresponde más al aporte de la interacción lado*progenie (AF) ya que no se observó diferencias significativas ni entre mediciones ni entre lados (Tabla 168). Por otro lado, el análisis de varianza de una vía considerando las F.V. entre familias (madres) y dentro de familia (Tabla 171) estima los componentes:

$$V_b (\text{Cov (H.C.)}) = V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots V_M + V_{EG}$$

$$V_w (V_T - \text{Cov (H.C.)}) = V_A/2 + 3 \cdot V_D/4 + 3 \cdot V_{AA}/4 + \dots + V_{ES}.$$

Tabla 170. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA jerarquizada de dos niveles para el tamaño centroide en las progenies hembras de *An. benarrochi*.

Fuentes de variación	G.L.	SS	MS	F	p
Intercept	1	1486726859.753	1486726859.75	167201.8	<0.0001
Entre familias (Madres)	14	52000751.735	3714339.41	417.7	<0.0001
Entre progenies hembras dentro de madres)	32	23135075.536	722971.11	81.3	<0.0001
Residual	141	1253745.476	8891.81		
Total	187	76389572.747			

Componentes de varianza

item	Valor	Valor ajustado	%
Entre familias (Madres) ($V_M + V_{EG}$)	253127.616	238160.067	0.5739
Entre progenies hembras dentro de madres (V_G)	178519.825	167963.868	0.4047
Residual (V_{ES})	8891.812	8891.812	0.0214
Total ($V_T = V_M + V_{EG} + V_G + V_{ES}$)	440539.252	415015.746	1.0000

Coefficiente de ajuste = 0.94

Tabla 171. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies hembras de *An. benarrochi*.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	p
Intercept	1	1486726859.75	1486726859.75	10545.97	<0.0001
Entre madres	14	52000751.73	3714339.41	26.35	<0.0001
Residual	173	24388821.01	140975.84		
Total	187	76389572.75			

$K_2 = 11.8$

Componentes de varianza

item	Valor	Valor ajustado	%
Entre familias (Madres) (Cov (H.C.))	302375.672	283050.042	0.6820
Residual ($V_T - \text{Cov (H.C.)}$)	140975.844	131965.704	0.3180
Total ($V_T = V_M + V_{EG} + V_G + V_{ES}$)	443351.516	415015.746	1.0000

Coefficiente de ajuste = 0.94

Como se estimó $V_M + V_{EG}$ (Tabla 170), al restarlo de V_b ajustada (Tabla 171) se tiene:

$$\text{Cov (H.C.)} - (V_M + V_{EG}) = V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots = 283050.042 - 238160.067 = 44889.975 \quad (1)$$

Por otro lado, como se estimó V_{ES} (Tabla 170), al restarlo de V_w ajustado (Tabla 171) se tiene:

$$V_T - \text{Cov (H.C.)} - V_{ES} = V_A/2 + 3 \cdot V_D/4 + 3 \cdot V_{AA}/4 + \dots = 131965.704 - 8891.812 = 123073.892 \quad (2)$$

Tres veces la cantidad (1) – la cantidad (2) estima V_A , así:

$$3*(V_A/2+V_D/4+V_{AA}/4+....) - (V_A/2+3*V_D/4+3*V_{AA}/4+....)=$$

$$3*V_A/2+3*V_D/4+3*V_{AA}/4+....- V_A/2-3*V_D/4-3*V_{AA}/4-....=$$

$$V_A=3*(44889.975)-123073.892=11596.033$$

Dos veces la diferencia entre la cantidad (2) y la cantidad (1) estima V_D , así:

$$2*[(V_A/2+3*V_D/4+3*V_{AA}/4+....) - (V_A/2+V_D/4+V_{AA}/4+....)]=2*(2*V_D/4+2*V_{AA}/4+....)=V_D,$$

Asumiendo que $V_{AA}=0$.

$$V_D=2*(123073.892 - 44889.975)=156367.835$$

$$V_A+V_D = V_G=11596.033+156367.835=167963.868$$

Por lo tanto, (h^2) del tamaño del ala en las hembras seria:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P} = \frac{11596.033}{415015.746} = 0.0279, \text{ con un E.S. } (h^2)=0.0369$$

La baja h^2 , los altos componentes V_D (37.7%) y V_E (59.5%) del tamaño del ala indica que es una variable compleja afectada mayormente por interacciones pleiotrópicas y epistáticas con otras variables y el ambiente. A pesar de ello, muestra altos niveles de estabilidad en el desarrollo expresado en la baja AF (alrededor del 3%) y el rechazo de la hipótesis de DA ($p=0.659$; Tabla 166, p.159).

4.7.2.2 Componentes de varianza para la conformación del ala en progenies hembras. La ANOVA Procrustes (Tabla 167, p.160) resume la variación de las 20 VC descritas en los “PW”. Para descomponer esta varianza por VC, se sigue el mismo procedimiento descrito para el tamaño. Luego, estos componentes se suman y se promedian para tener los componentes de varianza del ANOVA Procrustes (Tabla 172).

Tabla 172. Componentes de la varianza fenotípica de cada una de las variables de conformación del ala en progenies hembras y de la suma de todas ellas. Donde V_{ES} , representa la varianza especifica especial; V_M+V_{EG} , la varianza de efecto materno y ambiental general (“efecto vasija de crianza”); V_A , la varianza aditiva; V_D , la varianza de dominancia; h^2 , la heredabilidad en sentido estricto; H^2 , la heredabilidad en sentido amplio y E.S. el error estándar.

Variable de Conformación	V_{ES}		V_M+V_{EG}		V_A		V_D		Varianza total	h^2	E.S.(h^2)	H^2	E.S.(H^2)
	Valor ajustado	%	Valor ajustado	%	Valor	%	Valor	%					
0	0.000003	0.1274	0.000018	0.7290	0.000000	0.0079	0.000003	0.1357	0.000025	0.0079	0.0339	0.1437	0.0409
1	0.000001	0.4295	0.000000	0.3888	0.000000	0.0138	0.000000	0.1678	0.000001	0.0138	0.0343	0.1816	0.0422
2	0.000011	0.1254	0.000053	0.5888	0.000002	0.0176	0.000024	0.2682	0.000090	0.0176	0.0346	0.2858	0.0443
3	0.000003	0.5617	0.000001	0.1151	0.000000	0.0293	0.000002	0.2939	0.000006	0.0293	0.0353	0.3232	0.0445
4	0.000011	0.2219	0.000016	0.3425	0.000002	0.0325	0.000019	0.4032	0.000048	0.0325	0.0355	0.4356	0.0435
5	0.000004	0.4739	0.000002	0.1814	0.000000	0.0297	0.000003	0.3151	0.000009	0.0297	0.0353	0.3448	0.0445
6	0.000008	0.3382	0.000009	0.3605	0.000001	0.0228	0.000007	0.2786	0.000025	0.0228	0.0349	0.3014	0.0444
7	0.000002	0.5012	0.000000	0.0572	0.000000	0.0407	0.000001	0.4008	0.000003	0.0407	0.0360	0.4416	0.0434
8	0.000012	0.4629	0.000008	0.3019	0.000000	0.0189	0.000006	0.2163	0.000026	0.0189	0.0346	0.2352	0.0436
9	0.000014	0.5636	0.000002	0.0931	0.000001	0.0315	0.000008	0.3118	0.000026	0.0315	0.0354	0.3433	0.0445
10	0.000056	0.6894	0.000008	0.1005	0.000002	0.0196	0.000015	0.1904	0.000081	0.0196	0.0347	0.2101	0.0430
11	0.000033	0.5673	0.000006	0.1030	0.000002	0.0301	0.000018	0.2996	0.000059	0.0301	0.0353	0.3297	0.0445
12	0.000092	0.7160	0.000017	0.1296	0.000002	0.0143	0.000018	0.1401	0.000129	0.0143	0.0343	0.1545	0.0413
13	0.000016	0.5609	0.000003	0.0993	0.000001	0.0311	0.000009	0.3088	0.000029	0.0311	0.0354	0.3398	0.0445
14	0.000043	0.5005	0.000016	0.1832	0.000002	0.0274	0.000025	0.2889	0.000086	0.0274	0.0352	0.3163	0.0445
15	0.000007	0.4427	0.000003	0.1645	0.000001	0.0339	0.000006	0.3589	0.000017	0.0339	0.0356	0.3928	0.0442
16	0.000151	0.5649	0.000064	0.2406	0.000004	0.0165	0.000048	0.1780	0.000268	0.0165	0.0345	0.1945	0.0426
17	0.000018	0.3079	0.000002	0.0298	0.000003	0.0598	0.000035	0.6026	0.000058	0.0598	0.0370	0.6623	0.0337
18	0.000895	0.7627	0.000024	0.0204	0.000025	0.0213	0.000229	0.1955	0.001173	0.0213	0.0348	0.2169	0.0432
19	0.000180	0.4010	-0.000019	-0.0421	0.000027	0.0609	0.000260	0.5801	0.000448	0.0609	0.0371	0.6411	0.0351
Total	0.000078	0.5991	0.000012	0.0895	0.000004	0.0288	0.000037	0.2826	0.000130	0.0288	0.0352	0.3114	0.0445

h^2

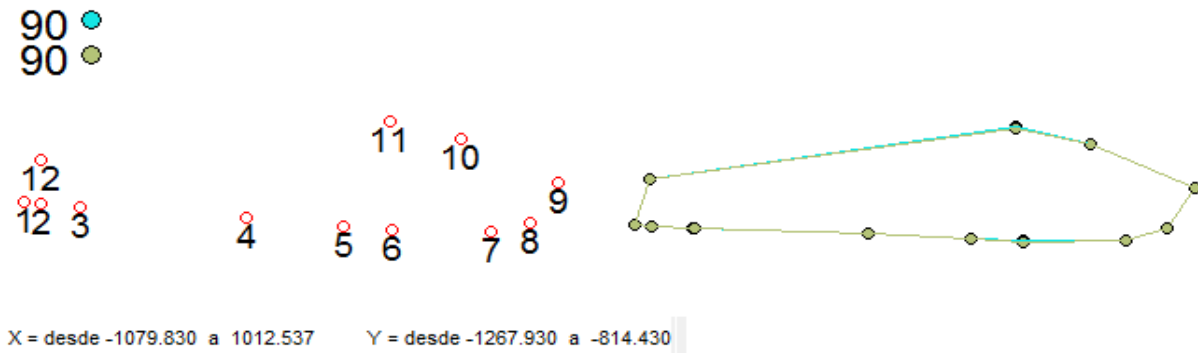
fue baja, desde 0.0079 ± 0.0339 (VC_0) hasta 0.0609 ± 0.0371 (VC_{19}) mientras que H^2 osciló entre 0.1437 ± 0.0409 (VC_0) y 0.6623 ± 0.0337 (VC_{17}). La H^2 incluye V_D , cuya estimación representa el valor máximo ya que se asume que los componentes de V_I son insignificantes (≈ 0). Esto indica que la conformación del ala es compleja, incluye varios genes con interacciones intralocus y entre loci. $V_M + V_{EG}$ fue en promedio 0.0895 y osciló entre -0.0421 (VC_{19}) y 0.7290 (VC_0). La Tabla 173 muestra los componentes de V_{ES} para cada VC y la suma de todas ellas, corresponde a la suma de V_R , V_{L*I} y (V_L). V_R explica en promedio 48.27% de la V_P . Se deduce que ninguna de las VC ni su suma mostró un aporte significativo entre las alas de ambos lados. Por lo tanto, se rechaza la hipótesis de DA. A excepción de las VC_1 , VC_{12} , VC_{14} y VC_{18} , el resto mostró aportes significativos de la interacción entre lado*individuo, entre 0.17% (VC_{18}) y 64.79% (VC_{11}). Es decir, que existe AF significativa con un aporte total al modelo del 18.29%.

Tabla 173. Componentes de la varianza específica especial (V_{ES}) en cada una de las variables de conformación del ala y de la suma de todas ellas en las progenies hembras de *An. benarrochi*. Donde V_R , representa la varianza residual; V_{L*I} , la varianza de interacción lado (L)*progenie hembra (I) (“estima la asimetría fluctuante”); V_L , la varianza entre las alas izquierda y derecha (“estima la asimetría direccional”); P_{L*I} , la significancia de la varianza de interacción y P_L , la significancia de la varianza entre las alas izquierda y derecha.

Variable de Conformación del ala	V_{ES}							
	V_R	%	V_{L*I}	%	V_L	%	P_{L*I}	P_L
0	0.000001	0.0464	0.000003	0.1393	0.000000	0.0000	<0.0001	0.8242
1	0.000001	0.4395	0.000000	0.0017	0.000000	0.0072	0.4760	0.1182
2	0.000005	0.0562	0.000011	0.1179	0.000000	0.0000	<0.0001	0.4770
3	0.000002	0.2684	0.000003	0.4467	0.000000	0.0022	<0.0001	0.2841
4	0.000005	0.1123	0.000009	0.1795	0.000000	0.0000	<0.0001	0.7462
5	0.000002	0.2612	0.000003	0.3310	0.000000	0.0009	<0.0001	0.3015
6	0.000004	0.1803	0.000006	0.2600	0.000000	0.0000	<0.0001	0.5979
7	0.000001	0.1826	0.000002	0.4787	0.000000	0.0026	<0.0001	0.2758
8	0.000008	0.3190	0.000006	0.2409	0.000000	0.0000	0.0001	0.9374
9	0.000007	0.2916	0.000011	0.4211	0.000000	0.0000	<0.0001	0.9610
10	0.000042	0.5177	0.000020	0.2486	0.000001	0.0128	0.0030	0.1462
11	0.000008	0.1348	0.000038	0.6479	0.000001	0.0068	<0.0001	0.2356
12	0.000088	0.6825	0.000008	0.0650	0.000000	0.0000	0.2450	0.5954
13	0.000007	0.2458	0.000014	0.4872	0.000000	0.0000	<0.0001	0.8569
14	0.000044	0.5063	0.000000	0.0000	0.000000	0.0000	0.6331	0.7815
15	0.000003	0.1947	0.000006	0.3887	0.000000	0.0000	<0.0001	0.4940
16	0.000125	0.4648	0.000046	0.1733	0.000000	0.0000	0.01300	0.8385
17	0.000006	0.1089	0.000018	0.3048	0.000000	0.0000	<0.0001	0.7654
18	0.000823	0.7018	0.000111	0.0946	0.000000	0.0000	0.1711	0.5845
19	0.000071	0.1589	0.000164	0.3662	0.000000	0.0000	<0.0001	0.7490
Total	0.000063	0.4827	0.000024	0.1829	0.000000	0.0000	<0.0001	0.9970

4.7.3 Progenies machos procedentes de hembras grávidas de *An. benarrochi* B. Se tomaron 14 familias de machos. A cada una de alas se asignaron los mismos 12 LM para las dos alas con dos repeticiones, usados en las madres y progenies hembras. En machos, se llevó a cabo el mismo procedimiento descrito para madres y progenies hembras. En la Figura 11-lado izquierdo., se indican los 12 puntos LM del ala y en la Figura 11-lado derecho, la conformación promedio generada en las dos repeticiones.

Figura 11. Puntos de referencia o landmarks del ala y conformación consenso de las progenies machos en *An. benarrochi* B. El punto azul indica la repetición 1 y el punto gris la repetición 2. El numero 90 corresponde al número de alas medidas por repetición.



Se observa que las dos repeticiones se superponen muy bien. Esto, también se observa en el diagrama de barras (Figura 12), 174 especímenes de 180 comparten el mismo intervalo indicando la validez de los puntos asignados. Además, las dos repeticiones mostraron $R=0.9999$ para el tamaño centroide y $R=0.9701$ para la conformación del ala.

Una vez confirmada la validez de los datos para el tamaño y las VC, se llevó a cabo el análisis de su variación. En la Figura 13 se indica de izquierda a derecha los 12 puntos LM del ala, la ubicación de las 94 alas medidas en la conformación consenso y la conformación promedio generada por las dos repeticiones. Con estas coordenadas, se estimaron el tamaño centroide y los PW. Inicialmente, se consideró la variable categórica madres para estimar si existen diferencias respecto al tamaño del centroide.

Figura 12. Diagrama de barras para las conformaciones del ala en las progenies machos de *An. benarrochi* B. Donde en el eje “Y” se indica el número de alas dentro de cada intervalo y el eje de las X corresponde al Factor discriminante 1, el cual está dividido en 11 intervalos. El color negro representa las conformaciones de la repetición 1 (R_1) y el color gris las conformaciones de la repetición 2 (R_2).

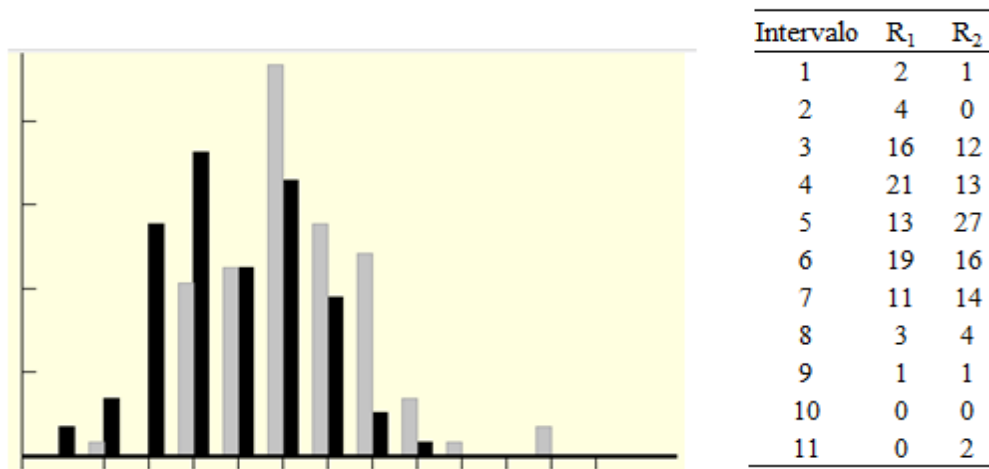


Figura 13. De izquierda a derecha se indican los puntos de referencia o landmarks, la ubicación de las 94 alas medidas y la conformación consenso de las progenies machos en *An. benarrochi* B. Cada color corresponde a cada progenie machos (madres) y el número indica la cantidad de alas derechas e izquierdas medidas por familia.



En la Figura 14 se indica los rangos comparativos P_{10} - P_{90} de los individuos en las 14 progenies estudiadas. Se puede observar que existen diferencias en el tamaño mediana de varias progenies. También se llevó a cabo un análisis discriminante para saber si existen diferencias entre las conformaciones de las familias estudiadas. La Figura 15 muestra la distribución de las Al.Izq. y Al.Der. por familia para los FC_1 y FC_2 . Se observó la existencia de familias con conformación de alas diferentes (p.ej. la familia P_0 (gris)).

Figura 14. Rangos comparativos P10-P90 considerando como medida de tendencia central a la mediana (cajas rojas). Las barras azules representan las alas medidas/familia y los números del 1 al 14 las familias estudiadas en los machos de *An. benarrochi* B.

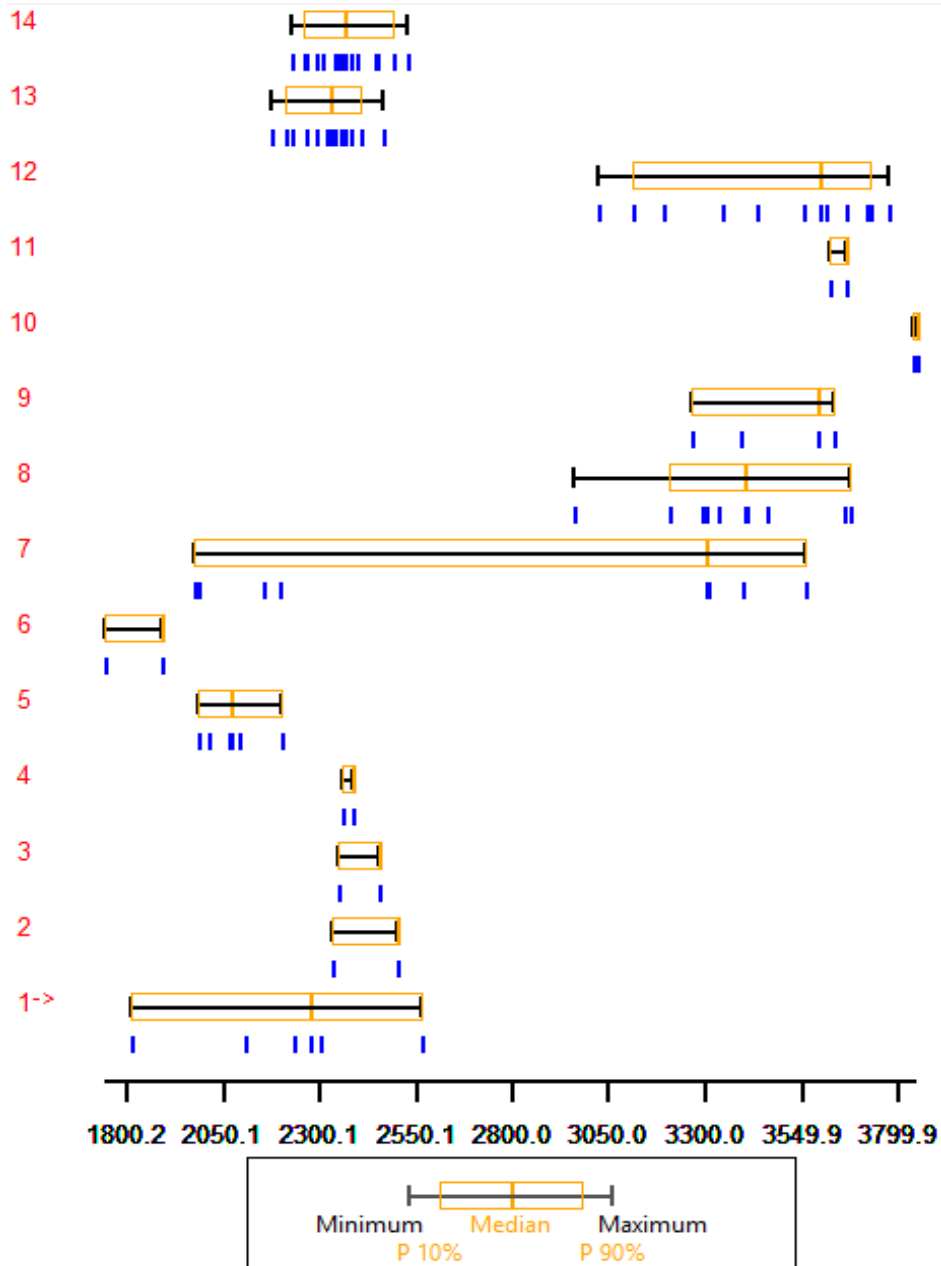
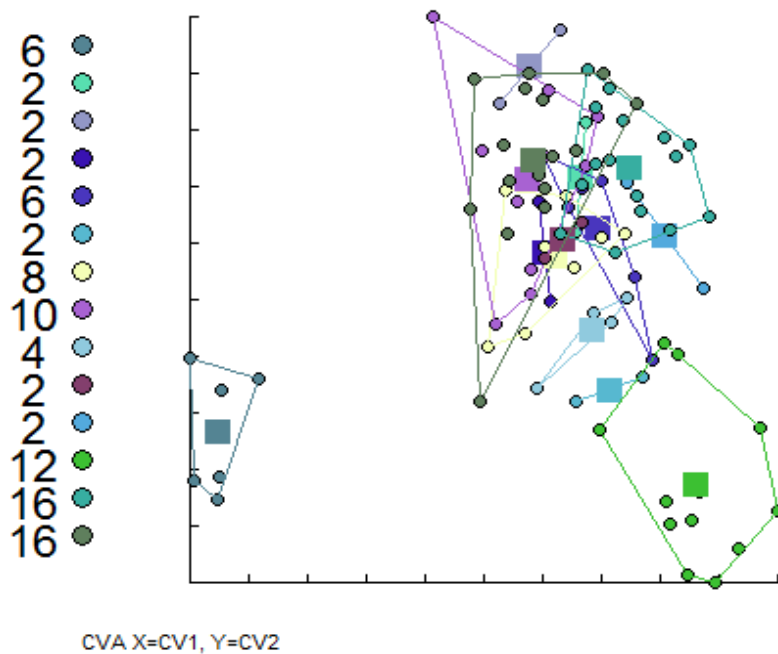


Figura 15. Representación de los especímenes estudiados usando como ejes las dos variables canónicas (CV_1 , CV_2) resultante del análisis discriminante basados en los PW. Los diferentes colores representan las diferentes familias y los recuadros bordean a los especímenes. Los cuadrados corresponden a los centroides de cada familia de machos en *An. benarrochi* B. Los números indican las alas medidas por familia.



Como se observaron diferencias entre familias para la conformación del ala y el tamaño, se probó la alometría residual siguiendo el mismo procedimiento de arriba (Figura 16). La regresión con el primer componente (Y_1) mostró un $r=0.286$ y un $r^2=0.082$. El valor de t de Student con 88 G.L. fue 2.8. En los machos, también se observó un efecto significativo del tamaño sobre las VC (FC_1 , $P=0.0031$).

Para el análisis de asimetría se tomaron Al.Izq. y Al.Der. por macho. A cada una de ellas, se le tomaron las coordenadas crudas con dos repeticiones. Se siguieron los pasos descritos en el análisis de repeticiones. Se aplicó un ANOVA de dos vías para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986) y un ANOVA Procrustes para las VC (Klingenberg y McIntyre, 1998).

Ambas ANOVAS fueron altamente significativas. Existen diferencias significativas entre familias. Para el tamaño no existen diferencias significativas entre las Al.Der. e Al.Izq., por lo tanto, no se detecta DA ($P=0.7098$; Tabla 174). En cambio, para la conformación del ala sí

($P=0.0371$; Tabla 175). La interacción entre lado*progenie es altamente significativa para el tamaño y la conformación del ala ($P<0.0001$), indicando con ello la existencia de AF.

Figura 16. Regresión lineal utilizando como variables dependientes el factor canónico 1, FCR_1 (Y_1) o el Factor canónico 2, FCR_2 (Y_2) y como variable predictora los tamaños centroide (X). Los colores señalan los especímenes/familia y los números el tamaño de muestreo/familia.

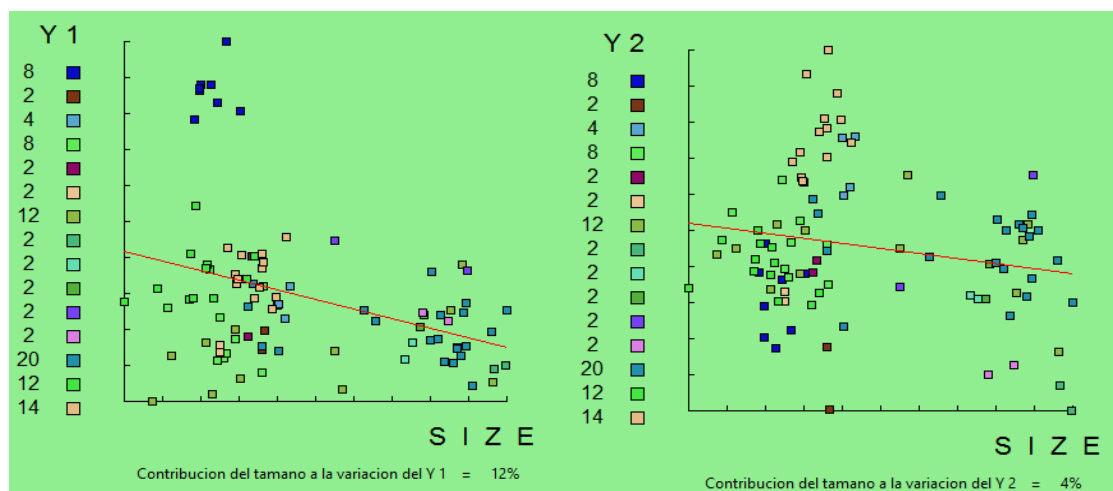


Tabla 174. ANOVA de dos vías mixta para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986). Donde “r” representa el número de progenies machos=45; “c” el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; “n” el número de repeticiones (R_1 y R_2)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	89	61003719.545	685435.051	25552.56	<0.0001
Progenie machos	44	60167656.936	1367446.749	72.19	<0.0001
Lado	1	2657.183	2657.183	0.14	0.7098
Lado*progenies hembras	44	833405.426	18941.032	706.11	<0.0001
Residual	90	2414.207	26.825		
Total	179	61066133.752			

Tabla 175. ANOVA Procrustes para las variables que definen la conformación del ala (Klingenberg McIntyre, 1998). Donde L representa el número de variables de conformación=20; r el número de progenies machos=45; c el número de lados (alas izquierda y derecha)=2; n=número de repeticiones (R₁ y R₂)=2.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	P
Modelo	1780	0.18990	0.000107	32.65	<0.0001
Progenie machos	880	0.13500	0.000153	2.55	<0.0001
Lado	20	0.00200	0.000099	1.64	0.0371
Lado*progenies machos	880	0.05290	0.000060	18.39	<0.0001
Residual	1800	0.00590	0.000003		
Total	3580	0.19580			

4.7.3.1 Componentes de varianza para el tamaño centroide del ala de progenies machos.

Con base en la Tabla 174 se deducen los componentes de varianza del tamaño del ala (Tabla 176).

Tabla 176. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de dos vías mixta (Palmer y Strobeck, 1986) para el tamaño centroide en las progenies machos de *An. benarrochi*.

Items	Valor	%
Medidas (Residual)	55.730	0.0002
Remanente (lado*progenies machos)	9470.516	0.0273
Progenies machos	337112.497	0.9725
Lado del ala		0.0000
Total	346638.742	1.0000

Se pudo observar que la variación entre repeticiones y entre AL.Izq y AL.Der. correspondió al 0.02% de la V_p, la interacción lado*machos (AF) al 2.73% y la variación entre machos al 97.25%. También se deducen los componentes de varianza, aplicando el modelo de repetibilidad como estimador de la V_G máxima. La F.V. entre progenies machos corresponde a la variación entre individuos y la suma de las F.V. lado, lado*madre y medidas de la Tabla 174 corresponde a la variación dentro de individuos (residual de la Tabla 177).

Tabla 177. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroide en las progenies machos de *An. benarrochi*.

Fuentes de variación	S.C	G.L.	C.M.	F	P
Entre progenies machos	60167656.936	44	1367446.749	220.167	<0.0001
Residual	838476.815	135	6210.939		
Total	61006133.752	179			
Componentes de varianza					
Items	Valor	%			
Residual (V_{ES})	6210.939	0.0179			
Progenies machos ($V_G + V_{EG}$)	340308.952	0.9821			
Total ($V_T = V_G + V_{EG} + V_{ES}$)	346519.982	1.0000			

En el modelo genético el componente de varianza entre progenies machos (R), estima en conjunto V_G y V_{EG} . Por lo tanto, R es el valor máximo posible de V_G (0.982076 ± 0.000004). Por último, el componente de varianza residual corresponde a la estimación V_{ES} , que incluye los efectos producidos por DA (V_L), AF (V_{L*1}) y las mediciones (V_m). La S.C. entre progenies machos (Tabla 177) puede dividirse en S.C. entre familias y entre progenies machos dentro de familias (Tabla 178).

Tabla 178. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA jerarquizada de dos niveles para el tamaño centroide en las progenies machos.

Fuentes de variación	G.L	SS	MS	F	P
Intercept	1	1339574815.165	1339574815.17	215214.0	<0.0001
Entre familias (Madres)	13	51395610.351	3953508.49	635.2	<0.0001
Entre progenies machos dentro de madres	32	8776455.631	274264.24	44.1	<0.0001
Residual	134	834067.769	6224.39		
Total	179	61006133.752			

Componentes de varianza	Valor	Valor Ajustado	%
Entre familias (Madres) ($V_M + V_{EG}$)	299702.001	276517.266	0.7982
Entre progenies machos dentro de madres (V_G)	69032.397	63692.099	0.1839
Residual (V_{ES})	6224.386	6224.386	0.0180
Total ($V_T = V_M + V_{EG} + V_G + V_{ES}$)	374958.784	34643.751	1.0000

Coeficiente de ajuste = 0.92

La variación entre familias estima V_M+V_{EG} (efecto del recipiente de cría de los machos). La variación entre progenies estima V_G y la variación dentro de progenies corresponde a la estimación de V_{ES} . Esto permite separar el efecto materno y del ambiente común del efecto genético. Así, el aporte a la V_P de V_G es 18.39%, de V_M+V_{EG} 79.82% y de V_{ES} 1.80%. Esto significa que, principalmente, la variación en el tamaño del ala se debe a V_M+V_{EG} ocasionada por el efecto “vasija de crianza” de las progenies y el efecto materno y por la variación aportada por el acervo genético de las progenitoras. V_{ES} se asocia principalmente con la estabilidad del desarrollo, corresponde más al aporte de la interacción lado*progenie (AF) ya que no se observó diferencias significativas ni entre mediciones ni entre lados (Tabla 175, p.171).

El análisis de varianza de una vía considerando las F.V. entre familias (madres) y dentro de familia (Tabla 179) se estima los componentes:

$$V_b (\text{Cov}_{(H.C.)} = V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots + V_M + V_{EG})$$

$$V_w (V_T - \text{Cov} (H.C.) = V_A/2 + 3 \cdot V_D/4 + 3 \cdot V_{AA}/4 + \dots + V_{ES}).$$

Tabla 179. Componentes de la varianza fenotípica del tamaño del ala estimados a partir de la ANOVA de una vía para el tamaño centroeide en las progenies machos en *An. benarrochi*.

Fuentes de variación	G.L.	S.C.	C.M.	F	p
Intercept	1	1339574815.17	1339574815.17	23138.12	<0.0001
Entre madres	13	513956101.35	3953508	68.29	<0.0001
Residual	166	9610523.40	57894.72		
Total	179	61006133.75			

$K_2 = 12.3$

Componentes de varianza	Valor	Valor ajustado	%
Entre familias (Madres) (Cov (H.C.))	317931.648	293066.860	0.8460
Residual ($V_T - \text{Cov} (H.C.)$)	57894.719	53366.891	0.1540
Total ($V_T = V_M + V_{EG} + V_G + V_{ES}$)	375826.368	346433.751	1.0000

Coeficiente de ajuste = 0.92

Como se estimó V_M+V_{EG} (Tabla 178), al restarlo de V_b ajustada (Tabla 179) se tiene:

$$\text{Cov} (H.C.) - (V_M + V_{EG}) = V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots = 293066.860 - 276517.266 = 16549.594 \quad (1)$$

Por otro lado, Como se estimó V_{ES} (Tabla 178), al restarlo de V_w ajustado (Tabla 179) se tiene:
 $V_T - Cov(H.C.) - V_{ES} = V_A/2 + 3*V_D/4 + 3*V_{AA}/4 + \dots = 293066.860 - 6224.386 = 47142.505$ (2)

Tres veces la cantidad (1)–la cantidad (2) estima V_A , así:

$$3*(V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots) - (V_A/2 + 3*V_D/4 + 3*V_{AA}/4 + \dots) =$$

$$3*V_A/2 + 3*V_D/4 + 3*V_{AA}/4 + \dots - V_A/2 - 3*V_D/4 - 3*V_{AA}/4 - \dots = V_A = 3*(16549.594) - 47142.505 =$$

$$V_A = 2506.279$$

Dos veces la diferencia entre la cantidad (2) y la cantidad (1) estima V_D , así:

$$2*[(V_A/2 + 3*V_D/4 + 3*V_{AA}/4 + \dots) - (V_A/2 + V_D/4 + V_{AA}/4 + \dots)] = 2*(2*V_D/4 + 2*V_{AA}/4 + \dots) = V_D,$$

asumiendo que V_{AA} es cero.

$$V_D = 2*(47142.505 - 16549.594) = 61185.820$$

$$V_A + V_D = V_G = 2506.279 + 61185.820 = 63692.099$$

Por lo tanto, h^2 del tamaño del ala en los machos seria:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P} = \frac{2506.279}{346433.751} = 0.00723, \text{ con un error estándar, ES. } (h^2) = 0.0343.$$

La baja h^2 y los altos componentes V_D (17.7%) y V_E (81.6%) del tamaño del ala indican que es una variable compleja afectada mayoritariamente por el ambiente y por interacciones pleiotrópicas y epistáticas con otras variables. A pesar de ello, muestra altos niveles de estabilidad en el desarrollo expresado en la baja AF (alrededor del 2.73%) y el rechazo de la hipótesis de DA ($P=0.659$; Tabla 176, p.171).

4.7.3.2 Componentes de varianza para la conformación del ala en progenies machos. La ANOVA Procrustes (Tabla 175) resume el efecto de las 20 VC descritas por los “PW”. Para descomponer esta varianza por VC se sigue el mismo procedimiento descrito para el tamaño. Luego, estos componentes se suman y se promedian para tener los componentes de varianza del ANOVA Procrustes (Tabla 180).

Tabla 180. Componentes de la varianza fenotípica de cada una de las variables de conformación del ala en las progenies machos y de la suma de todas ellas. Donde V_{ES} , representa la varianza específica especial; V_M+V_{EG} , la varianza de efecto materno y ambiental general (“efecto vasija de crianza”); V_A , la varianza aditiva; V_D , la varianza de dominancia; h^2 , la heredabilidad en sentido estricto; H^2 , la heredabilidad en sentido amplio y E.S. el error estándar.

Variable de Conformación	V_{ES}		V_M+V_{EG}		V_A		V_D		Varianza total	h^2	E.S.(h^2)	H^2	E.S.(H^2)
	Valor ajustado	%	Valor ajustado	%	Valor	%	Valor	%					
0	0.0000056	0.3044	0.0000088	0.4807	0.0000001	0.0063	0.0000038	0.2085	0.0000182	0.0063	0.0338	0.2149	0.0431
1	0.0000007	0.6758	-0.0000001	-0.0484	0.0000000	0.0200	0.0000004	0.3526	0.0000011	0.0200	0.0347	0.3726	0.0444
2	0.0000181	0.2851	0.0000259	0.4079	0.0000006	0.0098	0.0000189	0.2973	0.0000635	0.0098	0.0341	0.3070	0.0445
3	0.0000046	0.5398	0.0000016	0.1825	0.0000001	0.0121	0.0000023	0.2657	0.0000086	0.0121	0.0342	0.2778	0.0442
4	0.0000114	0.1209	0.0000570	0.6034	0.0000006	0.0062	0.0000255	0.2695	0.0000944	0.0062	0.0338	0.2757	0.0442
5	0.0000022	0.5191	0.0000007	0.1702	0.0000001	0.0136	0.0000013	0.2971	0.0000043	0.0136	0.0343	0.3106	0.0445
6	0.0000056	0.3263	0.0000052	0.3036	0.0000002	0.0134	0.0000061	0.3567	0.0000171	0.0134	0.0343	0.3701	0.0444
7	0.0000017	0.5931	-0.0000002	-0.0500	0.0000001	0.0241	0.0000013	0.4328	0.0000030	0.0241	0.0350	0.4569	0.0430
8	0.0000161	0.7163	0.0000038	0.1677	0.0000001	0.0054	0.0000025	0.1106	0.0000224	0.0054	0.0338	0.1160	0.0398
9	0.0000093	0.5412	0.0000006	0.0348	0.0000004	0.0208	0.0000070	0.4033	0.0000172	0.0208	0.0348	0.4241	0.0437
10	0.0000157	0.3875	0.0000142	0.3512	0.0000004	0.0092	0.0000102	0.2521	0.0000405	0.0092	0.0340	0.2613	0.0440
11	0.0000143	0.5285	0.0000017	0.0636	0.0000005	0.0195	0.0000105	0.3885	0.0000270	0.0195	0.0347	0.4079	0.0440
12	0.0000192	0.5147	0.0000070	0.1887	0.0000005	0.0127	0.0000106	0.2838	0.0000372	0.0127	0.0342	0.2966	0.0444
13	0.0000302	0.5953	-0.0000033	-0.0656	0.0000013	0.0251	0.0000226	0.4453	0.0000507	0.0251	0.0350	0.4704	0.0427
14	0.0000180	0.2767	0.0000116	0.1776	0.0000014	0.0220	0.0000341	0.5237	0.0000652	0.0220	0.0348	0.5457	0.0400
15	0.0000088	0.5157	0.0000049	0.2889	0.0000001	0.0077	0.0000032	0.1877	0.0000171	0.0077	0.0339	0.1954	0.0426
16	0.0000477	0.2991	0.0000208	0.1301	0.0000039	0.0241	0.0000872	0.5467	0.0001595	0.0241	0.0350	0.5708	0.0389
17	0.0000210	0.4536	0.0000050	0.1080	0.0000009	0.0198	0.0000194	0.4186	0.0000463	0.0198	0.0347	0.4384	0.0434
18	0.0000677	0.3518	-0.0000095	-0.0494	0.0000067	0.0346	0.0001275	0.6630	0.0001923	0.0346	0.0356	0.6976	0.0312
19	0.0001468	0.6011	-0.0000291	-0.1190	0.0000070	0.0287	0.0001195	0.4892	0.0002442	0.0287	0.0352	0.5179	0.0411
Total	0.0000232	0.4113	0.0000063	0.1121	0.0000013	0.0221	0.0000257	0.4546	0.0000565	0.0221	0.0348	0.4767	0.0425

h^2 fue muy baja, desde 0.0054 ± 0.0338 (VC_8) hasta 0.0346 ± 0.0356 (VC_{18}) mientras que H^2 osciló entre 0.1160 ± 0.0398 (VC_8) hasta 0.6976 ± 0.0312 (VC_{18}). H^2 incluye V_D cuya estimación representa su valor máximo ya que se asume que los componentes de varianza de interacción son insignificantes (≈ 0). Esto indica que la conformación del ala es una variable compleja que posiblemente incluye, varios genes con interacciones intralocus y entre loci. V_M+V_{EG} explicó en promedio 11.21% de la V_P y osciló entre -0.1190 (VC_{19}) y 0.4807 (VC_0).

En la Tabla 181 se muestran los componentes V_{ES} de cada una de las VC del ala y de la suma de todas ellas, que corresponde a la suma de V_R , (V_{L*1}) y (V_L). La varianza residual explicó el 5.91% de la V_P . V_{L*1} fue significativa para todas las VC ($p < 0.01$), explicando en promedio el 51.24% de la V_P . Este componente mostró un rango de varianza explicada entre 14.86% (VC_4) y 85.72%

(VC₁₉). La significancia de este componente prueba la hipótesis de AF. En cambio, V_L no mostró significancia para ninguna de las 20 VC, rechazando la hipótesis de DA.

De la Tabla 173 (p.170) se deduce que ninguna de las VC ni la suma mostró un aporte significativo a la diferencia entre las alas de ambos lados. Por lo tanto, se rechaza la hipótesis de DA. Por otra parte, a excepción de las VC₁, VC₁₂, VC₁₄ y VC₁₈, el resto mostraron aportes significativos de interacción entre lado*progenitora, es decir, existe AF pero baja. El aporte total fue 1,11% y osciló entre 0,52% (VC₁₈) y 4,59% (VC₁₁).

Tabla 181. Componentes de la varianza específica especial (V_{ES}) en cada una de las variables de conformación del ala en las progenies machos y de la suma de todas ellas. Donde V_R, representa la varianza residual; V_{L*I}, la varianza de interacción lado (L)*progenie hembra (I) (“estima la asimetría fluctuante”); V_L, la varianza entre las alas izquierda y derecha; P_{L*I}, la significancia de la varianza de interacción y P_L, la significancia de la varianza entre las alas izquierda y derecha.

Variable de Conformación	V _{ES}							
	V _R	%	V _{L*I}	%	V _L	%	P _{L*I}	P _L
0	0.00000112	0.0615	0.00000663	0.3639	0.00000022	0.0122	<0.0001	0.1256
1	0.00000050	0.4536	0.00000035	0.3166	0.00000000	0.0000	0.0003	0.6969
2	0.00001070	0.1685	0.00001006	0.1584	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.6085
3	0.00000205	0.2386	0.00000405	0.4720	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.9892
4	0.00000279	0.0295	0.00001403	0.1486	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.8863
5	0.00000103	0.2413	0.00000185	0.4326	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.7255
6	0.00000201	0.1175	0.00000549	0.3218	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.7501
7	0.00000075	0.2580	0.00000130	0.4456	0.00000009	0.0294	<0.0001	0.0761
8	0.00001191	0.5307	0.00000588	0.2618	0.00000056	0.0248	0.0031	0.0844
9	0.00000096	0.0560	0.00001151	0.6699	0.00000058	0.0340	<0.0001	0.0810
10	0.00000550	0.1358	0.00001412	0.3490	0.00000059	0.0146	<0.0001	0.1160
11	0.00000320	0.1184	0.00001644	0.6084	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.7337
12	0.00000360	0.0966	0.00002354	0.6327	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.9686
13	0.00000125	0.0247	0.00004248	0.8388	0.00000009	0.0018	<0.0001	0.3008
14	0.00000382	0.0586	0.00001996	0.3063	0.00000116	0.0177	<0.0001	0.0728
15	0.00000149	0.0873	0.00001128	0.6614	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.7635
16	0.00000320	0.0201	0.00006480	0.4062	0.00000147	0.0092	<0.0001	0.1646
17	0.00000203	0.0439	0.00002650	0.5724	0.00000000	0.0000	<0.0001	0.5689
18	0.00000678	0.0353	0.00008521	0.4431	0.00000393	0.0204	<0.0001	0.0905
19	0.00000185	0.0076	0.00020934	0.8572	0.00000260	0.0106	<0.0001	0.2189
Total	0.00000328	0.0591	0.00002842	0.5124	0.00000044	0.0080	<0.0001	0.0371

5. DISCUSIÓN

5.1 VARIACIÓN EN LOS PATRONES DE MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA

Basados en la presencia o ausencia de las manchas claras y oscuras de la vena costal de las Al.Izq. y Al. Der. de siete especies de *Anopheles*, se observaron 46 patrones, considerando los sexos y las localidades estudiadas/especie (Tabla 1, p.53). *An. darlingi* mostró 29 patrones, la mayor diversidad morfológica (63.0%), *An. nuneztovari* (30.4%), *An. albitarsis* F (28.3%), *An.albimanus* (19.6%), *An. benarrochi* B (15.2%), *An. strodei* y *An. triannulatus* (13.0%). Siete fueron los más frecuentes (Tabla 24, p.91). Estos resultados concuerdan con otros estudios: Hribar (1995) observó seis patrones, Delgado y Rubio-Palis (1992) encontraron 8 patrones en *Nyssorhynchus* y Fajardo et al. (2008) definieron siete patrones en hembras de *An. nuneztovari*.

En la Sección Albimanus (*An. nuneztovari*, *An. benarrochi* B, *An. strodei*, *An. triannulatus* y *An. albimanus*), los patrones más frecuentes fueron: el I (69.9%), el V (15.5%) y el X (1.8%) y en la Sección Angyritarsis (*An. albitarsis* F y *An. darlingi*): el V (47.6%), el I (28.5%) y el X (7.8%) (Tabla 24, p.91). El patrón I de Delgado y Rubio-Palis (1992) fue encontrado en todas las especies examinadas por ellos y fue similar al patrón I reportado en esta investigación. El patrón VI correspondió al patrón III de Fajardo et al. (2008), éste se reporta en todas las especies analizadas con frecuencias entre 0.0183 y 0.1009 (Tabla 24).

Gómez et al. (2010) mostraron que el 80% de los especímenes de Puerto Anchica identificados como *An. nuneztovari*, correspondieron al I, patrón estándar definido por Faran (1980) y Wilkerson y Peyton (1990) y el 20% restante al patrón III, reportado por Fajardo et al. (2008). Estos resultados fueron similares a los obtenidos en esta investigación (Tabla 24).

La pérdida de BD correspondiente al patrón estándar, hace que BP+BD+PHP formen una sola mancha clara llamada BP+PHP por Wilkerson y Peyton (1990). En general, la fusión BP+PHP está presente en el 97.0% de las alas estudiadas, confirmando que es la más frecuente en *Anopheles* (*Nyssorhynchus*).

An. nuneztovari, mostró a Buenaventura-Valle del Cauca con la mayor variabilidad morfológica (100%), a Tierralta-Córdoba con 35.7% y a Tibú con 28.6%. El patrón I se encontró en el 65.2% de las hembras y el 78.5% de los machos. Este patrón correspondió al descrito por Faran (1980), Wilkerson y Peyton (1990) y el Tipo A de Hribar (1995), donde ASP está presente en el 98.9% de las hembras y el 100% de los machos (Tabla 7). Los resultados de Buenaventura fueron similares a los de Fajardo et al. (2008). Los patrones raros: III, VIII, XI, XIII y XV con frecuencias <1% no fueron descritos por Fajardo et al. (2008).

En *An. nuneztovari* de Buenaventura-Valle del Cauca, la frecuencia del patrón 1 en machos fue significativamente mayor que en hembras. La pérdida de las manchas claras HP, PSP, SP y ASP representó el 24.5% de las alas medidas y es significativamente mayor que la pérdida de las manchas oscuras PHD, HD, PRSD y PD, 10.6% en hembras. En cambio, en machos, la pérdida de manchas claras (11.2%) es similar a la pérdida de manchas oscuras (10.6%) (Tabla 8, p.67).

An. triannulatus mostró diferencias significativas en las frecuencias de los patrones entre sexos (Tabla 22, p.87). En los machos, las frecuencias de los patrones I y VI fueron significativamente mayores y las frecuencias de IV, V y X significativamente menores que en hembras (Tabla 14, p.63). En hembras, las fusiones que implican pérdida de manchas claras PSP y SP fue 69.1% de las alas medidas mientras que la pérdida de manchas oscuras solo involucró a PRSD (4.9%). En machos, el 21.6% implicó pérdida de estas manchas claras y el 10% de PRSD.

La posible explicación para que en las dos especies anteriores exista mayor fusión de manchas claras podría estar relacionada con el reporte de Sueur et al. (1992). Ellos notaron que durante los meses más fríos del año, en los mosquitos adultos silvestres de *An. merus* Donitz, las manchas oscuras del ala se incrementaron significativamente mientras que las manchas claras no. Así, el tamaño del ala aumentó en un 19.6% por el incremento de las manchas oscuras. Ellos encontraron que las áreas oscuras de los *Anopheles* están selectivamente afectadas por la relación entre la variación del tamaño y la temperatura ambiente. Como las hembras mostraron una Long.A., mayor que la de los machos, la selección favorecería el aumento en la longitud de las manchas oscuras sobre las manchas claras.

Si esto es cierto, se espera que HP/PHD y SCP/DSD sean significativamente menores en hembras que en machos. Este estudio respalda esta hipótesis para la proporción SCP/DSD en *An. nuneztovari* de Buenaventura, Tierralta y Tibú (Tablas 29, 34 y 39, Anexo B), en *An. benarrochi* B (Tabla 46, Anexo B), en *An. triannulatus* (Tabla 56, Anexo B), en *An. albitarsis* F de Tibú, San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta, Fuente de Oro, Caño Blanco, Bajo Pompeya, Villavicencio y Yaguará-Huila (Tablas 66, 76, 81, 91, Anexo B), en *An. darlingi* de Quibdó-Chocó (Tabla 98, Anexo B). En *An. nuneztovari* de Tibú-Norte de Santander y *An. darlingi* de Granada-Meta se confirma para las dos proporciones (Tablas 39 y 108, Anexo B).

Ahora, considerando las condiciones ambientales de las localidades (Tabla 1, p.53) donde se recolectaron las hembras progenitoras (madres) como: la altitud (rango: 7-650 m.s.n.m.), la temperatura media anual, Tm (rango: 23-30°C) y HR% (rango: 75-95%), se estimó la relación entre estas variables y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD. En las progenies hembras y machos de *An. nuneztovari*, se observaron regresiones lineales negativas significativas de:

HP/PHD (y) - Altitud (X) ($\hat{y} = 1.8839 - 0.0035X$; $R^2_{\text{ajustado}} = 54.0\%$; $P = 0.0008$) y
 SCP/DSD (y) - Tm (X) ($\hat{y} = 3.2081 - 0.0540X$; $R^2_{\text{ajustado}} = 70.8\%$; $P < 0.0001$).

Esto significa que a mayor altitud menor será HP/PHD, es decir, HP cambia su longitud a menor tasa que de PHD y que a mayor Tm menor será SCP/DSD, es decir, SCP cambia en longitud a menor tasa que la de DSD. Estos resultados concuerdan con el reporte de Sueur et al. (1992). Respecto al HR(%) de humedad no se observó ninguna relación significativa con estas proporciones.

En las progenies hembras y machos de *An. albitarsis* F, se observaron regresiones lineales positivas significativas de:

HP/PHD (y) - Tm (X) ($\hat{y} = -4.5439 + 0.2825X$; $R^2_{\text{ajustado}} = 57.8\%$; $P < 0.0001$),
 HP/PHD (y) - HR(%) (X) ($\hat{y} = -0.4719 + 0.0390X$; $R^2_{\text{ajustado}} = 31.0\%$; $P = 0.0028$) y
 SCP/DSD (y) - HR(%) (X) ($\hat{y} = 0.3775 - 0.0013X$; $R^2_{\text{ajustado}} = 19.6\%$; $P = 0.0117$).

Esto significa que a menores Tm. y HR(%) menor será HP/PHP, es decir, HP cambia su longitud a menor tasa que la de PHD. Estos resultados concuerdan con el reporte de Sueur et al. (1992). Lo contrario ocurre con la relación: “a menor HR(%) mayor SCP/DSD”, es decir, SCP cambia en longitud a mayor tasa que la de DSD. Respecto a la altitud no se observó ninguna relación significativa con estas proporciones.

Adicionalmente, se evidencia la relación del tamaño con la longitud de las manchas oscuras cuando la proporción media de HP/PHD aumentó en hembras significativamente respecto a machos (Tablas 51 y 61, Anexo B). En *An. strodei*, no se observó diferencias en Long.A. entre hembras y machos. Su dimorfismo sexual se asoció con el incremento de la longitud de HP y SP y la reducción de PHD (Tabla 51). En *An.albimanus*, el dimorfismo sexual se asoció con la disminución del tamaño en las hembras respecto a machos y se observó reducción de PHD y DSD y aumento de HP y SCP (Tabla 61).

La distribución de frecuencias de los patrones alares en las diferentes localidades varió significativamente entre hembras y machos (Tabla 23, p.88). En general, se podría pensar que *An. nuneztovari* –Buenaventura- es la localidad más polimórfica, Tierralta intermedia, y que la más diferente y menos polimórfica es Tibú. Estas diferencias también son reportadas por Fajardo et al. (2008).

An. darlingi, mostró 32 patrones (Tabla 19, p.81). En ninguno se observó la pérdida de PSD. En este estudio, los patrones I y IV coincidieron con los descritos por Manguin et al. (1999) y los patrones II, III, VI, VII y VIII son idénticos a los patrones VI, XII, V, X y XXI, respectivamente. El patrón V no se detectó en esta investigación, aunque la ausencia de esta mancha se registró acompañada de otras fusiones (patrones XXII, XXV, XXVI, XXIX, XXXIII, XXXIV, XXXV Y XXXVII; Tabla 19). González (2001) encontró 14 patrones analizando progenies de *An. darlingi* de Colombia. El patrón I coincide con el reportado en el presente estudio, mientras que los patrones II y X son idénticos a los patrones VIII y VII de esta investigación (Tabla 24, p.91).

Las distribuciones de frecuencias de los patrones alares en las diferentes localidades, por sexo para *An. darlingi*, variaron significativamente. Los valores de Chi-cuadrado entre parejas de

localidades fueron significativos ($p < 0.0002$; Tabla 23, p.88). En general, el patrón I fue el más frecuente seguido por el V. Nueva Granada–Meta muestra un incremento significativo del I y una disminución significativa del V en ambos sexos. Quibdó–Chocó y Tierralta–Córdoba mostraron lo contrario. Además, en Nueva-Granada-Meta está ausente el patrón X y en Tierralta Córdoba el patrón VI no se observó en hembras y fue infrecuente en machos (0.0052). Estos resultados son similares a los reportados por Manguin et al. (1999) en poblaciones de Centro y Sur América.

Pacheco-Gómez et al. (2017) estudiaron las variaciones morfométricas en alas de *An. darlingi*, 1926 (Diptera: Culicidae) de Colombia, describieron 19 patrones donde el I y IV coinciden con los reportados en esta investigación y los patrones II, III, V, VI, VII, VIII, X, XII, XIII, XIV y XV corresponden a VII, XII, XXI, V, X, XXIX, XL, XXXVII, VI, XVII y XIII, respectivamente (Tabla 19, p.81). Ellos, también encontraron que el I fue el más frecuente en la mayoría de localidades. En este estudio, no se reportaron los patrones IX, XI, XIV, XVI, XVII, XVIII y XIX registrados por Pacheco Gómez et al. (2017). En las poblaciones estudiadas por ellos, no se registraron los patrones: VIII, XIV, XVII, XIX, XXII, XXIV, XXV, XXVI, XXVIII, XXX, XXXI, XXIII, XXXII, XXXIII, XXXIV, XXXV, XXXVI, XXXIX, XLI, XLII y XLIII. Esto indica la alta diversidad morfológica de esta especie. Al igual que en *An. albitarsis* F, parece ser que en las fusiones, la pérdida de manchas claras es significativamente mayor que la de manchas oscuras; de los 19 patrones descritos por Pacheco-Gómez et al. (2017) para *An. darlingi*, 15 implican pérdida de por lo menos una mancha oscura.

En general, se podría pensar que las localidades en *An. nuneztovari*, *An. albitarsis* F y *An. darlingi* son distintas puesto que las frecuencias de los patrones predominantes son significativamente diferentes y la variación temporal encontrada en los dos muestreos de Quibdó podría ser un indicador de la plasticidad fenotípica de *An. darlingi* (Tabla 25, Anexo B). Rubio-Palis (1998) usando morfometría lineal, describió 8 patrones alares en poblaciones de *An. darlingi* de Venezuela y Colombia. El polimorfismo en las manchas reportado por esta investigación en poblaciones naturales de *An. darlingi* fue reconocido por Rubio-Palis (1998) y Manguin et al. (1999).

5.2 VARIACIÓN EN EL TAMAÑO DE LAS MANCHAS DE LA VENA COSTAL DEL ALA

En las especies, localidades y sexos estudiados hubo diferencias significativas entre las longitudes promedio de Al.Der y Al.Izq. Los tamaños de BP+PHP, PSD, PRSD del Al.Der. fueron menores que los del Al.Izq. y en PP ocurrió lo contrario (Tabla 111, p.113). Esto podría sugerir la existencia de AF como consecuencia de inestabilidad del desarrollo por efectos no genéticos como lo sugieren Waddington (1956), Palmer y Strobeck (1986) y Palmer et al. (1993). Estos efectos podrían estar asociados con variables microambientales (fotoperiodo, densidad larval, condiciones nutricionales) en los recipientes de crianza o con la manipulación en la crianza del adulto a pesar de que se realizó bajo condiciones controladas.

5.3 DIMORFISMO SEXUAL EN HEMBRAS Y MACHOS RESPECTO A LOS PATRONES ALARES, LA LONGITUD TOTAL DEL ALA (Long.A.) Y LAS MANCHAS DE LA VENA COSTAL

En *An. nuneztovari* de Buenaventura, Tierralta y Tibú, el dimorfismo sexual se debió principalmente a que la Long.A., en hembras, DSD, PD y AD son en promedio más grandes que en machos. Lo contrario ocurrió con HP, PSP, ASP, SCP y SCP/DSD (Tablas 29, 34 y 39, Anexo B). Estos resultados fueron similares a los reportados por Fajardo-Ramos (2006).

En *An. benarrochi* B, el dimorfismo sexual se caracteriza por el mayor tamaño de las hembras, una disminución significativa en la longitud promedio de PSP, PSD, PRSD, SCP y ASP seguida de un aumento de DSD, PD y AD (Tabla 46, Anexo B).

En *An. strodei*, el dimorfismo sexual no se relaciona con la diferencia de tamaño entre los sexos pero se asocia al incremento de las longitudes de HP y SP y la reducción de PHD. Por ello, HP/PHD se incrementó en hembras significativamente respecto a machos (Tabla 51, Anexo B).

En *An. triannulatus*, el dimorfismo sexual se asocia con el incremento del tamaño en las hembras, la disminución de la longitud de HD, PSD, PRSD, ASP, SCP y PP y aumento de DSD en hembras respecto a machos (Tabla 56, Anexo B). Estos resultados son similares a los

encontrados por Marín-Londoño (2015). El observó en su estudio que las manchas costales BP+PHP, HD, PSD y DSD presentaron diferencias estadísticas entre sexos.

En *An.albitarsis*, el dimorfismo sexual se relacionó con el aumento del tamaño en las hembras en las seis localidades estudiadas. Adicionalmente, en Tibu-Norte de Santander se asoció con aumento de BP+PHP, PSP, DSD, PD y AD y disminución de PRSD, ASP y SCP/DSD (Tabla 66, Anexo B); en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta, con la disminución de PRSD y SCP/DSD y el aumento de DSD, PD, AD y AP (Tabla 71, Anexo B); en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta con aumento de DSD y PD (Tabla 76, Anexo B); en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta, con aumento de SCP, PD, PP, AD y AP (Tabla 81, Anexo B); en Granada-Meta con aumento de PHD, DSD, PD y AD (Tabla 86, Anexo B) y en Yaguará-Huila con el aumento de BP+PHP, PD y AD y disminución de HP y ASP (Tabla 91, Anexo B). Montoya-Rojas (1997) en localidades ubicadas en las mismas regiones geográficas, encontró que las manchas BD+PHP, HP, HD, PSP, PS+S, SD₂, ASP, PP, AD y PD/PP mostraron dimorfismo sexual en las tres o en al menos un área geográfica. La mayoría de sus resultados coinciden con los de este estudio.

En *An. darlingi*, el dimorfismo sexual se relaciona con la menor Long.A. promedio en las hembras respecto a machos. En Quibdó-Chocó, en las hembras hay un aumento significativo de PHD, DSD, PD y AD y disminución significativa de HP, PSD, SP, PRSD, ASP, SCP, PP, AP y HP/PHD respecto a machos (Tabla 98, Anexo B); en Tierralta-Córdoba, en las hembras hay un aumento significativo de DSD y PD y disminución significativa de PHD, PSD, PRSD, SCP, PP, AP y SCP/DSD respecto a machos (Tabla 103, Anexo B) y en Granada-Meta, la longitud promedio en hembras es significativamente mayor que la de machos para DSD, PD y AD y significativamente menor para HP, PSD, SP, PRSD, ASP, SCP, PP y HP/PHD (Tabla 108, Anexo B).

En general, en *An. darlingi*, el dimorfismo sexual se asocia con el incremento significativo de las manchas PHD, DSD, PD y PD en hembras y la disminución significativa del tamaño promedio de las manchas expresado como la Long.A., las manchas PSD, PRSD, SCP y PP, y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD en hembras respecto a machos.

Para la comparación entre sexos se realizó un GDA usando la distancia de Mahalanobis, D^2 (Tabla 112, p.117). D^2 entre sexos fue alta y significativa y GDA mostró en *An. nuneztovari* una asignación correcta del 94.2% de las hembras y del 95.8% de los machos; en *An. benarrochi* B del 100.0% de las hembras y del 93.5% de los machos; en *An. triannulatus* el 100.0% en ambos sexos, en *An. albitarsis* F el 82.4% de las hembras y 89.3% de los machos y en *An. darlingi* el 93.7% de las hembras y 83.5% de los machos. Por lo tanto, en esta investigación se encontró un alto grado de dimorfismo sexual, los sexos se pueden separarse usando el 41.2% de caracteres. Fajardo-Ramos (2006) utilizó para separar los sexos en *An. nuneztovari* el 70% de los caracteres, mientras que Marin-Londoño (2015) empleó en *An. triannulatus* el 33%.

5.4 COMPARACIÓN ENTRE LOCALIDADES

En *An. nuneztovari*, la distancia de Mahalanobis, D^2 , señaló diferencias significativas entre las tres localidades. Buenaventura-Valle del Cauca mostró la mayor D^2 , respecto a las otras dos localidades, con una asignación correcta del 94.6% de sus individuos, seguida de Tibú-Norte de Santander con el 77.8%, y Tierralta-Córdoba con el 29.8%. Tibú-Tierralta mostraron la menor distancia (Tabla 40, p.97). Las variables que discriminaron mejor las localidades fueron PHD, HP, PSP, PSD, PRSD, SCP, PD, PP y AD (Tabla 41, p.97). Existen por lo menos dos agrupaciones: una conformada por Buenaventura y otra por Tibú-Santander del Norte y Tierralta-Córdoba.

Sierra et al. (2004), con base en la homogeneidad de nuclear ITS-2 rADN nuclear, propusieron que las poblaciones de *An. (Nys.) nuneztovari*, situadas a lo largo del margen oriental de las montañas andinas en Norte de Santander y el margen occidental en Chocó y Valle del Cauca corresponden a una única especie, con alta variabilidad morfológica intraespecífica para las longitudes de las manchas costales alares, encontrada también en hembras de *An. nuneztovari* (Hribar 1995, Fajardo et al. 2008).

Mirabello y Conn (2008) estimaron que *An. (Nys.) nuneztovari* representa un complejo de al menos cinco linajes como lo sugirieron años atrás Conn (1990), Conn et al. (1993) y Brochero et al. (2006). Recientemente, Naranjo-Díaz et al. (2016) mediante análisis de marcadores

mitocondriales y nucleares detectaron una subdivisión entre las poblaciones noroeste-oeste, noreste y este, separadas por las cordilleras andinas. Los resultados obtenidos en este estudio apoyan la separación del margen Occidental Choco-Valle del Cauca (Buenaventura) de las poblaciones del noroeste (T.Alta-Córdoba) y del noreste (Tibú-Norte de Santander).

En *An.albitarsis*, D^2 mostró diferencias significativas entre localidades (Tabla 92a, p.107). La pareja (BP)-MGR mostró la mayor distancia y Ti-LL la menor. La mayor asignación correcta por el modelo GDA fue del 71.7% de los individuos de Tibú-Norte de Santander y la menor fue para Granada-Meta con 30.4% (Tabla 92b, p.107). Las variables que discriminaron mejor las localidades fueron Long.A., PHD, HP, HD, PSD+SP+PRSD, ASP, DSD, SCP, PD, AD y SCP/DSD (Tabla 93, p.108). Se aplicó el método de agrupamiento UPGMA con D^2 por parejas de poblaciones y se encontró que existen por lo menos dos agrupaciones principales: una conformada por Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Granada-Meta y la otra por Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila. La agrupación 1 coincide con el estudio de Brochero et al. (2010). Ellos mostraron que Meta y Norte de Santander fueron altamente homogenizados por flujo génico ($Nm=22.86-28.79$). Sin embargo, la agrupación 2, que también incluye localidades del Meta y Huila, muestra alta diversidad morfológica y no se agrupó con Santander.

En *An. darlingi*, D^2 mostró diferencias altamente significativas entre las tres localidades analizadas (Tabla 109a, p.111). Las parejas Ti.Alta-MGR y QB-MGR mostraron la mayor distancia y QB-T.Alta la menor. La mayor asignación correcta fue 89.2% de los individuos de QB y la menor fue T.Alta con 29.63% (Tabla 109b, p.111). Las variables que discriminaron mejor las localidades fueron: HP, HD, PSP, SP, PRSD, ASP, PP, AP (Tabla 110, p.112). Se encontró que existen por lo menos dos agrupaciones: una conformada por Tierralta-Córdoba y Tibu-Norte de Santander y otra por Granada-Meta. Estos resultados son consistentes con los reportados por Manguin et al. (1995) y Charlwood (1996) quienes señalaron en *An. (Nys.) darlingi* gran variabilidad morfológica, cromosómica, isoenzimática y genética y con el estudio de Pedro y Sallum (2009) en el cual se reconocen al menos seis grandes grupos poblacionales.

5.5 COMPONENTES DE VARIANZAS Y COVARIANZAS, HEREDABILIDAD Y COHEREDABILIDAD DE LAS MANCHAS COSTALES ALARES

Las estimaciones de heredabilidad para las seis especies estudiadas se presentan en las Tablas 137-154 (Anexo B). En *An. nuneztovari* se observa que la mayoría de variables analizadas muestran heredabilidades significativas, incluyendo BP+PHP, PSP y DSD reportadas por Fajardo (2006). Las heredabilidades promedio (0.42-0.53) para las 17 variables morfológicas fueron similares a los valores reportados por Mousseau y Roff (1987).

En *An. strodei* y *An. albimanus*, se observaron menos heredabilidades significativas con errores estándar más altos. Esto puede explicarse por el bajo número promedio de progenie/familia (3-4) y de familias analizadas (6-8), limitaciones señaladas por Falconer y Mackay (1996).

Los $H^2 > 1$, en *An. albitarsis* F, considerando conjuntamente las progenies de Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta (Tablas 147-148) y en *An. darlingi*, Tierralta-Córdoba+Quibdó-Chocó (Tablas 151-152), pueden atribuirse a que estas estimaciones están más asociadas con diferencias genéticas de las hembras progenitoras recolectadas. Según Spitze (1993) y Holsinger y Weir (2009) porque en el numerador, además de la V_A entre familias dentro de poblaciones se suma la V_A entre familias de diferentes localidades. Cuando se trata de panmixia, el aporte es 0, pero cuando existe algún grado de diferenciación entre las poblaciones, la V_A entre familias de diferentes localidades es >0 , generándose una sobreestimación de heredabilidad.

El modelo de HC., para estimar el componente genético de la variación de cualquier característica fenotípica incluye el siguiente supuesto: “la covarianza de HC. debe ser menor o igual que $0.5 \cdot V_P$ ”, ya que esta Cov se estima como dos veces el componente entre familias (V_b). Valores mayores producen sobreestimaciones de $H^2 > 1.0$, como las observadas en algunas manchas costales de hembras de *An. nuneztovari*, Tierralta-Tibu (Tabla 139), en ambos sexos de *An. benarrochi* B (Tablas 141-142) y de *An. triannulatus* (Tablas 143-144). El componente entre familias (V_b) se sobreestima por un aumento de la V_{ES} dentro del recipiente de crianza de las progenies, o por Cov_G de la variable de interés con otras y por ultimo, porque las hembras

progenitoras recolectadas procedan de diferentes agrupaciones poblacionales, aumentando la heterogeneidad entre familias como es el caso de *An. albitarsis* y *An. darlingi*.

5.6 COVARIANZAS Y CORRELACIONES

Para el análisis de la relación entre las manchas costales alares se llevaron a cabo los análisis de covarianzas y correlaciones entre parejas de manchas costales/sexo en *An. benarrochi* B (Tablas 155-156, Anexo B).

A excepción de PSD/Long.A.-SCP/Long.A. y ASP/Long.A.-PP/Long.A. en hembras y de PRSD/Long.A. en machos, los coeficientes de regresión (b) significativos y positivos se encontraron entre parejas de manchas claras o entre parejas de manchas oscuras mientras que los $b(-)$ significativos se observaron entre combinaciones mancha clara-mancha oscura o viceversa. Es decir, el incremento en el tamaño de una mancha oscura, es directamente proporcional al incremento del tamaño de otra mancha oscura e inversamente proporcional al tamaño de la mancha clara.

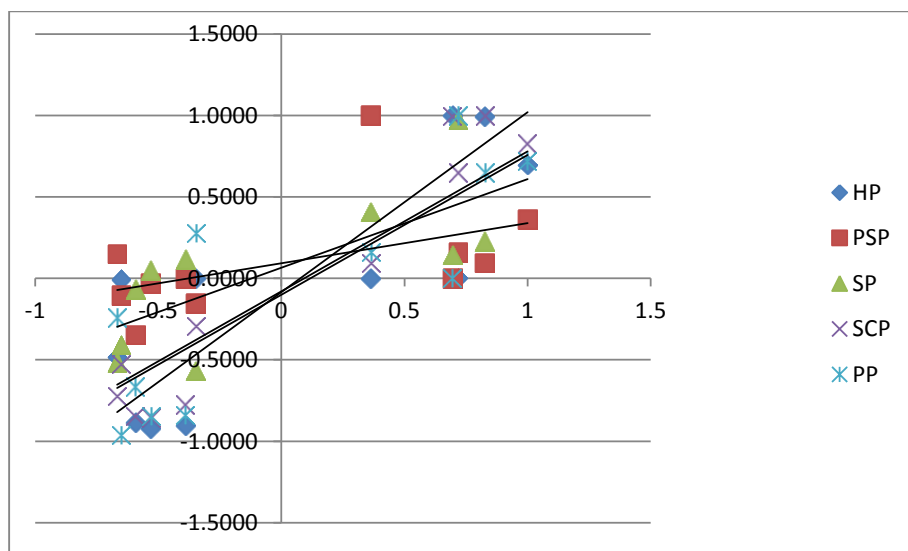
En ambos sexos, para valores de coheredabilidad significativos se observaron Cov_G , Cov_E y Cov_P positivas entre parejas de manchas costales del mismo color y Cov_G , Cov_E y Cov_P negativas entre parejas de color diferente. En ambos casos, Cov_G es alta y significativa, detectándose por lo menos efectos pleiotrópicos de los caracteres poligénicos relacionados con la pareja de covariables. En el primer caso, existe una relación directa entre la pareja de manchas claras o entre la pareja de manchas oscuras, posiblemente, porque las manchas claras y las manchas oscuras comparten genes cuyos efectos pleiotrópicos están actuando en la misma dirección. En este caso, la selección direccional, afectando la longitud de las manchas del ala, posiblemente presionó en la misma dirección. En cambio, donde existe una relación inversa entre la pareja, mancha clara (X)-mancha oscura (Y) o mancha oscura (X)-mancha clara (Y), lo que posiblemente ocurrió, fue la existencia de efectos pleiotrópicos antagónicos (relación costo-beneficio).

La cantidad de energía que un organismo debe distribuir en su desarrollo, crecimiento y reproducción (principio de asignación) se refleja sobre el tamaño de las hembras, medida indirectamente por la Long.A., como lo sugiere Nasci (1990). Esto a su vez, se relaciona con la longitud de las manchas claras y oscuras de la vena costa, afectando positivamente la longitud de las manchas oscuras o viceversa. Por lo tanto, hay un balance o compromiso (trade-off) entre estos caracteres, que debe optimizarse (Williams, 1957). Esto respalda el incremento de manchas oscuras sobre el de manchas claras (por ejemplo, DSD-SCP) asociado al mayor tamaño de las hembras respecto a machos.

Las Figuras 17-19 muestran el antagonismo genético entre las manchas claras y oscuras. En la Figura 16 se indican las líneas correspondientes a las asociaciones de (BP+PHP)/Long.A. con el resto de manchas. A excepción de ASP/Long.A. (Línea roja), las pendientes son positivas. En la Figura 18 se indican las líneas correspondientes a las asociaciones de PHD/Long. A. con el resto de manchas costales oscuras. A excepción de PRSD/Long. A. (línea roja), las pendientes son positivas. La Figura 19 muestra las líneas correspondientes a las asociaciones de (BP+PHP)/Long. A. con el resto de manchas. Las líneas azules corresponden a las asociaciones con manchas claras (pendientes positivas) y las líneas rojas a las asociaciones con manchas oscuras (pendientes negativas). Las líneas correspondientes a ASP/Long.A. (Figura 17) y PRSD/Long. A. (Figura 18) pueden explicarse considerando que estas dos manchas forman parte del sector oscuro ($SD=PRSD+ASP+DSD$) cuando no aparece ASP. Por lo tanto, ASP conserva el antagonismo de una mancha oscura respecto a una clara ya que podría formarse gracias a una interacción génica que inhibe la formación de pigmentos oscuros en esta área. Esto sugiere la existencia por lo menos de dos grupos de genes, uno para manchas claras y otro para manchas oscuras con efectos pleiotrópicos antagónicos.

Figura 17. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con los coeficientes de correlación genética (r_G) de las covariables: HP/Long. A. (Series1), PSP/Long. A. (Series2), SP/Long. A. (Series3), ASP/Long. A. (Series4), SCP/Long. A. (Series5), PP/Long. A. (Series6) y AP/Long. A. (Series7) (Y_i) en las progenies hembras y machos, proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en una población de *An. benarrochi* B.

A) Progenies hembras



B) Progenies machos

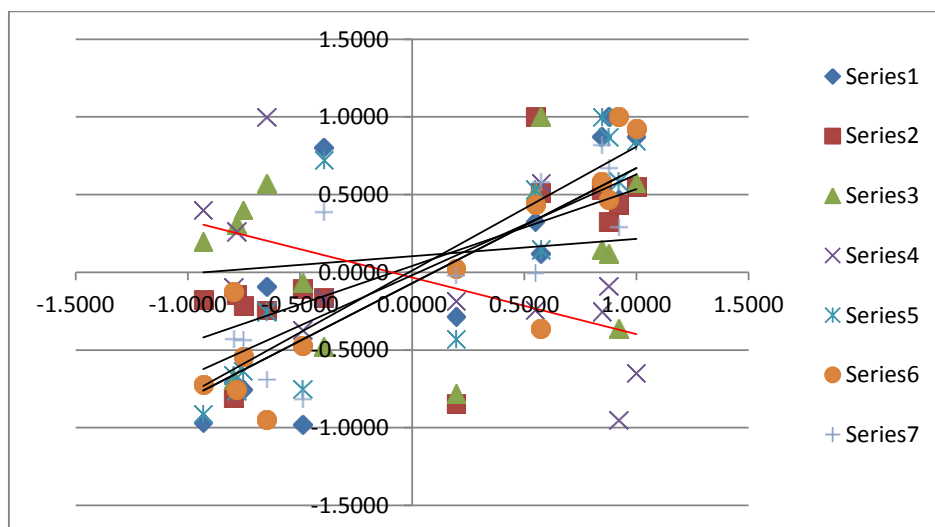
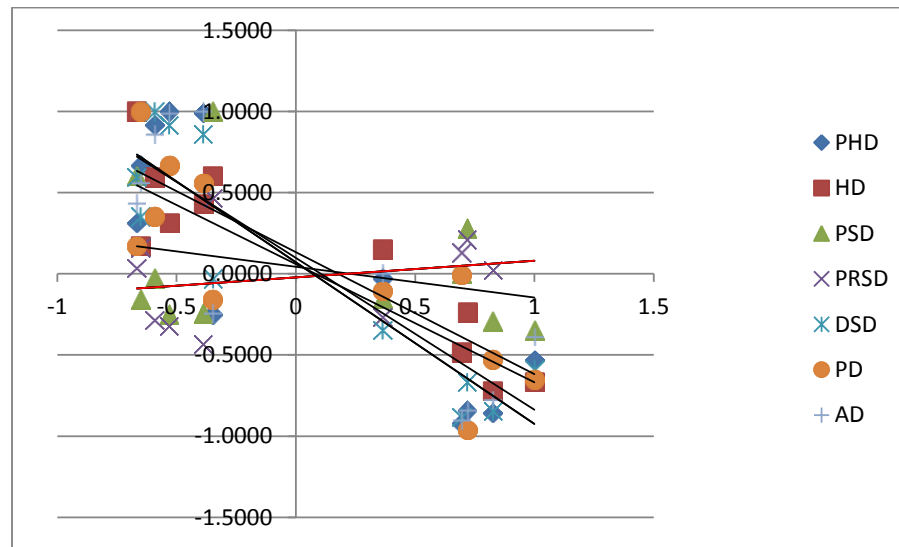


Figura 18. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con los coeficientes de correlación genética (r_G) de las covariables: PHD/Long. A. (Series1), HD/Long. A. (Series2), PSD/Long. A. (Series3), PRSD/Long. A. (Series4), DSD/Long. A. (Series5), AD/Long. A. (Series6) y AP/Long. A. (Series7) (Y_i) en las progenies hembras y machos, proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en una población de *An. benarrochi* B.

A) Progenies hembras



B) Progenies machos

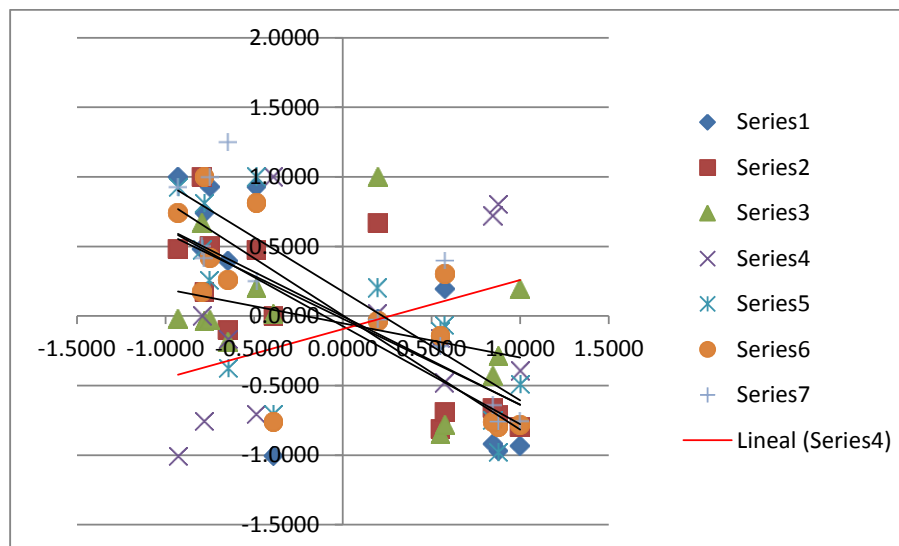
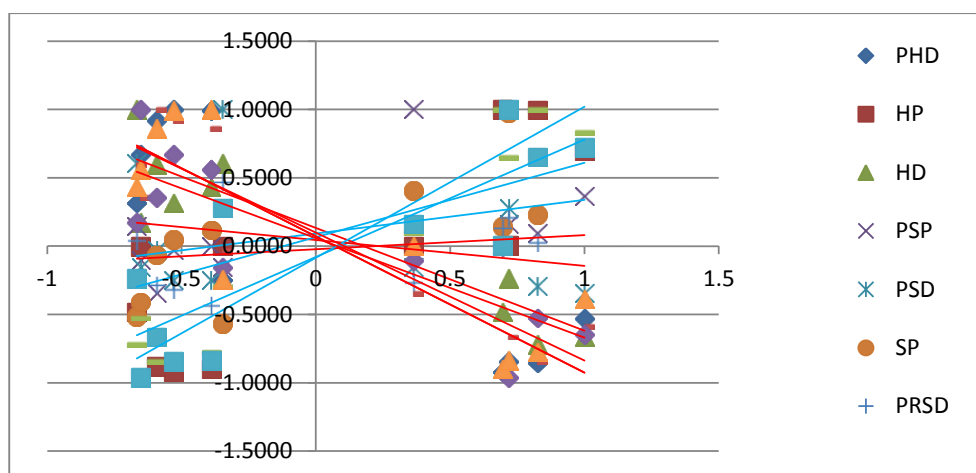
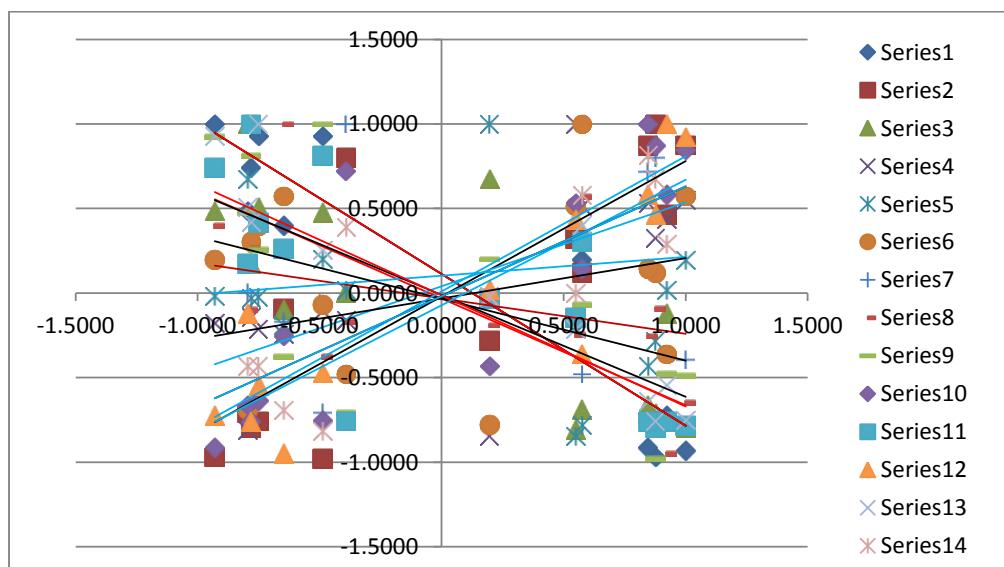


Figura 19. Regresión lineal entre los coeficientes correlación genética (r_G) de la variable (BP+PHP)/Long. A. (X) con los coeficientes de correlación genética (r_G) de las covariables: PHD/Long. A. (Series1), HP/Long. A. (Series2), HD/Long. A. (Series3), PSP/Long. A. (Series4), PSD/Long. A. (Series5), SP/Long. A. (Series6), PRSD/Long. A. (Series7), ASP/Long. A. (Series8), DSD/Long. A. (Series9), SCP/Long. A. (Series10), PD/Long. A. (Series11), PP/Long. A. (Series12), AD/Long. A. (Series13) y AP/Long. A. (Series14) (Y_i) en las progenies hembras y machos, proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en una población de Putumayo de *An. benarrochi* B.

A) Progenies hembras



B) Progenies machos



En las Tablas 159-160 (Anexo B) se mostraron los r_G , r_E y r_P de las asociaciones significativas entre parejas de manchas costales, considerando la variable categórica madres (familias) como aleatoria. Estas asociaciones mostraron una contribución del componente genético muy alto sobre el componente fenotípico y r_G antagónicas entre las manchas claras y oscuras del ala. A continuación se discuten estas asociaciones.

(BP+PHP)/Long.A. Esta característica mostró la menor V_P de las manchas costales y por ello, cumple con lo que se esperaría en teoría: si una característica tiene V_P baja, su correlación con cualquier otra no será significativa (Falconer, 1989), lo cual implica que la r_P entre ellas no sea diferente de cero en los machos. En general, (BP+PHD)/Long.A. mostró $H^2 < 0.25$, indicando con ello, que su variación fenotípica está más asociada con la variación ambiental. Posiblemente, se pueda explicar por AD/Long.A. (Tabla 111, p.113) y su asociación lineal significativa con Long.A., detectada en ambas progenies.

En hembras, la asociación de (BP+PHP)/Long.A.-PSP/Long.A. la define principalmente el componente (1-G) de la Cov_P (Tabla 159). En los machos, esta asociación explica la r_G alta y antagónica de (BP+PHP)/Long.A.-PD/Long.A. ($r_G = -0.7818 \pm 0.0576$). La heredabilidad ajustada bajó a 0.0250 ± 0.1382 , reduciéndose significativamente respecto a la estimada considerando el supuesto de independencia.

PHD/Long.A. Se observó una disminución en la heredabilidad estimada, producida por la asociación con HP/Long. A. en ambas progenies y con SCP/Long. A. en machos. HP es vecina de PHD lo que hace pensar que esta reducción podría deberse a genes comunes afectando estas características. La asociación con SCP/Long.A. es menor, lo cual podría explicarse por interacciones pleiotrópicas entre genes comunes para las manchas claras y oscuras. Las r_G antagónicas entre PHD/Long.A. y HP/Long.A. y SCP/Long.A. muy altas ($Cov_G < -0.90$) significativas apoyan esta idea (Tablas 159 y 160).

HP/Long.A. En hembras, las heredabilidades estimadas, considerando las asociaciones con PHD/Long.A., SCP/Long.A., fueron 0.3174 ± 0.1822 , 0.3180 ± 0.1799 , respectivamente y conjuntamente, 0.1326 ± 0.2483 . En los machos, con PHD/Long. A ($H^2 = 0.2225 \pm 0.1661$), con

HD/Long.A. ($H^2=0.6430\pm0.2001$) y conjuntamente ($H^2=0.1551\pm0.1630$). En las Tablas 159 y 160 se observa que HP/Long.A. mostró Cov_G negativas altas significativas con PHD/Long. A. (hembras: -0.9222 ± 0.0339 ; machos: $Cov_G=-0.9690\pm0.0218$), en machos con HD/Long.A. ($Cov_G=-0.7083\pm0.0586$) y AD/Long.A. ($Cov_G=-0.7556\pm0.0679$) y en hembras con SCP/Long.A. ($Cov_G=-0.7556\pm0.0679$). Estas correlaciones y la disminución de la heredabilidad estimada en ambas progenies, especialmente con PHD/Long.A. son una prueba de la existencia de genes comunes con antagonismo pleiotrópico afectando estas características.

HD/Long.A. En hembras, a pesar de existir una asociación significativa con PSP/Long. A. y PD/Long. A. no se observó una disminución significativa en las estimaciones de heredabilidad respecto a la calculada considerando esta variable como independiente. En este caso, la asociación fenotípica puede ser atribuida, principalmente, a r_E entre las parejas HD/Long.A.-PSP/Long.A. y HD/Long.A.-PD/Long.A., las cuales fueron significativamente mayores que la r_G (Tabla 159).

En machos, se correlacionó positiva y significativamente con PSD/Long.A. ($Cov_G=0.6743\pm0.0609$) y con PD/Long.A. ($Cov_G=0.1744\pm0.0851$). Hubo una disminución significativa en la estimación de heredabilidad, de un valor alto (0.9803 ± 0.1972) a un valor medio (0.2854 ± 0.1695), debido a la r_G de estas covariables con HD/Long. A. Esto se podría explicar principalmente por G de r_P de HD/Long. A. con PSD/Long. A. y PD/Long. A.

PSP/Long.A. En hembras, HD y PSD vecinas de PSP mostraron Cov_P antagónica mientras que con SP la Cov_P fue directa. La magnitud de $[1 - G = \sqrt{(1 - h_X^2)} * \sqrt{(1 - h_Y^2)} * r_E]$ es similar y mayor que G. El incremento en las heredabilidades estimadas se debe a (1-G), este reduce la varianza dentro de progenies e incrementa el aporte entre familias para PSD/Long.A. (Tabla 159).

En machos, HD y PSD vecinas de PSP mostraron r_P antagónicas. La magnitud de G es similar y mayor que la de (1-G), respectivamente. La reducción en la heredabilidad estimada de PSP/Long.A. se debe principalmente a G o r_G antagónica de PSP/Long. A. con HD/Long. A. y

con PSD/Long. A. (Tabla 160). Esto es una prueba adicional de genes comunes afectando estas características.

PSD/Long.A. En hembras, SP vecina de PSD mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas. La magnitud de G es similar a la de (1-G). La sobreestimación de la heredabilidad de PSD/Long.A. se debe a la asociación antagónica con SP, aportada por los componentes G y (1-G) de PSD/Long. A.-SP/Long. A. (Tabla 159).

En machos, PSP vecina de PSD mostró Cov_G y Cov_P antagónicas (Tabla 160). La magnitud de G fue significativamente mayor que (1-G). La sobreestimación de la heredabilidad de PSD/Long.A. se debe a la asociación antagónica con PSP/Long.A, aportada por G de PSD/Long.A.-PSP/Long.A. (Tabla 160).

SP/Long.A. En hembras, SP/Long.A. con: PSD/Long.A., PRSD/Long.A. y PD/Long.A. mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas y significativas (Tabla 159). Cuando se consideraron los componentes genéticos y ambientales de SP/Long.A-PSD/Long.A, la magnitud G fue similar a la de (1-G) y la reducción de la heredabilidad se debió a los dos componentes. En cambio, en las parejas: SP/Long.A-PRSD/Long.A y SP/Long.A-PD/Long.A, la magnitud de G es significativamente mayor que (1-G). El aporte a la reducción de la heredabilidad se debe principalmente a G.

En machos, SP vecina de PRSD mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas (Tabla 160). La magnitud de G es significativamente menor que la de (1-G). Esta asociación no modifica significativamente la heredabilidad de SP/Long.A.

PRSD/Long. A. En hembras, SP/Long.A.-PRSD/Long.A. mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas y PD/Long.A.-PRSD/Long.A. mostró una Cov_G positiva y una Cov_E negativa significativas (Tabla 45). En SP/Long.A.-PRSD/Long.A., G es significativamente mayor que (1-G). En PD/Long.A.-PRSD/Long.A., los dos componentes son similares y antagónicos, generándose una Cov_P no diferente de cero. Por lo tanto, la diferencia en la

heredabilidad estimada sin y considerando las correlaciones se debe, principalmente, al componente genético antagónico de la correlación entre SP/Long.A.-PRSD/Long.A.

En machos, SP/Long.A.-PRSD/Long.A. y ASP/Long.A.-PRSD/Long.A. mostraron Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas. DSD/Long.A.-PRSD/Long.A. y PD/Long.A.-PRSD/Long.A. mostraron una Cov_G positiva y las Cov_E y Cov_P negativas significativas. En las dos primeras parejas, G es significativamente menor que $(1-G)$ y ambos componentes son negativos. En las dos parejas siguientes, G es negativo y su magnitud significativamente mayor que $(1-G)$ positivo, lo que genera Cov_P negativas y significativas. La diferencia de la heredabilidad estimada sin y considerando las correlaciones se debe principalmente a G antagónico de las r_P de PRSD/Long.A. con SP/Long.A., ASP/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. (Tabla 160).

ASP/Long.A. En hembras, es la que menos asociaciones significativas presenta con otras manchas costales y éstas explican menos del 10% de su V_P . Muestra una heredabilidad baja. En machos, PRSD/Long.A. y DSD/Long.A. con ASP/Long.A. mostraron Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas (Tabla 46). La magnitud de (G) es significativamente menor que la de $(1-G)$ con PRSD/Long.A. y la magnitud de ambos componentes es similar para DSD/Long.A. La sobreestimación de la heredabilidad de ASP/Long. A. sin considerar estas covariables se debe principalmente a estas r_G antagónicas.

DSD/Long. A. En hembras, ASP vecina de DSD mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas. La magnitud de (G) es similar a $(1-G)$. La sobreestimación de la heredabilidad de DSD/Long.A. se debe a la asociación antagónica con ASP/Long.A., aportada por G y $(1-G)$ (Tabla 159).

En machos, las parejas ASP/Long.A.-DSD/Long.A. y SCP/Long.A.-DSD/Long.A. mostraron Cov_G y Cov_P antagónicas significativas. La magnitud de (G) fue similar a $(1-G)$ para ASP y significativamente mayor para SCP. Por lo tanto, el valor sobreestimado de la heredabilidad de DSD/Long.A. se debe a la asociación antagónica con PSP/Long.A., aportada por los dos componentes (Tabla 160).

SCP/Long.A. En hembras, SCP ubicada entre DSD y PD mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas. La magnitud de (G) es significativamente mayor que (1-G). Por otro lado, la correlación de HP/Long.A.-SCP/Long.A. explicó el 40% de la V_P de SCP/Long.A. y mostró Cov_G y Cov_P positivas y significativas (Tabla 159) donde G es significativamente mayor que (1-G). La sobreestimación de la heredabilidad de SCP/Long.A. se debe a r_G antagónica con DSD/Long.A. y PD/Long.A. y directa con HP/Long.A. (Tabla 159).

En machos, SCP/Long.A.- PHD/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas significativas. Cuando se consideran los componentes genéticos y ambientales de estas tres covariables, la magnitud de G es significativamente mayor que la de (1-G). Por lo tanto, la sobreestimación de la heredabilidad de SCP/Long.A. se debe a la r_G antagónica de PHD/Long.A., DSD/Long.A. y PD/Long.A. (Tabla 160).

PD/Long.A. En las hembras, PD/Long.A.-SCP/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P antagónicas significativas. La magnitud del componente heredable (G) es significativamente mayor que la de (1-G). PD/Long.A.-HD/Long.A. mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P donde G y (1-G) son similares. La sobreestimación de la heredabilidad de PD/Long.A. se debe a la Cov_G antagónica de SCP/Long.A. y al aporte directo de los dos componentes con HD/Long.A. (Tabla 159).

En los machos, la pareja PD/Long.A.-SCP/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P antagónicas significativas. La magnitud de G es significativamente mayor que la de (1-G). PP/Long.A.-PD/Long.A. mostró una Cov_G antagónica y una Cov_P positiva (Tabla 160) donde G es significativamente $>(1-G)$. La sobreestimación de la heredabilidad de PD/Long.A. se debe a la Cov_G antagónica de SCP/Long.A. y PP/Long.A. respecto a PD/Long.A. (Tabla 160).

PP/Long.A. En hembras, la pareja AD/Long.A.-PP/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P antagónicas significativas (Tabla 159) donde la magnitud de G es significativamente mayor que (1-G). Por lo tanto, el valor sobreestimado de heredabilidad de PP/Long.A. 0.7297 ± 0.2274 , se debe a la Cov_G de la mancha AD/Long.A. (Tabla 159).

En machos, PD/Long.A.-PP/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P antagónicas y Cov_E positiva significativas (Tabla 159). La magnitud de G es significativamente mayor que $(1-G)$. PP/Long.A.-AD/Long.A. mostró Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas y significativas (Tabla 160) donde G es significativamente mayor que $(1-G)$. La sobreestimación de la heredabilidad de PD/Long.A. se debe a la Cov_G antagónica de PD/Long.A. y AD/Long.A. respecto a PP/Long.A. (Tabla 160).

AD/Long.A. En hembras, AD/Long.A.-PP/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P antagónicas y significativas. Por otro lado, AD/Long.A.-DSD/Long.A. mostró Cov_G y Cov_P positivas y significativas (Tabla 159) donde la magnitud de G es significativamente mayor que la de $(1-G)$. La sobreestimación de la heredabilidad de PP se debe a las Cov_G de DSD/Long.A.-PP/Long.A. (Tabla 159).

En machos, AD/Long.A.-HP/Long.A. y AD/Long.A.-PP/Long.A. mostraron Cov_G , Cov_E y Cov_P antagónicas y significativas (Tabla 160). La magnitud de G es significativamente mayor que la de $(1-G)$. La sobreestimación de la heredabilidad de PD/Long.A. se debe a las r_G antagónicas de HP/Long.A. y PP/Long.A. respecto a AD/Long.A. (Tabla 160).

AP/Long.A. La heredabilidad estimada no fue significativamente mayor que 0 o no pudo ser estimada porque la variación entre familias fue menor que la variación dentro de familias. Esto podría deberse a que el análisis aunque se realizó con el mismo número de familias que en otras manchas, el numero promedio de progenie/familia fue bajo ($k_1=3.7$). Esto, también podría explicar porque AP/Long.A. muestra en la estimación de heredabilidad un error estándar mayor que en el resto de características.

Los valores altos de r_G pueden atribuirse a genes comunes que influyen sobre las parejas de manchas costales alares. Aunque en teoría las r_G entre dos características también pueden resultar del efecto de ligamiento entre genes cercanos (Falconer, 1989). En este caso, es más probable lo primero, dado que ambas características representan el crecimiento de tejidos similares en el ala de anofelinos. También revelan el antagonismo genético existente entre las manchas claras y las manchas oscuras. Según Searle (1961), una correlación fenotípica menor que la genética y

simultáneamente una correlación ambiental positiva, solamente ocurre cuando los genes que gobiernan las dos variables son similares.

5.7 COMPONENTES DE VARIANZA DE LA CONFORMACIÓN Y EL TAMAÑO DEL ALA

El ANOVA de dos vías mixta para examinar la variación del tamaño centroide (Palmer y Strobeck, 1986) y el ANOVA Procrustes para las VC (Klingenberg y McIntyre, 1998) fueron altamente significativos para madres, familias de hembras y machos (Tablas 164-175). Las diferencias significativas entre madres podría deberse a diferencias genéticas o ambientales donde se desarrollaron las hembras progenitoras recolectadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo de *An. benarrochi* B. Este componente explicó el 98.57% de la variación del tamaño y el 18.6% de la variación en la conformación del ala.

En las progenies, las diferencias significativas entre las familias de hembras y machos están asociadas, principalmente, con el componente genético del tamaño y la conformación del ala ya que estos individuos se desarrollaron bajo condiciones controladas de laboratorio. Este componente explica el 96.8% de la variación del tamaño y el 18.6% de la variación en la conformación del ala. En estas ANOVAS no se observaron diferencias significativas en el tamaño ni en la conformación de las Al.Der. y Al.Izq., por lo tanto, no se detectó DA significativa. En cambio, la interacción entre lado*madre fue altamente significativa, indicando con ello, la existencia de AF para el tamaño y la conformación del ala (Klingenberg y Monteiro, 2005).

La alometría se evaluó mediante análisis univariado de regresión lineal en una población de hembras grávidas recolectadas en Puerto Asís, Quebrada Hiototo-Putumayo de *An. benarrochi* B. Adicionalmente, se analizaron las progenies hembras y machos de esta población. Como variable dependiente se utilizó el FC_1 , calculado en el DA, el cual representa la mayor porción de la variación de conformación derivada del análisis generalizado de Procrustes. El tamaño-centroide se utilizó como variable independiente. En las hembras grávidas (madres), progenies hembras y machos los análisis de regresión lineal fueron significativos (madres: $t=2.75$;

$R^2=0.226$; G.L.=26; $P=0.0054$; hembras: $t=3.66$; $R^2=0.127$; G.L.=92; $P=0.0002$; machos: $t=2.8$; $R^2=0.082$; G.L.=88; $P=0.0031$), lo cual indica que la relación entre el tamaño y la conformación es significativa (alometría). En las hembras progenitoras (Figura 4, p.159), y en las progenes hembras (Figura 10, p.164) y machos (Figura 16, p.175), se muestra esta relación.

La variación de la conformación del ala explicada por el tamaño fue del 8.2% en madres, 12.7% en progenes hembras y 8.2% en progenes machos. Calle et al. (2008) en la Sección Albimanus, para las especies *A. oswaldoi*, *An. benarrochi* B y *An. strodei*, frecuentemente en simpatria en la región de Putumayo, encontraron una relación significativa entre el tamaño y la conformación del ala con el 27% de la variación explicada por el modelo de regresión lineal.

En este estudio, la varianza explicada fue menor que el reportado, quizá porque el tamaño está afectando variables de conformación de familias dentro de la misma especie. Este efecto residual indicaría que las variables de conformación son afectadas por diferentes formas de crecimiento asociadas con la procedencia (progenitoras) o variación genética dentro de una misma especie, a pesar de que las progenes se desarrollaron en condiciones controladas y pertenecen a una misma localidad. Dujardin et al. (2000) y Jaramillo y Dujardin (2002), detectaron diferentes maneras de crecer (alometrías divergentes) entre poblaciones geográficas y ecológicas de la misma especie, aunque no definieron con qué frecuencia y hasta qué niveles. La razón es que la separación alopatrica produce divergencia genética que va aumentando de manera gradual a medida que la separación permanece en el tiempo. La evidencia encontrada sobre alometría residual en simpatria en este estudio indica la importancia de profundizar en los estudios sobre las poblaciones de esta especie. Es necesario incluir más poblaciones que abarquen su rango de distribución, mejorar los tamaños de muestra/familia y recolectar en las épocas adecuadas; con el fin de clarificar el estatus taxonómico de este grupo, para saber si se está tratando con una sola especie o con un complejo de especies crípticas en esta zona.

Los componentes de V_P estimados para el tamaño del ala en hembras fueron: $V_M+V_{EG}=0.5739$; $V_G=0.4647$ y $V_R=0.0214$ y en machos: $V_M+V_{EG}=0.7982$; $V_G=0.1839$ y $V_R=0.0180$ (Tablas 170, p.167 y 178, p.177). Por lo tanto, la heredabilidad en sentido estrecho (h^2) estimada del tamaño del ala en las hembras fue 0.0279 ± 0.0369 y en los machos 0.0723 ± 0.0343 . La baja

heredabilidad del tamaño del ala indica que es una variable mayormente afectada por el ambiente, pero que a pesar de ello, muestra altos niveles de estabilidad en el desarrollo expresado en el porcentaje bajo de los componentes de varianza de AF (hembras: 3.04%; machos: 2.73%) y de DA, alrededor del 0.00% (Tablas 168, p.165 y 176, p.176).

Los componentes de V_P estimados para la conformación del ala en hembras: $V_{ES}=0.5991$, $V_M+V_{EG}=0.0895$; $V_A=0.0288$; $V_D=0.2826$ (Tablas 172, p.169 y 173, p.170) y en machos: $V_{ES}=0.4113$, $V_M+V_{EG}=0.1121$; $V_A=0.0221$; $V_D=0.4546$ (Tablas 180, p.180 y 181, p.182), las heredabilidades estimadas en hembras ($h^2=0.0288\pm0.0352$; $H^2=0.3114\pm0.0445$) y en machos ($h^2=0.0221\pm0.0348$; $H^2=0.4767\pm0.0425$) indican que la conformación del ala es una variable compleja que posiblemente incluye, varios genes con interacciones entre loci reflejadas en las estimaciones de H^2 altas. Además, al tratarse de progenies desarrolladas en condiciones de laboratorio, su variación podría incluir el efecto de crianza (V_M+V_{EG}). Si esto es cierto, las variables tamaño y conformación del ala serían muy sensibles a estos cambios, aproximadamente el 10% de la V_P se puede asignar a este efecto.

6. CONCLUSIONES

En las cinco especies de la Sección Albimanus (*An. nuneztovari*, *An. benarrochi* B, *An. strodei*, *An. tinnulatus* y *An. albimanus*) el patrón I fue el más frecuente, seguido del V mientras que en las dos especies de la sección *Angyritarsis* (*An. albitarsis* F y *An. darlingi*) el patrón V fue el más frecuente seguido del I y X, lo que indica el valor de la distribución de frecuencias de estos patrones en la ubicación taxonómica de las especies en las dos secciones.

Los análisis de las distribuciones de frecuencias de los patrones alares, por parejas de localidades en *An. nuneztovari*, *An. albitarsis* y *An. darlingi* mostraron valores de Chi-cuadrado significativos, indicando con ello, una alta diversidad intraespecífica.

En general, las frecuencias de los patrones de manchas costales permitieron diferenciar especies y sexos significativamente. Por lo tanto, estos rasgos son buenos estimadores de diferenciación intra e interespecífica.

Los análisis morfométricos basados en las longitudes de las manchas costales alares, en general, no muestran diferencias significativas entre las Al.Der. y Al.Izq. Pero considerando en conjunto, Al.Der. y Al.Izq., son marcadores de dimorfismo sexual significativo.

Parece ser que la mayoría de fusiones observadas en las siete especies estudiadas implican preferentemente manchas claras; en hembras esta pérdida es mayor que en machos y estaría relacionada con la variación del tamaño. Las hembras presentan mayor tamaño que los machos y por ende mayores longitudes de las manchas oscuras, especialmente de la mancha DSD respecto a la mancha SCP. La proporción SCP/DSD en hembras es significativamente menor que en machos.

En las especies donde se registraron las progenies de varias localidades se pudo discriminar significativamente su procedencia con la Long.A. y el tamaño de las manchas costales. Por ejemplo, el caso de Buenaventura en *An. nuvestovari*, con una asignación acertada del 95.5% por

GDA. *An. albitarsis* y *An. darlingi* presentaron diferencias morfométricas significativas entre las poblaciones usando la distancia de Mahalanobis. Las alas de hembras y machos de estas especies, presentan características morfométricas que permiten separar poblaciones.

El componente genético, expresado en términos de V_G y Cov_G a través de la heredabilidad, $Co-H^2$ y r_G de la V_P , de los rasgos estudiados es alto. Por otro lado, algunas de las características mostraron un componente ambiental alto afectando V_P y por ende mostraron $H^2 < 0.25$, especialmente aquellas con baja V_P como BP+PHP y ASP en *An. benarrochi* B.

La detección de correlaciones genéticas antagónicas entre parejas de manchas claras y oscuras de la vena Costa, hacen pensar que existen genes comunes que regulan la expresión de su tamaño (pleiotropia).

Los componentes de V_P estudiados en las seis especies mostraron diferencias en la V_G , V_E y H^2 . En el caso, de *An. albitarsis* y *An. darlingi*, las heredabilidades mostraron sobreestimación debido probablemente a que al juntar localidades, estas tienen algún grado de estructuración genética reflejada en un aumento significativo de la varianza entre familias. Por lo tanto, las mediciones realizadas sobre las manchas costales alares en los Anophelinos estudiados mostraron diferenciación entre especies y entre poblaciones dentro de especies.

Los análisis morfométricos en *An. benarrochi* B mostraron en las madres progenitoras y en las progenies hembras y machos alometría residual, asimetría fluctuante, efecto del recipiente de crianza y heredabilidades promedio bajas para el tamaño y conformación del ala.

La población de Puerto Asis, Quebrada Huitoto-Putumayo de *An. benarrochi* B, presenta diferencias en el tamaño y conformación del ala, mostrando alometría residual entre familias, lo cual podría indicar diferentes formas de desarrollo en condiciones simpátricas asociadas a su variabilidad genética.

Las bajas h^2 del tamaño y la conformación del ala indican que son variables mayormente afectadas por el ambiente, con altos niveles de estabilidad en el desarrollo expresado en el porcentaje bajo de los componentes de varianza de AF y DA. Además, posiblemente incluyen,

genes con interacciones entre loci reflejadas en las estimaciones de V_D y H^2 altas, en ambos sexos.

Los resultados de la investigación contribuyen a ampliar el conocimiento actual del efecto del componente genético y ambiental sobre la diversidad fenotípica en especies de gran importancia en Salud Pública. Los resultados muestran los valores de heredabilidad de los caracteres y la presencia de estructura poblacional en especies como *An. nuneztovari*, *An. albitarsis* s.l. *An. strodei*, que concuerda con lo considerado por otros autores como un complejo de especies.

En esta investigación se probó la utilidad del modelo *Anopheles* en estudios de caracteres longitudinales asociados funcionalmente. Se evaluó que tan heredables fueron las manchas costales, la conformación del ala y el tamaño, características útiles en la identificación taxonómica de especies de este género.

7. RECOMENDACIONES

Dado el bajo número de poblaciones analizadas en este trabajo (por ejemplo, una en *An. benarrochi* B y en *An. albimanus*) se sugiere incrementar su número para conocer a mayor escala la variabilidad fenotípica alar de estas especies. Adicionalmente, el número de familias/población y de progenie/familia fueron bajos en especies como *An. strodei* y *An. triannulatus* lo cual indica que su aumento permitiría optimizar las muestras a evaluar en los estudios genéticos, permitiendo ajustar las estimaciones de los componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas.. Lo anterior permitiría avanzar en el conocimiento de la estructura genética de poblaciones de estas especies, información útil para el diseño de estrategias de control vectorial.

El tamaño medido indirectamente con la Long.A., en este estudio mostró heredabilidades intermedias y altas, dimorfismo sexual y asociaciones con la procedencia de las progenitoras significativas. Todo esto podría explicarse por diferencias ambientales entre ecorregiones que podrían conducir a la diferenciación fenotípica de poblaciones de *Anopheles* (Motoki et al., 2012) y tener un impacto en su capacidad vectorial (Ameneshewa y Service, 1996), aspecto relevante para la implementación de estrategias de control vectorial para esta especie.

Por ello, se propone llevar a cabo este tipo de estudios a nivel microgeografico en el occidente del país, una de las regiones mas biodiversas del mundo que incluye dos “hotpots” de biodiversidad (Myers et al., 2000). Esta comprende al menos 10 ecorregiones con características ecológicas muy heterogéneas (WWF, 2012), entre las cuales esta la ecorregión denominada de Bosques Montanos del Valle del Cauca (BMVC), y la ecorregión los Bosques Húmedos del Chocó/Darién (BHCD) (Dinerstein et al., 1995). De esta manera se podría tener un gradiente de puntos que permita examinar los cambios morfológicos en función de los cambios ambientales en estas áreas.

La variación genética amplia en el tamaño corporal y otros caracteres es probable que se mantenga por selección balanceada (Schneider et al., 2011). Nuestros resultados también sugieren la necesidad de precaución al obtener conclusiones de experimentos con especímenes

criados en laboratorio y extrapolarlas a poblaciones naturales. Estos serían probablemente más informativos al esperar fenotipos en condiciones naturales si se realizan en una serie de condiciones que simulan el estrés ambiental. Por ejemplo, experimentos de diferentes poblaciones criadas bajo condiciones controladas en cámaras ambientales (regulación de fotoperiodos, humedad relativa y temperatura, entre otros).

La evidencia encontrada sobre alometría residual en simpatria en este estudio indica la importancia de profundizar en los estudios sobre las poblaciones de especies del género *Anopheles* como *An. benarrochi* B. Es necesario incluir más poblaciones que abarquen su rango de distribución, mejorar los tamaños de muestra/familia y recolectar en las épocas adecuadas; con el fin de clarificar el estatus taxonómico de este grupo, para saber si se está tratando con una sola especie o con un complejo de especies crípticas en esta zona.

8. CONSIDERACIONES ÉTICAS Y SOCIALES

Las actividades en esta investigación fueron principalmente sobre poblaciones de mosquitos *Anopheles*, el método para su recolección fue atrayente humano protegido, razón por lo cual las personas participantes en estas recolecciones fueron profesionales o técnicos con experiencia, quienes lo hicieron, previa explicación detallada del protocolo de la Organización Mundial de la Salud (OMS, 1975¹).

Para la alimentación de las hembras de mosquitos recolectadas en el campo se emplearon ratones. Estos animales se introdujeron en las jaulas con mosquitos por 45 minutos cada tercer día y fueron manipulados siguiendo las regulaciones éticas nacionales e internacionales vigentes (Ley 84 de 1989² y Resolución 008430 de 1993³). Para la manipulación de material entomológico se utilizó una máscara de polvo, guantes de látex, bata de laboratorio y zapatos antideslizantes.

Esta investigación no ameritó declaración de impacto ambiental, por no involucrar impacto sobre ningún ecosistema o aspectos sociales significativos.

¹ ORGANIZACIÓN MUNDIAL DE LA SALUD. Manual práctico de Entomología. Parte 1-2. Genova: OMS. Genova. 1975. 191 p.

² COLOMBIA. CONGRESO DE COLOMBIA. Ley 84. (27, diciembre, 1989). Por la cual se adopta el Estatuto Nacional de Protección de los Animales y se crean unas contravenciones y se regula lo referente a su procedimiento y competencia. Diario Oficial. Bogotá, D.C., 1989. no. 39120.

³ COLOMBIA. MINISTERIO DE SALUD. Resolución 8430 (4, Octubre, 1993). Por la cual se establecen las normas científicas, técnicas y administrativas para la investigación en salud. Diario Oficial. Bogotá, D.C., 1989. no. 39120. Bogotá: El Ministerio, 1993.

BIBLIOGRAFIA

AHUMADA FRANCO, M. L. Determinación del papel como vector de malaria de las especies de *Anopheles* presentes en el departamento del Meta, Colombia. Trabajo de grado Biólogo. Bogotá D.C.: Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Medicina. Infecciones y Salud en el Trópico, 2009. 75 p.

ALBRECHT, G. H. Some comments on the use of ratios. En: Systematic Zoology. 1978. vol. 27, p. 67-71.

ÁLVAREZ D.; IANNINI A. y HOENIGSBERG, H. F. Population genetics in the American tropics. XXXIX. Asymmetry as a divergence factor in demes of *Drosophila pseudoobscura* in the Cundinamarca-Boyacá Altiplano of Colombia. En: Evolución Biológica. 1989. vol. 3, p. 269-311.

AMENESHEWA, B. y SERVICE, M. W. The relationship between female body size and survival rate of the malaria vector *Anopheles arabiensis* in Ethiopia. En: Medical and Veterinary Entomology. 1996. vol. 10, p. 170-172.

ARTHUR, W. Towards a spineless stickleback. En: Heredity. 2004. vol. 93, p. 239-240.

BEAUTY, B. J. y MARQUARDT, W. C. II. Fleas and the agents they transmit. En: The Biology of Disease Vectors. University Press of Colorado. R. E. Thomas, 1996. p. 146-159.

BECKER, W. A. Manual of Quantitative Genetics. 4 ed. Washington: Academic Enterprises Pullman, 1984. 188p.

BENÍTEZ, H. A. y PARRA, L. E. Asimetría fluctuante: Una herramienta morfo-funcional para medir estabilidad del desarrollo. En: Int. J. Morphol. 2011. vol. 29, no. 4, p. 1459-1469.

BETTS, C. R. y WOOTTON J. R. Wing shape and flight behavior in butterflies (Lepidoptera: Papilionoidea and Hesperioidea): a preliminary analysis. En: J. Exp. Biol. 1998. vol. 138, p. 271-288.

BERWAERTS, K.; VAN DICK, H. y AERTS P. Does flight morphology relate to flight performance? An experimental test with the butterfly *Pararge aegeria*. En: Functional Ecology. 2002. vol.16, p. 484-499.

BHARTI, A. R.; CHUQUIYAURI, R.; BROUWER, K. C.; STANCIL, J.; LIN, J.; LLANOS-CUENTAS, A. y VINETZ, J. M. Experimental infection of the ne-tropical malaria vector *Anopheles darlingi* by human patient-derived *Plasmodium vivax* in the Peruvian Amazon. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 2006. vol. 75, p. 610-616.

BLACKMORE, M. S. y LORD, C. C. The relationship between size and fecundity in *Aedes albopictus* .En: Journal of Vector Ecology. 2000. vol. 25, no. 2, p. 212-217.

BLALOCK, H. J. Correlated independent variables: the problem of multicollinearity. En: Social Forces. 1963. vol. 42, p. 233-237.

BOCHDANOVITS, A y DE JONG, G. Temperature dependent larval resource allocation shaping adult body size in *Drosophila melanogaster*. En: Journal of Evolutionary Biology. 2003. vol. 16, no. 6, p. 1159–1167.

BOOKSTEIN, F. L. Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. En: Statistical Science. 1986. vol. 1, p. 181-242.

BOOKSTEIN, F. L. Biometrics, biomathematics and the morphometric synthesis. En: Bulletin of Mathematical Biology. 1996. vol. 58, no. 2, p. 313-365.

BOURKE, B. P.; FOSTER, P. G.; BERGO, E. S.; CALADO, D. C. y SALLUM, M. A. Phylogenetic relationships among species of *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) (Diptera, Culicidae) based on nuclear and mitochondrial gene sequences. En: Acta Trop. 2010. vol. 114, p. 88–96.

BROCHERO H. L.; REY, G.; BUITRAGO, L. S. y OLANO V. A. Biting activity and breeding sites of *Anopheles* species in the municipality Villavicencio, Meta, Colombia. J. En: Am. Mosq. Control Assoc. 2005. vol. 21, p. 182–186.

BROCHERO, H.; PAREJA, P. X.; ORTIZ, G. y OLANO, V. A. Sitios de cría y actividad de picadura de especies de *Anopheles* en el municipio de Cimitarra, Santander, Colombia. En: Biomédica. 2006. vol. 26, p. 269-277.

BROCHERO, H. H.; Li, C. y WILKERSON, R. C. A newly recognized species in the *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *albitarsis* complex (Diptera: Culicidae) from Puerto Carreño, Colombia. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 2007. vol. 76, p. 1113–1117.

BROCHERO, H. y QUIÑONES, M. L. Retos de la entomología médica para la vigilancia en salud pública en Colombia: reflexión para el caso de malaria. En: Biomédica. 2008. vol. 28, p. 18-24.

BROCHERO, H.; LI, C.; WILKERSON, R.; CONN, J. E. y RUIZ-GARCIA, M. Genetic structure of *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *marajoara* (Diptera: Culicidae) in Colombia. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 2010. vol. 83, p. 585–595.

CADENA, M. A. Resultado de algunas disecciones de mosquitos. En: Revista de Higiene. 1939. vol. 20, p. 27.

CALLE, D. A.; QUIÑONES, M. L.; ERAZO, H. y JARAMILLO, O. Morphometric discrimination of females of five species of *Anopheles* of the subgenus *Nyssorhynchus* from Southern and Northwest Colombia. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2002. vol. 97, p. 1191-1195.

CALLE, D. A.; QUIÑONES, M. L.; ERAZO, H. F. y JARAMILLO, N. Discriminación por morfometría geométrica de once especies de *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) presentes en Colombia. En: Biomédica. 2008. vol. 8, p. 371-385.

CARLSON, S. M. y SEAMONS, T. R. A review of quantitative genetic components of fitness in salmonids: implications for adaptation to future change. En: Evolutionary Applications. 2008. vol. 1, p. 222-238.

CAVALCANTI, M. J. Geometric morphometric analysis of head shape variation in four species of hammerhead sharks (Carcharhiniformes: Sphyrnidae). En: Morphometrics—Applications in Biology and Paleontology. 2004 (A. M. T. Elewa, ed.), Springer-Verlag, Heidelberg.

CIENFUEGOS, A.; GÓMEZ, G.; CÓRDOBA, L.; LUCKHART, S.; CONN, J. y CORREA, M. Diseño y evaluación de metodologías basadas en PCR –RFLP de ITS2 para la identificación molecular de mosquitos *Anopheles* spp. (Diptera: Culicidae) de la Costa Pacífica de Colombia. En: Rev. Biomed (Mex). 2008. vol. 19, p. 35–44.

COLLINS, F. H. y PASKEWITZ, S. M. A review of the use of ribosomal DNA (rDNA) to differentiate among cryptic *Anopheles* species. En: Insect Molecular Biology. 1996. vol. 5, no. 1, p. 1-9.

CONN, J. A genetic study of the malaria vector *An. nuneztovari* from western Venezuela. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1990. vol. 6, p. 400-405.

CONN, J.; PUERTAS, Y.R. y SEAWRIGHT, J. A. A new cytotype of *An. nuneztovari* from western Venezuela and Colombia. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1993. vol. 9, p. 294-301.

CONN, J.E.; FREITAS-SIBAJEV, M.G.R.; LUZ, S.L.B. y MOMEN, H. Molecular population genetics of the primary neotropical malaria vector *An. darlingi* using mtDNA. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1999. vol. 15, p. 468-474.

CÓRDOBA-AGUILAR, A.; RAIHANI, G.; SERRANO-MENESES, M. A. y CONTRERAS-GARDUÑO, J. The lek mating system of *Hetaerina damselfly* (Insecta: Calopterygidae). En: Behav. 2009. vol. 146, p. 189-207.

CHARMANTIER, A. y GARANT, D. Environmental quality and evolutionary potential: lessons from wild populations. En: Proceedings. Biological sciences/The Royal Society. 2005. vol. 272, p. 1415-1425.

CHARLWOOD, J. D. Biological variation in *Anopheles darlingi* Root. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 1996. vol. 91, p. 391-398.

DALY, H. V. Insect morphometrics. En: Annual Review of Zoology. 1985. vol. 30, p. 415-438.

DARROCH, J. N. y MOSIMANN, J. E. Canonical and principal components of shape. Biometrika. 1985. vol. 72, p. 241-252

DAVID, J. R.; GIBERT, P.; MIGNON-GRASTEAU, S.; LEGOUT, H.; PÉTAVY, G.; BEAUMONT, C. y MORETEAU, B. Genetic variability of sexual size dimorphism in a natural population of *Drosophila melanogaster*: An isofemale - line approach. En: Journal of Genetics. 2003. vol. 82, no. 3, p. 79-88.

DAVID, J. R.; GIBERT, P.; LEGOUT, H.; PÉTAVY, G.; CAPY, P. y MORETEAU, B. Isofemale lines in *Drosophila*: an empirical approach to quantitative trait analysis in natural populations. En: Heredity. 2005. vol. 94, p. 12.

DELGADO N, RUBIO-PALIS Y. Morphometric characterization of the malaria vector *Anopheles nuneztovari* (Diptera: Culicidae) from western Venezuela. En: Mosq Syst. 1992. vol. 24, p. 231-241.

DELGADO, N. y RUBIO-PALIS, Y. Identification of *Anopheles (Nyssorhynchus)* (Diptera: Culicidae) occurring in Western Venezuela. En: Mosq. Syst. 1993. vol. 25, p. 222-230.

DEPARTAMENTO DE ENTOMOLOGÍA–SENEPA. Manual de Campo para la Vigilancia Entomológica de *Anopheles* [en línea]. 2013. [citado 13 jul., 2016]. 27 p. Disponible en Internet: <<http://www.paho.org/par>.>

DINERSTEIN, E. D. M.; OLSON, D. J.; GRAHAM, A. L.; WEBSTER, S. A.; PRIMM, M. P. y BOOKBINDER, G. L. Una evaluación del estado de conservación de las ecorregiones terrestres de América Latina y el Caribe. Washington, D.C.: 1995. Banco Mundial y Fondo Mundial para la Naturaleza.

DRUMMOND, A. J.; ASHTON, B.; CHEUNG, M.; HELED, J.; KEARSE, M.; MOIR, R.; STONES, H. S.; THIERER, T. y WILSON, A. Geneious v.8.14. [en línea]. 2009. Disponible en Internet: <<http://www.geneious.com>. 05.05.2015>

DUJARDIN, J. P.; SCHOFIELD, C. J. y PANZERA, F. Les Vecteurs de la Maladie de Chagas. Recherches Taxonomiques, Biologiques et Génétiques, Bruselas: Académie Royale des Sciences d'Outre-Mer, 2000. 162 p. ISBN 90-75652-19-4

DUJARDIN, J. P. MoMe-CLIC. Morphometrics in Medical Entomology – Collection of Landmark for Identification and Characterization [en línea]. software libre, bajo licencia GPL. Marsella: IRD. WordPress. 2016. [citado noviembre, 2016]. Disponible en Internet: <<http://mome-clic.com/>>

DYE, C. y G. HASIBEDER. Population dynamics of mosquito borne disease: effects of flies which bite some people more frequently than others. En: Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg. 1986. vol. 80, p. 69-77.

FAJARDO RAMOS, M. Análisis morfométrico del dimorfismo sexual en tres poblaciones colombiana. Resúmenes. En: Boletín del Museo de Entomología de la Universidad del Valle. 2006. vol. 7, no. 1, p. 33-39.

FAJARDO, R. M.; GONZÁLEZ, O. R.; SUÁREZ, M. F.; LÓPEZ, D.; WILKERSON, R. y MUREB SALLUM, M. A. Morphological analysis of three populations of *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *An. nuneztovari* Gabaldón (Diptera: Culicidae) from Colombia. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2008. vol. 103, no. 1, p. 85-92.

FALCONER, D. S. Introduction to Quantitative Genetics. 3 ed. Essex, UK/New York: Longmans Green/John Wiley y Sons, 1989. 500 p.

FALCONER, D. S. y MACKAY, T. F. Introduction to quantitative genetics. 4 ed. Essex, UK: Longman Group, 1996. 459 p. ISBN 0582-24302-5

FALCONER, D. S. y MACKAY, T. F..Introducción a la Genética Cuantitativa. Traducido por Armando Caballero, Carlos López-Fanjul, Miguel A. Toro y Agustin Blasco. Zaragoza: Acribia, 2001. 465 p. ISBN 84-200-0949-0

FARAN, M. E. Mosquito studies (Diptera: Culicidae). XXXIV. A revision of the *Albimanus* Section of the subgenus *Nyssorhynchus* of *Anopheles*. En: Contribution of the American Entomological Institute. 1980. vol. 15, no.7, p. 1-215.

FARAN, M. E. y LINTHICUM, K. J. A. Handbook of the species of *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) (Diptera: Culicidae). En: Mosquito Systematics. 1981. vol. 13, p. 1-81.

FITZPATRICK, B. M. Underappreciated consequences of phenotypic plasticity for ecological speciation. International Journal of Ecology [en línea]. 2012, vol. 2012, pp. 1–12. Disponible en internet: <<http://dx.doi.org/10.1155/2012/256017>>

FLORES-MENDOZA, C.; FERNÁNDEZ, R.; ESCOBEDO-VARGAS, K. S.; VELA-PÉREZ, Q. y SCHOELER G. B. Natural Plasmodium infections in *Anopheles darlingi* and *Anopheles benarrochi* (Diptera: Culicidae) from eastern Peru. En: J. Med. Entomol. 2004. vol. 41, p. 489-494.

FOLEY, D. H. y BRYAN, J. H. Electrophoretic keys to identify members of the *Anopheles punctulatus* complex of vector mosquitoes in Papua New Guinea. En: Med. Vet. Entomol. 1993. vol. 7, p. 49-53.

FOLMER, O.; BLACK, M.; HOEH, W.; LUTZ, R. y VRIJENHOEK, R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. En: Mol. Mar. Bio. Biotechnol. 1994. vol. 3, no. 5, p. 294-299.

FORATTINI, O. P. Entomologia Medica. Faculdade de Higiene e Saúde Publica, São Paulo. 1962. vol 1. 622 p.

FOSTER, P. G.; BERGO, E. S.; BOURKE, B. P.; OLIVEIRA, T. M. P.; NAGAKI, S. S.; SANT'ANA, D. C. y SALLUM, M. A. M. Phylogenetic Analysis and DNA-based Species Confirmation in *Anopheles (Nyssorhynchus)*. En: PLoS ONE [en línea]. 2013. vol. 8, no. 2, p. 1-11. Disponible en internet: <<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0054063>>

FOOTE, R. H. y COOK, D. R. Mosquitoes of medical importance. En: Agriculture Research Service/US Department of Agriculture, Washington. 1959. vol. 152, p. 158.

FREEMAN, M. F. y TUKEY, J. W. Transformations Related to the Angular and the Square Root. En: The Annals of Mathematical Statistic. 1950. vol. 21, no. 4, p. 607-611.

FRITZ, G. N.; ENGMAN, S.; RODRIGUEZ, R. y WILKERSON, R. C. Identification of four vectors of human *Plasmodium* spp. by multiplex PCR: *Anopheles rangeli*, *An. strodei*, *An. triannulatus*, and *An. trinkae* (Diptera: Culicidae: Nyssorhynchus). En: J. Med. Entomol. 2004. vol. 41, p. 1111-1115.

FRIZZI, G. Salivary gland chromosomes of *Anopheles*. En: Nature. Agosto, 1947. vol. 159, no. 4059, p. 226-228.

FRIZZI, G. Etude cytogenetique d' *Anopheles maculipennis* en Italie. Extension des recherches à d'autres espèces d'anophèles en Italie. En: Bull World Health Org. 1953. vol. 9, no. 3, p. 335–344.

FUSCO, G. y MINELLI, A. Phenotypic plasticity in development and evolution: facts and concepts. En: Phil. Trans. R. Soc. B. [en línea]. 2010. vol. 365, p. 547–556. Disponible en internet: <http://rstb.royalsocietypublishing.org/content/365/1540/547.short>

GALARDO, A. K. R.; ARRUDA, M.; COUTO, A. A. R. D.; WIRTZ, R.; LOUNIBOS, L.P. y ZIMMERMAN, R. H. Malaria vector incrimination in three rural riverine villages in the Brazilian Amazon. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 2007. vol. 76, p. 461-469.

GALVÃO, A. L. A. Observacoes sobre algumas species do subgenera *Nyssorhynchus* com especial referencia a morfologia dos ovos. En: Rev. Biol. Hyg. 1938. vol. 9, p. 51–60.

GALVÃO, A. L. A. y DAMASCENO, R. G. Observações sobre os anofelinos do complexo Albitarsis (Diptera, Culicidae). En: Annais da Faculdade de Medicina. 1944. vol. 20, p. 73–87.

GALVIS, A. G. Biología y distribución geográfica de los anofelinos en Colombia. En: Reimpreso de la Revista de la Facultad de Medicina. 1943. vol. 12, no. 2, p. 50.

GEBER, M. y GRIFFEN L. Inheritance and natural selection on functional traits. En: International Journal of Plant Sciences. 2003. vol. 164, Suppl. 3, p. S21-S42.

GHALAMBOR, C. K.; MCKAY, J. K.; CARROLL, S. P. y REZNICK, D. N. Adaptive versus non-adaptive phenotypic plasticity and the potential for contemporary adaptation in new environments. En: Functional Ecology. 2007. vol. 21, no. 3, p. 394-407.

GILLESPIE, J. H. Population Genetics. A Concise Guide. Baltimore: The Johns Hopkins University Press, 1998. 171 p. ISBN 0-8018-5764

GÓMEZ, G. F.; CIENFUEGOS, A. V.; GUTIÉRREZ, L. A.; CONN, J. E. y CORREA, M. M. Análisis morfológico y molecular, evidencia, problemas al identificar *Anopheles nuneztovari* (Diptera: Culicidae) por claves dicotómicas. En: Rev. Colomb. Entomol. 2010. vol. 36, no. 1, p. 68-75.

GÓMEZ, G. F.; MÁRQUEZ, E. J.; GUTIÉRREZ, L. A.; CONN, J. E. y CORREA, M. M. Geometric morphometric analysis of Colombian *Anopheles albimanus* (Diptera: Culicidae) reveals significant effect of environmental factors on wing traits and presence of a metapopulation. En: Acta Tropica [en línea]. Julio, 2014. vol. 135, p. 75–85. Disponible en_internet: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4464773/pdf/nihms693226.pdf>>

GÓMEZ, J.; ABDELAZIZ, M.; MUÑOZ, J. y PERFECTTI, F. Heritability and genetic correlation of corolla shape and size in *Erysimummedio hispanicum*. En: Evolution. 2009. vol. 63, no. 7, p. 1820-1831.

GONZÁLEZ, R O. Análisis morfométrico y molecular de *Anopheles (Nyssorhynchus). darlingi* Root, 1926. (Díptera: Culicidae) de Colombia. Tesis Doctoral. Cali: Universidad del Valle, 2001. 215 p.

GONZÁLEZ, R. y CARREJO, N. S. Introducción al análisis taxonómico de *Anopheles* de Colombia. Claves y notas de distribución. 2 ed. Cali: Programa Editorial Universidad del Valle, 2009. 260 p.

GRINER, P. F.; MAYEWSKI, R. J.; MUSHLIN, A. I. y GREENLAND, P. Selection and interpretation of diagnostic tests and procedures. En: Annals of Internal Medicine. 1981. vol. 94, p. 555-600.

GUMIEL, L.; CATALA, S.; NOIREAU, F.; ROJAS DE ARIAS A.; GARCIA A. y DUJARDIN, J. P. Wing geometry in *Triatoma infestans* (Klug) and *T. melanosoma* Martinez, Olmedo y Carcavallo (Hemiptera: Reduviidae). En: Syst._Entomol. [en línea]. 2003. vol. 28, p. 173–179. Disponible en internet: <<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1046/j.1365-3113.2003.00206.x/epdf>>

GUTIERREZ, L. A.; NARANJO, N; JARAMILLO, L. M.; MUSKUS, C.; LUCKHART, S.; CONN, J. y CORREA, M. M. Natural infectivity of *Anopheles* species from the Pacific and Atlantic Regions of Colombia. En: Acta Tropica. 2008. vol. 107, no. 2, p. 99–105.

GUTIERREZ, L. A.; GONZÁLEZ, J. J.; GÓMEZ, G. F.; NARANJO, N.; CASTRO, M. I.; ROSERO, D. A.; LUCKHART, S.; CONN, J. y CORREA, M. M. Species composition and natural infectivity of anthropophilic *Anopheles* (Diptera: Culicidae) in the states of Córdoba and Antioquia, Northwestern Colombia. En: Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz. 2009. vol. 104, no. 8, p. 1117–1124.

GUTIERREZ, L. A.; ORREGO, L. M.; GÓMEZ, G. F.; LÓPEZ, A.; LUCKHART, S.; CONN, J. E. y CORREA, M. M. A new mtDNA COI gene lineage closely related to *Anopheles janconnae* of the *Albitarsis* complex in the Caribbean region of Colombia. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz [en línea]. 2010. vol. 105, no. 8, p. 1019-1025. Disponible en internet: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3081851/pdf/nihms-282808.pdf>>

HAMMER, Ø.; HARPER, D.A.T. y RYAN, P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. En: Paleontología Electronica. 2001. vol. 4, no. 1, p. 9. Disponible en internet: <<http://folk.uio.no/ohammer/past/>>

HANDEL, E. V. y DAY, J. F. Correlation between wing length and protein content of mosquitoes. En: Journal of the American Mosquitoes Control Association. 1989. vol. 5, no. 2, p. 180-182.

HARBACH, R. E. The classification of genus *Anopheles* (Diptera: Culicidae) a working hypothesis of phylogenetic relationships. En: Bulletin of Entomological Research. 2004. vol. 94, p. 537-553.

HARBACH, R. E. The Phylogeny and Classification of *Anopheles*, mosquitoes-New insights into malaria vectors. InTech, Prof. Sylvie Manguin (ed.) [en línea]. 2013._DOI:_10.5772/54695._Disponible_en_internet:<<https://www.intechopen.com/books/anopheles-mosquitoes-new-insights-into-malaria-vectors/the-phylogeny-and-classification-of-anopheles>>

HELICON SOFT Ltd. Helicon Focus 6.0. [en línea]. 2014. Copyright ©2000-2017. [citado ene.-dic., 2015]. Disponible en Internet: <<http://www.heliconsoft.com/heliconsoft-products/helicon-focus/>>

HERMIDA, M.; FERNÁNDEZ, C.; AMARO, R. y MIGUEL, E. S. Heritability and "evolvability" of meristic characters in a natural population of *Gasterosteus aculeatus*. En: Canadian Journal of Zoology. 2002. vol. 80, p. 532-541.

HOFFMANN, A. A. y PARSONS, P. A. The analysis of quantitative variation in natural populations with isofemale strains. En: Genet. Sel. Evol. 1988. vol. 20, no.1, p. 87-98.

HOGG, J. C.; THOMSON, M. C. y HURD, H. Comparative fecundity and associated factors for two sibling species of the *Anopheles gambiae* complex occurring sympatrically in the Gambia. En: Med. Vet. Entomol. 1996. vol. 10: 385-391.

HOULE, D. Comparing Evolvability and Variability of Quantitative Traits. En: Genetics. 1992. vol. 130, p. 195-204.

HOLSINGER, K. E. y WEIR, B. S. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F_{ST} . En: Nature Reviews Genetics. 2009. vol. 10, p. 639–650.

HRIBAR, L. Costal wing spot variation within and among progeny of single female *Anopheles nuneztovari* (Diptera: Culicidae). En: Mosq. Syst. 1995. vol. 27, p. 1-15.

HURD, H.; HOGG, J. C. y RENSHAW, M. Interaction between blood feeding, fecundity and infection in mosquitoes. En: Parasitol. Today. 1995. vol. 11, p. 411-416.

JABLONKA, E. y LAMB, M. J. Epigenetic Inheritance in evolution. En: J. Evol. Biol. 1998. vol. 11, p. 159-183.

JABLONKA, E. y LAMB, M. J. Evolution in four dimensions Genetic, epigenetic, behavioral, and symbolic variation in the history of life. Cambridge: The MIT Press., Massachusetts, USA. 2005. 472 p. ISBN: 0-262-10107-6.

JARAMILLO, N. y DUJARDIN J. P. Análisis morfométrico: Significado biológico del tamaño y la conformación. En: GUHL, F., SCHOFIELD, C. J. (eds.). Proceedings Fourth International Workshop on Population Genetics and Control of Triatominae, Cartagena de Indias. 2002. (ECLAT 4), p. 151-166.

JIRAKANJANAKIT, N. y DUJARDIN, J. P. Discrimination of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) laboratory lines based on wing geometry. En: Southeast Asian J. Trop. Med. Public Health. 2005. vol. 36, no. 4, p. 858-861.

JIRAKANJANAKIT, N.; LEEMINGSAWAT, S.; THONGRUNGKIAT S.; APIWATHNASORN C.; SINGHANIYOM S.; BELLEC, C. y DUJARDIN, J. P. Influence of larval density or food variation on the geometry of the wing of *Aedes (Stegomyia) aegypti*. En: Trop. Med. Int. Healt., 2007. vol. 12, p. 1354-1360.

KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames: John Wiley and Sons and The Iowa State University Press (Ed.), 1969. 545 p.

KENDALL, D. G. The diffusion of shape. En: Advances in Applied Probability. Septiembre, 1977. vol. 9, no. 3, p. 428-430.

KENDALL, D.G. y KENDALL, W. S. Alignments in two dimensional random sets of points. En: Adv. Appl. Prob. 1980. vol. 12, p. 380–424.

KIHLBERG, J. K.; HERSON, J. H. y SCHUTZ, W. E. Square root transformation revisited. En: J.R. Statist. Soc. Ser. C. Appl. Statist. 1972. vol. 21, p. 76-81.

KINGSOLVER, J. G. Mosquito host choice and epidemiology of malaria. En: Am. Nat. 1987. vol. 130, p. 811-827.

KLINGENBERG, C. P. y MCINTYRE, G. S. Geometric morphometrics of developmental instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with Procrustes methods. En: Evolution. 1998. vol. 52, no. 5, p. 1364-1375.

KLINGENBERG, C. P. y MONTEIRO, L. R. Distances and Directions in Multidimensional Shape Spaces: Implications for Morphometric Applications. En: Syst. Biol. 2005. vol. 54, no. 4, p. 678–688.

KLINGENBERG, C. P. Evolution and development of shape: integrating quantitative approaches. En: Nature Reviews. 2010. vol. 11, p. 623-635.

KLINGENBERG, C. P. Cranial integration and modularity: insights into evolution and development from morphometric data. En: Hystris, the Italian Journal of Mammalogy. 2013. vol. 24, no. 1, p. 43-58.

KOEHL, M. When does morphology matter? En: Annual Review of Ecology and Systematics. 1996. vol. 27, p. 501–542.

KOELLA, J. C. On the use of mathematical models of malaria transmission. En: Acta Tropica. 1991. vol. 49, p. 1-25.

KREUTZER, R. D.; KITZMILLER, J. B. y RABBANI, M. G. Cytogenetically distinguishable sympatric and allopatric populations of the mosquito *Anopheles albitarsis*. En: Acta Amazónica. 1976. vol. 6, p. 473-481.

KRUUK, L.E. Estimating genetic parameters in natural populations using the "animal model". En: Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences. Junio, 2004. vol. 359, no. 1446, p. 873-890.

LANCIANI C. A. Photoperiod and the relationship between wing length and body weight in *Anopheles quadrimaculatus*. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1992. vol. 8, no. 3, p. 297-300.

LANCIANI C. A. y LE, T. M. Effect of temperature on the wing length-body weight relationship in *Anopheles quadrimaculatus*. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1995. vol. 11, no. 2 (Pt. 1), p. 241-243.

LANDRY, S. V. y DEFOLIART, G. R. Parity rates of *Aedes triseriatus* (Diptera: Culicidae) collected in a female-retaining ovitrap. En: J. Med. Entomol. 1987. vol. 24, p. 282-285.

LEE, Y. H. y LIN, C. P. Morphometric and genetic differentiation of two sibling gossamer-wing damselflies, *Euphaea Formosa* and *E. yayeyamana*, and adaptive trait divergence in subtropical East Asian Islands. En: Journal of Insect Science. 2012. vol. 12, p. 1-17.

LEHMANN, T.; DALTON, R.; HEAKIM, E.; DAHL, E.; DIABATE, A.; DABIRE, R. y DUJARDIN, J. P. Genetic contribution to variation in larval development time, adult size, and longevity of starved adults of *Anopheles gambiae*. En: Infection, Genetics and Evolution. 2006. vol. 6, no. 5, p. 410-416.

LEHR, M. A.; KILPATRICK, C. W.; WILKERSON, R. C. y CONN, J. E. Cryptic species in the *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *albitarsis* (Diptera: Culicidae) Complex: incongruence between Random Amplified Polymorphic DNA-Polymerase Chain Reaction identification and analysis of mitochondrial DNA COI gene sequences. En: Ann. Entomol. Soc. Am. 2005. vol. 98, p. 908–917.

LI, C. y WILKERSON, R. C. Intragenomic rDNA ITS-2 variation in the neotropical *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *albitarsis* complex (Diptera: Culicidae). En: J. Hered. 2007. vol. 98, p. 51–59.

LINTON, Y. M.; HARBACH, R. E.; CHANG, M. S.; ANTHONY, T. G. y MATUSOP, A. Morphological and molecular identity of *Anopheles* (*Cellia*) *sundaicus* (Diptera: Culicidae), the nominotypical member of a malaria vector species complex in Southeast. En: Asia. Syst. Ent. 2001. vol. 26, p. 357–366.

LINTHICUM, K. J. A revision of the *Argyritarsis* section of the subgenus *Nyssorhynchus* of *Anopheles* (Diptera: Culicidae). En: Mosq. Syst. 1988. vol. 20, p. 98-271.

LYNCH, M. y WALSH, B. Genetics and analyses of quantitative traits. Sunderland: Sinauer Associates Inc., 1998. 971 p. ISBN 0-87893-481-2

MANGUIN, S.; ROBERTS D. R.; PEYTON E. L., FERNANDEZ-SALAS I.; BARRETO M. Y FERNANDEZ LOAYZA R. Biochemical systematics and population genetic structure of *Anopheles pseudopunctipennis*, vector of malaria in Central and South America. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 1995. vol. 53, p. 362–377.

MANGUIN, S.; WILKERSON, R. C.; CONN, J. E.; RUBIO-PALIS, Y; DANOFF-BURG, J. A. y ROBERTS, D. R. Population structure of the primary malaria vector in South America, *Anopheles An. darlingi*, using isozyme, random amplified polymorphic DNA, internal transcribed spacer 2, and morphologic markers. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 1999. vol. 60, no.3, p. 364–376.

MANGUIN, S.; BANGS, M.; POTHIKASIKORN, J, y CHAREONVIRIYAPHAP T. Review on global co-transmission of human *Plasmodium* species and *Wuchereria bancrofti* by *Anopheles* mosquitoes. En: Infect. Genet. Evol. 2010. vol. 10, p. 159–177.

MANOUKIS, N. C.; TOURE, M. B; SISSOKO, I.; DOUMBIA, S.; TRAORE, S. F.; DIUK-WASSER, M. A y TAYLOR, Ch. E. Is vector body size the key to reduced malaria transmission in the irrigated region of Niono, Mali? En: Journal of Medical Entomology. 2006. vol. 43, no. 5, p. 820 –827

MARÍN LONDOÑO, O. A. Variación morfométrica en el patrón alar de *Anopheles An. strodei* en cuatro poblaciones de Colombia. Resúmenes. En: Boletín del Museo de Entomología de la Universidad del Valle. 2015. vol. 15, no. 2, p. 17.

MARELLI M. T.; MALAFRONTÉ, R. S.; FLOREZ-MENDOZA, C.; LOURENCO-DE OLIVEIRA, R.; KLOETZEL, J. K. y MARINOTTI, O. Sequence analysis of the second internal transcribed spacer of ribosomal DNA in *Anopheles oswaldoi* (Diptera: Culicidae). En: J. Med. Entomol. 1999. vol. 36, p. 679-84.

MASEL, J. Genetic assimilation can occur in the absence of selection for the assimilating phenotype, suggesting a role for the canalization heuristic. En: J. Evol. Biol. 2004. vol. 17, p. 1106–1110.

MATIAS, A.; DE LA RIVA, JX.; TORREZ, M y DUJARDIN, J. P. *Rhodnius robustus* in Bolivia identified by its wings. En: Mem Inst Oswaldo Cruz. 2001. vol. 96, no.7, p. 947-950.

McGLOTHLIN, J.; PARKER, P.; NOLAN, V. y KETTERSON, E. Correlational selection leads to genetic integration of body size and an attractive plumage trait in dark-eyed juncos. En: Evolution. 2005. vol. 59, p. 658-671.

MÉNDEZ-PÉREZ, C. y REBOLLAR-TÉLLEZ, E. A. Análisis morfométrico de poblaciones alopátricas de *Lutzomyia olmeca olmeca* y *Lutzomyia cruciata* (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae), vectores principales de la leishmaniasis cutánea en el sureste de México. En: Rev Biomed. 2012. vol. 23, no. 1, p. 7-21.

MENDOZA-CUENCA, L. y MACÍAS-ORDÓÑEZ, R. Foraging polymorphism in *Heliconius charitonia* (Lepidoptera: Nymphalidae): morphological constraints and behavioral compensation. En: J. Trop. Ecol. 2005. vol. 21, p. 407-415.

MERRITT, T. J.; YOUNG, C. R.; VOGT, R. G.; WILKERSON, R. C. y QUATTRO, J. M. Intron retention identifies a malaria vector within the *Anopheles* (Nyssorhynchus) *albitarsis* complex (Diptera: Culicidae). En: Mol. Phylogenet. Evol. 2005. vol. 35, p. 719-724.

MILES, S. J. A biochemical key to adult members of the *Anopheles gambiae* group of species (Diptera: Culicidae). En: J. Med. Entomol. 1979. vol. 15, p. 297-299.

MILNER, J. M.; ALBON, S. D.; ILLIUS, A. W.; PEMBERTON, J. M. y CLUTTON-BROCK, T. H. Repeated selection of morphometric traits in the Soay sheep on St Kilda. En: Journal of Animal Ecology. 1999. vol. 68, p. 472-488.

MIRABELLO, L. y CONN, J. E. Population analysis using the nuclear white gene detects Pliocene/Pleistocene lineage divergence within *An. nuneztovari* in South America. En: Med. Vet. Entomol. 2008. vol. 22, p. 109-119.

MITCHELL, C. J.; MONATH, T.P.; SABATTINI, M. S.; CROPP, C. B.; DAFFNER, J. F.; CALISHER, C. H.; JAKOB, W. L. y CHRISTENSENA, H. A. Arbovirus investigations in Argentina, 1977-1980. II. Arthropod collections and virus isolations from Argentine Mosquitoes. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 1985. vol. 34, p. 945-955.

MITTEROECKER, P.; GUNZ, P.; WINDHAGER, S. y SCHAEFER, K. A brief review of shape, form, and allometry in geometric morphometrics, with applications to human facial morphology. En: Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy. 2013. vol. 24, no. 1, p. 59-66.

MOTOKI, M. T.; WILKERSON, R. C. y SALLUM M. A. The *Anopheles albitarsis* complex with the recognition of *Anopheles oryzalimnetes* Wilkerson and Motoki, n. sp. and *Anopheles janconnae* Wilkerson and Sallum, n. sp. (Diptera: Culicidae). En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2009a. vol. 104, p. 823–850.

MOTOKI, M. T.; DOS SANTOS, C. L. S. y SALLUM, M. A. M. Intraespecific variation on the aedeagus of *Anopheles oswaldoi* (Peryassú) (Diptera: Culicidae). En: Neotrop. Entomol. 2009b. vol. 38, no. 1, p. 144-148.

MOTOKI, M. T.; SUESDEK, L.; BERGO, E. S. y SALLUM, M. A. M. Wing geometry of *An. darlingi* Root (Diptera: Culicidae) in five major Brazilian ecoregions. En: Infection, Genetics and Evolution. 2012. vol. 12, p. 1246–1252.

MOUSSEAU, T. A. y ROFF, D. A. Natural selection and the heritability of fitness components. En: Heredity (Edinb). 1987. vol. 59 (Pt 2), p. 181-197.

MÜLLER, G. B. Evo-devo: extending the evolutionary synthesis. En: Nature Reviews Genetics. 2007. vol. 8, no. 12, p. 943-949.

MWANGANGI, J. M.; MBOGO, CH. M.; NZOVU, J. G.; KABIRU, E. W.; MWAMBI, H. T.; GITHURE, J. I. y BEIERS, J. C. Relationships between body size of *Anopheles* mosquitoes and *Plasmodium falciparum* sporozoite rates along the Kenya coast. En: Journal of the American Mosquito Control Association. 2004. vol. 20, no.4, p. 390-394.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R.; MITTERMEIER, C.; DA FONSECA, G. y KENT, J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. En: Nature. 2000. vol. 403, p. 853–858.

NARANG, S. K.; KLEIN T. A.; PERERA O. P. y TANG A. T. Genetic evidence for the existence of cryptic species in the *Anopheles albitarsis* complex in Brazil: allozymes and mitochondrial DNA restriction fragment length polymorphisms. En: Biochemical Genetics. 1993. vol. 31, p. 97–112.

NARANJO-DIAZ, N.; ROSERO, D. A.; RUA-URIBE, G.; LUCKHART, S. y CORREA, M. M. Abundance, behavior and entomological inoculation rates of anthropophilic anophelines from a primary Colombian malaria endemic area. En: Parasites and Vectors. 2013. vol. 6, article 61.

NARANJO-DIAZ, N.; SALLUM, M. A. y CORREA, M. M. Population dynamics of *Anopheles nuneztovarii* in Colombia. En: Infection, Genetics and Evolution. 2016. vol. 45, p. 56-65.

NASCI, R. S. Relationship between adult mosquito (Diptera: Culicidae) body size and parity in field populations. En: Environ. Entomol. 1986. vol. 15, p. 874-876.

NASCI, R. S. Adult body size and parity in field populations of the mosquitoes *Anopheles crucians*, *Aedes taeniorhynchus* and *Aedes sollicitans*. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1987. vol. 3, p. 636-637.

NASCI, R. S. Relationship of wing length to adult dry weight in several mosquito species (Diptera: Culicidae). En: J. Med. Entomol. 1990. vol. 27, p. 716-719.

NASCI, R. S.; BERRY, R. L; RESTIFO, R. A y MOORE, C. G. Population size, parity structure, and wing length of *Coquillettidia perturbans* in an Ohio focus of eastern equine encephalitis. En: J. Am. Mosq. Control Assoc. 1996. vol. 12, p. 64-68.

OFTEDAL, G. Heritability and Genetic Causation. En: Philosophy of Science. 2005. vol. 72, p. 699-709.

OLANO, V. A.; BROCHERO, H. L.; SAENZ R.; QUIÑONES, M. L. y MOLINA, J. A: Mapas preliminares de la distribución de especies de *Anopheles* vectores de malaria en Colombia. En: Biomédica. 2001. vol. 21, p. 402–408.

OLIVEIRA-FERREIRA, J.; LOURENÇO-DE-OLIVEIRA, R.; TEVA, A.; DEANE, L. M. y DANIEL-RIBEIRO, C. T. Natural malaria infections in anophelines in Rondonia State, Brazilian Amazon. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 1990. vol. 43, p. 6–10.

OUTOMURO, D.; BOKMA, F. y JOHANSSON, F. Hind wing whape evolves easter than front wing shape in *Calopteryx* Damselflies. En: Evol. Biol. 2012. vol. 39, p. 116–125.

PACKER, M. J. y CORBERT, P. S. Seasonal emergence, host seeking activity, age composition and reproductive biology of the mosquito *Aedes punctor*. En: Ecol Entomol. 1989. vol. 14, p. 433-442.

PACHECO GÓMEZ, M.; GONZÁLEZ OBANDO, R. y BROCHERO, H. L. M. Variaciones morfométricas en alas y patas de *Anopheles (Nyssorhynchus) darlingi*, 1926 (Diptera: Culicidae) de Colombia (en prensa). 2017.

PALMER, A. R. y STROBECK, C. Fluctuating Asymmetry: Measurement, Analysis, Patterns. En: Annual Review of Ecology and Systematics [en línea]. 1986. vol. 17, p. 391-421. Disponible en internet: <10.1146/annurev.es.17.110186.002135>

PALMER, A. R., C. STROBECK, Y A. K. CHIPPINDALE. Bilateral variation and the evolutionary origin of macroscopic asymmetries. En: Genetica. 1993. vol. 89, p. 201-218.

PALMER, A. R. y STROBECK, C. Fluctuating asymmetry analysis revisited. En: POLAK, M. Developmental Instability: Causes and Consequences. Oxford: Oxford University Press, 2003. p. 279-319.

PEDRO P. M. y SALLUM M. A. M. Spatial expansion and population structure of the neotropical malaria vector, *Anopheles darlingi* (Diptera: Culicidae). En: Biol. J. Linn. Soc. 2009 . vol. 97, p. 854–866

PÉREZ-QUÍÑONEZ, C. I. Discriminación de las especies del género *Opisthonema* Gill, 1861 en el Sur del Golfo de California usando análisis morfométricos y genéticos. Tesis de Magister en Ciencias en manejo de recursos marinos. La Paz: Instituto Politécnico Nacional. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas, 2014. 59 p.

PETRARCA, V.; SABATELLI, G.; TOURE, Y. T. y DIDECO, M. A. Morphometric multivariate analysis in *Anopheles gambiae* s.s. (Diptera: Culicidae). En: Journal of MedicalEntomology. 1998. vol. 35, p. 16-25.

PFENNIG, D. W.; WUND, M. A.; SNELL-ROOD, E. C.; CRUICKSHANK, T.; SCHLICHTING, C. D. y MOCZEK, A. P. Phenotypic plasticity's impacts on diversification and speciation. En: Trends in ecology y evolution. 2010. vol. 25, no.8, p. 459-467.

PIGLIUCCI, M., y MURREN, C. J. Perspective: Genetic assimilation and a possible evolutionary paradox: can macroevolution sometimes be so fast as to pass us by?. En: Evolution International Journal of Organic Evolution. 2003. vol. 57, no. 7, p. 1455-1464.

PIGLIUCCI, M.; MURREN, C. J., y SCHLICHTING, C. D. Phenotypic plasticity and evolution by genetic assimilation. En: The Journal of Experimental Biology. 2006. vol. 209, p. 2362-2367.

POSSO, C. E.; GONZÁLEZ, O. R.; CÁRDENAS, H. H. y TASCÓN, R. Estructura genética de *Anopheles An. darlingi* Root, *An. nuneztovari* Gabaldon y *An. marajoara* Galvão y Damasceno de Colombia mediante RAPD-PCR. En: Revista Colombiana de Entomología. 2006. vol. 32, no.1, p. 49-56.

PRICE, T. D.; QVARNSTROM, A. y IRWIN, D. E. The role of phenotypic plasticity in driving genetic evolution. En: Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 2003. vol. 270, p. 1433 -1440.

QUIÑONES, M. L.; SUÁREZ, M. F., y FLEMING, G. A. Distribución y bionomía de los anofelinos de la costa pacífica de Colombia. En: Colombia Medica, 1987.vol. 18, p. 19-24.

QUIÑONES, M. L.; RUIZ, F.; CALLE, D. A.; HARBACH, R. E.; ERAZO, H. F. y LINTON, Y. Incrimination of *Anopheles (Nyssorhynchus) rangeli* and *An. (Nys.) oswaldoi* as natural vectors of *Plasmodium vivax* in Southern Colombia. En: Memórias do Instituto Oswaldo Cruz. 2006. vol. 101, no. 6, p. 617–623.

REISEN, W. K. Intra specific competition in *Anopheles stephensi* Liston. En: Mosq. News. 1975. vol. 35, p. 473-483.

RENSHAW, M.; SERVICE, M. W. y BIRLEY, M. H. Size variation and reproductive success in the mosquito *Aedes cantans*. En: Med. Vet. Entomol. 1994. vol. 8, p. 179-186.

RICHARDSON, J. B.; JAMESON, S. B.; GLORIA-SORIA, A.; WESSON, D. M. y POWELL, J. Evidence of Limited Polyandry in a Natural Population of *Aedes aegypti*. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. Julio, 2015. vol. 93, no. 1, p. 189-193.

ROBERTS, D. R.; LAUGHLIN L. L.; HSHEIH, P. y LEGTERS L. J. DDT, global strategies, and a malaria control crisis in South America. En: Emerg. Infect. Dis. 1997. vol. 3, p. 295-302.

ROFF, D. The Evolution of Genetic Correlations: An Analysis of Patterns. En: Evolution. 1996. vol. 50, p. 1392-1403.

ROFF, D. Evolutionary quantitative genetics. New York : Chapman y Hall, 1997. 493 p. ISBN 978-0-412-12971-1

ROHLF, F. J. Morphometrics. En: Annual Review of Ecology and Systematics. 1990. vol. 12, p. 299-316.

ROHLF, F. J. y SLICE, D. E. Extensions of the Procrustes method for the optimal superimposition of landmarks. En: Systematic Zoology. 1990. vol. 39, no.1, p. 40-59.

ROHLF, F. J. y MARCUS, L. F. A revolution in morphometrics. En: Trends Ecol. Evol. 1993. vol. 8, p. 129-132.

ROHLF, F. J. Morphometric spaces, shape components, and the effects of linear transformations, En: Marcus, L. F.; Corti, M. A. Loy, G., Naylor J. P. y Slice D. E. (eds.), Advances in morphometrics. NATO ASI Serie A, Life Sciences, 284. New York, Plenum Publishing Corp., 1996. 587p.

ROSA-FREITAS, M. G. *Anopheles (Nyssorhynchus) deaneorum*: a new species in the albitarsis complex (Diptera: Culicidae). En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 1989. vol. 84, p. 535–543.

ROSA-FREITAS, M. G.; DEANE, L. y MOMEN, H. A morphological, behavioural and isoenzymatic study in *An. albitarsis* from 10 populations. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 1990. vol. 85, p. 275-289.

ROSETO, D. A; NARANJO-DIAZ, N.; ALVAREZ, N.; CIENFUEGOS, A. V.; TORRES, C.; LUCKHART, S. y CORREA, M. M. Colombian *Anopheles triannulatus* (Diptera: Culicidae) naturally infected with *Plasmodium* spp. En: ISRN Parasitology, 2013. vol. 2013, Article ID 927453, 10 p. Disponible en Internet: <http://dx.doi.org/10.5402/2013/927453>

RUBIO-PALIS, Y. Caracterización morfométrica de poblaciones de *Anopheles (Nyssorhynchus) darlingi* del sur de Venezuela. En: Bol. Entomol. Venez. 1998. vol. 13, p. 141-172.

RUBIO-PALIS, Y. *Anopheles (Nyssorhynchus)* de Venezuela: taxonomía, bionomía, ecología e importancia médica. Maracay: Publicación de la Escuela de Malariología y Saneamiento Ambiental; "Dr. Arnoldo Gabaldon", 2000. 120 p.

RUBIO-PALIS, Y. Caracterización morfométrica de poblaciones del vector de malaria *Anopheles (Nyssorhynchus) darlingi* Root (Diptera: Culicidae) en *oswaldoi* (Diptera Culicidae) mediante microscopia electrónica de barrido. Tesis. Medellín: Universidad de Antioquia, 2000b.

RUIZ, F.; QUIÑONES, M. L.; ERAZO, H. F.; CALLE, D. A.; ALZATE, J. F. y LINTON, Y. M. Molecular differentiation of *Anopheles (Nyssorhynchus) benarrochi* and *An. (N.) oswaldoi* from Southern Colombia. En: Mem Inst Oswaldo Cruz. 2005. vol. 100, no. 2, p. 155-160.

RUIZ, F.; LINTON Y. M.; PONSONBY, D. J.; CONN J. E.; HERRERA, M.; QUIÑONES, M. L.; VELEZ I. D. y WILKERSON R. C. Molecular comparison of topotypic specimens confirms *Anopheles (Nyssorhynchus) dunhami* Causey (Diptera: Culicidae) in the Colombian Amazon. En: Mem. Inst. Oswaldo Cruz. 2010. vol. 105, no.7, p. 899–903.

RUIZ-LÓPEZ, F.; WILKERSON, R. C.; PONSONBY, D. J.; HERRERA, M.; MUREB-SALUM, M. A.; VELEZ, I. D.; QUIÑONES, M. L.; FLORES-MENDOZA, C.; CHADEE, D. D.; ALARCON, J.; ALARCON-ORMASA, J. y LINTON, Y. M. Systematics of the Oswaldoi Complex (*Anopheles, Nyssorhynchus*) in South America. En: Parasites y Vectors. 2013. vol. 6, no. 324, p. 1-13. Disponible en internet: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/1756-3305-6-324>

SALLUM, M. A.; FOSTER, P. G.; DOS SANTOS, C. L.; FLORES, D.C.; MOTOKI, M. T. y BERGO, E. S. Resurrection of two species from synonymy of *Anopheles (Nyssorhynchus) strodei* root, and characterization of a distinct morphological form from the Strodei complex (Diptera: Culicidae). En: J Med. Entomol. 2010. vol. 47, no. 4, p. 504–526.

SANT'ANA, D. C. y SALLUM, M. A. *Anopheles (Nyssorhynchus) striatus*, a new species of the Strodei Subgroup (Diptera, Culicidae). En: Revista Brasileira de Entomologia. 2017. vol. 61, no. 2, p. 136-145.

SCARPASSA, V. M. y CONN, J. E. Mitochondrial DNA Detects a Complex Evolutionary History with Pleistocene Epoch Divergence for the Neotropical Malaria Vector *An. nuneztovari*

Sensu Lato. En: The American Society of Tropical Medicine and Hygiene. 2011. vol. 85, no. 5, p. 857–867.

SCHEINER, S. M. Genetics and Evolution of Phenotypic Plasticity. En: Annual Review of Ecology and Systematics. 1993. vol. 24, no. 1, p. 35-68.

SCHEREIBER, G. y GUEDES, A. S. Cytological aspects of the taxonomy of anophelines (subgenus *Nyssorhynchus*). En: Bull World Health Organ. 1961. vol. 24, p. 657–658.

SCHNEIDER, J. R.; CHADEEB, D. D.; MORIA, A.; ROMERO-SEVERSONA J. y SEVERSONA, D. W. Heritability and adaptive phenotypic plasticity of adult body size in the mosquito *Aedes aegypti* with implications for dengue vector competence. En: Infect. Genet. Evol. 2011. vol. 11, no. 1, p. 11–16.

SIEGEL, J. P.; NOVAK, R. J.; LAMPMAN, R. L. y STEINLY, B. A. Statistical Appraisal of the Weight–Wing Length Relationship of Mosquitoes. En: J. Med. Entomol. 1992. vol. 29, no. 4, p. 711-714.

SCHLICHTING, C. y PIGLIUCCI, M. Phenotypic evolution. A reaction norm perspective. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 387 p. ISBN 0-87893-799-4

SEARLE, S. Phenotypic, Genetic and environmental correlations. En: Biometrics. 1961. vol. 122:187-191.

SERRANO-MENESES, M. A.; CÓRDOBA-AGUILAR, A.; MÉNDEZ, V.; LAYEN, S. J. y SZÉKELY, T. Sexual size dimorphism in the american rubyspot; male body size predicts male competition and mating success. En: Anim. Behav. 2007. vol. 73, p. 987-997.

SGRÓ, C. M. y HOFFMANN, A. A. Heritable Variation for Fecundity in Field-Collected *Drosophila melanogaster* and their offspring reared under different environmental temperatures. En: Evolution. 1998. vol. 52, p. 134-143.

SHUTT, B.; STABLES, L.; ABOAGYE-ANTWI, F.; MORAN, J. y TRIPET, F. Male accessory gland proteins induce female monogamy in anopheline mosquitoes. En: Medical and Veterinary Entomology. 2010. vol. 24, no.1, p. 91-94.

SHAPIRO, S. y WILK, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). En: Biometrika. 1965. vol. 52, no.3-4, p. 591-611.

SIERRA, D.M.; VELEZ, I. D.y LINTON Y-M. Malaria vector *Anopheles (Nyssorhynchus) nuneztovari* comprises one genetic species in Colombia based on homogeneity of nuclear ITS2 rDNA. En: J. Med. Entomol. 2004. vol. 41, p.302-307.

SILVA-DO-NASCIMENTO, T. F.; WILKERSON, R. C.; LOURENCO-DE-OLIVEIRA, R. y MONTEIRO F. A. Molecular confirmation of the specific status of *Anopheles halophylus* (Diptera: Culicidae) and evidence of a new cryptic species within *An. strodei* in central Brazil. En: Journal of Medical Entomology. 2006. vol. 43, no.3, p. 455-459.

SINKA, M. E.; RUBIO-PALIS, Y.; MANGUIN, S.; PATIL, A. P., TEMPERLEY, W. H.; GETTING, P. W.; VAN BOECKEL, T.; KABARIA, C. W.; HARBACH, R. E. y HAY, S. I. The dominant *Anopheles* vectors of human malaria in the Americas: occurrence data, distribution maps and bionomic précis. En: Parasites y Vectors. 2010. vol. 3, p. 72.

SPITZE, K. Population structure in *Daphnia obtusa*: quantitative genetic and allozymic variation. En: Genetics.1993. vol. 135, p. 367-374.

SUEUR, D. L.; SHARP, B. L. y APPLETON, C. C. Dark-scaled areas on adult *Anopheles* mosquitoes are selectively affected by temperature-related size variation. En: Medical and Veterinary Entomology. 1992. vol. 6, p. 396-398.

STATSOFT Inc. STATISTICA (data analysis software system). version 8 [en línea]. Copyright ©2004. [citado oct.-dic., 2016 / ene.2017]. Disponible en Internet: <www.statsoft.com>.

STEINER, W. W.; NARANG, M. S.; KITZMILLER J. B. y SWOFFORD, D. L. Genetic divergence and evolution in neotropical *Anopheles* (subgenus *Nyssorhynchus*). En: W. W. M. Steiner et al. (eds.). Recent developments in the genetics of insect disease vectors, Symposium Proceedings. Stipes Publ., Champaign, IL.1982, p. 523-550.

SUÁREZ, M. F.; QUIÑONES, M.; FLEMING, G .A. y ROBAYO, M. Guía introductoria a la morfología de *Anopheles* y clave para determinación de las principales especies de Colombia. Bogotá, D.C.: Ministerio de Salud. 1988.

TADEI, W. P. y DUTARY-THATCHER, B. Malaria vectors in the Brazilian Amazon: *Anopheles* of the subgenus *Nyssorhynchus*. En: Rev. Inst. Med. Trop. Sao Paulo. 2000. vol. 42, p. 87–94.

TAKKEN, W.; KLOWDEN M. J. y CHAMBERS, G. M. Effect of body size on host seeking and blood meal utilization in *Anopheles gambiae* sensu stricto (Diptera: Culicidae): the disadvantage of being small. En: J. Med. Entomol. 1998. vol. 35, p. 639-645.

TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A. y KUMAR, S. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. En: Mol Biol Evo. 2013. vol. 30, no.12, p. 2725-2729. Disponible en Internet: <doi: 10.1093/molbev/mst197>.

TEPLITSKY, C.; MILLS, J.; YARRALL J. y MERILA, J. Heritability of fitness components in a wild bird population. En: Evolution. 2009. vol. 63, no. 3, p. 716-726.

THOMPSON, J. D.; GIBSON, T. J.; PLEWNIAK, F.; JEANMOUGIN, F. y HIGGINS D. G. The CLUSTAL X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. En: Nucleic Acids Res. 1997. vol. 25, no. 24, p. 4876–4882.

TRIPET, F.; TOURE, Y. T.; DOLO, G. y LANZARO, G. C. Frequency of multiple inseminations in field-collected *Anopheles gambiae* females revealed by DNA analysis of transferred sperm. En: Am. J. Trop. Med. Hyg. 2003. vol. 68, p. 1–5.

VEGA-SÁNCHEZ, Y.M.; ISARRARÁS-HERNÁNDEZ, L.; CASTILLO-AYALA, P. E. y MENDOZA-CUENCA, L. F. Morfología alar y territorialidad en *Hetaerina vulnerata*. En: *Biológicas*. Diciembre, 2011. vol. 13, no.1, p. 29-35.

VILLEGAS, J.; FELICIANGELI, M. D. y DUJARDIN, J. P. Wing shape divergence between *Rhodnius prolixus* from Cojedes (Venezuela) and *Rhodnius robustus* from Mérida (Venezuela). En: *Infect Genet. Evol.* 2002. vol. 2, p. 121-128.

VISSCHER, P. M.; HILL, W. G. y WRAY, N. R. Heritability in the genomics era-concepts and misconceptions. En: *Nature Reviews Genetics*. 2008. vol. 9, p. 255-267.

WADDINGTON, C. H. Genetic Assimilation of an Acquired Character En: *Evolution*. 1953. vol. 7, no. 2, p. 118–126. Disponible en internet:<doi:10.2307/2405747. JSTOR 2405747>.

WADDINGTON, C. H. Genetic assimilation of the bithorix phenotype. En: *Evolution*. 1956. vol. 10, p. 1–13.

WEST-EBERHARD, M. J. Developmental plasticity and evolution. Oxford: Oxford University Press, 2003. 814 p. ISBN 0195122356

WHITMAN, D. W. y AGRAWAL, A. A. What is Phenotypic Plasticity and Why is it Important? En: WHITMAN, D.W. y ANANTHAKRISHNAN, T. N. (eds.). *Phenotypic Plasticity of Insects: Mechanisms and Consequences*. Enfield: Science Publishers. 2009. p. 1-63.

WILKERSON, R. C. y PEYTON, E. L. Standardized nomenclature for the costal wing spots of the genus *Anopheles* and other spotted mosquitoes (Diptera: Culicidae). En: *Journal of Medical Entomology*. 1990. vol. 27, no. 2, p. 207-224.

WILKERSON, R. C.; PARSONS, T. J.; KLEIN, T. A.; GAFFIGAN, T. V.; BERGO, E. y CONSOLIM, J. Diagnosis by random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction of four cryptic species related to *An. albitarsis* from Paraguay, Argentina and Brazil. En: *J Med. Entomol.* 1995. vol. 32, p. 697-704.

WILKERSON, R. C.; FOSTER, P. G.; LI, C. y SALLUM, M. A. Molecular phylogeny of neotropical *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *Albitarsis* Species Complex (Diptera: Culicidae). En: Ann. Entomol. Soc. Am. 2005. vol. 98, p. 918–925.

WILLMORE, K. E.; YOUNG, N. M. y RICHTSMEIER, J. T. Phenotypic Variability: Its Components, Measurement and Underlying Developmental Processes. En: Evolutionary Biology. 2007. vol. 34, p. 99-120.

WILLIAMS, G. C. Pleiotropy, natural selection, and the evolution of senescence. En Evolution. 1957. vol. 11, p. 398–411. Disponible en internet:<doi:10.2307/2406060>.

WILSON, A. J. y REALE, D. Ontogeny of additive and maternal genetic effects: lessons from domestic mammals. En: The American naturalist. 2006. vol. 167, no. 1, p. E23-E38.

WU, R. y HOU, W. A. hyperspace model to decipher the genetic architecture of developmental processes: allometry meets ontogeny. En: Genetics. 2006. vol. 172, p. 627-637.

WUND, M. A. Assessing the Impacts of Phenotypic Plasticity on Evolution. En: Integrative and Comparative Biology. Abril, 2012. vol. 52, no. 1, p. 5-15

WWF-WORLD WILDLIFE FUND. Ecoregions of Colombia. En: The Encyclopedia of Earth. Peter Saundry (ed.) [en línea]. 2012. “Actualizado en 18 Oct 2016”. Disponible en internet: <http://www.eoearth.org/view/article/178725>.

XLSTAT. XLSTAT-Biomed [en línea]. Copyright ©2016. [citado oct.-dic., 2016 / ene.2017] . Disponible en Internet: <<https://www.xlstat.com/es/soluciones/biomed>>

XUE, R; EDMAN, J. D. y SCOTT, T. W. Age and body size effects on blood meal size and multiple blood feeding by *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). En: J. Med. Entomol. 1995. vol. 32, p. 471-474.

XUE, R.D.; BARNARD, D. R. y MULLER, G. C. Effects of body size and nutritional regimen on survival in adult *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae). En: J. Med. Entomol. 2010. vol. 47, p. 778–782.

YURTTAS, H.; ALTEN, B., y AYTEKIN, A. M. Variability in natural populations of *Anopheles sacharovi* (Diptera: Culicidae) from southeast Anatolia, revealed by morphometrics and allozymic analyses. En: J. Vector Ecol. 2005. vol. 30, p. 206-212.

ZAKHAROV, V. M. Population phenogenetics: analysis of developmental stability in natural populations. En: Acta Zoologica Fennica. 1992. vol. 191, p. 7–30.

ZAR, H. J. Biostatistical Analysis. 2 ed. New Yersey: Prentice Hall Inc. 1984. 718 p.

ZELDITCH, M. L.; SWIDERSKI, D. L.; SHEETS, H. D. y FINK, W. L. Geometric Morphometrics for Biologists: A primer. Amsterdam: Elsevier Academic Press. 2004. 443 p. ISBN 978-0-12-778460-1.

ANEXO A.
DESCRIPCIÓN DE LOS MODELOS, HIPÓTESIS ASOCIADAS, TABLAS ANOVAS O
ANCOVAS Y LOS ESTADÍSTICOS DE PRUEBA, POR OBJETIVO

1. OBJETIVO 1: DETERMINAR EL GRADO DE HOMOGENEIDAD ENTRE LAS PROGENIES DE DIFERENTES ISOFAMILIAS POR SEXO Y LOCALIDAD EN SIETE ESPECIES SELECCIONADAS PARA EL ESTUDIO.

Para estimar la variación y el grado de diferenciación intra e interespecífico, las frecuencias de los patrones de manchas de las progenies se analizaron por especie, localidad y sexo.

Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala derecha con el ala izquierda por sexo y por localidad (Tabla 21, pág.85 Tesis).

Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala entre sexos (Tabla 22, pág. 87 Tesis).

Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala entre localidades por sexo de *An. nuneztovari*, *An. albitarsis* F y *An. darlingi* (Tabla 23, pág. 88 Tesis).

1.1. PRUEBA DE HOMOGENEIDAD DE MUESTRAS

Supongamos que hemos obtenido J muestras de tamaño n_j de una misma variable aleatoria (X) y queremos comprobar si son homogéneas, es decir, si la variable tiene la misma distribución de probabilidad en todas ellas, bien para utilizarlas conjuntamente, bien porque se trate de identificar diferencias entre las poblaciones de procedencia de las distintas muestras. Las frecuencias observadas serán las de la siguiente tabla, en la que F_i es la frecuencia absoluta total del valor x_i y T es el número total de observaciones

$$T = \sum_i x_i$$

$X \backslash \text{muestra}$	1	2	...	j	...	J	$F_i = \sum_i O_{ij}$
x_1	O_{11}	O_{12}	...	O_{1j}	...	O_{1J}	F_1
x_2	O_{21}	O_{22}	...	O_{2j}	...	O_{2J}	F_2
...	...	...	...	...	...	...	...
x_i	O_{i1}	O_{i2}	...	O_{ij}	...	O_{iJ}	F_i
...	...	...	...	...	...	...	...
x_I	O_{I1}	O_{I2}	...	O_{Ij}	...	O_{IJ}	F_I
$C_j = \sum_j O_{ij}$	n_1	n_2	...	n_j	...	n_J	T

Si las muestras son homogéneas, se puede obtener una estima conjunta de la frecuencia de cada valor x_i (F_i/T) y el valor esperado de la frecuencia absoluta de x_i en cada muestra se calcular como el producto de dicha frecuencia por el tamaño de la muestra correspondiente

$$E_{ij} = \frac{F_i}{T} \cdot n_j = \frac{F_i \cdot C_j}{T}$$

Así pues, las hipótesis de la prueba serán:

Hipótesis nula: Las muestras son homogéneas $\Leftrightarrow$ La clasificación de las observaciones según los valores de la variable es independiente de la clasificación en muestras.

Hipótesis alternativa: Las muestras no son homogéneas. $\Leftrightarrow$ La clasificación de las observaciones según los valores de la variable no es independiente de la clasificación en muestras.

En este caso, a la prueba Chi-cuadrado de contingencia se le suele llamar Chi-cuadrado de homogeneidad. Como en algunas distribuciones de frecuencias existe patrones costales raros o únicos, existen frecuencias esperadas menores que 5. Para ello, se ajustaron las clases fenotípicas siguiendo los criterios de Arrialza (2004):

- Todas las frecuencias son superiores a 1, y

- Las celdas con una frecuencia entre 1 y 5 representan menos del 20% del total de celdas.

En nuestro caso, la prueba de Chi-cuadrado es válida porque se cumplen estos dos criterios. El ajuste consistió en agrupar las categorías con frecuencias esperadas <5 usando el Software STATISTICA-Versión 8.0. (StatSoft Inc. 2004). Con esta prueba, en la tesis se llevaron a cabo las siguientes pruebas.

- comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala derecha con el ala izquierda (Tabla 21, pág. 85 Tesis). Se tomó como variable aleatoria (X) al patrón costal, donde $i = 1, 2, \dots$ Patrón 46 y $j = 1, 2$ donde 1 representó el ala derecha y 2 el ala izquierda. Esta comparación se llevó a cabo dentro de cada sexo/localidad/especie. En este caso la hipótesis nula sería: **“las frecuencias de los patrones observadas en el ala izquierda no se diferencian significativamente de las del lado derecho”**. Es decir, las frecuencias de los patrones costales son independientes del lado del espécimen que se tome para su clasificación.

- Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala entre sexos (Tabla 22 pág. 87 Tesis) se consideraron conjuntamente las alas derechas e izquierdas. Se tomó como variable aleatoria (X) al patrón costal, donde $i = 1, 2, \dots$ Patrón 46 y $j = 1, 2$ donde 1 representó las hembras y 2 los machos. Esta comparación se llevó a cabo dentro de cada localidad/especie. En este caso la hipótesis nula sería: **“las frecuencias de los patrones observadas en las progenies hembras no se diferencian significativamente de las de los machos”**. Es decir, las frecuencias de los patrones costales son independientes del sexo del espécimen que se tome para su clasificación.

- Comparación entre las distribuciones de las frecuencias de los patrones costales del ala entre localidades por sexo de *An. nuneztovari*, *An. albitarsis* F y *An. darlingi* (Tabla 23, pág. 88 Tesis) se consideraron conjuntamente las alas derechas e izquierdas. Se tomó como variable aleatoria (X) al patrón costal, donde $i = 1, 2, \dots$ Patrón 46 y $j = 1, 2$, localidad 3. Esta comparación se llevó a cabo dentro de cada sexo/especie. En este caso la hipótesis nula sería: **“las frecuencias de los patrones observadas en las localidades no se diferencian significativamente”**. Es decir, las frecuencias de los patrones costales son independientes del lugar de procedencia del espécimen que se tome para su clasificación.

- La comparación de la distribución de frecuencias de los patrones costales entre especie. Se consideraron conjuntamente alas izquierda y derecha, los sexos y las localidades. Se tomó como

variable aleatoria (X) al patrón costal, donde $i = 1, 2, \dots$ Patrón 46 y $j = 1, 2, \dots$ especie 7. En este caso, la hipótesis nula sería: “**las frecuencias de los patrones observadas en las especies no se diferencian significativamente**”. Es decir, las frecuencias de los patrones costales son independientes de la especie del espécimen que se tome para su clasificación.

1.2. ESTADÍSTICA DESCRIPTIVA DE VARIABLES CONTINUAS

En la tesis se indica la estadística descriptiva de las variables longitud (mm) total del ala (Long.A.) y las longitudes (mm) de las manchas costales en las progenies de hembras grávidas (madres) recolectadas por especie, localidad, sexo y ambas alas por espécimen (Tablas 25-26, Anexo B).

1.2.1. Respecto al sesgo y la curtosis los criterios usados fueron los siguientes:

Sesgo

$-0.5 < \text{Sesgo} < 0.5$	Simétrico
$-1.0 < \text{Sesgo} < -0.5$ o $0.5 < \text{Sesgo} < 1.0$	Sesgo moderado
< -1.0 o > 1.0	Sesgo Alto

Curtosis

Cercano a 0	Mesocúrticas
< 0 Colas suaves	Platicúrtica
> 0 Colas altas	Leptocúrticas

1.2.2. Pruebas de Normalidad. Teniendo en cuenta el tamaño reducido de la muestra con la que se trabajó y con el objetivo de buscar relaciones entre las variables mediante pruebas paramétricas, es necesario comprobar si las variables en cuestión cumplen con los requisitos necesarios para este tipo de pruebas. Estos requisitos son: distribución normal de las variables, uniformidad de varianzas, escala de medida métrica e independencia de los datos.

Existen numerosas pruebas de normalidad, entre las cuales se encuentra la de Kolmogorov-Smirnov. Esta prueba tiene un poder inferior (mayor probabilidad de rechazar una distribución como normal cuando realmente lo es) comparada con otras pruebas especialmente diseñadas para este propósito (Arrialza, B. 2004). Por este motivo, se utilizó la prueba de Shapiro-Wilk (1965) (W , pW) del programa STATISTICA-versión 8.0 (StatSoft Inc. 2004) para comprobar la hipótesis nula de que las muestras han sido extraídas de una población con distribución de probabilidad normal. Cuando la muestra es como máximo de tamaño 50 se puede contrastar la normalidad con la prueba de Shapiro-Wilk. Para efectuarla se calcula la media y la varianza muestral, S^2 , y se ordenan las observaciones de menor a mayor. A continuación se calculan las diferencias entre: el primero y el último; el segundo y el penúltimo; el tercero y el antepenúltimo, etc. y se corrigen con unos coeficientes tabulados por Shapiro y Wilk. El estadístico de prueba es:

$$W = \frac{D^2}{nS^2}$$

Donde D es la suma de las diferencias corregidas. Se rechaza la hipótesis nula de normalidad cuando W es menor que el valor crítico proporcionado por los autores para un tamaño muestral “ n ” y un nivel de significancia 0.05.

Estas pruebas se llevaron a cabo por lado, sexo, localidad y especie. Las tablas con estas pruebas se encuentran en el Anexo B, en el documento de tesis se mencionan sus resultados.

1.2.3. Comparación de medias. Cuando queremos evaluar el grado de asociación o independencia entre una variable cuantitativa y una variable categórica (recuérdese que ésta clasifica o diferencia a los individuos en grupos, tantos como categorías tiene dicha variable), el procedimiento estadístico inferencial recurre a comparar las medias de las distribuciones de la variable cuantitativa en los diferentes grupos establecidos por la variable categórica. Si ésta tiene solo dos categorías (es dicotómica), la comparación de medias entre dos grupos independientes se lleva a cabo por el test t de Student.

1.2.3.1. Prueba t para dos muestras independientes

1.2.3.1.1. Iguales tamaños muestrales, iguales varianzas. Esta prueba se utiliza solamente cuando:

- los dos tamaños muestrales (esto es, el número, n , de participantes en cada grupo) son iguales;
- se puede asumir que las dos distribuciones poseen la misma varianza.

El estadístico t a probar si las medias son diferentes se puede calcular como sigue:

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{S_{X_1X_2} \cdot \sqrt{\frac{2}{n}}}$$

Donde el denominador de t es el error estándar de la diferencia entre las dos medias.

$$S_{X_1X_2} = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)S_{X_1}^2 + (n_2 - 1)S_{X_2}^2}{n_1 + n_2 - 2}}.$$

$S_{X_1X_2}$ es la desviación estándar combinada, 1 = grupo uno, 2 = grupo 2.

Por prueba de significancia, los grados de libertad de esta prueba se obtienen como $2n-2$ donde n es el número de individuos en cada grupo.

1.2.3.1.2. Diferentes tamaños muestrales, iguales varianzas. Esta prueba se puede utilizar únicamente si se puede asumir que las dos distribuciones poseen la misma varianza. El estadístico t si las medias son diferentes puede ser calculado como sigue:

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{S_{X_1X_2} \cdot \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

Donde

$$S_{X_1X_2} = \sqrt{\frac{(n_1 - 1)S_{X_1}^2 + (n_2 - 1)S_{X_2}^2}{n_1 + n_2 - 2}}.$$

Nótese que las fórmulas de arriba, son generalizaciones del caso que se da cuando ambas muestras poseen igual tamaño (sustituyendo n por n_1 y n_2).

$S_{X_1X_2}$ es un estimador de la desviación estándar común de ambas muestras: esto se define así para que su cuadrado sea un estimador sin sesgo de la varianza común sea o no la media iguales. En esta fórmula, n = número de participantes, 1 = grupo uno, 2 = grupo dos. $n-1$ es el número de grados de libertad para cada grupo, y el tamaño muestral total menos dos (esto es, n_1+n_2-2) es el número de grados de libertad utilizados para la prueba de significancia.

1.2.3.1.3. Diferentes tamaños muestrales, diferentes varianzas. Esta prueba es también conocida como prueba t de Welch y es utilizada únicamente cuando se puede asumir que las dos varianzas poblacionales son diferentes (los tamaños muestrales pueden o no ser iguales) y por lo tanto deben ser estimadas por separado. El estadístico t a probar cuando las medias poblacionales son distintas puede ser calculado como sigue:

$$t = \frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}}$$

Donde

$$s_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2} = \sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}.$$

s^2 es el estimador sin sesgo de la varianza de las dos muestras, n = número de participantes, 1 = grupo uno, 2 = grupo dos. Nótese que en este caso, $(S_{\bar{X}_1 - \bar{X}_2})^2$ no es la varianza combinada. Para su utilización en pruebas de significancia, la distribución de este estadístico es aproximadamente igual a una distribución t ordinaria con los grados de libertad calculados según:

$$\text{g.l.} = \frac{(s_1^2/n_1 + s_2^2/n_2)^2}{(s_1^2/n_1)^2/(n_1 - 1) + (s_2^2/n_2)^2/(n_2 - 1)} - 2.$$

Esta ecuación es llamada la ecuación Welch-Satterthwaite. Nótese que la verdadera distribución de este estadístico de hecho depende (ligeramente) de dos varianzas desconocidas.

La prueba t para dos muestras independientes se utilizó para confirmar la existencia de asimetría. Se compararon medias y varianzas de las alas derechas (Al.Der.) e izquierdas (Al.Izq.) para la longitud total (Long.A.) y los tamaños (mm) de las manchas costales del ala, de progenies

hembras y machos. Para decidir si la varianza en ambos grupos es o no la misma se usó la prueba de razón de varianzas o prueba de Levene. La hipótesis que se quiere probar es:

$$H_o : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_k^2$$

$$H_a : \sigma_i^2 \neq \sigma_j^2 \text{ para por lo menos un par } (i, j)$$

La prueba de Levene ofrece una alternativa más robusta que el procedimiento de Bartlett, ya que es poco sensible a la desviación de la normalidad. Eso significa que será menos probable que rechace una verdadera hipótesis de igualdad de varianzas solo porque las distribuciones de las poblaciones muestreadas no son normales.

Bajo la suposición de que los dos grupos (ala derecha y ala izquierda) siguen una distribución normal y tienen igual varianza ($H_0: \sigma_1^2 = \sigma_2^2$) se espera que la razón de varianzas siga una distribución F de Snedecor con parámetros (n-1) y (m-1):

$$F = \frac{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2}{\frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (Y_i - \bar{Y})^2} = \frac{\hat{S}_1^2}{\hat{S}_2^2}$$

Esta prueba, también permite conocer si las varianzas de los dos grupos de observaciones son o no iguales. Si p-valor < 0.05, se rechaza la hipótesis nula y se supone que la variabilidad en ambos grupos es sustancialmente distinta (varianzas no homogéneas). Por lo tanto, el estadístico para la comparación de medias variará ligeramente en función de las varianzas muestrales como:

$$t = \frac{\bar{X} - \bar{Y}}{\sqrt{\frac{(n-1)\hat{S}_1^2 + (m-1)\hat{S}_2^2}{n+m-2}} \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{1}{m}}}$$

Estas pruebas estadísticas, también se usaron para establecer la existencia de dimorfismo sexual, se llevó a cabo una comparación de medias y varianzas de hembras (H) y machos (M) para la Long.A. y el tamaño de las manchas costales del ala.

1.2.3.2. Prueba t dependiente para muestras apareadas. Esta prueba se utiliza cuando las muestras son dependientes; esto es, cuando se trata de una única muestra que ha sido evaluada dos veces (muestras repetidas) o cuando las dos muestras han sido emparejadas o apareadas. Este es un ejemplo de un test de diferencia apareada. Para esta ecuación, tiene que ser calculada la diferencia D entre todos los pares. Los pares se han formado ya sea con resultados de un espécimen antes y después de la evaluación o entre pares de individuos emparejados en grupos de significancia (por ejemplo, tomados de la misma familia o grupo de edad). La media ($\bar{X}_D$) y la desviación estándar (s_D) de tales diferencias se han utilizado en la ecuación. La constante μ_0 es diferente de cero si se desea probar si la media de las diferencias es significativamente diferente de μ_0 . Los grados de libertad utilizados son $n-1$.

Esta prueba se utilizó en las estimaciones de repetibilidad para morfometría tradicional y geométrica. En esta última, permite estimar el grado de asimetría fluctuante y direccional existente en la conformación del ala y en el tamaño.

1.3. MODELO LINEAL GENERAL (GENERAL LINEAR MODEL= GLM)

El modelo lineal general es una extensión del análisis de regresión donde se considera simultáneamente varias variables dependientes. Permite abordar análisis en circunstancias donde otras técnicas presentan dificultades como en el caso de los análisis de varianza frente a diseños desequilibrados de datos o el análisis de regresión frente a la existencia de correlación entre variables explicativas (multicolinealidad).

Los modelos lineales generalizados están diseñados para construir un modelo estadístico que describa el impacto de uno o más factores X en una o más variables dependientes Y , los factores pueden ser:

- Cuantitativos o categóricos
- Cruzados o anidados
- Fijos o aleatorios

Los errores asumen que siguen una distribución normal. Pueden proporcionarse ponderaciones si se desea una solución por mínimos cuadrados ponderados. La salida incluye una gran variedad de tablas y gráficos, incluyendo gráficos de superficie de respuestas, gráficos de residuos, y MANOVA si más de una variable dependiente es introducida

Muchos diferentes tipos de estudios experimentales pueden ser analizados utilizando este procedimiento. Esto incluye casos de modelos especiales como los que pueden ser estimados por *Regresión Múltiple*, *ANOVA con un solo factor*, *ANOVA Multifactor*, y procedimientos de *Componentes de Varianza*. Adicionalmente, este puede analizar modelos mixtos que no pueden ser manejados por otros modelos.

El objetivo es especificar y estimar un Modelo Lineal General (MLG) en donde una variable de interés (endógena) es explicada por un conjunto de variables explicativas (exógenas). La relación de causalidad entre estas variables es unidireccional. Es decir, las variables exógenas pueden influir en la endógena, pero no a la inversa. Antes de poder estimar los parámetros que caracterizan este modelo (es decir, medir el efecto que tiene cada explicativa sobre la variable endógena) es necesario definir un conjunto de supuestos llamados hipótesis del MLG.

1.3.1. Hipótesis del modelo de regresión lineal general (I)

H₁: Linealidad en los parámetros: Establece la linealidad en los parámetros en la relación entre la variable endógena (a explicar) y las exógenas (explicativas). Por ejemplo, en la relación entre el tamaño del ala (*Long.A.*) y la procedencia de las progenies hembras y machos (*P*):

$$Long.A._t = \beta_0 + \beta_1 * P_t + e_t$$

Los parámetros que definen esta relación son β_0 y β_1 . No hay que confundir esta hipótesis de linealidad en los parámetros con una relación lineal entre las variables. Por ejemplo, en las relaciones siguientes, sólo la primera es formalmente lineal. Sin embargo, las tres cumplen la hipótesis de linealidad en los parámetros:

$$y = \beta_1 + \beta_2 x$$

$$y = \beta_1 + \beta_2 e^x$$

$$y = \beta_1 + \beta_2 \ln x$$

Donde $\ln x$ denota el logaritmo neperiano de x . A veces, la transformación logarítmica, linealiza el modelo. Un modelo en donde no se cumple la hipótesis de linealidad en los parámetros sería, por ejemplo:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_1^2 X_2$$

Donde el coeficiente asociado a la variable X_2 no es β_2 , sino β_1^2 es decir, el cuadrado del coeficiente asociado a la variable X_1 . En este caso, la relación es lineal en las variables, pero no en los parámetros. La transformación logarítmica del modelo no resuelve el problema.

H₂: Especificación correcta. Esta hipótesis supone que las variables explicativas “x” del modelo son aquellas variables relevantes que explican a la endógena, “y”. Y que están todas. No existe ninguna variable “x” que no explique nada de la “y”. El modelo está bien planteado o especificado. También supone que siempre disponemos de datos coherentes de todas las variables explicativas a introducir.

H₃: Grados de libertad positivos: Los grados de libertad (gl) de un modelo se definen como la diferencia entre el número de datos (n) y el número de variables explicativas (k). Es decir,

$$gl = n - k \geq 0$$

Esta hipótesis supone que, como mínimo, es necesario disponer de tantos datos como parámetros a estimar. No obstante, es preferible disponer de más datos que parámetros a estimar.

H₄: Parámetros constantes. Esta hipótesis supone que los parámetros no cambian con el tiempo (con datos temporales) o con el individuo (en secciones cruzadas). Si el período muestral con el que se trabaja es muy amplio y heterogéneo (por ejemplo, incluye períodos de crisis y de auge), es más difícil mantener esta hipótesis que si la muestra es homogénea.

H₅: Independencia lineal entre las variables explicativas Esta hipótesis implica que cada variable explicativa contiene información adicional sobre la endógena que no está contenida en otras. Si hubiera información repetida, habría variables explicativas dependientes linealmente de otras. Se puede resumir la información muestral sobre las variables explicativas en una matriz:

$$X = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \cdot & X_{1k} \\ X_{21} & X_{22} & \cdot & X_{2k} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ X_{n1} & X_{n2} & \cdot & X_{nk} \end{bmatrix}$$

La primera columna contiene información de la 1ª variable explicativa, la primera fila contiene la 1ª observación de todas las x 's del modelo.

La hipótesis de independencia lineal entre los regresores matemáticamente implica que cada columna de la matriz X es linealmente independiente del resto. Encontrar una dependencia lineal en las columnas de la matriz X supone que alguna variable explicativa es redundante.

H₆: Regresores no estocásticos. Esta hipótesis implica que los datos de las variables explicativas son fijos en muestras repetidas. Es decir, el valor de las variables explicativas es constante en la función de distribución de la endógena.

El MLG establece que, donde es una función lineal en los parámetros. Como el error es aleatorio, la función de distribución de la endógena dependerá de la función de distribución del error y del valor conocido de la matriz de datos.

1.4. REGRESIÓN LINEAL SIMPLE

El comportamiento de una variable, Y , se puede explicar a través de una variable X ; lo que representamos mediante

$$Y = f(X) \quad (1)$$

Si consideramos que la relación f , que liga Y con X , es lineal, entonces (1) se puede escribir así:

$$Y_t = \beta_1 + \beta_2 X_t \quad (2)$$

Como quiera que las relaciones del tipo anterior raramente son exactas, sino que más bien son aproximaciones en las que se han omitido muchas variables de importancia secundaria, debemos incluir un término de perturbación aleatoria, u_t que refleja todos los factores – distintos de X – que

influyen sobre la variable endógena, pero que ninguno de ellos es relevante individualmente. Con ello, la relación quedaría de la siguiente forma:

Modelo de regresión simple

$$Y_t = \beta_1 + \beta_2 X_t + u_t \quad (3)$$

La expresión anterior refleja una relación lineal, y en ella sólo figura una única variable explicativa, recibiendo el nombre de relación lineal simple. El calificativo de simple se debe a que solamente hay una variable explicativa. Supongamos ahora que disponemos de T observaciones de la variable Y ($Y_1, Y_2, \dots, Y_T$) y de las correspondientes observaciones de X ($X_1, X_2, \dots, X_T$). Si hacemos extensiva (3) a la relación entre observaciones, tendremos el siguiente conjunto de T ecuaciones:

$$\begin{aligned} Y_1 &= \beta_1 + \beta_2 X_1 + u_1 \\ Y_2 &= \beta_1 + \beta_2 X_2 + u_2 \\ &\dots \quad \dots \\ Y_T &= \beta_1 + \beta_2 X_T + u_T \end{aligned} \quad (4)$$

El sistema de ecuaciones (4) se puede escribir abreviadamente de la forma siguiente:

$$Y_t = \beta_1 + \beta_2 X_t + u_t \quad t = 1, 2, \dots, T \quad (5)$$

El objetivo principal de la regresión es la estimación de β_1 y β_2 a partir de la información contenida en las observaciones disponibles. Si la dependencia entre Y y X es estocástica, entonces, en general, las observaciones no se alinearán a lo largo de una recta, sino que formarán una nube de puntos. En ese caso, se puede contemplar las estimaciones de β_1 y β_2 como la ordenada en el origen y la pendiente de una recta *próxima* a los puntos. Así, si designamos mediante $\hat{\beta}_1$ y $\hat{\beta}_2$ las estimaciones de β_1 y β_2 , respectivamente, la ordenada de la recta para el valor t de X vendrá dada por:

$$\hat{Y}_t = \hat{\beta}_1 + \hat{\beta}_2 X_t \quad (6)$$

El problema que tenemos planteado es, pues, hallar unos estimadores $\hat{\beta}_1$ y $\hat{\beta}_2$ tales que la recta que pasa por los puntos $(X_t, \hat{Y}_t)$ se ajuste lo mejor posible a los puntos (X_t, Y_t) . Se denomina error

o residuo a la diferencia entre el valor observado de la variable endógena y el valor ajustado, es decir,

$$\hat{u}_t = Y_t - \hat{Y}_t = Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t \quad (7)$$

Obtención de los estimadores mínimo-cuadráticos. A continuación se expone el proceso para la obtención por mínimos cuadrados de los estimadores $\hat{\beta}_1$ y $\hat{\beta}_2$. El objetivo es minimizar la suma de los cuadrados de los residuos (S). Para ello, en primer lugar expresamos S en función de los estimadores $\hat{\beta}_1$ y $\hat{\beta}_2$:

$$S = \sum_{t=1}^T (Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t)^2 \quad (11)$$

Para minimizar S, derivamos parcialmente respecto a estimadores $\hat{\beta}_1$ y $\hat{\beta}_2$:

$$\begin{aligned} \frac{\partial S}{\partial \hat{\beta}_1} &= -2 \sum_{t=1}^T (Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t) \\ \frac{\partial S}{\partial \hat{\beta}_2} &= -2 \sum_{t=1}^T (Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t) X_t \end{aligned} \quad (12)$$

Los estimadores mínimo-cuadráticos se obtienen igualando las anteriores derivadas a cero:

$$\begin{aligned} -2 \sum_{t=1}^T (Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t) &= 0 \\ -2 \sum_{t=1}^T (Y_t - \hat{\beta}_1 - \hat{\beta}_2 X_t) X_t &= 0 \end{aligned} \quad (13)$$

Operando, se tiene que

$$\begin{aligned} \sum_{t=1}^T Y_t &= \hat{\beta}_1 T + \hat{\beta}_2 \sum_{t=1}^T X_t \\ \sum_{t=1}^T Y_t X_t &= \hat{\beta}_1 \sum_{t=1}^T X_t + \hat{\beta}_2 \sum_{t=1}^T X_t^2 \end{aligned} \quad (14)$$

Las ecuaciones (14) se denominan *ecuaciones normales de la recta de regresión*. Resolviendo este sistema, se obtiene de forma inmediata el estimador de $\hat{\beta}_2$:

$$\hat{\beta}_2 = \frac{\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})(X_t - \bar{X})}{\sum_{t=1}^T (X_t - \bar{X})^2} \quad (15)$$

Dividiendo la primera ecuación normal en (14) por T se obtiene:

$$\bar{Y} = \hat{\beta}_1 + \hat{\beta}_2 \bar{X} \quad (16)$$

Donde:

$$\bar{Y} = \frac{\sum_{t=1}^T Y_t}{T} \quad \bar{X} = \frac{\sum_{t=1}^T X_t}{T}$$

De acuerdo con la anterior expresión se obtiene

$$\hat{\beta}_1 = \bar{Y} - \hat{\beta}_2 \bar{X} \quad (17)$$

Dividiendo numerador y denominador (15) por T se tiene que

$$\hat{\beta}_2 = \frac{\frac{\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})(X_t - \bar{X})}{T}}{\frac{\sum_{t=1}^T (X_t - \bar{X})^2}{T}} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\text{var}(X)} \quad (23)$$

De acuerdo con (23), la estimación de $\hat{\beta}_2$ se obtiene dividiendo la covarianza muestral de X e Y por la varianza muestral de X . Dado que la varianza de X no puede ser negativa, el signo de $\hat{\beta}_2$ será el mismo que el de la covarianza muestral de X e Y .

Medidas de la bondad del ajuste. Coeficiente de determinación. El coeficiente de determinación se basa en la descomposición de la varianza de la variable endógena, a la que

denominaremos *varianza total*. Vamos a ver a continuación como se obtiene esta descomposición. De acuerdo con (7)

$$Y_t = \hat{Y}_t + \hat{u}_t \quad (33)$$

Restando a ambos miembros $\bar{Y}$, se tiene que

$$Y_t - \bar{Y} = \hat{Y}_t - \bar{Y} + \hat{u}_t \quad (34)$$

Si elevamos al cuadrado ambos miembros se obtiene que

$$(Y_t - \bar{Y})^2 = [\hat{Y}_t - \bar{Y} + \hat{u}_t]^2 \quad (35)$$

Es decir,

$$(Y_t - \bar{Y})^2 = (\hat{Y}_t - \bar{Y})^2 + \hat{u}_t^2 - 2\hat{u}_t(\hat{Y}_t - \bar{Y}) \quad (36)$$

Sumando ambos miembros de la expresión anterior de 1 a T, se tiene

$$\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})^2 = \sum_{t=1}^T (\hat{Y}_t - \bar{Y})^2 + \sum_{t=1}^T \hat{u}_t^2 - 2 \sum_{t=1}^T \hat{u}_t (\hat{Y}_t - \bar{Y}) \quad (37)$$

Ahora bien, puede verse que el tercer término del segundo miembro de (37) es

$$2 \sum_{t=1}^T \hat{u}_t (\hat{Y}_t - \bar{Y}) = 2 \sum_{t=1}^T \hat{u}_t \hat{Y}_t - 2\bar{Y} \sum_{t=1}^T \hat{u}_t = 0 \quad (38)$$

de acuerdo con (31) y (24). Por lo tanto, (37) queda reducida a

$$\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})^2 = \sum_{t=1}^T (\hat{Y}_t - \bar{Y})^2 + \sum_{t=1}^T \hat{u}_t^2 \quad (39)$$

Debe recalarse que para se cumpla que (38) es igual a 0 es necesario utilizar la relación (24), que a su vez está asociada a la primera ecuación normal de la recta, es decir, a la ecuación correspondiente al término independiente. Si en modelo no hay término independiente, entonces en general no se cumplirá la descomposición obtenida en (39).

Si en la expresión (39) dividimos ambos miembros por T, se obtiene que

$$\frac{\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})^2}{T} = \frac{\sum_{t=1}^T (\hat{Y}_t - \bar{Y})^2}{T} + \frac{\sum_{t=1}^T \hat{u}_t^2}{T} \quad (40)$$

Por lo tanto, la varianza total de la variable endógena se descompone en dos partes: *varianza explicada por la regresión* o varianza de los valores ajustados y varianza residual. Es decir,

$$\text{Varianza total} = \text{varianza "explicada"} + \text{varianza residual}$$

A partir de la descomposición anterior, el coeficiente de determinación se define como la proporción de la varianza total explicada por la regresión. Su expresión es la siguiente:

$$R^2 = \frac{\sum_{t=1}^T (\hat{Y}_t - \bar{Y})^2}{\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})^2} \quad (41)$$

Alternativamente, y de forma equivalente, de acuerdo con (39) el coeficiente de determinación se puede definir como 1 menos la proporción no explicada por la regresión, es decir, como

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{t=1}^T \hat{u}_t^2}{\sum_{t=1}^T (Y_t - \bar{Y})^2} \quad (42)$$

$$R^2 = \frac{SE}{ST} = 1 - \frac{SR}{ST}$$

Donde se ha usado la propiedad de que $ST = SE + SR$. La ST es la suma de cuadrados de la endógena alrededor de su media, la SE es la suma de cuadrados de la variable ajustada alrededor de su media y la SR es la suma de cuadrados de residuos.

El valor del R-cuadrado (multiplicado por 100) se interpreta como el porcentaje de la varianza de la endógena que queda explicada por el modelo. Los valores extremos del coeficiente de

determinación son: 0, cuando la varianza explicada es nula, y 1, cuando la varianza residual es nula, es decir, cuando el ajuste es perfecto. Ajustes intermedios darían lugar a un $R^2 = 0.50$. En este caso, un 50% de la variabilidad de la endógena queda explicada por los regresores incluidos en el modelo. **Si el modelo es lineal simple**, el R^2 es el cuadrado del coeficiente de correlación lineal entre las variables Y y X.

Limitaciones del R^2 . El R-cuadrado nunca empeora cuando en el modelo introducimos variables explicativas adicionales. Es decir, aunque una nueva variable no sea muy relevante, su incorporación hace que, en el peor de los casos, el R-cuadrado no cambie, o bien, con un poco de suerte, aumente. La inclusión de variables explicativas irrelevantes no empeora el R-cuadrado. Introducir un nuevo regresor en el modelo tiene dos efectos: (1) disminuyen los grados de libertad y éste es negativo y (2) disminuye la suma de cuadrados de residuos y éste es positivo. Si el peso del efecto negativo es mayor que la mejora en el ajuste, no compensará introducir esta nueva variable y a la inversa.

Coeficiente de determinación corregido (R^2 ajustado). La solución a éste último problema es utilizar el llamado R^2 ajustado o corregido de grados de libertad que se calcula como:

$$\bar{R}^2 = 1 - \frac{n-1}{n-k}(1 - R^2)$$

Los dos efectos son: (a) Si aumenta el número de regresores en el modelo, disminuyen los grados de libertad y esto se penaliza

$$\uparrow k \Rightarrow \downarrow n-k \Rightarrow \uparrow \frac{n-1}{n-k} \Rightarrow \downarrow \bar{R}^2$$

y (b) Esos nuevos regresores pueden mejorar el modelo en términos de ajuste,

$$\uparrow k \Rightarrow \downarrow SR \Rightarrow \uparrow R^2 \Rightarrow \uparrow \bar{R}^2$$

Hipótesis estadísticas del modelo.

I. Hipótesis sobre la forma funcional. Los elementos del modelo tienen la siguiente relación entre sí:

$$Y_t = \beta_1 + \beta_2 X_t + u_t \quad (43)$$

La relación entre el regresando, los regresores y la perturbación aleatoria es lineal.

I Hipótesis sobre la perturbación aleatoria. La perturbación aleatoria u_t es una variable aleatoria no observable con las siguientes propiedades:

a) *La esperanza matemática de la perturbación aleatoria u_t es cero.*

$$E(u_t) = 0 \quad t = 1, 2, \dots, T \quad (44)$$

Si el modelo tiene término constante, es imposible deslindar *a posteriori* la parte estrictamente correspondiente al coeficiente independiente del modelo, de la parte proveniente de la media de la perturbación aleatoria del modelo. Así, pues, ésta sería una hipótesis no contrastable empíricamente.

b) *Las perturbaciones aleatorias son homoscedásticas*

$$E(u_t^2) = \sigma^2 \quad t = 1, 2, \dots, T \quad (45)$$

Es decir, la varianza de las perturbaciones aleatorias del modelo es constante y, por tanto, independiente del tiempo o de los valores de las variables predeterminadas. Dicha hipótesis es contrastable empíricamente mediante diversos contrastes estadísticos basados en los residuos mínimos cuadráticos. Si no se cumple esta hipótesis, se dice que las perturbaciones son heteroscedásticas.

c) *Las perturbaciones aleatorias con distintos subíndices son independientes entre sí.*

$$E(u_t u_s) = 0 \quad t \neq s \quad (46)$$

Es decir, las perturbaciones correspondientes a distintos momentos del tiempo o a distintas unidades muestrales no están correlacionadas entre si. Este supuesto, al igual que el anterior, es contrastable *a posteriori*.

d) *La perturbación aleatoria tiene una distribución normal multivariante.* Las cuatro hipótesis formuladas sobre las perturbaciones aleatorias se pueden expresar de forma conjunta como

$$u_t \sim NID(0, \sigma^2) \quad (47)$$

Donde *NID* indica que son normales e independientes.

II. Hipótesis sobre el regresor X.

a) *Las observaciones de X son fijas en repetidas muestras.* De acuerdo con esta hipótesis, los distintos regresores del modelo toman los mismos valores para diversas muestras del regresando. Este supuesto alternativo se puede formular así:

- a*) *La variable X se distribuye independientemente de la perturbación aleatoria*
- b) *El regresor X no contiene errores de observación o de medida*

Es difícil encontrar instrumentos para contrastar esta hipótesis, la naturaleza del problema y, sobre todo, la procedencia de los datos utilizados pueden ofrecer evidencia favorable o desfavorable a la hipótesis enunciada.

III. Hipótesis sobre los parámetros. β_1 y β_2 son constantes. Si no se adopta esta hipótesis el modelo de regresión sería muy complicado de manejar. En todo caso, puede ser aceptable postular que los parámetros del modelo se mantienen estables en el tiempo (si no se trata de períodos muy extensos) o en el espacio (si está relativamente acotado).

Con la regresión lineal simple, se examinó el efecto alométrico del tamaño, usando como índice la longitud del ala (mm). Como la longitud total del ala se considera una estimación del tamaño del individuo y este afecta las mediciones de las manchas costales del ala, se realizaron análisis

de entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora.

Para reducir los efectos alométricos producidos por el crecimiento, es decir, diferencias que pudieran surgir por el tamaño del ala, las longitudes de manchas se expresaron como proporciones respecto a la longitud total y estos valores se transformaron así:

$$P' = \left(\frac{1}{2}\right) * \left(\arcsin \sqrt{\frac{X}{n+1}} + \arcsin \sqrt{\frac{X+1}{n+1}}\right), \quad \text{Freeman y Tukey (1950)}$$

Donde:

P' = Proporción transformada de la longitud de la mancha costal sobre la longitud total de ala.

X = Proporción de la longitud de la mancha sobre la longitud total del ala y

N = Tamaño muestral.

Esta transformación es más adecuada que otras transformaciones *arcoseno* porque suaviza la varianza aportada por proporciones muy grandes o muy pequeñas (Zar, 1984). Esta corrige la objeción reportada por Siegel et al. (1992): “las ecuaciones que predicen el peso corporal de los mosquitos a partir de la longitud del ala no pueden apropiadas, en los extremos del tamaño en las poblaciones”. Adicionalmente, se calcularon dos proporciones (Faran, 1980): (HP)/(PHD) y (SCP)/(DSD) y se transformaron por $X' = \sqrt{(X + 3/8)}$ para obtener una distribución normal de estas variables (Kihlberg et al., 1972) incluidas en este análisis por su valor taxonómico.

También se usó, con el propósito de poner a prueba el supuesto de independencia entre las variables estudiadas, se construyeron matrices de coeficientes de regresión lineal por parejas de manchas costales transformadas según Freeman y Tukey (1950) y de HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972).

2. OBJETIVO 2: ESTIMAR LOS COMPONENTES DE VARIANZAS-COVARIANZAS DE LA FORMA, EL TAMAÑO Y EL PATRÓN DE MANCHAS COSTALES DEL ALA, POR SEXO CON BASE EN ISOFAMILIAS PROCEDENTES DE DIFERENTES LOCALIDADES/ESPECIE

2.1. EL ANÁLISIS DE COVARIANZA (ANCOVA)

Compara el efecto de una variable métrica (denominada covariable o factor) y otra nominal (denominada factor o tratamiento) sobre una variable métrica (variable dependiente). Se analizó si existe o no relación entre una de las variables anteriores (longitud de la manchas costales descritas en el párrafo anterior) y la procedencia de los especímenes (madres o hembras grávidas recolectadas). También se estimaron los coeficientes de regresión lineal por parejas de manchas costales transformadas según Freeman y Tukey (1950) y de HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972).

2.2. DIFERENCIA ENTRE DOS O MÁS GRUPOS: ANÁLISIS DE VARIANZA

2.2.1. Prueba Paramétrica ANOVA. En el caso de analizar la influencia de una variable categórica nominal, conocida como factor, sobre una variable métrica se puede recurrir al análisis de varianza (ANOVA). Si existe un solo factor de denomina ANOVA I, con dos factores ANOVA II y con n factores, ANOVA n. En esta investigación, la variable categórica nominal o el factor “madres” toma más de dos valores (madre 1, 2, 3,...S) por lo que se utiliza el análisis de varianza.

Para llevar a cabo ANOVA es necesario que la variable métrica cumpla con los requisitos paramétricos ya descritos. Sin embargo, mientras el incumplimiento de la normalidad de la variable tiene un efecto reducido en la validez de la prueba, la diferente varianza de los grupos (heterodadasticidad) si puede afectar su validez. Por lo tanto, en el caso de rechazar esta igualdad de la varianza (prueba de Hartley y Barlett Chi-cuadrado) se procedió como sigue:

- Grupos de tamaño similar: Pruebas paramétricas de análisis.
- Grupos de tamaño muy diferente: Pruebas no paramétricas de análisis.

En la práctica, las conclusiones del análisis de varianza siguiendo una prueba paramétrica o una prueba no paramétrica son, en la mayoría de los casos, las mismas.

2.2.2. Modelos de análisis de la varianza. El anova permite distinguir dos modelos para la hipótesis alternativa:

Modelo I o de efectos fijos en el que la H_1 supone que las k muestras son muestras de k poblaciones distintas y fijas. Un ejemplo de modelo I de anova es la existencia de dos sexos (hembras y macho.) fijos, de las que se han extraído las muestras.

Modelo II o de efectos aleatorios en el que se supone que las k muestras, se han seleccionado aleatoriamente de un conjunto de $m > k$ poblaciones. Un ejemplo de modelo II sería: un investigador está interesado en determinar el tamaño de las manchas costales del ala y sus variaciones, en la descendencia de hembras grávidas recolectadas al azar (familias o progenitoras) y les realiza, a cada una, las mediciones en dos o más especímenes.

Aunque las asunciones iniciales y los propósitos de ambos modelos son diferentes, los cálculos y las pruebas de significación son los mismos y sólo difieren en la interpretación y en algunas pruebas de hipótesis suplementarias.

2.2.2.1. Modelo I de efectos fijos. Un valor individual se puede escribir en este modelo como:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij} \quad i = 1, \dots, k \quad y \quad j = 1, \dots, n$$

μ es la media global, α_i es la constante del efecto, o efecto fijo, que diferencia a las k poblaciones. También se puede escribir:

$$\mu_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij}$$

Representa la desviación de la observación j -ésima de la muestra i -ésima, con respecto a su media. A este término se le suele llamar *error aleatorio* y, teniendo en cuenta las asunciones iniciales del análisis de la varianza son k variables (una para cada muestra), todas con una distribución normal de media 0 y varianza s^2 .

La hipótesis nula en este análisis es que todas las medias son iguales. En nuestro caso, no existen diferencias entre las medias de los dos sexos.

$$H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$$

$$H_1: \text{al menos una es diferente}$$

Que puede escribirse en términos del modelo como:

$$H_0: \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k = 0$$

$$H_1: \text{al menos dos } \alpha_i \text{ distintas de } 0$$

Como en H_0 se cumplen las condiciones del apartado anterior se tratará de ver como se modifican las estimaciones de la varianza en H_1 .

En H_0 MS_A y MS_E son estimadores centrados de s^2 , es decir y usando el superíndice 0 para indicar el valor de las variables en H_0

$$E[MS_A^0] = s^2$$

$$E[MS_E^0] = s^2$$

Se puede ver que MS_E es igual en la hipótesis nula que en la alternativa. Por lo tanto:

$$E[MS_E] = E[MS_E^0] = s^2$$

Sin embargo, al valor esperado de MS_A en la hipótesis alternativa se le añade un término con respecto a su valor en la hipótesis nula:

$$E[MS_A] = \sigma^2 + \frac{n}{k-1} \sum_{i=1}^k \alpha_i^2$$

Al segundo sumando dividido por n se le llama *componente de la varianza añadida por el tratamiento*, ya que tiene forma de varianza, aunque estrictamente no lo sea pues α_i no es una variable aleatoria. La situación, por lo tanto, es la siguiente: en H_0 , MS_A y MS_E estiman s^2 ; en H_1 , MS_E estima s^2 pero MS_A estima $\sigma^2 + n \sigma_a^2$. Contrastar la H_0 es equivalente a contrastar la existencia de la componente añadida o, lo que es lo mismo, que MS_E y MS_A estimen, o no, la misma varianza. El estadístico de contraste es $F=MS_A/MS_E$ que, en la hipótesis nula, se distribuye según una F con $k - 1$ y $(n - 1)k$ grados de libertad. En caso de rechazar la H_0 , $MS_A - MS_E$ estima $n\sigma_a^2$.

2.2.2.2 Modelo II o de efectos aleatorios. En este modelo se asume que las k muestras son muestras aleatorias de k situaciones distintas y aleatorias. De modo que un valor aislado Y_{ij} se puede escribir como:

$$Y_{ij} = \mu + A_i + \varepsilon_{ij} \quad i = 1, \dots, k \quad y \quad j = 1, \dots, n$$

Donde μ es la media global, ε_{ij} son variables (una para cada muestra) distribuidas normalmente, con media 0 y varianza s^2 (como en el modelo I) y A_i es una variable distribuida normalmente, independiente de las ε_{ij} , con media 0 y varianza σ_a^2 .

La diferencia con respecto al modelo I es que en lugar de los efectos fijos a_i ahora se consideran efectos aleatorios A_i . Igual que en el modelo I se encuentra que MS_E no se modifica en la H_1 y que al valor esperado de MS_A se le añade el término de *componente añadida* (que aquí es una verdadera varianza ya que A_i es una variable aleatoria):

$$\frac{n}{k-1} \sum_{i=1}^k A_i^2 = n\sigma_a^2$$

Para llegar a este resultado se utiliza la asunción de independencia entre A_i y ε_{ij} y es, por tanto, muy importante en el modelo y conviene verificar si es correcta en cada caso. En la tesis significaría que las variaciones dentro de madres o especímenes dentro de familia son independientes de las variaciones entre madres o entre familias. Por tanto, en H_0 tanto MS_A como MS_E estiman s^2 , mientras que en H_1 , MS_E sigue estimando s^2 y MS_A estima $\sigma^2 + n\sigma_a^2$. La

existencia de esta componente añadida se contrasta con $F = MS_A/MS_E$ y en caso afirmativo, la varianza de A_i se estima como:

$$\sigma_a^2 = \frac{1}{n} (MS_A - MSE)$$

Pruebas “a posteriori”. En general, en un modelo II el interés del investigador es averiguar si existe componente añadida y en su caso estimarla. Sin embargo, en un modelo I, lo que tiene interés son las diferencias entre los distintos grupos. Las pruebas "a posteriori" son un conjunto de pruebas para probar todas las posibles hipótesis del tipo $m_i - m_j = 0$. Existen varias, (Duncan, Newman-Keuls, LSD): todas ellas muy parecidas. Usan el rango (diferencia entre medias) de todos los pares de muestras como estadístico y dicho rango debe superar un cierto valor llamado *mínimo rango significativo* para considerar la diferencia significativa. La principal diferencia con respecto a la t de Student radica en que usan MS_E como estimador de la varianza, es decir un estimador basado en todas las muestras.

Una manera semigráfica habitual de representar los resultados es dibujar una línea que una cada subconjunto de medias adyacentes entre las que no haya diferencias significativas.

Análisis de la varianza de dos factores. Es un diseño de *anova* que permite estudiar simultáneamente los efectos de dos fuentes de variación. En un *anova* de dos vías se clasifica a los individuos de acuerdo a dos *factores* (o vías) para estudiar *simultáneamente* sus efectos. En general, si el primer factor tiene *a niveles* y el segundo tiene *b*, se tendrán *ab* muestras o unidades experimentales, cada una con *n* individuos o *repeticiones*.

Una observación individual se representa como:

$$Y_{ijk} \quad i = 1, \dots, a \quad j = 1, \dots, p \quad k = 1, \dots, n$$

El primer subíndice indica el nivel del primer factor, el segundo el nivel del segundo factor y el tercero la observación dentro de la muestra. Los factores pueden ser ambos de efectos fijos (se habla entonces de *modelo I*), de efectos aleatorios (*modelo II*) o uno de efectos fijos y el otro de efectos aleatorios (*modelo mixto*). El modelo matemático de este análisis es:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \text{ Modelo I}$$

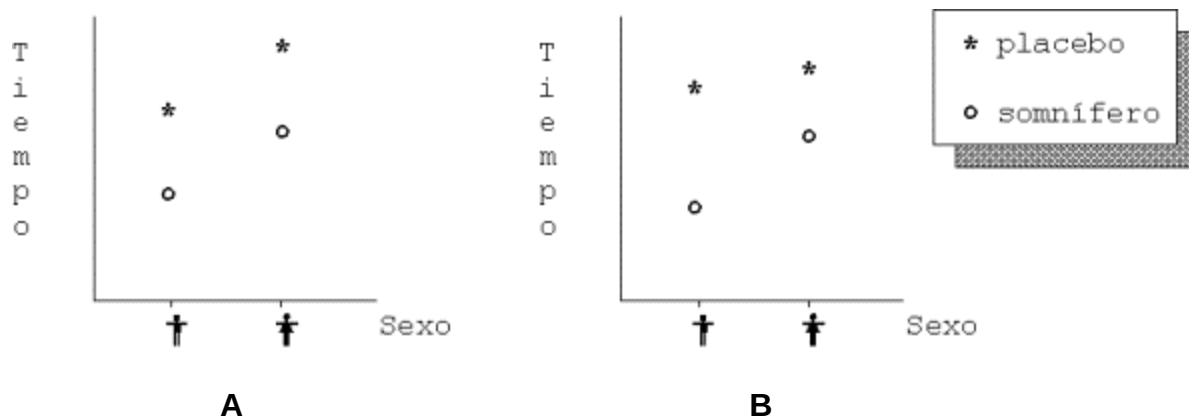
$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \text{ Modelo II}$$

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + B_j + (\alpha B)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \text{ Modelo mixto}$$

Donde μ es la media global, α_i o A_i el efecto del nivel i del 1º factor, β_j o B_j el efecto del nivel j del 2º factor y ε_{ijk} las desviaciones aleatorias alrededor de las medias, que también se asume que están normalmente distribuidas, son independientes y tienen media 0 y varianza s^2 . En la tesis el modelo sería mixto porque el factor A sería una variable categoría aleatoria (madres o familias) y el Factor B sería de efectos fijos (Sexo).

A las condiciones de muestreo aleatorio, normalidad e independencia, este modelo añade la de aditividad de los efectos de los factores. A los términos $(ab)_{ij}$, $(AB)_{ij}$, $(\alpha B)_{ij}$, se les denomina *interacción* entre ambos factores y representan el hecho de que el efecto de un determinado nivel de un factor sea diferente para cada nivel del otro factor.

Para entender mejor este concepto de interacción veamos un ejemplo sencillo sobre un anova de dos factores, cada uno con dos niveles: supóngase un estudio para analizar el efecto de un somnífero teniendo en cuenta el sexo de los sujetos. Se eligen al azar dos grupos de hombres y otros dos de mujeres. A un grupo de hombres y otro de mujeres se les suministra un *placebo* y a los otros grupos el somnífero. Se mide el efecto por el tiempo que los sujetos tardan en dormirse desde el suministro de la píldora. Se trata de un anova de dos factores (sexo y fármaco) fijos, cada uno con dos niveles (hombre y mujer para el sexo y somnífero y placebo para el fármaco). Los dos tipos de resultados posibles se esquematizan en la figura



En la figura A se observa que las mujeres tardan más en dormirse, tanto en el grupo tratado como en el grupo placebo (hay un efecto del sexo) y que los tratados con placebo tardan más en dormirse que los tratados con somnífero en ambos sexos (hay un efecto del tratamiento). Ambos efectos son fácilmente observables. Sin embargo, en la figura B es difícil cuantificar el efecto del somnífero pues es distinto en ambos sexos y, simétricamente, es difícil cuantificar el efecto del sexo pues es distinto en ambos grupos de tratamiento. En este caso, se dice que existe interacción.

Podría, incluso, darse el caso de que se invirtieran los efectos de un factor para los distintos niveles del otro, es decir, que las mujeres se durmieran antes con el somnífero y los hombres antes con el placebo. La interacción indica, por tanto, que los efectos de ambos factores no son aditivos: cuando se dan juntos, su efecto no es la suma de los efectos que tienen cuando están por separado, por lo que, si en un determinado estudio se encuentra interacción entre dos factores, no tiene sentido estimar los efectos de los factores por separado. A la interacción positiva, es decir, cuando el efecto de los factores actuando juntos es mayor que la suma de efectos actuando por separado, en Biología se le denomina *sinergia* o *potenciación* y a la interacción negativa *inhibición*. En el ejemplo de la figura B, se diría que el ser mujer inhibe el efecto del somnífero, o que el ser hombre lo potencia (según el sexo que se tome como referencia).

Identidad de la suma de cuadrados. La suma de cuadrados total en un *anova de 2 vías* donde para representar las medias se ha usado la convención habitual de poner un punto (.) en el lugar del subíndice con respecto al que se ha sumado) que dividida por sus grados de libertad, $abn - 1$, estima la varianza s^2 en el supuesto de que las ab muestras provengan de una única población.

Se puede demostrar que:

$$SS_T = SS_A + SS_B + SS_{AB} + SS_E$$

Que es la llamada *identidad de la suma de cuadrados* en un anova de dos factores. Los sucesivos sumandos reciben respectivamente el nombre de suma de cuadrados del 1º factor (tiene $a - 1$ grados de libertad y recoge la variabilidad de los datos debida exclusivamente al 1 factor), del 2º factor (con $b - 1$ grados de libertad y recoge la variabilidad de los datos debida exclusivamente al 2º factor), de la interacción (con $(a - 1)(b - 1)$ grados de libertad, recoge la variabilidad debida a la interacción) y del error (con $ab(n - 1)$ grados de libertad, recoge la variabilidad de los datos alrededor de las medias de cada muestra).

Los resultados de un análisis de la varianza de dos factores se suelen representar en una tabla como la siguiente:

Fuente de variación	GL	SS	MS
1º factor	$a - 1$	SS_A	$SS_A/(a - 1)$
2º factor	$b - 1$	SS_B	$SS_B/(b - 1)$
Interacción	$(a - 1)(b - 1)$	SS_{AB}	$SS_{AB}/[(a - 1)(b - 1)]$
Error	$ab(n - 1)$	SS_E	$SS_E/[ab(n - 1)]$
Total	$abn - 1$	SS_T	

Los grados de libertad también son aditivos. En ocasiones se añade una primera línea llamada *de tratamiento o de subgrupos* cuyos grados de libertad y suma de cuadrados son las sumas de los del primer, segundo factor y la interacción, que corresponderían a la suma de cuadrados y grados de libertad del tratamiento de un análisis de una vía en que las ab muestras se considerarán como

muestras de una clasificación única. Para plantear los contrastes de hipótesis hay que calcular los valores esperados de los distintos cuadrados medios.

Contrates de hipótesis en un análisis de la varianza de dos factores. Del mismo modo que se hizo en el anova de una vía, para plantear los contrastes de hipótesis habrá que calcular los valores esperados de los distintos cuadrados medios. Los resultados son:

Modelo I

MS	Valor esperado
MS_A	$\sigma^2 + \frac{nb}{a-1} \sum_{i=1}^a \alpha_i^2$
MS_B	$\sigma^2 + \frac{na}{b-1} \sum_{j=1}^b \beta_j^2$
MS_{AB}	$\sigma^2 + \frac{n}{(a-1)(b-1)} \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b (\alpha_i \beta_j)^2$
MS_E	σ^2

Por lo tanto, los estadísticos MS_{AB}/MS_E , MS_A/MS_E y MS_B/MS_E se distribuyen como una F con los grados de libertad correspondientes y permiten contrastar, respectivamente, las hipótesis:

i) no existe interacción (MS_{AB}/MS_E)

$$H_0: (\alpha\beta)_{ij} = 0 \quad i=1, \dots, a \quad j=1, \dots, b$$

ii) no existe efecto del primer factor, es decir, diferencias entre niveles del primer factor (MS_A/MS_E)

$$H_0: \mu_{1.} = \dots = \mu_{a.}$$

iii) no existe efecto del segundo factor (MS_B/MS_E)

$$H_0: \mu_{.1} = \dots = \mu_{.b}$$

Si se rechaza la primera hipótesis de no interacción, no tiene sentido contrastar las siguientes. En este caso lo que está indicado es realizar un análisis de una vía entre las ab combinaciones de tratamientos para encontrar la mejor combinación de los mismos.

Contraste de hipótesis en un anova de 2 vías

Modelo II

<i>MS</i>	Valor esperado
MS_A	$\sigma^2 + n \sigma_{ab}^2 + n b \sigma_a^2$
MS_B	$\sigma^2 + n \sigma_{ab}^2 + n a \sigma_b^2$
MS_{AB}	$\sigma^2 + n \sigma_{ab}^2$
MS_E	σ^2

Donde σ_a^2 , σ_b^2 y σ_{ab}^2 son, respectivamente las componentes añadidas por el primer factor, por el segundo y por la interacción, que tienen la misma forma que los del modelo I, sin más que cambiar a_i y b_j por A_i y B_j , respectivamente. La interacción se contrasta, como en el modelo I, con MS_{AB}/MS_E , si se rechaza la hipótesis nula se contrastarían cada uno de los factores con MS_A/MS_{AB} y MS_B/MS_{AB} .

En un modelo II, como no se está interesado en estimar los efectos de los factores sino sólo la existencia de la componente añadida, **sí** tiene sentido contrastar la existencia de la misma para cada factor incluso aunque exista interacción. Aquí el problema se plantea cuando no se puede rechazar la hipótesis nula y se concluye que no existe interacción: entonces tanto MS_E como MS_{AB} estiman σ_b^2 , entonces ¿cuál se elige para contrastar la componente añadida de los factores?

En principio, parece razonable escoger su media (la media de varios estimadores centrados es también un estimador centrado y más eficiente), sin embargo si se elige MS_{AB} se independiza el contraste para los factores de un posible error tipo II en el contraste para la interacción. Hay autores que por ello opinan que es mejor usar MS_{AB} , pero otros proponen promediar si se puede asegurar baja la probabilidad para el error tipo II. La media de los cuadrados medios se calcula dividiendo la suma de las sumas de cuadrados por la suma de los grados de libertad.

Ejemplo. A partir de la siguiente tabla de un *anova* de 2 factores modelo II, realizar los contrastes adecuados.

Fuente de variación	G.L.	SS	MS
Factor I	4	315,80	78,95
Factor II	3	823,50	274,50
Interacción (I*II)	12	328,90	27,41
Error	100	2308,00	23,08
Total	119	3776,20	

Se empezaría contrastando la existencia de interacción: $f = 27,41/23,08 = 1,188$ como $F_{0,05(12,100)}=1,849$ no se puede, al nivel de significación del 95%, rechazar la hipótesis nula y se concluye que no existe interacción. Si usamos MS_{AB} para contrastar los factores:

Factor I: $f = 78,95/27,41 = 2,880$ como $F_{0,05(4,12)} = 3,26$ no se rechaza la hipótesis nula y se concluye la no existencia de componente añadida por este factor.

Factor II: $f = 274,5/27,41 = 10,015$ como $F_{0,05(3,12)} = 3,49$ se rechaza la hipótesis nula y se acepta la existencia de componente añadida por este factor.

El resultado del análisis es: no existe componente añadida por la interacción, tampoco por el 1 factor y sí existe componente añadida por el 2.

La estimación de esta componente es: como a partir de los grados de libertad de la tabla anterior (pág. 280), podemos calcular $a = 5$, $b = 4$ y $n = 6$ resulta que la estimación de es $n * a * 274.50 - 27,41 = 247.09$; por lo tanto $\sigma_b^2 = \frac{247.09}{30} = 8.24$ que representa un 35.7% de componente añadida por el segundo factor. Si se hubiera optado por promediar, los cuadrados medios promediados son $(328.9+2308.0)/(12+100)=23.54$ con 112 grados de libertad y hubiera resultado significativo también el factor 1.

Contrastes de hipótesis en un anova de dos vías.

Modelo mixto. Supóngase el primer factor de efectos fijos y el segundo de efectos aleatorios, lo que no supone ninguna pérdida de generalidad, ya que el orden de los factores es arbitrario.

MS	Valor esperado
MS_A	$\sigma^2 + n \sigma_{ab}^2 + \frac{n b}{a-1} \sum_{i=1}^a \alpha_i^2$
MS_B	$\sigma^2 + n a \sigma_b^2$
MS_{AB}	$\sigma^2 + n \sigma_{ab}^2$
MS_E	σ^2

Se contrastan la interacción y el factor aleatorio con el término de error, si la interacción fuera significativa no tiene sentido contrastar el efecto fijo y si no lo fuera, el efecto fijo se contrasta con el término de interacción o con el promedio de interacción y error.

3. OBJETIVO 3: ESTIMAR LA HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO DE LA FORMA, EL TAMAÑO Y LAS MANCHAS COSTALES DEL ALA

3.1. ANÁLISIS GENÉTICO CON BASE EN LOS MODELOS ESTADÍSTICOS

3.1.1. Modelos genéticos

3.1.1.1. Mediciones Múltiples o Repetibilidad. Cuando puede hacerse más de una medición en un carácter en cada individuo, puede hacerse la partición de la varianza fenotípica en varianza dentro de un individuo y varianza entre individuos. Existen dos maneras por medio de las cuales la repetición de un carácter puede proporcionar mediciones múltiples: la repetición temporal y la repetición espacial.

La varianza de la repetición temporal, puede ser analizada en componentes, **dentro de individuos:** midiendo las diferencias entre las producciones del mismo individuo. Este componente es netamente ambiental en su origen y es causado por diferencias temporales del ambiente entre realizaciones sucesivas; y **entre individuos:** midiendo las diferencias permanentes entre individuos. Este componente es parcialmente ambiental y parcialmente genético, causado por circunstancias que afecta a los individuos permanentemente.

Los caracteres repetidos en el espacio son principalmente estructurales o anatómicos. En este proyecto, el patrón de manchas de la vena costal serán medidos en las alas izquierda y derecha o en partes repetidas en serie dentro de cada ala, tales como el patrón de manchas de la vena subcostal. En este caso la varianza dentro es, de nuevo, completamente ambiental en origen, pero a diferencia de los caracteres repetidos temporalmente, representa la variación “de desarrollo” producida por circunstancias localizadas que operaron durante el desarrollo.

Componentes de la varianza ambiental (V_E)

Varianza ambiental permanente (V_{Ep}). Permanece igual durante la vida del animal afectando a todas las medidas. Por ejemplo, una deficiencia nutricional prolongada durante el periodo de crecimiento puede producir un efecto permanente.

Varianza ambiental temporal (V_{Et}). Es temporal y afecta cada medida con intensidad diferente. Por ejemplo, cambios climáticos, nutricionales y de manejo.

A continuación se muestra una representación esquemática de n medidas de un carácter en el mismo individuo.

$$\begin{array}{r} P_1 = G + E_p + E_{t(1)} \\ P_2 = G + E_p + E_{t(2)} \\ P_3 = G + E_p + E_{t(3)} \\ \vdots \\ P_n = G + E_p + E_{t(n)} \\ \hline \bar{P}_n = G + E_p + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n E_{t(i)} \end{array}$$

Varianza ambiental especial (V_{Ec}). Varianza entre individuos que se presenta debido a circunstancias temporales o localizadas.

Varianza ambiental general (V_{Eg}). Varianza ambiental que contribuye al componente entre individuos y que surge debido a circunstancias permanentes o no localizadas.

El cociente del componente dentro de individuos sobre la varianza fenotípica total mide la correlación (r) entre mediciones repetidas del mismo individuo y se conoce como repetibilidad del carácter.

$$r = \frac{V_G + V_{E_g}}{V_p}$$

Restricción: La acción del genotipo no cambia entre mediciones sucesivas realizadas sobre el mismo individuo.

Correlación Intraclase e Interclase. Si en un mismo ambiente hay n genotipos repetidos t veces, una observación podrá representarse como,

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}$$

i = 1, 2, 3, ... n genotipos

j = 1, 2, 3, ... r repeticiones

Donde:

Y_{ij} = Observación j en el genotipo i

μ = Media fenotípica de las nr observaciones

g_i = Efecto genotípico del genotipo i

e_{ij} = Error de observación en la repetición j del genotipo i

La media genotípica se medirá bajo las restricciones,

$$E(g_i) = E(e_{ij}) = 0$$

En esta forma se tendrá,

$$\mu = E(Y_{ij}) = \frac{\sum_{i,j} Y_{ij}}{nr} = \frac{\left[\sum_{i,j} (\mu + g_i + e_{ij}) \right]}{nr}$$

$$V(Y_{ij}) = E(Y_{ij} - \mu)^2 = E\left[\sum_{i,j}(\mu + g_i + e_{ij})\right]^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

Esta expresión representa la varianza de una observación y también la de la población de n genotipos. La media de la r observaciones sobre un mismo genotipo será:

$$\bar{Y}_{i.} = E\left[\frac{\sum_{i,j} Y_{ij}}{r}\right] = E\left[\frac{\sum_j (\mu + g_i + e_{ij})}{r}\right] = \mu + g_i + \frac{1}{r} \sum_j e_{ij}$$

Cuya varianza será

$$V(\bar{Y}_{i.}) = V\left(\mu + g_i + \frac{1}{r} \sum_j e_{ij}\right) = V(g_i) + V\left(\frac{1}{r} \sum_j e_{ij}\right) + 2Cov\left(g_i, \frac{1}{r} \sum_j e_{ij}\right)$$

y dado que (g_i) y (e_{ij}) son independientes resultará,

$$V(\bar{Y}_{i.}) = V(g_i) + V\left(\frac{1}{r} \sum_j e_{ij}\right)$$

De la comparación de los dos tipos de varianza se desprende que la varianza de la media de r observaciones de un genotipo es menor que la varianza de una sola observación, es decir,

$$V(\bar{Y}_{i.}) < V(Y_{ij})$$

El análisis de varianza de las nr observaciones de un mismo genotipo se presenta en el siguiente cuadro:

Análisis de varianza de nr observaciones provenientes de n genotipos

Fuentes de variación	G. L.	S.C.	C.M.	E(C.M.)
Genotipos	$n - 1$	$\frac{1}{r} \sum_i Y_{i.}^2 - \frac{Y_{..}^2}{nr}$	C.M. ₁	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Observaciones/genotipo	$n(r - 1)$	$\sum_{i,j} Y_{ij}^2 - \frac{\sum_i Y_{i.}^2}{r}$	C.M. ₂	σ_e^2
Total	$nr - 1$	$\sum_{i,j} Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{nr}$		

La estimación de los componentes de varianza es como sigue:

$$\sigma_{e_e}^2 = C.M._2$$

$$(\sigma_g^2 + \sigma_{e_g}^2) = \frac{(C.M._1 - C.M._2)}{n}$$

Donde la repetibilidad se estima como:

$$R = \frac{(\sigma_g^2 + \sigma_{e_g}^2)}{(\sigma_g^2 + \sigma_{e_g}^2) + \sigma_{e_e}^2}$$

Donde,

$\sigma_{e_g}^2$ Es la varianza ecológica general inseparable de la varianza genotípica; σ_g^2

$\sigma_{e_e}^2$ Es la varianza ecológica especial o varianza del error de la medida.

El modelo genético muestra que la varianza entre genotipos estima toda la varianza genética total más una parte de la varianza ambiental. Entonces R podría ser una sobre estimación de la heredabilidad genotípica (H^2).

Error estándar de la repetibilidad (R): es la raíz cuadrada de la varianza muestral de la correlación intraclase, R. Este es un método aproximado asumiendo que el número total de observaciones es suficientemente grande tal que R está distribuida normalmente.

$$S.E.(R) \cong \sqrt{\frac{2(1-R)^2[1+(n-1)R]^2}{n(n-1)(N-1)}}$$

Estimación de la heredabilidad en sentido amplio: La heredabilidad es usualmente dada en términos de un registro por individuo. Cuando hay más de un registro la heredabilidad es más grande. Según Becker (1984) el factor por el cual la heredabilidad es multiplicada está dado por:

$$\frac{m}{1+(m-1)R}$$

El modelo genético muestra que la varianza entre genotipos estima la varianza genética total más una parte de la varianza ambiental. Entonces R podría ser una sobrestimación de la heredabilidad genotípica (H^2).

3.1.1.2. Análisis de varianza de una vía.

Restricciones:

- Las hembras grávidas recolectadas fueron monoandricas y que el parentesco entre la descendencia de una sola hembra (dentro de isofamilia) es de 0.5.
- Las progenies de cada isolínea son hermanos completos respecto a su progenitora materna.

Se emplea para analizar si existen diferencias entre las isolíneas estudiadas dentro de cada localidad (método I) o entre los progenitores P_1 . Estos análisis permiten descomponer la varianza fenotípica en los componentes entre y dentro de grupos necesarios para poder estimar la covarianza de hermanos completos y con ella calcular el componente de varianza genética de la

varianza fenotípica de las características estudiadas (Kempthorne, 1969; Falconer, 1989). Únicamente se aplica a las hembras P₁ y a los descendientes F₁ respecto a los parentales G₀.

a) *Modelo estadístico (Modelo aleatorio II)*

$$Y_{ik} = \mu + \sigma_i + \varepsilon_{ik}$$

Donde μ es la media común; σ_i es el efecto del cruzamiento i – enésimo y ε_{ik} es el ambiente no controlado y las desviaciones genéticas atribuibles a los individuos dentro de cada pareja de apareamiento.

La tabla siguiente muestra este análisis de varianza con las distintas fuentes de variación (F.V.), los grados de libertad (G.L.), suma de cuadrados (S.C.), cuadrados medios (C.M.) y los cuadrados medios esperados (C.M.E).

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	C.M.E
Entre grupos	$S - 1$	SS_S	CM_S	$\sigma_W^2 + k\sigma_S^2$
Entre progenies dentro de grupos	$n - S$	SS_W	CM_W	σ_W^2
Total	$n - 1$			

Donde S es el número de isolíneas o de progenitores F₁; n es número descendientes por grupo; $k=n_i$ en los cuadrados medios esperados; n , número total de individuos analizados.

Modelo genético. El componente de varianza, σ_S^2 , es debido a las diferencias entre los grupos. Los miembros de esos grupos son hermanos completos y por lo tanto, este componente es equivalente a la covarianza de hermanos completos. Los coeficientes de los efectos genéticos aditivos (α) y de los efectos de dominancia (δ) para la covarianza de hermanos completos (Cov_{FS}) son:

$$\alpha = \frac{\phi + \phi'}{2},$$

Donde ϕ es la probabilidad de que el alelo paterno en un pariente sea idéntico a un alelo en el otro pariente y ϕ' es la probabilidad de que el alelo materno en un pariente sea idéntico a un alelo en el otro pariente. En el caso de hermanos completos, este coeficiente es igual a:

$$\alpha = \frac{\frac{1}{2} + \frac{1}{2}}{2} = \frac{1}{2}$$

y el coeficiente de los efectos genéticos de dominancia δ se estima:

$$\delta = \phi * \phi' = \left(\frac{1}{2} * \frac{1}{2}\right) = \frac{1}{4}$$

Sustituyendo los coeficientes en la formula general tenemos,

$$Cov_{FS} = \frac{2}{4}V_A + \frac{1}{4}V_D + \frac{1}{4}V_{AA} + \frac{2}{16}V_{AD} + \frac{1}{16}V_{DD} + \frac{2}{16}V_{AAA} + \dots etc$$

Donde V_A es la varianza genética aditiva, V_D es la varianza genética de dominancia y el resto de componentes corresponde a la varianza de interacción (V_I) compuesta por la varianza aditiva*aditiva (V_{AA}) varianza aditiva * dominante (V_{AD}), varianza dominante*dominante (V_{DD}), varianza aditiva*aditiva*aditiva (V_{AAA})...etc.

El componente σ_W^2 significa $V_T - Cov_{FS}$. Los dos componentes estiman

Componente	covarianza	V_A	V_D	V_{AA}	V_{AD}	V_{DD}	V_{AAA}	V_M	V_E
σ_S^2	Cov_{FS}	$\frac{2}{4}$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{4}$	$\frac{2}{16}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{2}{16}$	1	0
σ_W^2	$\sigma_T^2 - Cov_{FS}$	$\frac{2}{4}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{14}{16}$	$\frac{15}{16}$	$\frac{14}{16}$	0	1

Donde V_M es la varianza por efectos maternos y V_E es la varianza ambiental.

El componente de varianza σ_S^2 estima un 1/2 de la variación genética aditiva, un 1/4 de la varianza de dominancia y varios valores de la varianza epistática. El componente σ_W^2 estima el resto de la varianza genética más la varianza ambiental.

Formulas computacionales. Con base en el análisis de varianza de una vía se estiman los componentes de varianza de la siguiente forma:

$$\hat{\sigma}_S^2 = \frac{CM_S - CM_W}{k}$$

$$\hat{\sigma}_W^2 = CM_W$$

$$\hat{\sigma}_S^2 + \hat{\sigma}_W^2 = V_P$$

Las varianzas fenotípica y genética se estiman como:

$$\hat{\sigma}_S^2 = Cov_{FS} \approx \frac{1}{2}V_A + \frac{1}{4}V_D + V_M$$

La estimación de la heredabilidad es

$$h^2 = \frac{2 * Cov_{FS}}{V_P} = \frac{2 * \hat{S}_S^2}{\hat{S}_S^2 + \hat{S}_W^2} \approx \frac{V_A + \frac{1}{2}V_D + 2V_M}{V_P} \approx \frac{V_G}{V_P}$$

El numerador tiene un estimado de 1/2 de la varianza de los efectos dominantes y toda la varianza de los efectos maternos. Como estima 1/2 de la varianza de dominancia esta proporción se aproxima a la heredabilidad genotípica la cual es la fracción de la varianza genética total (V_G) sobre la varianza fenotípica total (V_P). El error estándar es igual a:

$$S.E.(h^2) = 2\sqrt{\frac{2(1-t)^2[1+(k-1)t]^2}{k(k-1)(S-1)}}$$

Donde t es la correlación intraclase y es igual a:

$$t = \frac{S_S^2}{S_S^2 + S_W^2}$$

Estos análisis se realizaron con las proporciones transformadas según Freeman y Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972). Se utilizó el análisis multivariado de varianza (MANOVA opción GLM) para variables con asimetría bilateral significativa. Los análisis de varianza se realizaron considerando la variable categórica madre

(aleatoria) y lado (fija). El número de progenie (k_1)/hembra grávida (madre) y el número de alas/lado (k_2), se calcularon según Becker (1984) para diseños desbalanceados. Como la heredabilidad puede tornar valores de 0 a 1, se emplearon los siguientes criterios de clasificación:

$0.00 < H^2 < 0.25$	Baja heredabilidad
$0.25 < H^2 < 0.50$	Heredabilidad media
$0.50 < H^2 < 1.00$	Alta heredabilidad

3.2. Coeficientes de variación genética (C.V.G.), ambiental (C.V.E.) y fenotípica (C.V.P.).

Para estandarizar los componentes de varianza se estimaron estos coeficientes usando las siguientes formulas:

$$C.V.G. = \sqrt{\frac{S_G^2}{X}} * 100$$

$$C.V.E. = \sqrt{\frac{S_E^2}{X}} * 100$$

$$C.V.P. = \sqrt{\frac{S_P^2}{X}} * 100$$

3.3. Co-heredabilidad ($Co-H^2$) y coeficientes de correlación genética (r_G), ambiental (r_E) y fenotípica (r_P). Las asociaciones entre los caracteres se evaluaron por medio de r_P , r_G y r_E . r_P se estimó directamente de los valores medios fenotípicos, siendo resultante de causas genéticas y ambientales. r_G corresponde a la porción genética de r_P . Las r_P , r_G y r_E entre dos características se calcularon por métodos similares a los usados para estimar las varianzas genéticas. “X” es el símbolo para una característica y “Y” el símbolo para la otra. El análisis de covarianzas entre “X” y “Y” se muestra en la Tabla 2, Anexo B. Se utilizó el programa GENES desarrollado por Cruz (2006). El modelo genético del análisis de varianza es similar al que se dio en la estimación de heredabilidad (Tabla 3, Anexo B). Las formulas y estimaciones de los productos cruzados promedio esperados (MCP_E) son similares a las descritas para la estimación de los componentes V_G , V_E y V_P . La Co-heredabilidad ($Co-H^2$) se calculó usando las covarianzas entre familias (Cov_S) y la covarianza fenotípica (Cov_P) como sigue:

$$Co - H^2 = \frac{Cov_S}{Cov_P} \times 100$$

El error estándar es igual a:

$$S.E.(Co - H^2) = 2\sqrt{\frac{2(1-t)^2[1+(k-1)t]^2}{k(k-1)(S-1)}}$$

Donde “t” es la correlación intraclase y es igual a:

$$t = \frac{Cov_S}{Cov_P}$$

Las estimaciones de los r_G , r_E y r_P son las siguientes:

Correlación genética:

$$r_G = \frac{2\widehat{Cov}_S}{\sqrt{2\widehat{\sigma}_{S(X)}^2 * 2\widehat{\sigma}_{S(Y)}^2}} = \frac{\widehat{Cov}_S}{\sqrt{\widehat{\sigma}_{S(X)}^2 * \widehat{\sigma}_{S(Y)}^2}}$$

El numerador estima:

$$Cov_A + (2/4)Cov_D + (2/4)Cov_{AA} + (4/16)Cov_{AD} + (2/16)Cov_{DD} + (16/64)Cov_{AAA}.$$

r_G incluye gran cantidad de efectos epistáticos y de dominancia.

El error estandar de la correlación genetica se estimó según Falconer y Mackay (1996) como:

$$SE(r_G) = \frac{1 - r_G}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{SE(h_X^2)SE(h_Y^2)}{(h_X^2)(h_Y^2)}}$$

Correlación ambiental:

$$r_E = \frac{\widehat{Cov}_W - \widehat{Cov}_S}{\sqrt{(\widehat{\sigma}_{W(X)}^2 - \widehat{\sigma}_{S(X)}^2) * (\widehat{\sigma}_{W(Y)}^2 - \widehat{\sigma}_{S(Y)}^2)}}$$

El numerador estima:

$$(2/4)Cov_D + (2/4)Cov_{AA} + (12/16)Cov_{AD} + (14/16)Cov_{DD} + (48/64)Cov_{AAA} + Cov_E.$$

r_E incluye gran cantidad de efectos epistáticos y de dominancia y la covarianza ambiental (Cov_E).

Correlación fenotípica:

$$r_P = \frac{\widehat{Cov}_W + \widehat{Cov}_S}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 + \hat{\sigma}_{S(X)}^2) * (\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 + \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}}$$

Donde:

$\hat{\sigma}_{W(X)}^2$ y $\hat{\sigma}_{W(Y)}^2$ = varianzas residuales de los caracteres X e Y, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{S(X)}^2$ y $\hat{\sigma}_{S(Y)}^2$ = varianzas genéticas estimadas de los caracteres X e Y, en su orden.

Una vez estimados los r se confirmó su significancia estadística, planteando la hipótesis nula: $H_0: r=0$ versus la hipótesis alterna $H_a: r \neq 0$, mediante una prueba de t de Student. En este caso, se llevó a cabo una conversión de los valores muestrales r a una distribución t de Student mediante su estandarización:

$$t = \frac{r}{S_r}$$

Donde S_r es la desviación estándar muestral de los valores de r, calculada de la siguiente manera:

$$S_r = \sqrt{\frac{1 - r^2}{n - 2}}$$

Sustituyendo se tiene

$$t = \frac{r}{\sqrt{\frac{1 - r^2}{n - 2}}}$$

Con G.L. = n-2

Sí $T_c \geq T_t$, entonces el valor de r es estadísticamente diferente de cero (Espitia et al., 2008). Los $r_G > 1$, puede ser explicados por dos situaciones. La primera se puede asumir como una correlación perfecta, y la segunda es que al revisar las varianzas de cada una de las variables involucradas en el análisis de correlación, si una de ellas presenta diferencias o una varianza

significativa y la otra no, esta correlación debe desecharse dado que la correlación mide el grado de covariación entre dos variables (Mayo, 1980). En este estudio se usó el segundo criterio. Por último, con el fin de emplear en forma práctica la magnitud de r como un indicador del grado de correlación o asociación entre las variables, se utilizaron los criterios de la Tabla 4, Anexo B.

4. OBJETIVO 4: ESTIMAR EL GRADO DE ASIMETRÍA FLUCTUANTE EN LAS POBLACIONES ESTUDIADAS.

Para comprobar la existencia de asimetría se compararon medias y varianzas de las alas derechas (Al.Der.) e izquierdas (Al.Izq.) para la longitud total (Long.A.) y los tamaños (mm) de las manchas costales del ala, de progenies hembras y machos usando los métodos estadísticos usados en el punto 1. Para decidir si la varianza en ambos grupos es o no la misma se usó la prueba de razón de varianzas o prueba de Levene.

Para la conformación y el tamaño, en el análisis de asimetría se tomaron Al.Izq. y Al.Der. en cada individuo. A cada una de ellas se le tomaron las coordenadas crudas con dos repeticiones siguiendo los pasos descritos del análisis de R. Se creó un único archivo con las coordenadas de los puntos de referencia de digitalizaciones sucesivas. Se realizó una superposición Procrustes antes de aplicar un ANOVA de dos vías para el tamaño centroide (Palmer y Strobeck 1986; Tabla 5, pág. 64 Tesis) y un ANOVA Procrustes para las variables de conformación del ala (Klingenberg y McIntyre, 1998; Tabla 6, pág.64 Tesis). Además, se calcularon los componentes simétricos y asimétricos, así como las puntuaciones de asimetría fluctuante (AF) de la conformación del ala del individuo (Klingenberg y Monteiro, 2005).

Las diferencias significativas entre el tamaño o la conformación del Al.Izq. respecto al Al.Der. Indicaría la existencia de asimetría direccional (AD). Las diferencias significativas de la interacción lado*individuo señalarían la existencia de asimetría fluctuante (AF). Las diferencias significativas entre individuos puede deberse a diferencias genéticas por hacer parte de familias de hermanos completos y por efecto del ambiente común donde se desarrollaron.

5. OBJETIVO 5: ESTABLECER EL GRADO DE DIFERENCIACIÓN MORFOLÓGICA ENTRE POBLACIONES APORTADO POR LA FORMA, EL TAMAÑO Y LAS MANCHAS COSTALES DEL ALA DE MOSQUITOS DE CADA UNA DE LAS ESPECIES ESTUDIADAS

5.1. ANÁLISIS DISCRIMINANTE GENERAL (GDA)

El Análisis Discriminante es una técnica estadística multivariante cuya finalidad es analizar si existen diferencias significativas entre grupos de objetos respecto a un conjunto de variables medidas sobre los mismos para, en el caso de que existan, explicar en qué sentido se dan y facilitar procedimientos de clasificación sistemática de nuevas observaciones de origen desconocido en uno de los grupos.

El Análisis Discriminante se puede considerar como un análisis de regresión donde la variable dependiente es categórica y tiene como categorías la etiqueta de cada uno de los grupos, mientras que las variables independientes son continuas y determinan a qué grupos pertenecen los objetos.

- *Se pretende encontrar relaciones lineales entre las variables continuas que mejor discriminen en los grupos dados a los objetos.*
- *Construir una regla de decisión que asigne un objeto nuevo con un cierto grado de riesgo, cuya clasificación previa se desconoce, a uno de los grupos prefijados.*

Para efectuar el análisis es necesario considerar una serie de supuestos:

(a) Se tiene una variable categórica y el resto de variables son de intervalo o de razón y son independientes respecto de ella.

(b) Se necesitan al menos dos grupos, y para cada grupo se necesitan dos o más casos.

(c) El número de variables discriminantes debe ser menor que el número de objetos menos 2, es decir, $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ donde $p < (n-2)$ siendo $n \equiv$ número de objetos.

$$\bar{x}_{kj} = \frac{1}{n_k} \sum_{i \in I_k} x_{ij} \text{ para } k = 1, \dots, q.$$

De esta forma, la media total de la variable x_j se puede expresar como función de las medias dentro de cada grupo

$$n_k \bar{x}_{kj} = \sum_{i \in I_k} x_{ij}$$

Con lo cual,

$$\bar{x}_j = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_{ij} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^q \sum_{i \in I_k} x_{ij} = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^q n_k \bar{x}_{kj} = \sum_{k=1}^q \frac{n_k}{n} \bar{x}_{kj}$$

Así,

$$\text{Cov}(x_j, x_{j'}) = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^q \sum_{i \in I_k} (x_{ij} - \bar{x}_j)(x_{ij'} - \bar{x}_{j'})$$

Poniendo en cada uno de los términos:

$$\begin{cases} (x_{ij} - \bar{x}_j) = (x_{ij} - \bar{x}_{kj}) + (\bar{x}_{kj} - \bar{x}_j) \\ (x_{ij'} - \bar{x}_{j'}) = (x_{ij'} - \bar{x}_{kj'}) + (\bar{x}_{kj'} - \bar{x}_{j'}) \end{cases}$$

Se obtiene,

$$\begin{aligned} \text{Cov}(x_j, x_{j'}) &= \frac{1}{n} \sum_{k=1}^q \sum_{i \in I_k} (x_{ij} - \bar{x}_j)(x_{ij'} - \bar{x}_{j'}) = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^q \sum_{i \in I_k} (x_{ij} - \bar{x}_{kj})(x_{ij'} - \bar{x}_{kj'}) + \sum_{k=1}^q \frac{n_k}{n} (\bar{x}_{kj} - \bar{x}_j)(\bar{x}_{kj'} - \bar{x}_{j'}) = \\ &= v(x_j, x_{j'}) + f(x_j, x_{j'}) \quad \mapsto \quad \overbrace{t(x_j, x_{j'})}^{\text{covarianza total}} = \overbrace{v(x_j, x_{j'})}^{\text{covarianza dentro grupos}} + \overbrace{f(x_j, x_{j'})}^{\text{covarianza entre grupos}} \quad \Rightarrow \quad \overbrace{T = V + F}^{\text{MATRICIALMENTE}} \end{aligned}$$

La covarianza **total** es igual a la covarianza **dentro** de los grupos más la covarianza **entre** grupos.

Extracción funciones discriminantes. La idea básica del análisis discriminante consiste en extraer a partir de $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ variables observadas en k grupos, m funciones $(Y_1, Y_2, \dots, Y_m)$ de forma que:

$$Y_i = w_{i1}X_1 + w_{i2}X_2 + \dots + w_{ip}X_p + w_{i0} \quad \text{donde } m = \min(q-1, p), \text{ tales que } \text{corre}(Y_i, Y_j) = 0 \quad \forall i \neq j$$

Si las variables $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ están tipificadas, las funciones $(Y_i = W_{i1}X_1 + W_{i2}X_2 + \dots + W_{ip}X_p)$ para $(i=1, \dots, m)$ se denominan **discriminantes canónicas**.

Las funciones $(Y_1, Y_2, \dots, Y_m)$ se extraen de modo que:

- Y_1 sea la combinación lineal de $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ que proporciona la mayor discriminación posible entre los grupos.
- Y_2 sea la combinación lineal de $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ que proporciona la mayor discriminación posible entre los grupos, después de Y_1 , tal que **$\text{corre}(Y_i, Y_j) = 0$** .
- En general, Y_i es la combinación lineal de $(X_1, X_2, \dots, X_p)$ que proporciona la mayor discriminación posible entre los grupos, después de Y_{i-1} , tal que **$\text{corre}(Y_i, Y_j) = 0$** para $j = 1, \dots, (i-1)$.

Matricialmente: Se busca una función lineal de $(X_1, X_2, \dots, X_p)$: **$Y = \mathbf{w}'\mathbf{X}$**

Se sabe que la covarianza **total** es igual a la covarianza **dentro** de los grupos más la covarianza **entre** los grupos. Matricialmente **$\mathbf{T} = \mathbf{F} + \mathbf{V}$** . De modo que, $\text{Var}(y) = \mathbf{w}'\mathbf{T}\mathbf{w} = \mathbf{w}'\mathbf{F}\mathbf{w} + \mathbf{w}'\mathbf{V}\mathbf{w}$.

Se maximiza la variabilidad *entre* los grupos para discriminarlos mejor, es decir, se maximiza la varianza *entre* grupos en relación con el total de la varianza:

$$\text{máx} \left[\frac{\mathbf{w}'\mathbf{F}\mathbf{w}}{\mathbf{w}'\mathbf{T}\mathbf{w}} \right]$$

Considerando la función

$$f(w) = \frac{w'Fw}{w'Tw}$$

se observa que es una función **homogénea**, es decir,

$$f(w) = f(\mu w) \quad \forall \mu \in \mathbb{R}$$

El hecho de que sea **homogénea** implica que calcular

$$\max \left[\frac{w'Fw}{w'Tw} \right]$$

Equivale a calcular $\max[w'Fw]$ tal que $w'Tw = 1$.

Como es el esquema habitual de los multiplicadores de Lagrange, se define:

$$L = w'Fw - \lambda(w'Tw - 1) \Rightarrow \frac{\partial L}{\partial w} = 2Fw - 2\lambda Tw = 0 \Rightarrow Fw = \lambda Tw \Rightarrow (T^{-1}F)w = \lambda w$$

En consecuencia, el autovector asociado a la primera función discriminante lo es de la matriz $(T^{-1}F)$, que en general no es simétrica. Como:

$$Fw = \lambda Tw,$$

Se tiene $w'Fw = \lambda w'Tw = \lambda$

Por tanto, tomando el vector asociado al máximo autovalor se obtendrá la función que recoge el **máximo poder discriminante**.

El **autovalor asociado** a la función discriminante indica la proporción de varianza total explicada por las **m** funciones discriminantes que recoge la variable Y_i . Para obtener más funciones discriminantes se siguen sacando los autovectores de la matriz $(T^{-1}F)$ asociados a los autovalores elegidos en orden decreciente:

$$\begin{cases} w_2' \Rightarrow w_2' X = Y_2 \\ \dots\dots\dots \\ w_m' \Rightarrow w_m' X = Y_m \end{cases}$$

m=mín(q-1,p). Estos vectores son linealmente independientes y dan lugar a funciones incorreladas entre sí. La suma de todos los autovalores

$$\sum_{i=1}^m \lambda_i$$

es la proporción de varianza total que queda explicada, o se conserva, al considerar sólo los ejes o funciones discriminantes. Como consecuencia, el porcentaje explicado por la variable Y_i del total de varianza explicada por las funciones ($Y_1, Y_2, \dots, Y_m$) es:

$$\frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^m \lambda_i} 100\%$$

Clasificación en más de dos grupos: análisis discriminante múltiple

- Número máximo de ejes discriminantes mín(G-1, k), donde G es el número de categorías. Se obtienen (G-1) ejes discriminantes si el número de variables explicativas es mayor o igual que (G-1) - generalmente, este hecho suele ser cierto.
- Cada una de las funciones discriminantes D_i se obtiene como función lineal de las k variables explicativas:

$$D_i = w_{i1} X_1 + w_{i2} X_2 + \dots + w_{ik} X_k \quad i = 1, \dots, G-1$$

- Los (G-1) ejes vienen definidos respectivamente por los vectores ($W_1, W_2, \dots, W_{G-1}$)

$$w_1 = \begin{pmatrix} w_{11} \\ w_{12} \\ \vdots \\ w_{1k} \end{pmatrix}, \quad w_2 = \begin{pmatrix} w_{21} \\ w_{22} \\ \vdots \\ w_{2k} \end{pmatrix}, \quad \dots, \quad w_{G-1} = \begin{pmatrix} w_{G-1,1} \\ w_{G-1,2} \\ \vdots \\ w_{G-1,k} \end{pmatrix}$$

Para la obtención del primer eje discriminante se maximiza la ratio variabilidad entre grupos entre variabilidad dentro grupos, es decir:

$\text{Máx } \lambda_1 = \frac{w_1' F w_1}{w_1' V w_1} = \frac{\text{separación entre grupos}}{\text{separación dentro grupos}} \quad (\text{criterio obtención del primer eje discriminante})$

Derivando la ratio e igualando a cero:

$$\frac{\partial \lambda_1}{\partial w_1} = 0,$$

Con lo cual:

$$\frac{\partial \lambda_1}{\partial w_1} = \frac{2Fw_1(w_1' V w_1) - 2Vw_1(w_1' F w_1)}{(w_1' V w_1)^2} = 0 \Rightarrow 2Fw_1(w_1' V w_1) - 2Vw_1(w_1' F w_1) = 0$$

Operando con la expresión, resulta:

$$\frac{2Fw_1}{2Vw_1} = \frac{(w_1' F w_1)}{(w_1' V w_1)} = \lambda_1 \quad \mapsto \quad Fw_1 = Vw_1 \lambda_1$$

Siendo, por tanto,

$\lambda_1 w_1 = V^{-1} F w_1$

La obtención del vector 1 w resulta un problema de cálculo de un vector característico asociado a la matriz no simétrica ($V^{-1}F$). De las raíces características que se obtienen al resolver la ecuación

$$[\lambda_1 w_1 = V^{-1} F w_1]$$

Se retiene la mayor, ya que λ_1 es la ratio que se pretende maximizar y W_1 es el vector característico asociado a dicha raíz característica. Como λ_1 es la proporción

$$\left[\frac{w_1' F w_1}{w_1' V w_1} \right]$$

Medirá el poder discriminante del primer eje discriminante. El resto de los ejes discriminantes son otros vectores característicos de la matriz ($V^{-1}F$), ordenados según el orden decreciente de las raíces características. Así, el segundo eje discriminante tendrá menor poder discriminante que el primero, pero más que cualquiera de los restantes. Puesto que la matriz ($V^{-1}F$) no es simétrica, en general, esto implicará que los ejes discriminantes no serán ortogonales, es decir, no serán perpendiculares entre sí.

Contrastes de significación. En el análisis discriminante múltiple se plantean contrastes específicos para determinar si cada uno de los valores λ_1 es estadísticamente significativo, es decir, para determinar si cada uno de los valores λ_1 contribuye o no a la discriminación entre los diferentes grupos. Este tipo de contrastes se realiza a partir del estadístico V de Barlett. El estadístico V es una función de la Λ de Wilks y se aproxima a una Chi-cuadrado, tiene interés en el análisis discriminante por su descomponibilidad.

Estadístico V de Barlett:

$$V = \left[n - 1 - \frac{K + G}{2} \right] (\ln \Lambda) \quad V \approx \chi^2_{K(G-1)} \quad \begin{cases} K \equiv \text{variables categóricas} \\ G \equiv \text{grupos} \end{cases}$$

Este estadístico se utiliza en el análisis multivariante para contrastar las hipótesis.

$$\begin{cases} H_0: \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_G \\ H_1: \text{No todas las } \mu_g \text{ son iguales} \end{cases}$$

En el análisis multivariante de la varianza con un factor se contrasta esta hipótesis para determinar si el factor (variable categórica con G grupos) explica la variabilidad del vector de variables dependientes de forma significativa.

En el análisis discriminante múltiple la hipótesis a contrastar sigue siendo la misma, aunque los papeles se han invertido. Ahora se realiza el contraste para tratar de dar respuesta a la pregunta:

¿Las K variables clasificadoras contribuyen significativamente a discriminar entre los G grupos?

Si no se rechaza la hipótesis nula citada, no se debería continuar el análisis, puesto que las variables clasificadoras utilizadas en la investigación no tienen ningún poder discriminante significativo.

Para examinar el poder discriminante de cada uno de los ejes que se construyen en el análisis discriminante, se descompone el estadístico V en productos a partir de la descomposición de la Λ de Wilks. De acuerdo con su definición, el recíproco de Λ se puede descomponer:

$$\frac{1}{\Lambda} = \frac{|T|}{|V|} = |V|^{-1} |T| = |V^{-1}| |T| = |V^{-1} T| = |V^{-1}(F + V)| = |I + V^{-1}F|$$

Teniendo en cuenta que el determinante de una matriz es igual al producto de sus raíces características, se obtiene que:

$$\frac{1}{\Lambda} = |I + V^{-1}F| = (1 + \lambda_1)(1 + \lambda_2) \dots (1 + \lambda_{G-1})$$

Sustituyendo en el estadístico V de Barlett, se obtiene la expresión alternativa del estadístico:

Estadístico V de Barlett: $V = \left[n - 1 - \frac{K+G}{2} \right] \sum_{g=1}^{G-1} \ln(1 + \lambda_g)$

Si se rechaza la hipótesis nula, significa que al menos uno de los ejes discriminantes es estadísticamente significativo. Esto implica a su vez que el primer eje discriminante es estadísticamente significativo, debido a que es precisamente el que tiene mayor poder discriminante. En caso de que se acepte la hipótesis de que el primer eje discriminante es significativo, se pasa a contrastar la significación conjunta del resto de los ejes discriminantes, utilizando el estadístico:

$$V = \left[n - 1 - \frac{K + G}{2} \right] \sum_{g=2}^{G-1} \ln(1 + \lambda_g)$$

De forma general, se puede establecer la expresión de contrastación secuencial mediante el estadístico V de Barlett:

$$V_j = \left[n - 1 - \frac{K + G}{2} \right] \sum_{g=j+1}^{G-1} \ln(1 + \lambda_g) \quad \text{donde } j = 0, 1, 2, \dots, G-2$$

Así, en el proceso secuencial se van eliminando del estadístico V las raíces características que van resultando significativas, deteniendo el proceso cuando se acepte la hipótesis nula de no significatividad de los ejes discriminantes que queden por contrastar.

Comparación entre poblaciones dentro de la especie. En este trabajo se usó análisis discriminante para determinar si los individuos de cada una de las especies estudiadas de las diferentes poblaciones se pueden distinguir por caracteres de manchas costales del ala.

Se utilizó el análisis multivariado de varianza (MANOVA opción GLM). Con el fin de comprobar si los tamaños de las manchas variaron significativamente entre isofamilias y entre los sitios de recolección, el MANOVA se realizó con las isofamilias anidadas dentro del lugar de recolección.

Las manchas del ala significativamente diferentes entre poblaciones separadas y cuyas distribuciones se ajusten a las pruebas de normalidad y homogeneidad de varianza fueron utilizadas en el análisis discriminante

Con las bases de datos se realizó una regresión múltiple por etapas para detectar y eliminar las variables redundantes. Luego, se usó análisis discriminante para determinar si los individuos de cada una de las especies estudiadas de las diferentes poblaciones se pueden distinguir por caracteres de manchas costales del ala.

El análisis discriminante se realizó con una probabilidad a priori igual de afiliación para cada población suponiendo que un espécimen hipotético no identificado tendría la misma oportunidad de ser de una o de otra población. La frecuencia de errores de clasificación se determinó mediante el procedimiento de retención de Lachenbruch (opción CROSSVALIDATE). Para el análisis discriminante canónico, se determinó tanto la sensibilidad (porcentaje de identificaciones correctas de total de los especímenes examinados por sitio) y la exactitud (porcentaje del total de las identificaciones de las muestras totales de las poblaciones examinadas) de las fórmulas (Griner et al., 1981).

Se calculó la distancia de Mahalanobis entre parejas de localidades usando como variables predictoras la longitud total del ala y de las manchas de la vena costal (mm) y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD, considerando conjuntamente las alas derecha e izquierda de ambos sexos.

5.2. MORFOMETRÍA GEOMÉTRICA EN *AN. BENARROCHI* B.

5.2.1 Pruebas de repetibilidad. Se concatenaron por filas los archivos R_1 y R_2 . Al primer grupo se le denominó " R_1 " (=repetición 1) y al segundo " R_2 " (=repetición 2). R_1 tiene las 12 coordenadas/individuo de cada familia/población. R_2 contiene exactamente lo mismo en estricto orden que R_1 .

Se tomó la pareja R_1 - R_2 . Se visualizó cada individuo con las coordenadas crudas. Luego, se muestra la configuración consenso y la posición de los landmarks, después de la rotación. Posteriormente, se llevó a cabo la traslación o movimiento de los individuos hacia el centroide consenso. En esta etapa el centroide de cada individuo es el centroide consenso. La traslación

origina nuevas coordenadas para cada individuo. En la siguiente etapa se realizó el ajuste a un tamaño unitario (=scaling). Cada individuo se ajusta a este tamaño, sin modificar su propia geometría. Cada matriz individual contiene 12 filas, la primera hace referencia al ajuste por tamaño (el consenso) y las siguientes a los puntos de referencia (=landmarks). Para ajustar los puntos homólogos de cada configuración a los de la configuración consenso se llevó a cabo la rotación sobre el criterio del mínimo cuadrados. Este último paso indica que los especímenes rotados están alineados (=aligned) y que han llevado a cabo las proyecciones ortogonales (=orthogonal projections). Es decir, se ha estimado la conformación del ala de cada individuo, la conformación consenso (=población) y se ha eliminado el efecto del tamaño sobre esta configuración.

Los “Procrustes Residuals (PrRes)” son equivalentes a los “Partial Warps”, es decir, las diferencias entre las coordenadas residuales y el consenso. Se separaron los componentes uniformes y no uniformes de las diferencias con el consenso (Partial Warps, PW) y se estimaron los componentes principales de los PW o sea los Relative warps (RW). Para los componentes no uniformes, las diferencias entre cada objeto y el consenso se proyectaron utilizando los “eigenvectores” y para los componentes uniforme, estas diferencias se estimaron con las formulas propuestas por Rohlf (1996). La suma de los “eigenvalues” es la suma de los elementos diagonales de la matriz varianzas-covarianzas. Estos estimaron los componentes principales (CP) y en general, la variación en la conformación del ala (>80%) fue explicada por los tres primeros componentes principales o “eigenvectors”, por ello, también se estimaron sus coeficientes.

Los análisis anteriores se realizaron con el módulo MOG del programa MoMeClic con el cual se producen las variables de conformación y de tamaño del ala útiles en los análisis multivariados. La ventana “TC/CS” del módulo MOG permitió estimar y comparar gráficamente tamaños centroide de las dos repeticiones, haciendo referencia a la distribución de los especímenes en los dos grupos (barras de color azul) y a la posición de las medianas (barras de color rojo). Se generaron rangos comparativos: percentiles 10 y 90 y los cuartiles 1 y 3 (percentiles 25 y 75), dentro de los cuales se ubicaron las medianas de las dos repeticiones.

El análisis discriminante se hizo sobre los “Components Procrustes”. En el vocabulario del programa CLIC, estos corresponden a los componentes principales de los “residuos Procrustes”. Se estimaron dos factores canónicos que explicaron el 100% de la variación en la conformación. Se estimaron las distancias de Mahalanobis o Procrustes entre parejas de grupos. Con los dos factores canónicos ($CV_1=X$; $CV_2=Y$) se construyó un plano cartesiano y sobre este se comparó la distribución de las conformaciones de las alas de una repetición con las de la otra. El número de intervalos considerados fue de 10. El número de individuos de diferentes grupos compartiendo el mismo intervalo fue >95%, resultado esperado cuando se trata de mediciones repetidas en los mismos individuos, indicando con ello, que la asignación de coordenadas fue satisfactoria.

Con el modulo “VAR” se analizó la variación del tamaño, realizando los siguientes análisis: ANOVA de una vía, comparaciones paramétricas y no paramétricas de las medias y las varianzas, ANOVA jerarquizada no paramétrica (dos grupos, dos subgrupos), y estimaciones de la repetibilidad, R. También se estimó la repetibilidad de las variables de conformación introducidas como componentes principales de la conformación.

Para el análisis de la variación del tamaño entre parejas de repeticiones se estimó el promedio y la varianza de cada grupo. Para la comparación de varianzas se utilizó el estadístico de contraste F, el cual se calculó como:

$$F = \frac{\hat{S}_1^2}{\hat{S}_2^2}$$

Donde: $\hat{S}_1^2$ y $\hat{S}_2^2$ corresponden a las varianzas insesgadas de R_1 y R_2 , respectivamente. F se distribuye como una F de Snedecor con $k_1=n_1-1$ y $k_2=n_2-1$ G.L.

Para la comparación por parejas de repeticiones de los promedios se utilizó la prueba t de Student con $k_1=n_1-1$ y $k_2=n_2-1$ G.L. y para el cálculo de la probabilidad de la distribución t se empleó la distribución de dos colas.

El análisis de R, entre dos mediciones del mismo individuo, se realizó usando la correlación intraclase (Arnqvist y Martinsson, 1998). Para el tamaño se llevó a cabo un ANOVA de una vía (Palmer y Strobeck, 1986) y para la conformación se emplearon los “Relative Warp” y se calculó una ANOVA Procrustes (Klingenberg y McIntyre, 1998) donde F.V. correspondieron al aporte entre grupos, $R_1-R_2=V_{Entre}$ y dentro de individuos/grupo (V_{Dentro}). R se expresa en la siguiente formula:

$$R = \frac{V_{Entre}}{V_{Entre} + V_{Dentro}}$$

5.2.2. Análisis de Asimetrías. La AF se estimó utilizando tres métodos diferentes (Palmer y Strobeck, 1986). Con el primer método, FA (en lo sucesivo FA₁) fue calculado como la diferencia absoluta entre los lados derecho e izquierdo de los individuos, es decir, FA=LD-LI. El error de medición (ME) en esta cantidad se estimó como la proporción de la variación dentro del individuo sobre la variación total, Es decir, $ME = MS_{dentro} / (s_A^2 + MS_{dentro}) \times 100\%$, Donde MS es el valor cuadrático medio y s_A^2 es el componente de la varianza añadida (Bailey y Byrnes, 1990). s_A^2 fue estimado como $(MS_{entre} - MS_{dentro}) / n$ de un ANOVA unidireccional con la variable “Individuos” como el factor fijo, donde n es el número de medidas repetidas por individuo (Sokal y Rohlf, 1981), que en este estudio es 2. FA estimado de esta manera puede ser sesgada hacia arriba porque también incluye variación debido a diferencias de tamaño, antiasimetría y asimetría direccional. Sin embargo, el componente de varianza dentro de individuos es una estimación exacta de ME, mientras que el porcentaje de la varianza debido a ME es un estimación conservadora. Se compararon estas estimaciones de FA con las correspondientes estimaciones ME de las mediciones originales y nos preguntamos si estas estimaciones ME pueden proporcionar cualquier información sobre el grado de ME en FA.

Con el segundo método, a partir de un ANOVA de dos factores sin replicación (Modelo de efectos aleatorios) se estimó FA₂ mediante el uso de la variable “lados” como un factor y los individuos como el otro (ver Tabla pag. 311). El componente “lados” se ajusta para cualquier asimetría direccional y el cuadrado medio restante ($MS_{residual}$) se utiliza como una estimación de FA (Leamy, 1984; Parker y Leamy, 1991). Este modelo agrupa la varianza error (s_E^2) con varianza de interacción (s_I^2 - ver Tabla pág. 311). Por lo tanto, si el error de medición está

presente, la estimación de la FA se inflará. Sin embargo, este método utilizado en estudios de FA (por ejemplo, Leamy, 1984; Livshits et al., 1988; Parker y Leamy, 1991).

En el tercer método, realizamos un modelo mixto ANOVA de dos vías, donde la variable “lados” fue el factor fijo y la variable “individuos” fue el factor aleatorio (ver Tabla pág.311). Este modelo es muy similar al anterior pero permite la separación de ME de FA. En este caso, el error se conoce la varianza a través de MS_{dentro} y una estimación de FA libre de error de medida es por tanto $FA_3 = (MS_{Interacción} - MS_{dentro})/2$ (ver Tabla 5, pág.64 Tesis). Esta estimación de FA puede incluir variación debido a dos formas de antisimetría, si están presentes. Aunque la antisimetría es rara, es necesario probarla antes de conclusiones confiables sobre las diferencias en FA entre las muestras se pueden extraer (ver Palmer y Strobeck, 1986, para detalles y metodología).

En la siguiente tabla se indica los diseños para la estimación d asimetría fluctuante. El modelo de anova de dos factores aleatorias es sin medidas repetidas para “a” individuos y el modelos mixto bifactorial con dos medidas repetidas por individuo (Sokal y Rohlf (1981) y Palmer y Strobeck (1986)).

Fuente	C.M.	G.L.	C.M. <i>Esperados</i>	C.M.Pruebas para
Modelo de efectos aleatorios				
Lados (S)	C.M. _S	a-1	$S_e^2 + S_I^2 + aS_S^2$	Asimetría direccional
Individuos (I)	C.M. _I	b-1	$S_e^2 + 2S_I^2$	Variación por tamaño
Residual (R)	C.M. _R	ab	$S_e^2 + 2S_{SI}^2$	FA ₂ + ME
Modelo Mixto				
Lados (S)	C.M. _S	a-1	$S_e^2 + 2S_I^2 + 2aS_S^2$	Asimetría direccional
Individuos (I)	C.M. _I	b-1	$S_e^2 + 4S_I^2$	Variación por tamaño
Interacción (SI)	C.M. _{SI}	(a-1)(b-1)	$S_e^2 + 2S_{SI}^2$	FA ₃ + Antisimetría
Dentro de celdas (W)	C.M. _W	ab(r-1)	S_e^2	ME

Componentes de varianza del modelo de efectos aleatorios

$$S^2_e + 2S^2_{SI} = C.M._R$$

$$S^2_I = (C.M._I - S^2_e)/2$$

$$S^2_S = [C.M._S - (S^2_e + S^2_I)]/a$$

Componentes de varianza del modelo mixto

$$S^2_e = C.M._W$$

$$S^2_{SI} = (C.M._{SI} - S^2_e)/2$$

$$S^2_I = (C.M._I - S^2_e)/4$$

$$S^2_S = [C.M._S - (S^2_e + 2S^2_I)]/(2a)$$

Todos análisis estadísticos se realizaron utilizando los programas STATISTICA-Versión 8.0. (StatSoft Inc. 2004) y XLSTAT DE EXCEL. También se usó el software PAST (Hammer, 2001) versión 3.14 (<http://folk.uio.no/ohammer/past/>).

BIBLIOGRAFÍA

ARNQVIST, G. y MARTENSSON, T. Measurement error in geometric morphometrics: Empirical strategies to assess and reduce its impact on measures of shape. En: Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae. 1998. vol. 44, no. 1-2, p. 73-96.

ARRIALZA, B. Guía práctica de análisis de datos. Junta de Andalucía. Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa. Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA). 2004. 198p. ISBN 84-611-1661-5.

BAILEY, R. C. y BYRNES, J. A new, old method of assessing measurement error in both univariate and multivariate morphometric studies. En: Syst. Zool. 1990. vol. 39, p. 124-130.

BECKER, W. A. Manual of Quantitative Genetics. 4 ed. Washington: Academic Enterprises Pullman, 1984. 188p.

CRUZ, C. Programa GENES. Versão Windows. Aplicativo Computacional em Genética e Estatística [en línea]. Editora UFV. Universidade Federal de Viçosa, 2006 [citado 12 oct., 2016]. Disponible en Internet: <http://www.ufv.br/dbg/genes/Genes_EUA.htm>

ESPITIA, M.; ARAMENDIZ, H.; CADENA, J. Correlaciones y Análisis de sendero en Algodón *Gossypium hirsutum* L. en el Caribe Colombiano. En: Revista Facultad Nacional de Agronomía – Universidad Nacional de Colombia. 2008. vol. 61, no. 1, p. 4325- 4335.

FALCONER, D. S. Introduction to Quantitative Genetics. 3 ed. Essex, UK/New York: Longmans Green/John Wiley y Sons, 1989. 500 p.

FALCONER, D. S. y MACKAY, T. F. Introduction to quantitative genetics. 4 ed. Essex, UK: Longman Group, 1996. 459 p. ISBN 0582-24302-5

FARAN, M. E. Mosquito studies (Diptera: Culicidae). XXXIV. A revision of the *Albimanus* Section of the subgenus *Nyssorhynchus* of *Anopheles*. En: Contribution of the American Entomological Institute. 1980. vol. 15, no.7, p. 1-215.

FREEMAN, M. F. y TUKEY, J. W. Transformations Related to the Angular and the Square Root. En: The Annals of Mathematical Statistic. 1950. vol. 21, no. 4, p. 607-611.

GRINER, P. F.; MAYEWSKI, R. J.; MUSHLIN, A. I. y GREENLAND, P. Selection and interpretation of diagnostic tests and procedures. En: Annals of Internal Medicine. 1981. vol. 94, p. 555-600.

HAMMER, Ø.; HARPER, D.A.T. y RYAN, P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. En: Paleontología Electronica. 2001. vol. 4, no. 1, p. 9. Disponible en internet: <<http://folk.uio.no/ohammer/past/>>

KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames: John Wiley and Sons and The Iowa State University Press (Ed.), 1969. 545 p.

KIHLBERG, J. K.; HERSON, J. H. y SCHUTZ, W. E. Square root transformation revisited. En: J.R. Statist. Soc. Ser. C. Appl. Statist. 1972. vol. 21, p. 76-81.

KLINGENBERG, C. P. y MCINTYRE, G. S. Geometric morphometrics of developmental instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with Procrustes methods. En: Evolution. 1998. vol. 52, no. 5, p. 1364-1375.

KLINGENBERG, C. P. y MONTEIRO, L. R. Distances and Directions in Multidimensional Shape Spaces: Implications for Morphometric Applications. En: Syst. Biol. 2005. vol. 54, no. 4, p. 678-688.

LEAMY, L. Morphometric studies in inbred and hybrid house mice. V. Directional and fluctuating asymmetry. En: Am. Nat. 1984. vol. 123, p. 579-593.

LIVSHITS, G.; DAVIDI, L.; KOBLYANSKI, E.; BEN-AMITAL, D.; LEVI, Y. y MERLOB, P. Decreased developmental stability as assessed by fluctuating asymmetry of morphological traits in preterm infants. En: Am. J. Med. Genet. 1988. vol. 29, p. 793-805.

MAYO, O. The theory of plant breeding. Oxford: Oxford University Press. 1980. 293 p.

PALMER, A. R. y STROBECK, C. Fluctuating Asymmetry: Measurement, Analysis, Patterns. En: Annual Review of Ecology and Systematics [en línea]. 1986. vol. 17, p. 391-421. Disponible en internet: <10.1146/annurev.es.17.110186.002135>

PARKER, L. T. y LEAMY L. Fluctuating asymmetry of morphometric characters in house mice: The effects of age, sex, and phenotypical extremeness in a large randombred population. En: J. Hered. 1991. vol. 82, p. 145-150.

ROHLF, F. J. Morphometric spaces, shape components, and the effects of linear transformations, En: Marcus, L. F.; Corti, M. A. Loy, G., Naylor J. P. y Slice D. E. (eds.), Advances in

morphometrics. NATO ASI Serie A, Life Sciences, 284. New York, Plenum Publishing Corp., 1996. 587p.

SHAPIRO, S. y WILK, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). En: Biometrika. 1965. vol. 52, no.3–4, p. 591–611.

SIEGEL, J. P.; NOVAK, R. J.; LAMPMAN, R. L.y STEINLY, B. A. Statistical Appraisal of the Weight–Wing Length Relationship of Mosquitoes. En: J. Med. Entomol. 1992. vol. 29, no. 4, p. 711-714.

SOKAL, R. R. y ROHLF, F. J. Biometry: Biometry the principles and practice of statistics in biological research. 2 ed. New York: W. H. Freeman, 1981. 859 p.

STATSOFT Inc. STATISTICA (data analysis software system). Version 8 [en línea]. Copyright ©2004. [citado oct.-dic., 2016 / ene.2017]. Disponible en Internet: <www.statsoft.com>.

ZAR, H. J. Biostatistical Analysis. 2 ed. New Yersey: Prentice Hall Inc. 1984. 718 p.

ANEXO B
Tablas correspondientes al contenido de los capítulos 3 y 4
LISTA DE TABLAS

	pág.
Tabla 2. Análisis de varianza del producto entre parejas de manchas costales del ala	315
Tabla 3. Componentes de covarianzas estimado del análisis de varianza anterior	315
Tabla 4. Criterios de asociación considerados entre dos covariables	315
Tabla 25. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Buenaventura-Valle del Cauca	316
Tabla 26. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Buenaventura- Valle del Cauca	317
Tabla 27. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Buenaventura- Valle del Cauca	318
Tabla 28. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Buenaventura- Valle del Cauca	319
Tabla 29. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. nuneztovari</i> de Buenaventura-Valle del Cauca	320
Tabla 30. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tierralta-Córdoba	321
Tabla 31. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tierralta-Córdoba	322

Tabla 32. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tierralta-Córdoba	323
Tabla 33. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tierralta-Córdoba	324
Tabla 34. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Log.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. nuneztovari</i> de Tierralta-Córdoba	325
Tabla 35. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tibú-Norte de Santander	326
Tabla 36. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tibú-Norte de Santander	327
Tabla 37. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tibú-Norte de Santander	328
Tabla 38. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de <i>An. nuneztovari</i> recolectadas en Tibú-Norte de Santander	329
Tabla 39. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. nuneztovari</i> de Tibu-Norte de Santander	330
Tabla 42. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	331
Tabla 43. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	332
Tabla 44. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	333

Tabla 45. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	334
Tabla 46. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. benarrochi</i> B	335
Tabla 47. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. strodei</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	336
Tabla 48. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. strodei</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	337
Tabla 49. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. strodei</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	338
Tabla 50. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. strodei</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	339
Tabla 51. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. strodei</i>	340
Tabla 52. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. triannulatus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	341
Tabla 53. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. triannulatus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará-Huila, Sonso -Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	342

Tabla 54. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. triannulatus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará -Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	343
Tabla 55. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. triannulatus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará-Huila, Sonso-Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco-Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto-Putumayo	344
Tabla 56. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. triannulatus</i>	345
Tabla 57. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albimanus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé-Nariño	346
Tabla 58. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albimanus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé-Nariño	347
Tabla 59. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albimanus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé-Nariño	348
Tabla 60. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albimanus</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé-Nariño	349
Tabla 61. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albimanus</i>	350
Tabla 62. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú-Norte de Santander	351
Tabla 63. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú-Norte de Santander	352
Tabla 64. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú-Norte de Santander	353

Tabla 65. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú-Norte de Santander	354
Tabla 66. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F, de Tibú-Norte de Santander	355
Tabla 67. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta	356
Tabla 68. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta	357
Tabla 69. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta	358
Tabla 70. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta	359
Tabla 71. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F de la localidad San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta	360
Tabla 72. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	361
Tabla 73. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	362
Tabla 74. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	363
Tabla 75. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	364

Tabla 76. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F de la localidad Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta	365
Tabla 77. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta	366
Tabla 78. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta	367
Tabla 79. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta	368
Tabla 80. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta	369
Tabla 81. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F de Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta	370
Tabla 82. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	371
Tabla 83. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	372
Tabla 84. Estadística descriptiva de la Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	373
Tabla 85. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	374
Tabla 86. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F de Granada-Meta	375

Tabla 87. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila	376
Tabla 88. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila	377
Tabla 89. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del AL.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila	378
Tabla 90. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila	379
Tabla 91. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. albitarsis</i> F de Yagurá-Huila	380
Tabla 94. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó	381
Tabla 95. Estadística descriptiva Long.A. (mm.) y de las manchas costales del A.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó	382
Tabla 96. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies machos de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó	383
Tabla 97. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó	384
Tabla 98. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. darlingi</i> de Quibdó-Chocó	385
Tabla 99. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Córdoba	386

Tabla 100. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Córdoba	387
Tabla 101. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Córdoba	388
Tabla 102. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies machos de <i>An. darlingi</i> descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Córdoba	389
Tabla 103. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. darlingi</i> de Tierralta-Córdoba	390
Tabla 104. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	391
Tabla 105. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies de hembras de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	392
Tabla 106. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Der. (mm.) de las progenies machos de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	393
Tabla 107. Estadística descriptiva de Long.A. (mm.) y de las manchas costales del Al.Izq. (mm.) de las progenies de machos de <i>An. darlingi</i> , descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta	394
Tabla 108. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para Long.A., las manchas costales y HP/PHD y SCP/DSD del ala en <i>An. darlingi</i> de Granada-Meta	395
Tabla 113. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Der. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. nuneztovari</i> , de Buenaventura-Valle del Cauca	396
Tabla 114. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. nuneztovari</i> , localidad Buenaventura-Valle del Cauca	397

Tabla 115. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. nuneztovari</i> , uniendo las localidades Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander	398
Tabla 116. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. nuneztovari</i> , uniendo las localidades Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander	399
Tabla 117. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Der. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	400
Tabla 118. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Izq. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	401
Tabla 119. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Der. como variable predictora en progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	402
Tabla 120. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Izq. como variable predictora en progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	403
Tabla 121. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. strodei</i>	404
Tabla 122. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. strodei</i>	405
Tabla 123. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Der. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. triannulatus</i>	406
Tabla 124. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Izq. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. triannulatus</i>	407
Tabla 125. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Der. como variable predictora en progenies machos de <i>An. triannulatus</i>	408

Tabla 126. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del Al.Izq. como variable predictora en progenies machos de <i>An. triannulatus</i>	409
Tabla 127. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. albimanus</i>	410
Tabla 128. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. albimanus</i>	411
Tabla 129. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F de Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmas-Meta y Granada Meta, analizadas conjuntamente	412
Tabla 130. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F de Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmas-Meta y Granada Meta, analizadas conjuntamente	413
Tabla 131. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F de Fuente de oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta y Yaguará-Meta, analizadas conjuntamente	414
Tabla 132. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F de Fuente de oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta y Yaguará-Meta,, analizadas conjuntamente	415
Tabla 133. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. darlingi</i> de Tierralta-Córdoba, Quibdó-Chocó, analizadas conjuntamente	416
Tabla 134. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. darlingi</i> de Tierralta-Córdoba, Quibdó-Chocó, analizadas conjuntamente	417
Tabla 135. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies hembras de <i>An. darlingi</i> de Granada-Meta.	418

Tabla 136. Regresión simple usando GLM entre las manchas costales (variables dependientes) y Long.A. como variable predictora en progenies machos de <i>An. darlingi</i> , Granada-Meta.	419
Tabla 137. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. nuneztovari</i> de Buenaventura-Valle del Cauca	420
Tabla 138. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. nuneztovari</i> de Buenaventura-Valle del Cauca	421
Tabla 139. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. nuneztovari</i> de Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander	422
Tabla 140. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. nuneztovari</i> de Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander	423
Tabla 141. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	424
Tabla 142. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	425
Tabla 143. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long. A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. triannulatus</i>	426

Tabla 144. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. triannulatus</i>	427
Tabla 145. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. albimanus</i>	428
Tabla 146. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. albimanus</i>	429
Tabla 147. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F tomando en conjunto: Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta	430
Tabla 148. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F tomando en conjunto: Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta	431
Tabla 149. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Lomng.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. albitarsis</i> F tomando en conjunto: Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila	432
Tabla 150. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. albitarsis</i> F tomando en conjunto: Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila	433

Tabla 151. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A., de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. darlingi</i> tomando en conjunto: Tierralta-Córdoba y Quibdó-Chocó	434
Tabla 152. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de Long.A. de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. darlingi</i> tomando en conjunto: Tierralta-Córdoba y Quibdó-Chocó	435
Tabla 153. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de <i>An. darlingi</i> , Granada-Meta	436
Tabla 154. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg <i>et al.</i> (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de <i>An. darlingi</i> , Granada-Meta	437
Tabla 155. Coeficientes de regresión lineal por parejas de covariables de las longitudes de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B. Sobre la diagonal se muestran los valores de los coeficientes y debajo su significancia	438
Tabla 156. Coeficientes de regresión lineal por parejas de covariables de las longitudes de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B. Sobre la diagonal se muestran los valores de los coeficientes y debajo su significancia	439
Tabla 157. Estimaciones de las covarianzas genética (Cov_G), residual (Cov_e) y fenotípica (Cov_P) y de la coheredabilidad ($Co-H^2$) por parejas de manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies hembras de <i>An. benarrochi</i> B	440
Tabla 158. Estimaciones de las covarianzas genética (Cov_G), residual (Cov_e) y fenotípica (Cov_P) y de la coheredabilidad ($Co-H^2$) por parejas de manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies machos de <i>An. benarrochi</i> B	446

Tabla 159. Coeficientes de correlación genético (r_G), ambiental (r_E) y fenotípico (r_P) entre parejas de covariables, considerando la variable categórica madres. Se usaron las proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en las progenies hembras de *An. benarrochi* B

452

Tabla 160. Coeficientes de correlación genético (r_G), ambiental (r_E) y fenotípico (r_P) entre parejas de covariables, considerando la variable categórica madres. Se usaron las proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en las progenies machos de *An. benarrochi* B

457

Tabla 2. Análisis de varianza de la variable producto entre parejas de manchas costales del ala. Donde G.L. = grados de libertad; SCP = suma de productos cruzados (XY); MCP = productos cruzados promedio; MCP_E = productos cruzados promedio esperados según el modelo; F= proporción de varianzas. S = número de familias analizadas; n.. = número total de individuos.

Fuente	G.L.	SCP	MCP	MCP_E	F
Familias	S-1	SCP_S	$SCP_S/(S-1) = MCP_S$	$Cov_W + kCov_S$	MCP_S/MCP_W
Error	n..-S	SCP_W	$SCP_W/(n..-S) = MCP_W$	Cov_W	
Total	n..-1	SCP_T			

Tabla 3. Componentes de covarianzas estimado del análisis de varianza anterior. Donde Cov_S representa la covarianza aportada por las familias de hermanos completos, Cov_W representa la covarianza residual aportada por los individuos dentro de cada familia; Cov_A , Cov_D , Cov_{AA} , Cov_{AD} , Cov_{DD} , Cov_{AAA} ,... Cov_E , representan los componentes de covarianzas aditiva, de dominancia, aditiva*dominancia, dominancia*dominancia, aditiva*aditiva*aditiva y la covarianza ambiental, respectivamente.

Componente de covarianza	Covarianzas genética y ambiental							
	Cov_A	Cov_D	Cov_{AA}	Cov_{AD}	Cov_{DD}	Cov_{AAA}		Cov_E
Cov_S	2/4	1/4	1/4	2/16	1/16	8/64		0
Cov_W	2/4	3/4	3/4	14/16	15/16	56/64		1

Tabla 4. Criterios de asociación considerados entre dos covariables

Valores de r	Tipo y grado de correlación
-1.0	Negativa perfecta
$-1 < r \leq -0.8$	Negativa fuerte
$-0.8 < r < -0.5$	Negativa moderada
$-0.5 < r \leq -0.0$	Negativa débil
0.0	No existe
$0 < r \leq 0.5$	Positiva débil
$0.5 < r \leq 0.8$	Positiva moderada
$0.8 \leq r < 1.0$	Positiva fuerte
1.0	Positiva perfecta

Tabla 25. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	220	2.765	2.760	2.755	2.750	2.850	2.150	3.250	0.02788	0.16697	0.01126	6.039	-0.119	0.629
BP+PHP	217	0.154	0.153	0.152	0.150	0.150	0.100	0.200	0.00024	0.01539	0.00104	10.024	-0.227	0.881
PHD	217	0.091	0.088	0.085	0.090	0.100	0.030	0.160	0.00051	0.02253	0.00153	24.744	-0.020	0.010
HP	217	0.155	0.153	0.150	0.150	0.150	0.050	0.250	0.00070	0.02644	0.00180	17.067	-0.010	0.982
HD	185	0.114	0.110	0.106	0.120	0.100	0.040	0.190	0.00083	0.02878	0.00212	25.147	-0.185	-0.032
PSP	185	0.070	0.063	0.054	0.070	0.070	0.010	0.140	0.00086	0.02931	0.00216	42.036	0.328	-0.301
PSD	164	0.316	0.312	0.309	0.320	Multiple	0.180	0.440	0.00201	0.04481	0.00350	14.200	-0.245	0.626
SP	164	0.066	0.062	0.057	0.065	0.050	0.020	0.120	0.00054	0.02315	0.00181	35.086	0.293	-0.717
PRSD	161	0.076	0.070	0.064	0.080	0.080	0.020	0.170	0.00080	0.02826	0.00223	37.116	0.273	0.198
ASP	193	0.103	0.098	0.090	0.100	0.100	0.010	0.260	0.00108	0.03288	0.00237	31.804	1.063	3.859
DSD	217	0.558	0.555	0.552	0.570	0.580	0.380	0.680	0.00326	0.05713	0.00388	10.238	-0.530	0.163
SCP	220	0.294	0.291	0.288	0.300	0.270	0.180	0.400	0.00161	0.04007	0.00270	13.649	-0.023	-0.159
PD	220	0.492	0.488	0.484	0.500	0.520	0.250	0.630	0.00333	0.05772	0.00389	11.734	-0.528	0.957
PP	220	0.224	0.221	0.219	0.230	0.230	0.120	0.300	0.00102	0.03197	0.00216	14.285	-0.448	0.306
AD	220	0.085	0.082	0.080	0.080	0.080	0.040	0.180	0.00045	0.02129	0.00144	25.065	0.798	1.673
HP/PHD*	217	1.863	0.526	0.517	1.733	1.624	0.625	6.667	0.64518	0.80323	0.05453	43.110	2.394	9.773
SCP/DSD*	217	0.534	0.526	0.517	0.525	0.500	0.300	0.787	0.00903	0.09500	0.00645	17.789	0.274	-0.139

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 26. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	44	2.788	2.783	2.779	2.800	2.850	2.350	3.150	0.02420	0.15557	0.02345	5.581	-0.314	0.753
BP+PHP	41	0.160	0.160	0.159	0.160	0.170	0.130	0.190	0.00021	0.01458	0.00228	9.096	-0.248	-0.513
PHD	43	0.090	0.088	0.085	0.090	0.090	0.050	0.150	0.00052	0.02273	0.00347	25.189	0.710	0.150
HP	43	0.161	0.159	0.157	0.160	0.170	0.110	0.230	0.00073	0.02706	0.00413	16.817	0.403	0.124
HD	36	0.123	0.120	0.116	0.125	0.140	0.060	0.170	0.00074	0.02715	0.00453	22.014	-0.501	-0.442
PSP	36	0.072	0.063	0.052	0.070	0.050	0.010	0.150	0.00121	0.03473	0.00579	48.091	0.452	-0.443
PSD	29	0.328	0.324	0.320	0.330	Multiple	0.200	0.410	0.00243	0.04926	0.00915	15.036	-0.420	0.092
SP	32	0.064	0.057	0.048	0.065	0.050	0.010	0.120	0.00075	0.02744	0.00485	43.051	0.069	-0.720
PRSD	32	0.079	0.070	0.060	0.075	Multiple	0.020	0.150	0.00133	0.03645	0.00644	45.922	0.454	-0.256
ASP	41	0.110	0.104	0.098	0.110	0.110	0.050	0.270	0.00151	0.03883	0.00606	35.375	1.781	6.371
DSD	44	0.561	0.559	0.557	0.560	0.580	0.450	0.660	0.00248	0.04977	0.00750	8.866	-0.190	0.173
SCP	44	0.309	0.305	0.302	0.310	0.270	0.190	0.400	0.00200	0.04470	0.00674	14.483	-0.056	-0.119
PD	44	0.493	0.488	0.484	0.500	0.500	0.350	0.620	0.00394	0.06281	0.00947	12.753	-0.381	0.161
PP	44	0.217	0.213	0.210	0.220	0.200	0.140	0.290	0.00151	0.03887	0.00586	17.926	-0.126	-0.562
AD	44	0.085	0.082	0.078	0.080	0.080	0.030	0.160	0.00061	0.02463	0.00371	28.825	0.574	1.056
HP/PHD*	43	1.934	1.813	1.695	1.889	Multiple	0.733	3.800	0.49952	0.70677	0.10778	36.551	0.770	0.368
SCP/DSD*	44	0.556	0.546	0.536	0.536	Multiple	0.302	0.784	0.01149	0.10720	0.01616	19.270	0.290	-0.202

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 27. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	309	2.662	2.658	2.653	2.700	2.750	2.100	3.050	0.02454	0.15665	0.00891	5.884	-0.731	0.850
BP+PHP	307	0.154	0.154	0.153	0.150	0.150	0.120	0.200	0.00020	0.01430	0.00082	9.259	0.065	-0.388
PHD	309	0.087	0.084	0.080	0.080	0.080	0.030	0.140	0.00048	0.02200	0.00125	25.409	0.020	-0.465
HP	308	0.153	0.151	0.149	0.150	0.150	0.090	0.220	0.00066	0.02560	0.00146	16.682	0.188	-0.074
HD	301	0.132	0.129	0.126	0.130	0.130	0.070	0.210	0.00074	0.02718	0.00157	20.637	-0.003	-0.209
PSP	300	0.078	0.072	0.065	0.080	0.080	0.010	0.180	0.00078	0.02787	0.00161	35.960	0.448	0.534
PSD	285	0.344	0.341	0.338	0.340	0.350	0.160	0.460	0.00184	0.04289	0.00254	12.476	-0.222	0.619
SP	258	0.066	0.061	0.055	0.070	0.050	0.010	0.140	0.00059	0.02425	0.00151	36.840	0.252	-0.157
PRSD	257	0.072	0.066	0.058	0.070	0.070	0.010	0.170	0.00083	0.02873	0.00179	39.894	0.340	0.247
ASP	276	0.129	0.124	0.116	0.130	0.130	0.010	0.250	0.00109	0.03298	0.00199	25.496	0.051	0.951
DSD	309	0.491	0.488	0.485	0.500	0.520	0.280	0.620	0.00262	0.05119	0.00291	10.420	-0.457	0.592
SCP	309	0.297	0.294	0.291	0.300	0.300	0.150	0.400	0.00177	0.04205	0.00239	14.138	-0.528	0.288
PD	309	0.392	0.389	0.386	0.390	0.400	0.200	0.550	0.00230	0.04796	0.00273	12.222	-0.091	1.281
PP	309	0.222	0.220	0.217	0.220	0.220	0.100	0.320	0.00101	0.03183	0.00181	14.335	0.073	1.246
AD	309	0.074	0.072	0.070	0.070	0.070	0.030	0.160	0.00032	0.01787	0.00102	24.177	0.624	1.928
HP/PHD*	308	1.945	1.811	1.696	1.764	2.000	0.750	6.667	0.63570	0.79731	0.04543	40.994	1.647	4.673
SCP/DSD*	309	0.615	0.602	0.589	0.614	0.667	0.259	1.057	0.01434	0.11976	0.00681	19.489	0.135	0.619

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 28. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	37	2.651	2.627	2.587	2.700	2.750	1.100	2.950	0.02454	0.15665	0.00891	5.908	-4.367	23.211
BP+PHP	33	0.160	0.159	0.158	0.160	0.150	0.100	0.200	0.00020	0.01430	0.00082	8.955	-0.414	3.816
PHD	37	0.083	0.078	0.072	0.080	0.080	0.030	0.140	0.00048	0.02200	0.00125	26.607	-0.049	-0.362
HP	37	0.155	0.153	0.151	0.150	0.150	0.110	0.210	0.00066	0.02560	0.00146	16.529	0.300	0.145
HD	36	0.142	0.138	0.133	0.140	0.140	0.050	0.190	0.00074	0.02718	0.00157	19.152	-0.706	1.030
PSP	36	0.077	0.071	0.064	0.080	0.080	0.020	0.150	0.00078	0.02787	0.00161	36.219	0.218	0.049
PSD	33	0.348	0.346	0.344	0.350	0.350	0.250	0.450	0.00184	0.04289	0.00254	12.319	0.048	1.376
SP	32	0.065	0.059	0.054	0.060	0.050	0.020	0.130	0.00059	0.02425	0.00151	37.481	0.452	-0.383
PRSD	32	0.069	0.064	0.058	0.065	Multiple	0.020	0.130	0.00083	0.02873	0.00179	41.417	0.373	-0.261
ASP	35	0.139	0.135	0.131	0.150	0.150	0.060	0.180	0.00109	0.03298	0.00199	23.799	-0.847	0.105
DSD	37	0.488	0.480	0.464	0.500	0.500	0.150	0.600	0.00262	0.05119	0.00291	10.487	-2.682	11.903
SCP	37	0.298	0.295	0.292	0.300	Multiple	0.220	0.470	0.00177	0.04205	0.00239	14.094	0.996	3.893
PD	37	0.393	0.390	0.387	0.400	0.400	0.270	0.560	0.00230	0.04796	0.00273	12.213	0.663	3.781
PP	37	0.211	0.205	0.194	0.220	Multiple	0.050	0.280	0.00101	0.03183	0.00181	15.116	-1.723	6.052
AD	37	0.076	0.074	0.073	0.080	0.080	0.040	0.100	0.00032	0.01787	0.00102	23.615	-0.392	0.463
HP/PHD*	37	2.240	1.970	1.778	1.875	Multiple	0.846	7.000	0.63570	0.79731	0.04543	35.602	2.028	4.406
SCP/DSD*	37	0.664	0.615	0.593	0.600	0.600	0.373	3.133	0.01434	0.11976	0.00681	18.029	5.631	33.323

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 29. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. nuneztovari* de Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.769	2.661	7.700	608	0.0000	264	346	0.165	0.175	1.130	0.2956	0.262	608	0.6089
BP+PHP	0.155	0.155	-0.289	596	0.7730	258	340	0.015	0.015	1.099	0.4181	0.373	596	0.5418
PHD	0.091	0.086	2.558	604	0.0108	260	346	0.023	0.023	1.008	0.9513	0.717	604	0.3974
HP	0.156	0.154	1.093	603	0.2748	260	345	0.027	0.025	1.092	0.4472	0.334	603	0.5633
HD	0.116	0.133	-6.972	556	0.0000	221	337	0.029	0.028	1.071	0.5686	0.600	556	0.4390
PSP	0.070	0.077	-2.923	555	0.0036	221	336	0.030	0.028	1.167	0.2033	2.242	555	0.1349
PSD	0.317	0.344	-6.771	509	0.0000	193	318	0.046	0.042	1.160	0.2437	1.026	509	0.3116
SP	0.066	0.066	-0.035	484	0.9724	196	290	0.024	0.024	1.053	0.7021	0.027	484	0.8700
PRSD	0.077	0.072	1.837	480	0.0669	193	289	0.030	0.029	1.082	0.5447	0.021	480	0.8841
ASP	0.104	0.130	-9.013	543	0.0000	234	311	0.034	0.033	1.087	0.4934	0.008	543	0.9290
DSD	0.559	0.491	15.058	605	0.0000	261	346	0.056	0.054	1.074	0.5364	0.930	605	0.3353
SCP	0.296	0.298	-0.422	608	0.6734	264	346	0.041	0.043	1.065	0.5881	0.079	608	0.7789
PD	0.492	0.392	23.100	608	0.0000	264	346	0.058	0.048	1.492	0.0005	12.251	608	0.0005
PP	0.223	0.221	0.678	608	0.4978	264	346	0.033	0.033	1.018	0.8763	0.798	608	0.3720
AD	0.085	0.074	6.871	608	0.0000	264	346	0.022	0.017	1.564	0.0001	11.415	608	0.0008
HP/PHD	1.875	1.977	-1.478	603	0.1399	260	345	0.787	0.873	1.230	0.0780	2.660	603	0.1034
SCP/DSD	0.538	0.620	-6.688	605	0.0000	261	346	0.097	0.179	3.390	0.0000	3.879	605	0.0493

Tabla 30. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tierralta-Córdoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	47	2.869	2.867	2.866	2.900	2.900	2.700	3.150	0.01060	0.10297	0.01502	3.589	0.424	0.681
BP+PHP	47	0.159	0.158	0.158	0.160	0.160	0.140	0.180	0.00012	0.01083	0.00158	6.833	-0.120	0.681
PHD	47	0.116	0.112	0.108	0.120	Multiple	0.050	0.160	0.00078	0.02794	0.00408	24.051	-0.392	0.681
HP	46	0.164	0.162	0.161	0.160	0.150	0.120	0.220	0.00049	0.02205	0.00325	13.468	0.729	0.688
HD	45	0.118	0.112	0.104	0.130	0.130	0.030	0.180	0.00104	0.03220	0.00480	27.394	-0.628	0.695
PSP	45	0.087	0.083	0.079	0.090	0.120	0.040	0.120	0.00061	0.02476	0.00369	28.491	-0.303	0.695
PSD	40	0.351	0.348	0.345	0.340	Multiple	0.260	0.430	0.00210	0.04585	0.00725	13.082	0.337	0.733
SP	29	0.061	0.056	0.051	0.060	0.080	0.020	0.100	0.00044	0.02103	0.00391	34.656	-0.246	0.845
PRSD	29	0.079	0.074	0.068	0.080	0.080	0.030	0.140	0.00086	0.02932	0.00544	37.129	0.465	0.845
ASP	36	0.124	0.120	0.115	0.130	Multiple	0.060	0.190	0.00099	0.03138	0.00523	25.276	-0.010	0.768
DSD	47	0.569	0.566	0.564	0.570	0.570	0.440	0.670	0.00258	0.05082	0.00741	8.939	-0.649	0.681
SCP	47	0.279	0.277	0.274	0.280	0.270	0.180	0.390	0.00158	0.03969	0.00579	14.209	-0.010	0.681
PD	47	0.504	0.503	0.501	0.500	0.520	0.400	0.620	0.00193	0.04388	0.00640	8.698	0.384	0.681
PP	47	0.268	0.266	0.264	0.270	Multiple	0.200	0.330	0.00100	0.03160	0.00461	11.787	-0.244	0.681
AD	47	0.103	0.100	0.096	0.100	0.120	0.030	0.150	0.00049	0.02208	0.00322	21.395	-0.526	0.681
HP/PHD*	46	1.524	1.424	1.349	1.332	Multiple	0.875	4.400	0.44376	0.66615	0.09822	43.699	2.389	0.688
SCP/DSD*	47	0.497	0.488	0.480	0.491	0.500	0.281	0.739	0.00852	0.09229	0.01346	18.573	0.317	0.681

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 31. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tierralta-Córdoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	16	2.928	2.925	2.923	2.925	Multiple	2.750	3.250	0.01732	0.13162	0.03290	4.495	0.847	0.885
BP+PHP	15	0.165	0.164	0.164	0.160	0.160	0.150	0.180	0.00007	0.00834	0.00215	5.064	0.547	-0.044
PHD	16	0.121	0.118	0.115	0.125	Multiple	0.080	0.160	0.00063	0.02516	0.00629	20.856	-0.080	-1.378
HP	16	0.159	0.158	0.156	0.155	0.150	0.120	0.210	0.00062	0.02489	0.00622	15.618	0.467	-0.142
HD	16	0.129	0.126	0.122	0.125	0.120	0.080	0.190	0.00101	0.03172	0.00793	24.519	0.337	-0.423
PSP	16	0.080	0.074	0.067	0.080	Multiple	0.030	0.120	0.00088	0.02966	0.00742	37.081	-0.158	-1.022
PSD	11	0.364	0.363	0.362	0.370	Multiple	0.330	0.420	0.00081	0.02838	0.00856	7.805	0.543	-0.227
SP	9	0.100	0.068	0.056	0.050	0.050	0.030	0.450	0.01755	0.13248	0.04416	132.476	2.895	8.529
PRSD	9	0.100	0.090	0.081	0.110	Multiple	0.040	0.170	0.00200	0.04472	0.01491	44.721	0.205	-1.258
ASP	14	0.118	0.113	0.107	0.120	0.120	0.050	0.160	0.00102	0.03191	0.00853	27.074	-0.635	0.064
DSD	16	0.593	0.591	0.590	0.595	0.550	0.550	0.660	0.00150	0.03873	0.00968	6.537	0.405	-0.983
SCP	16	0.284	0.281	0.278	0.285	0.250	0.220	0.370	0.00187	0.04319	0.01080	15.220	0.297	-0.545
PD	16	0.498	0.496	0.494	0.480	0.480	0.420	0.620	0.00244	0.04943	0.01236	9.922	1.052	1.304
PP	16	0.276	0.275	0.274	0.275	Multiple	0.220	0.310	0.00076	0.02754	0.00688	9.968	-0.581	-0.616
AD	16	0.103	0.100	0.097	0.100	0.100	0.060	0.150	0.00062	0.02496	0.00624	24.202	-0.054	-0.551
HP/PHD*	16	1.411	1.335	1.268	1.187	1.000	0.813	2.625	0.25336	0.50334	0.12584	35.676	0.925	0.426
SCP/DSD*	16	0.481	0.475	0.468	0.473	0.455	0.355	0.673	0.00687	0.08289	0.02072	17.222	0.437	0.568

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 32. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tierralta-Córdoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	61	2.828	2.826	2.824	2.850	2.850	2.550	3.100	0.01121	0.10588	0.01356	3.744	-0.10970	0.20719
BP+PHP	61	0.154	0.154	0.153	0.150	0.150	0.110	0.200	0.00018	0.01334	0.00171	8.656	-0.14851	3.15851
PHD	61	0.116	0.113	0.110	0.120	0.100	0.040	0.150	0.00054	0.02334	0.00299	20.135	-0.50039	0.38474
HP	61	0.170	0.169	0.167	0.170	0.180	0.100	0.220	0.00059	0.02422	0.00310	14.219	-0.34524	-0.04487
HD	61	0.138	0.135	0.133	0.140	Multiple	0.080	0.210	0.00075	0.02738	0.00351	19.832	0.30392	0.50705
PSP	61	0.076	0.072	0.068	0.070	Multiple	0.030	0.120	0.00056	0.02363	0.00303	31.269	0.25489	-0.58504
PSD	48	0.394	0.392	0.390	0.380	0.380	0.310	0.520	0.00165	0.04066	0.00587	10.332	0.55469	0.79326
SP	43	0.053	0.049	0.044	0.050	0.050	0.010	0.080	0.00034	0.01846	0.00281	34.808	-0.06335	-0.66207
PRSD	43	0.076	0.071	0.065	0.070	0.070	0.020	0.130	0.00068	0.02612	0.00398	34.448	0.10500	-0.13233
ASP	56	0.113	0.110	0.105	0.120	0.130	0.030	0.160	0.00058	0.02407	0.00322	21.224	-0.90283	1.80655
DSD	61	0.532	0.531	0.530	0.530	Multiple	0.430	0.620	0.00135	0.03681	0.00471	6.914	-0.02086	0.41926
SCP	61	0.312	0.309	0.306	0.320	0.320	0.200	0.380	0.00153	0.03908	0.00500	12.540	-0.44776	0.12081
PD	61	0.418	0.415	0.411	0.410	0.410	0.220	0.540	0.00255	0.05054	0.00647	12.080	-0.67370	2.76444
PP	61	0.247	0.245	0.243	0.250	0.270	0.150	0.300	0.00094	0.03059	0.00392	12.399	-0.55240	0.36001
AD	61	0.096	0.092	0.086	0.090	0.090	0.030	0.170	0.00067	0.02591	0.00332	27.068	0.04944	1.31829
HP/PHD*	61	1.585	1.489	1.413	1.385	2.000	0.667	5.500	0.46019	0.67838	0.08686	42.803	3.38669	17.92152
SCP/DSD*	61	0.588	0.582	0.575	0.600	0.604	0.377	0.760	0.00701	0.08375	0.01072	14.237	-0.36670	-0.21254

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 33. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tierralta-Córdoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	8	2.875	2.874	2.873	2.900	2.900	2.700	3.000	0.00714	0.08452	0.02988	2.940	-1.06489	3.05900
BP+PHP	8	0.155	0.155	0.154	0.150	0.150	0.150	0.180	0.00011	0.01069	0.00378	6.897	2.33854	5.46875
PHD	8	0.121	0.120	0.118	0.125	Multiple	0.080	0.140	0.00038	0.01959	0.00693	16.160	-1.44562	2.47406
HP	8	0.184	0.181	0.177	0.180	Multiple	0.120	0.230	0.00117	0.03420	0.01209	18.612	-0.54060	0.85426
HD	8	0.126	0.124	0.122	0.130	0.130	0.080	0.150	0.00048	0.02200	0.00778	17.424	-1.51135	2.47223
PSP	8	0.099	0.098	0.097	0.100	0.100	0.070	0.120	0.00021	0.01458	0.00515	14.762	-0.82435	2.00178
PSD	6	0.390	0.390	0.389	0.395	0.400	0.360	0.410	0.00032	0.01789	0.00730	4.587	-0.94334	0.58594
SP	4	0.045	0.044	0.042	0.045	Multiple	0.030	0.060	0.00017	0.01291	0.00645	28.689	0.00000	-1.20000
PRSD	4	0.100	0.099	0.098	0.100	0.100	0.080	0.120	0.00027	0.01633	0.00816	16.330	0.00000	1.50000
ASP	6	0.095	0.094	0.093	0.095	Multiple	0.080	0.120	0.00023	0.01517	0.00619	15.964	0.77406	0.28355
DSD	8	0.539	0.536	0.534	0.560	0.560	0.440	0.600	0.00290	0.05384	0.01903	9.993	-0.91915	-0.01182
SCP	8	0.318	0.315	0.313	0.320	0.320	0.250	0.370	0.00142	0.03770	0.01333	11.875	-0.63711	0.44092
PD	8	0.383	0.382	0.382	0.380	0.370	0.370	0.400	0.00016	0.01282	0.00453	3.351	0.47490	-1.54556
PP	8	0.245	0.241	0.237	0.265	Multiple	0.180	0.290	0.00200	0.04472	0.01581	18.254	-0.56860	-1.68271
AD	8	0.089	0.088	0.087	0.090	0.090	0.070	0.110	0.00016	0.01246	0.00441	14.044	0.30432	0.14649
HP/PHD*	8	1.595	1.510	1.439	1.404	Multiple	0.923	2.875	0.36124	0.60103	0.21250	37.690	1.50167	2.80690
SCP/DSD*	8	0.598	0.588	0.578	0.598	Multiple	0.439	0.755	0.01356	0.11643	0.04116	19.461	0.11235	-0.99732

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 34. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. nuneztovari* de Tierralta-Córdoba.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1, G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.884	2.833	2.689	130	0.0081	63	69	0.1128	0.1042	1.1722	0.5211	0.2697	130	0.6044
BP+PHP	0.160	0.154	2.783	129	0.0062	62	69	0.0106	0.0130	1.5146	0.1007	1.5832	129	0.2106
PHD	0.117	0.117	0.179	130	0.8582	63	69	0.0271	0.0229	1.4075	0.1690	3.0902	130	0.0811
HP	0.163	0.172	-2.190	129	0.0303	62	69	0.0227	0.0256	1.2763	0.3338	0.9123	129	0.3413
HD	0.121	0.137	-3.084	128	0.0025	61	69	0.0322	0.0269	1.4329	0.1507	2.1353	128	0.1464
PSP	0.085	0.078	1.557	128	0.1219	61	69	0.0261	0.0239	1.1898	0.4857	0.7811	128	0.3785
PSD	0.353	0.393	-5.006	103	0.0000	51	54	0.0428	0.0387	1.2225	0.4716	0.7837	103	0.3781
SP	0.070	0.052	1.746	83	0.0845	38	47	0.0665	0.0181	13.5048	0.0000	2.1877	83	0.1429
PRSD	0.084	0.078	0.928	83	0.3560	38	47	0.0341	0.0262	1.6967	0.0891	3.3605	83	0.0704
ASP	0.122	0.112	2.067	110	0.0411	50	62	0.0313	0.0239	1.7192	0.0449	3.4163	110	0.0672
DSD	0.575	0.533	5.438	130	0.0000	63	69	0.0489	0.0387	1.5953	0.0607	2.0191	130	0.1577
SCP	0.280	0.312	-4.630	130	0.0000	63	69	0.0403	0.0387	1.0845	0.7420	0.0411	130	0.8396
PD	0.503	0.414	10.787	130	0.0000	63	69	0.0450	0.0490	1.1859	0.4972	0.5269	130	0.4692
PP	0.270	0.247	4.318	130	0.0000	63	69	0.0306	0.0321	1.1011	0.7023	0.3732	130	0.5423
AD	0.103	0.095	1.991	130	0.0486	63	69	0.0226	0.0248	1.1976	0.4727	0.0001	130	0.9921
HP/PHD*	1.495	1.586	-0.802	129	0.4238	62	69	0.6262	0.6658	1.1302	0.6285	0.0000	129	0.9984
SCP/DSD*	0.493	0.589	-6.269	130	0.0000	63	69	0.0896	0.0871	1.0570	0.8209	0.0188	130	0.8910

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 35. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	65	2.840	2.838	2.836	2.850	2.850	2.600	3.050	0.01213	0.11011	0.01366	3.877	-0.172	-0.500
BP+PHP	65	0.155	0.155	0.154	0.160	0.160	0.120	0.190	0.00017	0.01288	0.00160	8.308	-0.357	0.979
PHD	65	0.119	0.117	0.115	0.120	0.130	0.070	0.170	0.00041	0.02029	0.00252	17.038	-0.241	0.488
HP	65	0.158	0.157	0.156	0.160	Multiple	0.120	0.210	0.00043	0.02071	0.00257	13.069	0.169	-0.050
HD	65	0.110	0.104	0.099	0.110	0.100	0.050	0.190	0.00112	0.03345	0.00415	30.491	0.154	-0.681
PSP	65	0.088	0.084	0.079	0.080	0.080	0.020	0.150	0.00063	0.02506	0.00311	28.632	0.301	0.495
PSD	59	0.335	0.333	0.331	0.340	0.360	0.260	0.420	0.00135	0.03669	0.00478	10.965	-0.044	-0.259
SP	56	0.061	0.058	0.054	0.060	0.050	0.020	0.120	0.00040	0.01997	0.00267	32.701	0.614	0.620
PRSD	56	0.081	0.076	0.071	0.080	0.070	0.020	0.140	0.00065	0.02546	0.00340	31.475	0.061	0.099
ASP	62	0.131	0.128	0.125	0.130	0.150	0.070	0.210	0.00068	0.02616	0.00332	19.974	0.016	0.557
DSD	65	0.566	0.565	0.563	0.570	0.570	0.480	0.650	0.00166	0.04072	0.00505	7.193	-0.157	-0.284
SCP	65	0.272	0.268	0.264	0.270	0.270	0.170	0.370	0.00203	0.04501	0.00558	16.547	-0.174	-0.117
PD	65	0.501	0.499	0.497	0.500	0.520	0.360	0.590	0.00190	0.04359	0.00541	8.700	-0.610	1.075
PP	65	0.266	0.264	0.262	0.270	0.250	0.200	0.390	0.00119	0.03453	0.00428	12.967	0.595	1.213
AD	64	0.098	0.096	0.094	0.100	0.100	0.050	0.140	0.00038	0.01948	0.00244	19.822	-0.083	0.043
HP/PHD*	65	1.390	1.340	1.297	1.273	1.154	0.824	2.625	0.16815	0.41006	0.05086	29.494	1.401	1.591
SCP/DSD*	65	0.486	0.475	0.463	0.483	0.500	0.266	0.698	0.01053	0.10263	0.01273	21.126	0.146	-0.388

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 36. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	23	2.839	2.837	2.834	2.900	Multiple	2.600	3.000	0.01431	0.11962	0.02494	4.213	-0.504	-0.884
BP+PHP	23	0.160	0.159	0.159	0.160	Multiple	0.150	0.200	0.00013	0.01147	0.00239	7.190	2.070	6.184
PHD	23	0.125	0.123	0.121	0.130	0.130	0.080	0.150	0.00044	0.02108	0.00440	16.833	-0.926	0.194
HP	23	0.159	0.157	0.154	0.160	0.150	0.090	0.200	0.00062	0.02492	0.00520	15.702	-0.822	1.342
HD	22	0.097	0.092	0.087	0.095	Multiple	0.040	0.150	0.00089	0.02982	0.00636	30.803	0.032	-0.596
PSP	22	0.101	0.098	0.095	0.100	0.100	0.070	0.170	0.00069	0.02635	0.00562	26.114	0.957	0.802
PSD	21	0.340	0.338	0.336	0.340	0.360	0.260	0.390	0.00141	0.03761	0.00821	11.047	-0.471	-0.547
SP	22	0.064	0.061	0.056	0.060	0.050	0.020	0.110	0.00042	0.02039	0.00435	31.816	0.126	0.279
PRSD	22	0.072	0.068	0.063	0.070	0.070	0.030	0.130	0.00070	0.02654	0.00566	36.715	0.488	-0.314
ASP	23	0.125	0.120	0.115	0.130	0.140	0.060	0.170	0.00098	0.03132	0.00653	25.096	-0.712	-0.262
DSD	23	0.562	0.560	0.558	0.550	0.550	0.470	0.650	0.00216	0.04648	0.00969	8.274	-0.305	-0.146
SCP	23	0.256	0.251	0.246	0.260	0.290	0.150	0.330	0.00211	0.04591	0.00957	17.957	-0.709	0.320
PD	23	0.514	0.512	0.511	0.520	0.530	0.430	0.580	0.00173	0.04164	0.00868	8.103	-0.155	-0.734
PP	23	0.249	0.247	0.244	0.250	0.270	0.190	0.310	0.00121	0.03476	0.00725	13.953	-0.091	-1.125
AD	23	0.103	0.102	0.100	0.100	0.100	0.070	0.160	0.00036	0.01893	0.00395	18.375	1.235	2.735
HP/PHD*	23	1.331	1.270	1.216	1.231	Multiple	0.643	2.375	0.19841	0.44543	0.09288	33.467	1.380	1.623
SCP/DSD*	23	0.462	0.449	0.433	0.481	Multiple	0.242	0.604	0.01114	0.10555	0.02201	22.846	-0.611	-0.468

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 37. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	96	2.767	2.765	2.762	2.750	2.750	2.500	3.100	0.01504	0.12265	0.01252	4.432	0.400	0.072
BP+PHP	96	0.151	0.150	0.150	0.150	0.150	0.120	0.200	0.00022	0.01473	0.00150	9.760	0.380	0.841
PHD	96	0.116	0.113	0.110	0.120	0.120	0.040	0.170	0.00053	0.02293	0.00234	19.813	-0.492	0.494
HP	96	0.171	0.169	0.166	0.170	0.180	0.110	0.250	0.00074	0.02723	0.00278	15.950	0.286	0.220
HD	95	0.128	0.125	0.121	0.130	Multiple	0.060	0.220	0.00094	0.03068	0.00315	23.888	0.335	0.040
PSP	95	0.089	0.085	0.079	0.090	0.080	0.020	0.170	0.00072	0.02678	0.00275	30.072	0.164	0.025
PSD	87	0.364	0.362	0.361	0.360	0.350	0.280	0.450	0.00104	0.03221	0.00345	8.857	0.037	0.224
SP	78	0.062	0.058	0.053	0.070	0.070	0.010	0.120	0.00038	0.01958	0.00222	31.495	-0.133	0.343
PRSD	78	0.068	0.062	0.056	0.070	0.080	0.020	0.190	0.00077	0.02778	0.00315	41.121	0.964	3.363
ASP	86	0.121	0.117	0.111	0.120	Multiple	0.030	0.170	0.00082	0.02862	0.00309	23.641	-0.669	0.668
DSD	96	0.524	0.523	0.521	0.520	0.520	0.420	0.610	0.00183	0.04279	0.00437	8.162	-0.044	-0.350
SCP	96	0.306	0.303	0.300	0.310	0.340	0.210	0.390	0.00170	0.04125	0.00421	13.469	-0.379	-0.481
PD	96	0.395	0.392	0.389	0.390	0.380	0.310	0.570	0.00222	0.04715	0.00481	11.943	0.750	1.573
PP	96	0.266	0.264	0.263	0.270	0.250	0.190	0.350	0.00097	0.03110	0.00317	11.691	0.393	0.069
AD	96	0.086	0.084	0.081	0.090	0.080	0.040	0.130	0.00035	0.01879	0.00192	21.920	-0.029	0.108
HP/PHD*	96	1.591	1.490	1.413	1.417	1.417	0.800	6.000	0.48912	0.69937	0.07138	43.955	3.329	17.257
SCP/DSD*	96	0.589	0.581	0.571	0.592	0.654	0.368	0.884	0.01047	0.10234	0.01044	17.360	0.181	0.075

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 38. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies machos descendientes de hembras grávidas de *An. nuneztovari* recolectadas en Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	12	2.788	2.783	2.779	2.800	Multiple	2.450	3.050	0.02415	0.15540	0.04486	5.575	-0.527	1.125
BP+PHP	12	0.148	0.145	0.141	0.155	Multiple	0.080	0.180	0.00073	0.02701	0.00780	18.312	-1.476	2.789
PHD	12	0.113	0.110	0.107	0.125	0.130	0.070	0.140	0.00055	0.02340	0.00676	20.803	-0.667	-1.025
HP	12	0.176	0.175	0.173	0.175	0.180	0.140	0.220	0.00048	0.02193	0.00633	12.474	0.703	0.739
HD	12	0.114	0.108	0.102	0.090	0.080	0.080	0.210	0.00190	0.04358	0.01258	38.173	1.140	0.445
PSP	12	0.103	0.099	0.095	0.095	Multiple	0.070	0.200	0.00130	0.03601	0.01040	34.852	1.875	4.486
PSD	11	0.370	0.369	0.369	0.370	0.370	0.320	0.400	0.00052	0.02280	0.00688	6.163	-0.990	1.068
SP	9	0.050	0.045	0.040	0.040	Multiple	0.020	0.100	0.00068	0.02598	0.00866	51.962	0.990	0.261
PRSD	9	0.083	0.080	0.076	0.080	0.080	0.040	0.120	0.00063	0.02500	0.00833	30.000	0.130	0.370
ASP	10	0.113	0.104	0.095	0.115	Multiple	0.050	0.210	0.00202	0.04498	0.01422	39.807	0.642	2.071
DSD	12	0.502	0.499	0.497	0.500	Multiple	0.410	0.630	0.00287	0.05357	0.01546	10.678	0.881	2.722
SCP	12	0.316	0.315	0.314	0.320	0.330	0.280	0.360	0.00077	0.02778	0.00802	8.797	0.092	-1.420
PD	12	0.376	0.374	0.372	0.360	Multiple	0.330	0.450	0.00148	0.03848	0.01111	10.240	0.634	-0.813
PP	12	0.268	0.266	0.265	0.270	0.280	0.210	0.330	0.00109	0.03298	0.00952	12.292	0.140	-0.089
AD	11	0.086	0.085	0.084	0.080	Multiple	0.070	0.120	0.00025	0.01567	0.00472	18.141	0.931	0.610
HP/PHD*	12	1.674	1.587	1.518	1.359	Multiple	1.077	3.000	0.38438	0.61998	0.17897	37.035	1.388	0.979
SCP/DSD*	12	0.635	0.631	0.626	0.630	0.580	0.524	0.805	0.00641	0.08009	0.02312	12.612	0.657	0.273

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 39. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. nuneztovari* de Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F(1, G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.840	2.769	4.084	194	0.0001	88	108	0.112	0.126	1.267	0.254	0.549	194	0.4597
BP+PHP	0.156	0.151	2.675	194	0.0081	88	108	0.013	0.016	1.687	0.012	2.034	194	0.1555
PHD	0.121	0.115	1.691	194	0.0925	88	108	0.021	0.023	1.241	0.298	1.767	194	0.1853
HP	0.159	0.171	-3.620	194	0.0004	88	108	0.022	0.027	1.504	0.049	2.152	194	0.1440
HD	0.106	0.127	-4.327	192	0.0000	87	107	0.033	0.032	1.028	0.888	0.200	192	0.6552
PSP	0.091	0.091	0.068	192	0.9461	87	107	0.026	0.028	1.179	0.430	1.042	192	0.3087
PSD	0.336	0.364	-5.541	176	0.0000	80	98	0.037	0.031	1.384	0.127	2.310	176	0.1303
SP	0.062	0.061	0.318	163	0.7512	78	87	0.020	0.020	1.050	0.830	0.132	163	0.7172
PRSD	0.078	0.069	2.208	163	0.0286	78	87	0.026	0.028	1.153	0.527	0.353	163	0.5534
ASP	0.129	0.120	2.091	179	0.0379	85	96	0.028	0.031	1.222	0.349	0.113	179	0.7371
DSD	0.565	0.522	6.942	194	0.0000	88	108	0.042	0.044	1.114	0.604	0.200	194	0.6553
SCP	0.268	0.307	-6.475	194	0.0000	88	108	0.046	0.040	1.298	0.199	0.476	194	0.4912
PD	0.504	0.393	17.269	194	0.0000	88	108	0.043	0.046	1.157	0.482	0.216	194	0.6427
PP	0.262	0.266	-0.944	194	0.3465	88	108	0.035	0.031	1.277	0.228	1.516	194	0.2197
AD	0.100	0.086	5.053	192	0.0000	87	107	0.019	0.018	1.102	0.633	0.055	192	0.8142
HP/PHD*	1.375	1.600	-2.693	194	0.0077	88	108	0.418	0.689	2.718	0.000	5.406	194	0.0211
SCP/DSD*	0.480	0.595	-7.852	194	0.0000	88	108	0.103	0.101	1.050	0.804	0.183	194	0.6689

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 42. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras de *An. benarrochi* B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	73	3.7021	3.6922	3.6822	3.7500	Múltiple	3.1250	4.1875	0.0726	0.2695	0.0315	7.28	-0.2438	-0.6357
BP+PHP	69	0.1415	0.1401	0.1387	0.1400	0.1500	0.1000	0.1900	0.0004	0.0195	0.0024	13.79	0.0478	-0.2995
PHD	69	0.0833	0.0803	0.0772	0.0800	0.0700	0.0300	0.1700	0.0005	0.0231	0.0028	27.66	0.8990	2.2137
HP	71	0.2165	0.2136	0.2102	0.2200	0.2300	0.1100	0.2700	0.0011	0.0336	0.0040	15.50	-0.8401	0.9874
HD	72	0.1146	0.1098	0.1035	0.1200	0.1000	0.0300	0.1600	0.0009	0.0299	0.0035	26.12	-0.5007	-0.0178
PSP	72	0.0949	0.0902	0.0842	0.0900	0.0800	0.0200	0.1700	0.0008	0.0281	0.0033	29.61	0.2525	0.3844
PSD	72	0.3732	0.3706	0.3678	0.3800	0.3800	0.2300	0.4800	0.0019	0.0433	0.0051	11.61	-0.2793	0.9102
SP	67	0.0764	0.0729	0.0690	0.0800	0.0800	0.0300	0.1300	0.0005	0.0227	0.0028	29.68	0.1792	-0.2792
PRSD	67	0.0882	0.0820	0.0752	0.0800	0.0800	0.0200	0.1800	0.0011	0.0331	0.0040	37.49	0.5873	0.0580
ASP	68	0.0962	0.0927	0.0885	0.1000	0.1000	0.0300	0.1700	0.0006	0.0249	0.0030	25.91	0.2908	0.5740
DSD	72	0.6497	0.6469	0.6440	0.6600	Múltiple	0.5200	0.7800	0.0036	0.0597	0.0070	9.20	-0.4155	-0.4130
SCP	72	0.1783	0.1703	0.1598	0.1800	0.1700	0.0500	0.3100	0.0024	0.0491	0.0058	27.52	-0.1349	0.9927
PD	71	0.6980	0.6948	0.6915	0.6900	0.6500	0.4900	0.8100	0.0044	0.0662	0.0079	9.48	-0.3626	0.2403
PP	63	0.2035	0.1975	0.1904	0.2100	Múltiple	0.0900	0.3000	0.0021	0.0461	0.0058	22.64	-0.5135	0.1108
AD	57	0.0911	0.0873	0.0836	0.0900	0.0800	0.0500	0.1700	0.0007	0.0270	0.0036	29.62	0.6879	0.4210
AP	44	0.1261	0.1193	0.1119	0.1200	0.1000	0.0400	0.2000	0.0016	0.0404	0.0061	32.04	0.0737	-1.1382
HP/PHD*	69	2.8830	2.6844	2.4752	2.7143	Múltiple	0.7647	7.6667	1.2322	1.1101	0.1336	38.50	1.3302	4.1869
SCP/DSD*	72	0.2778	0.2633	0.2443	0.2741	0.2500	0.0794	0.4697	0.0067	0.0818	0.0096	29.42	-0.2499	0.3749

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 43. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras de *An. benarrochi* B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	71	3.7033	3.6931	3.6826	3.7500	3.9375	3.1250	4.1875	0.0759	0.2754	0.0327	7.44	-0.2716	-0.7839
BP+PHP	63	0.1548	0.1535	0.1522	0.1500	0.1500	0.1100	0.2200	0.0004	0.0200	0.0025	12.92	0.1488	0.9786
PHD	63	0.0841	0.0812	0.0785	0.0800	0.0800	0.0400	0.1700	0.0006	0.0237	0.0030	28.21	1.3420	2.6940
HP	67	0.2187	0.2145	0.2093	0.2200	0.2200	0.0900	0.2800	0.0015	0.0386	0.0047	17.67	-1.1676	1.5162
HD	69	0.1162	0.1122	0.1069	0.1200	0.1200	0.0300	0.1700	0.0008	0.0284	0.0034	24.43	-0.3352	0.1070
PSP	70	0.0986	0.0943	0.0900	0.1000	0.1000	0.0400	0.1900	0.0009	0.0297	0.0035	30.13	0.7615	1.0288
PSD	71	0.3721	0.3696	0.3669	0.3700	0.4000	0.2300	0.4800	0.0018	0.0424	0.0050	11.39	-0.3607	1.2063
SP	65	0.0795	0.0767	0.0735	0.0800	0.1000	0.0300	0.1100	0.0004	0.0201	0.0025	25.29	-0.3154	-0.7182
PRSD	64	0.0934	0.0862	0.0773	0.1000	0.1100	0.0200	0.1900	0.0012	0.0342	0.0043	36.64	0.1674	0.1876
ASP	64	0.0953	0.0917	0.0877	0.1000	0.1000	0.0400	0.1500	0.0006	0.0254	0.0032	26.63	-0.0887	-0.6640
DSD	69	0.6432	0.6403	0.6373	0.6600	0.6800	0.4800	0.7500	0.0036	0.0602	0.0073	9.36	-0.5310	-0.3533
SCP	70	0.1799	0.1696	0.1561	0.1800	0.1800	0.0500	0.2700	0.0029	0.0535	0.0064	29.75	-0.6647	-0.0582
PD	63	0.6829	0.6798	0.6765	0.6800	0.6800	0.4900	0.8100	0.0041	0.0641	0.0081	9.38	-0.5256	0.5275
PP	59	0.2069	0.1996	0.1893	0.2200	Multiple	0.0600	0.2900	0.0024	0.0491	0.0064	23.71	-0.7683	0.7141
AD	57	0.0900	0.0866	0.0829	0.0900	0.0800	0.0300	0.1500	0.0006	0.0242	0.0032	26.89	0.3055	0.2138
AP	41	0.1263	0.1192	0.1108	0.1400	0.1500	0.0400	0.1800	0.0016	0.0395	0.0062	31.30	-0.4022	-1.0790
HP/PHD*	63	2.8707	2.6660	2.4188	2.8750	2.7500	0.7647	6.7500	1.0832	1.0408	0.1311	36.26	0.6663	2.4919
SCP/DSD*	69	0.2852	0.2678	0.2449	0.2982	Multiple	0.0758	0.4583	0.0078	0.0882	0.0106	30.94	-0.5231	-0.0526

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 44. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. benarrochi* B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	76	3.5806	3.5740	3.5674	3.5938	3.625000	2.9375	4.1875	0.0471	0.2169	0.0249	6.06	-0.0794	0.8240
BP+PHP	67	0.1399	0.1385	0.1371	0.1400	0.1500	0.1000	0.1900	0.0004	0.0192	0.0023	13.72	-0.1373	-0.2631
PHD	66	0.0886	0.0856	0.0822	0.0900	0.0800	0.0400	0.1500	0.0005	0.0231	0.0028	26.02	0.3344	0.5087
HP	71	0.2173	0.2155	0.2136	0.2200	0.2100	0.1500	0.2800	0.0008	0.0279	0.0033	12.83	-0.1798	0.1666
HD	74	0.1074	0.1037	0.0992	0.1100	Multiple	0.0300	0.1700	0.0007	0.0267	0.0031	24.89	-0.0880	0.0001
PSP	74	0.1032	0.0984	0.0926	0.1100	0.1100	0.0300	0.1700	0.0009	0.0301	0.0035	29.13	-0.0295	-0.2450
PSD	75	0.4051	0.4024	0.3996	0.4000	Multiple	0.2900	0.5100	0.0022	0.0468	0.0054	11.56	0.0167	-0.4675
SP	70	0.0780	0.0736	0.0690	0.0800	0.0800	0.0300	0.1600	0.0007	0.0261	0.0031	33.43	0.4780	0.2860
PRSD	71	0.0990	0.0929	0.0861	0.1000	0.0900	0.0300	0.1800	0.0011	0.0332	0.0039	33.50	0.1155	-0.3862
ASP	71	0.1108	0.1069	0.1017	0.1100	0.1100	0.0300	0.1700	0.0008	0.0274	0.0033	24.72	-0.3525	0.3497
DSD	76	0.5400	0.5377	0.5355	0.5300	0.5200	0.4300	0.7500	0.0026	0.0507	0.0058	9.39	0.8970	2.6238
SCP	75	0.2508	0.2402	0.2238	0.2600	Multiple	0.0700	0.3500	0.0037	0.0605	0.0070	24.14	-1.3109	1.9686
PD	69	0.5435	0.5406	0.5377	0.5400	0.5700	0.4100	0.7900	0.0033	0.0578	0.0070	10.63	0.9763	3.8233
PP	53	0.2079	0.2048	0.2013	0.2100	0.2300	0.1200	0.2700	0.0012	0.0349	0.0048	16.78	-0.5003	0.1406
AD	49	0.0843	0.0818	0.0793	0.0800	0.1000	0.0500	0.1500	0.0004	0.0208	0.0030	24.70	0.4953	0.5062
AP	26	0.1458	0.1432	0.1395	0.1500	0.1500	0.0600	0.1900	0.0006	0.0244	0.0048	16.71	-1.5671	5.4222
HP/PHD*	65	2.6721	2.4965	2.3365	2.4444	2.625000	1.0667	6.7500	1.1302	1.0631	0.1319	39.79	1.6396	3.9329
SCP/DSD*	75	0.4690	0.4465	0.4141	0.4815	0.4167	0.1333	0.7292	0.0156	0.1250	0.0144	26.66	-0.8403	0.8415

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 45. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. benarrochi* B, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo
Long.A.	81	3.5988	3.5931	3.5874	3.6250	3.687500	3.0000	4.1875	0.0405	0.2013	0.0224	5.59	-0.2429
BP+PHP	67	0.1510	0.1497	0.1484	0.1500	0.1500	0.1000	0.2000	0.0004	0.0198	0.0024	13.10	-0.1009
PHD	67	0.0890	0.0860	0.0829	0.0900	0.0800	0.0300	0.1500	0.0005	0.0229	0.0028	25.75	0.5765
HP	79	0.2215	0.2193	0.2168	0.2200	0.2300	0.1400	0.3100	0.0010	0.0309	0.0035	13.94	-0.2479
HD	78	0.1088	0.1052	0.1014	0.1050	0.1000	0.0500	0.1800	0.0008	0.0277	0.0031	25.43	0.2208
PSP	78	0.1036	0.0991	0.0944	0.1100	0.1300	0.0500	0.1700	0.0009	0.0293	0.0033	28.30	-0.0500
PSD	77	0.4078	0.4056	0.4034	0.4100	0.4300	0.3200	0.5000	0.0018	0.0424	0.0048	10.39	0.1373
SP	74	0.0741	0.0700	0.0651	0.0700	0.0800	0.0200	0.1500	0.0005	0.0234	0.0027	31.60	0.2842
PRSD	74	0.0988	0.0914	0.0789	0.1000	0.1200	0.0100	0.1700	0.0011	0.0335	0.0039	33.90	-0.2234
ASP	75	0.1179	0.1141	0.1101	0.1200	Multiple	0.0600	0.1800	0.0009	0.0292	0.0034	24.77	0.0058
DSD	78	0.5333	0.5303	0.5268	0.5400	0.5500	0.2900	0.6700	0.0030	0.0548	0.0062	10.27	-0.8200
SCP	77	0.2609	0.2491	0.2298	0.2700	0.2700	0.0600	0.3500	0.0040	0.0636	0.0073	24.39	-1.4794
PD	70	0.5324	0.5265	0.5193	0.5400	0.5000	0.2400	0.7800	0.0057	0.0757	0.0091	14.23	-0.5055
PP	59	0.1981	0.1945	0.1906	0.2000	0.2000	0.1200	0.2700	0.0014	0.0373	0.0049	18.83	-0.1621
AD	51	0.0820	0.0795	0.0770	0.0800	Multiple	0.0400	0.1200	0.0004	0.0197	0.0028	24.04	0.1238
AP	30	0.1313	0.1270	0.1219	0.1350	0.1500	0.0600	0.2000	0.0010	0.0320	0.0058	24.39	-0.3926
HP/PHD*	66	2.7303	2.5637	2.3936	2.6667	3.000000	0.9333	7.3333	1.0109	1.0054	0.1238	36.83	1.5988
SCP/DSD*	77	0.4968	0.4700	0.4272	0.5208	0.5000	0.1212	0.8621	0.0183	0.1351	0.0154	27.19	-0.9424

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 46. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. benarrochi* B.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporcion de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F(1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	3.703	3.590	4.058	299	0.0001	144	157	0.272	0.209	1.695	0.001	15.817	299	0.0001
BP+PHP	0.148	0.145	0.938	264	0.3493	132	134	0.021	0.020	1.055	0.757	0.021	264	0.8860
PHD	0.084	0.089	-1.792	263	0.0743	132	133	0.023	0.023	1.035	0.844	0.005	263	0.9448
HP	0.218	0.220	-0.517	286	0.6057	138	150	0.036	0.029	1.492	0.017	2.944	286	0.0873
HD	0.115	0.108	2.201	291	0.0285	141	152	0.029	0.027	1.149	0.403	0.831	291	0.3628
PSP	0.097	0.103	-1.973	292	0.0495	142	152	0.029	0.030	1.052	0.761	0.821	292	0.3655
PSD	0.373	0.406	-6.645	293	0.0000	143	152	0.043	0.045	1.085	0.623	1.233	293	0.2678
SP	0.078	0.076	0.709	274	0.4791	132	144	0.021	0.025	1.332	0.096	1.490	274	0.2232
PRSD	0.091	0.099	-2.024	274	0.0440	131	145	0.034	0.033	1.024	0.888	0.043	274	0.8364
ASP	0.096	0.114	-5.788	276	0.0000	132	146	0.025	0.028	1.290	0.138	2.742	276	0.0988
DSD	0.647	0.537	16.763	293	0.0000	141	154	0.060	0.053	1.288	0.125	6.174	293	0.0135
SCP	0.179	0.256	-11.535	292	0.0000	142	152	0.051	0.062	1.476	0.020	2.631	292	0.1059
PD	0.691	0.538	19.023	271	0.0000	134	139	0.065	0.067	1.063	0.722	0.153	271	0.6960
PP	0.205	0.203	0.431	232	0.6667	122	112	0.047	0.036	1.699	0.005	7.679	232	0.0060
AD	0.091	0.083	2.338	212	0.0203	114	100	0.026	0.020	1.598	0.018	2.498	212	0.1155
AP	0.126	0.138	-1.904	139	0.0590	85	56	0.040	0.029	1.831	0.018	16.322	139	0.0001
HP/PHD*	2.877	2.701	1.354	261	0.1770	132	131	1.073	1.031	1.084	0.645	0.474	261	0.4917
SCP/DSD*	0.281	0.483	-15.549	291	0.0000	141	152	0.085	0.131	2.372	0.000	13.370	291	0.0003

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 47. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras de *An. strodei*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	19	2.539	2.534	2.528	2.600	2.700	2.150	2.750	0.02988	0.17287	0.03966	6.807	-0.874	-0.162
BP+PHP	16	0.136	0.136	0.135	0.130	Multiple	0.120	0.150	0.00015	0.01204	0.00301	8.838	0.057	-1.657
PHD	18	0.074	0.072	0.070	0.070	0.070	0.040	0.100	0.00027	0.01650	0.00389	22.330	-0.178	-0.340
HP	17	0.142	0.141	0.140	0.140	Multiple	0.110	0.170	0.00030	0.01741	0.00422	12.278	-0.064	-0.965
HD	14	0.108	0.106	0.105	0.100	0.100	0.080	0.140	0.00036	0.01888	0.00505	17.508	0.119	-1.013
PSP	15	0.073	0.072	0.070	0.070	0.070	0.050	0.100	0.00022	0.01496	0.00386	20.400	-0.219	-0.352
PSD	8	0.280	0.279	0.278	0.270	Multiple	0.250	0.330	0.00086	0.02928	0.01035	10.456	1.093	-0.252
SP	7	0.049	0.047	0.046	0.050	0.050	0.030	0.070	0.00015	0.01215	0.00459	25.014	0.366	1.779
PRSD	7	0.074	0.071	0.068	0.070	0.050	0.050	0.120	0.00063	0.02507	0.00948	33.750	1.006	0.703
ASP	17	0.088	0.084	0.079	0.090	0.100	0.040	0.130	0.00069	0.02628	0.00637	29.780	-0.252	-0.499
DSD	18	0.558	0.553	0.548	0.580	0.580	0.430	0.680	0.00552	0.07430	0.01751	13.308	-0.478	-0.699
SCP	18	0.176	0.167	0.153	0.180	0.170	0.050	0.260	0.00237	0.04865	0.01147	27.622	-1.020	1.734
PD	15	0.582	0.578	0.574	0.580	0.570	0.460	0.700	0.00462	0.06795	0.01754	11.675	-0.139	-0.300
PP	11	0.187	0.185	0.183	0.200	Multiple	0.150	0.220	0.00076	0.02760	0.00832	14.738	-0.421	-1.476
AD	11	0.061	0.057	0.054	0.050	0.050	0.030	0.100	0.00047	0.02166	0.00653	35.559	0.580	-0.541
HP/PHD*	17	1.990	1.913	1.852	1.857	2.000	1.400	4.000	0.42050	0.64846	0.15727	32.578	2.054	5.194
SCP/DSD*	18	0.328	0.302	0.265	0.315	0.310	0.074	0.605	0.01425	0.11936	0.02813	36.431	0.155	1.217

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 48. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras de *An. strodei*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	13	2.596	2.592	2.587	2.650	2.650	2.250	2.800	0.02436	0.15607	0.04329	6.012	-0.907	0.556
BP+PHP	4	0.140	0.139	0.139	0.135	0.130	0.130	0.160	0.00020	0.01414	0.00707	10.102	1.414	1.500
PHD	8	0.076	0.074	0.071	0.070	0.070	0.040	0.100	0.00040	0.01996	0.00706	26.171	-0.461	0.300
HP	10	0.144	0.143	0.142	0.150	0.150	0.110	0.170	0.00032	0.01776	0.00562	12.336	-0.761	0.475
HD	8	0.113	0.109	0.105	0.100	0.100	0.080	0.170	0.00105	0.03240	0.01146	28.803	0.945	-0.168
PSP	8	0.101	0.083	0.072	0.070	Multiple	0.040	0.300	0.00713	0.08442	0.02985	83.378	2.354	5.786
PSD	5	0.254	0.212	0.151	0.280	Multiple	0.050	0.330	0.01363	0.11675	0.05221	45.964	-1.984	4.108
SP	8	0.048	0.047	0.046	0.045	0.040	0.040	0.060	0.00008	0.00886	0.00313	18.661	0.615	-1.481
PRSD	8	0.068	0.064	0.061	0.060	0.050	0.040	0.110	0.00059	0.02435	0.00861	36.072	0.703	-0.611
ASP	12	0.136	0.109	0.098	0.090	0.090	0.070	0.580	0.02001	0.14145	0.04083	104.136	3.331	11.313
DSD	12	0.552	0.538	0.518	0.585	Multiple	0.250	0.620	0.01145	0.10701	0.03089	19.398	-2.416	6.151
SCP	12	0.208	0.186	0.174	0.170	Multiple	0.130	0.600	0.01725	0.13135	0.03792	63.046	2.810	8.518
PD	10	0.563	0.533	0.484	0.595	0.700	0.180	0.700	0.02349	0.15326	0.04847	27.223	-1.921	4.549
PP	9	0.156	0.151	0.145	0.150	Multiple	0.080	0.210	0.00143	0.03779	0.01260	24.291	-0.557	1.399
AD	7	0.069	0.066	0.064	0.070	0.050	0.050	0.100	0.00038	0.01952	0.00738	28.464	0.465	-1.005
HP/PHD*	8	1.982	1.918	1.861	1.833	Multiple	1.400	3.000	0.30962	0.55644	0.19673	28.081	0.846	-0.141
SCP/DSD*	12	0.477	0.347	0.303	0.284	0.241	0.210	2.400	0.37449	0.61196	0.17666	128.236	3.337	11.351

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 49. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. strodei*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	39	2.459	2.451	2.444	2.450	2.700	2.100	2.700	0.03801	0.19496	0.03122	7.929	-0.207	-1.236
BP+PHP	31	0.131	0.130	0.130	0.130	0.130	0.100	0.170	0.00022	0.01477	0.00265	11.253	0.493	0.781
PHD	36	0.074	0.072	0.069	0.070	0.070	0.040	0.120	0.00032	0.01793	0.00299	24.270	0.160	0.121
HP	36	0.157	0.154	0.151	0.160	Multiple	0.080	0.200	0.00075	0.02745	0.00457	17.487	-0.521	0.280
HD	32	0.124	0.121	0.119	0.120	0.120	0.080	0.170	0.00066	0.02575	0.00455	20.806	0.426	-0.698
PSP	32	0.062	0.059	0.056	0.060	Multiple	0.030	0.100	0.00042	0.02044	0.00361	32.862	0.241	-1.039
PSD	10	0.313	0.309	0.306	0.300	Multiple	0.250	0.420	0.00271	0.05208	0.01647	16.639	1.037	0.559
SP	10	0.060	0.051	0.044	0.050	Multiple	0.020	0.130	0.00122	0.03496	0.01106	58.267	0.858	0.064
PRSD	10	0.072	0.067	0.062	0.070	0.070	0.040	0.130	0.00091	0.03011	0.00952	41.821	0.860	-0.072
ASP	38	0.117	0.114	0.110	0.120	0.130	0.060	0.180	0.00079	0.02806	0.00455	23.909	-0.002	0.058
DSD	38	0.513	0.509	0.504	0.520	0.580	0.360	0.620	0.00441	0.06643	0.01078	12.938	-0.472	-0.570
SCP	38	0.194	0.188	0.183	0.195	Multiple	0.100	0.280	0.00207	0.04547	0.00738	23.446	-0.045	-0.708
PD	37	0.429	0.423	0.416	0.450	Multiple	0.200	0.580	0.00431	0.06568	0.01080	15.302	-0.821	3.253
PP	32	0.196	0.191	0.185	0.190	Multiple	0.070	0.270	0.00167	0.04086	0.00722	20.819	-0.486	1.617
AD	29	0.061	0.057	0.053	0.060	0.060	0.030	0.120	0.00054	0.02313	0.00430	38.120	1.063	1.290
HP/PHD*	36	2.292	2.153	2.004	2.196	2.000	0.667	4.500	0.65066	0.80664	0.13444	35.196	0.711	0.631
SCP/DSD*	38	0.385	0.370	0.356	0.379	Multiple	0.172	0.778	0.01282	0.11322	0.01837	29.385	1.143	2.925

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 50. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. strodei*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras-Meta y Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	27	2.546	2.541	2.535	2.600	2.700	2.150	2.750	0.02806	0.16752	0.03224	6.579	-0.719	-0.553
BP+PHP	10	0.149	0.149	0.148	0.150	0.150	0.130	0.170	0.00012	0.01101	0.00348	7.386	0.238	0.907
PHD	21	0.071	0.068	0.065	0.070	0.070	0.030	0.110	0.00041	0.02032	0.00443	28.446	-0.174	-0.355
HP	23	0.168	0.166	0.163	0.170	0.170	0.100	0.220	0.00072	0.02691	0.00561	15.993	-0.549	0.637
HD	24	0.120	0.115	0.110	0.120	Multiple	0.050	0.180	0.00089	0.02985	0.00609	24.963	-0.416	0.649
PSP	24	0.070	0.065	0.060	0.070	0.050	0.020	0.120	0.00056	0.02368	0.00483	34.029	0.075	-0.247
PSD	9	0.317	0.313	0.310	0.320	Multiple	0.250	0.390	0.00243	0.04924	0.01641	15.551	0.007	-1.242
SP	7	0.057	0.051	0.046	0.050	0.030	0.030	0.120	0.00099	0.03147	0.01190	55.076	1.535	2.597
PRSD	7	0.083	0.072	0.062	0.080	Multiple	0.030	0.150	0.00189	0.04348	0.01643	52.475	0.342	-0.991
ASP	25	0.125	0.121	0.117	0.130	0.130	0.050	0.180	0.00080	0.02830	0.00566	22.605	-0.676	1.341
DSD	27	0.525	0.522	0.518	0.530	Multiple	0.390	0.610	0.00334	0.05780	0.01112	11.006	-0.676	-0.227
SCP	27	0.201	0.195	0.189	0.200	Multiple	0.120	0.280	0.00211	0.04599	0.00885	22.909	-0.272	-0.657
PD	24	0.437	0.433	0.430	0.435	0.400	0.330	0.580	0.00341	0.05842	0.01192	13.366	0.382	0.422
PP	23	0.203	0.201	0.199	0.200	0.220	0.150	0.260	0.00069	0.02632	0.00549	12.992	-0.196	-0.010
AD	23	0.064	0.060	0.056	0.060	0.070	0.030	0.130	0.00066	0.02573	0.00537	39.986	1.082	1.172
HP/PHD*	21	2.674	2.434	2.215	2.286	Multiple	0.909	6.000	1.50948	1.22861	0.26810	45.945	1.155	1.319
SCP/DSD*	27	0.388	0.374	0.360	0.400	Multiple	0.203	0.718	0.01138	0.10667	0.02053	27.486	0.699	2.330

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 51. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. strodei*.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporcion de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F(1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.495	2.563	-1.737	96	0.0855	66	32	0.188	0.166	1.281	0.4546	2.077	96	0.1527
BP+PHP	0.136	0.137	-0.346	59	0.7308	41	20	0.016	0.012	1.686	0.2218	0.972	59	0.3282
PHD	0.073	0.075	-0.378	81	0.7067	57	26	0.019	0.017	1.175	0.6733	0.162	81	0.6882
HP	0.161	0.143	3.252	84	0.0017	59	27	0.028	0.017	2.561	0.0103	6.374	84	0.0135
HD	0.122	0.110	1.862	76	0.0664	56	22	0.027	0.024	1.303	0.5121	0.193	76	0.6621
PSP	0.065	0.083	-2.166	77	0.0334	56	23	0.022	0.051	5.367	0.0000	1.271	77	0.2631
PSD	0.315	0.270	2.086	30	0.0456	19	13	0.049	0.072	2.140	0.1404	0.000	30	0.9886
SP	0.059	0.048	1.233	30	0.2271	17	15	0.033	0.010	10.316	0.0001	12.620	30	0.0013
PRSD	0.076	0.071	0.536	30	0.5962	17	15	0.035	0.024	2.161	0.1545	2.501	30	0.1243
ASP	0.120	0.108	0.974	90	0.3326	63	29	0.028	0.094	11.101	0.0000	2.663	90	0.1062
DSD	0.518	0.556	-2.375	93	0.0196	65	30	0.063	0.087	1.925	0.0302	1.585	93	0.2112
SCP	0.197	0.189	0.558	93	0.5780	65	30	0.045	0.090	3.964	0.0000	1.433	93	0.2342
PD	0.432	0.574	-7.658	84	0.0000	61	25	0.063	0.108	2.964	0.0007	2.903	84	0.0921
PP	0.199	0.173	2.802	73	0.0065	55	20	0.035	0.036	1.011	0.9291	0.090	73	0.7656
AD	0.062	0.064	-0.248	68	0.8049	52	18	0.024	0.021	1.371	0.4827	0.015	68	0.9035
HP/PHD*	2.433	1.988	2.078	80	0.0410	57	25	0.990	0.609	2.645	0.0108	4.649	80	0.0341
SCP/DSD*	0.386	0.387	-0.019	93	0.9846	65	30	0.110	0.395	12.958	0.0000	3.871	93	0.0521

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 52. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies hembras de *An. triannulatus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco - Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	62	2.6532	2.6468	2.6403	2.650	Multiple	2.2500	3.2000	0.0347	0.1862	0.0236	7.02	0.0401	0.1993
BP+PHP	46	0.0946	0.0912	0.0878	0.090	0.130	0.0500	0.1300	0.0006	0.0246	0.0036	26.07	-0.0153	-1.0117
PHD	52	0.1510	0.1486	0.1460	0.150	Multiple	0.0800	0.2100	0.0007	0.0256	0.0036	16.97	-0.4170	0.3057
HP	57	0.1109	0.1068	0.1025	0.110	Multiple	0.0600	0.1700	0.0009	0.0298	0.0039	26.86	0.0591	-0.9772
HD	57	0.1491	0.1421	0.1322	0.150	0.170	0.0300	0.2400	0.0017	0.0417	0.0055	27.97	-0.2204	0.0254
PSP	57	0.0761	0.0742	0.0722	0.080	0.080	0.0400	0.1100	0.0003	0.0168	0.0022	22.03	-0.1112	-0.6244
PSD	45	0.2800	0.2760	0.2720	0.280	Multiple	0.1900	0.3600	0.0023	0.0475	0.0071	16.97	0.0904	-1.0202
SP	39	0.0574	0.0539	0.0501	0.060	Multiple	0.0200	0.0900	0.0004	0.0193	0.0031	33.59	-0.0098	-0.9531
PRSD	39	0.0731	0.0692	0.0655	0.070	0.080	0.0400	0.1400	0.0006	0.0249	0.0040	34.12	0.8098	0.5001
ASP	54	0.0846	0.0790	0.0732	0.080	0.000	0.0300	0.1700	0.0010	0.0309	0.0042	36.56	0.6580	0.6375
DSD	59	0.6280	0.6234	0.6186	0.630	0.630	0.4500	0.7800	0.0058	0.0758	0.0099	12.08	-0.0770	0.0119
SCP	61	0.1111	0.1076	0.1042	0.110	0.100	0.0600	0.2100	0.0008	0.0288	0.0037	25.93	0.8062	1.4334
PD	49	0.5894	0.5848	0.5800	0.600	1.000	0.4100	0.7500	0.0054	0.0737	0.0105	12.50	-0.1049	-0.1323
PP	43	0.1305	0.1186	0.1016	0.130	Multiple	0.0200	0.2500	0.0025	0.0500	0.0076	38.36	0.0835	0.1657
AD	37	0.0930	0.0893	0.0854	0.090	0.090	0.0500	0.1400	0.0007	0.0257	0.0042	27.64	0.0450	-0.8199
HP/PHD*	52	0.7799	0.7224	0.6697	0.757	Multiple	0.3158	1.6250	0.0986	0.3140	0.0435	40.27	0.8708	0.3330
SCP/DSD*	59	0.1798	0.1730	0.1664	0.173	Multiple	0.0769	0.3559	0.0027	0.0520	0.0068	28.92	1.2105	2.9768

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 53. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies hembras de *An. triannulatus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco - Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	52	2.6779	2.6734	2.6689	2.7000	2.7000	2.3500	3.3000	0.0254	0.1595	0.0221	5.96	0.9527	3.3411
BP+PHP	31	0.0994	0.0967	0.0939	0.1000	0.0900	0.0600	0.1500	0.0005	0.0231	0.0041	23.23	0.1186	-0.3331
PHD	38	0.1524	0.1499	0.1474	0.1500	0.1600	0.0900	0.2300	0.0007	0.0274	0.0044	17.95	0.2143	0.6941
HP	41	0.1151	0.1087	0.1006	0.1200	0.1200	0.0300	0.1800	0.0013	0.0359	0.0056	31.15	-0.1338	-0.3745
HD	44	0.1486	0.1437	0.1383	0.1500	0.1500	0.0700	0.2500	0.0014	0.0375	0.0056	25.20	0.1868	0.6404
PSP	45	0.0789	0.0768	0.0746	0.0800	0.0800	0.0500	0.1200	0.0003	0.0185	0.0028	23.44	0.2378	-0.7829
PSD	40	0.2910	0.2855	0.2800	0.2900	0.2100	0.2000	0.4400	0.0033	0.0571	0.0090	19.64	0.2325	-0.3689
SP	35	0.0560	0.0526	0.0490	0.0600	0.0700	0.0200	0.1000	0.0004	0.0191	0.0032	34.16	0.2385	-0.3918
PRSD	35	0.0723	0.0654	0.0595	0.0600	0.0500	0.0300	0.1600	0.0012	0.0340	0.0058	47.10	1.0536	0.5420
ASP	48	0.0848	0.0799	0.0736	0.0900	0.1000	0.0200	0.1400	0.0007	0.0267	0.0039	31.53	-0.1571	-0.3360
DSD	54	0.6259	0.6213	0.6165	0.6250	0.6200	0.4600	0.7700	0.0057	0.0756	0.0103	12.08	-0.2332	-0.4919
SCP	53	0.0989	0.0959	0.0926	0.1000	0.1000	0.0400	0.1700	0.0006	0.0238	0.0033	24.02	0.3009	1.1675
PD	44	0.5989	0.5950	0.5912	0.5850	Multiple	0.4500	0.7900	0.0048	0.0695	0.0105	11.61	0.5647	0.6183
PP	37	0.1303	0.1255	0.1206	0.1300	0.1000	0.0600	0.2100	0.0013	0.0358	0.0059	27.47	0.4381	-0.0916
AD	34	0.1024	0.1010	0.0995	0.1000	0.1000	0.0700	0.1400	0.0003	0.0169	0.0029	16.50	0.0476	0.0223
HP/PHD*	38	0.7906	0.7143	0.6410	0.7770	Multiple	0.2308	2.0000	0.1332	0.3650	0.0592	46.17	1.1431	2.0600
SCP/DSD*	53	0.1601	0.1544	0.1482	0.1540	0.1587	0.0658	0.3125	0.0019	0.0434	0.0060	27.14	0.8091	2.2485

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 54. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. triannulatus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en en Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco - Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	54	2.4037	2.3946	2.3860	2.350	2.400	2.0500	3.0500	0.0468	0.2163	0.0294	9.00	1.0210	0.7976
BP+PHP	42	0.0945	0.0896	0.0856	0.080	0.080	0.0500	0.2100	0.0012	0.0339	0.0052	35.91	1.5348	2.5894
PHD	46	0.1496	0.1467	0.1430	0.150	Multiple	0.0700	0.1800	0.0007	0.0264	0.0039	17.66	-1.3505	1.9950
HP	48	0.1177	0.1114	0.1046	0.110	0.110	0.0400	0.2100	0.0014	0.0380	0.0055	32.28	0.3352	-0.2527
HD	50	0.1574	0.1504	0.1414	0.160	0.180	0.0500	0.2500	0.0019	0.0433	0.0061	27.49	-0.3222	0.2701
PSP	52	0.0715	0.0675	0.0637	0.070	0.050	0.0300	0.1500	0.0006	0.0251	0.0035	35.06	1.0365	1.6654
PSD	31	0.3152	0.3063	0.2967	0.310	0.280	0.1400	0.4700	0.0056	0.0748	0.0134	23.74	0.3539	0.4978
SP	29	0.0617	0.0582	0.0539	0.070	Multiple	0.0200	0.0900	0.0004	0.0193	0.0036	31.24	-0.4547	-0.8129
PRSD	29	0.1007	0.0832	0.0743	0.080	0.070	0.0300	0.5000	0.0085	0.0921	0.0171	91.48	3.5899	13.7441
ASP	51	0.0990	0.0919	0.0820	0.100	0.000	0.0200	0.1700	0.0011	0.0332	0.0047	33.57	-0.2643	0.0916
DSD	51	0.5061	0.5029	0.4997	0.500	Multiple	0.3500	0.6400	0.0032	0.0564	0.0079	11.15	-0.0136	0.5359
SCP	51	0.1184	0.1084	0.1015	0.100	0.100	0.0500	0.4700	0.0042	0.0645	0.0090	54.47	3.6042	17.4647
PD	46	0.4791	0.4710	0.4595	0.480	0.000	0.1700	0.6500	0.0063	0.0795	0.0117	16.59	-0.9717	4.4458
PP	34	0.1456	0.1341	0.1192	0.140	0.130	0.0300	0.3000	0.0030	0.0546	0.0094	37.51	0.4413	1.0609
AD	26	0.0873	0.0813	0.0755	0.080	0.080	0.0400	0.1700	0.0011	0.0334	0.0066	38.27	0.6655	0.1670
HP/PHD*	46	0.8700	0.7667	0.6824	0.742	1.000	0.2500	2.5714	0.2448	0.4948	0.0730	56.87	1.9631	4.6353
SCP/DSD*	51	0.2398	0.2155	0.2001	0.208	Multiple	0.1017	1.1750	0.0244	0.1562	0.0219	65.12	4.5512	26.1056

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 55. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. triannulatus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en en Yaguará - Huila, Sonso - Valle del Cauca, Fuente de Oro-Caño Blanco - Meta y Puerto Asís, quebrada Huitoto - Putumayo.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	47	2.4798	2.4703	2.4610	2.450	Multiple	2.1000	3.1500	0.0499	0.2233	0.0326	9.00	0.7248	0.4549
BP+PHP	25	0.1152	0.1085	0.1025	0.100	Multiple	0.0600	0.2400	0.0018	0.0422	0.0084	36.67	1.0860	1.6403
PHD	37	0.1497	0.1456	0.1399	0.160	0.160	0.0500	0.2000	0.0010	0.0311	0.0051	20.79	-1.0709	1.8504
HP	41	0.1266	0.1221	0.1178	0.120	0.110	0.0700	0.2200	0.0012	0.0344	0.0054	27.17	0.5183	-0.1941
HD	43	0.1486	0.1452	0.1418	0.140	0.120	0.0900	0.2300	0.0010	0.0323	0.0049	21.71	0.3191	-0.4880
PSP	44	0.0732	0.0696	0.0661	0.070	0.050	0.0300	0.1300	0.0006	0.0238	0.0036	32.52	0.6979	0.0232
PSD	29	0.3310	0.3262	0.3217	0.320	0.280	0.2500	0.4800	0.0036	0.0598	0.0111	18.06	0.9078	0.3728
SP	31	0.0574	0.0538	0.0500	0.050	0.050	0.0200	0.1000	0.0004	0.0207	0.0037	35.96	0.4919	-0.3151
PRSD	30	0.0813	0.0760	0.0694	0.080	0.070	0.0200	0.1600	0.0008	0.0281	0.0051	34.59	0.4219	1.2061
ASP	46	0.1039	0.0995	0.0938	0.110	0.120	0.0300	0.1500	0.0008	0.0276	0.0041	26.57	-0.4874	-0.0558
DSD	45	0.5133	0.5101	0.5070	0.510	Multiple	0.4000	0.6800	0.0035	0.0590	0.0088	11.49	0.5771	0.5037
SCP	47	0.1285	0.1179	0.1099	0.120	0.120	0.0600	0.4600	0.0043	0.0652	0.0095	50.77	3.0934	13.9539
PD	37	0.4795	0.4672	0.4469	0.460	0.460	0.1300	0.6800	0.0089	0.0942	0.0155	19.65	-0.7985	4.5569
PP	25	0.1616	0.1551	0.1490	0.150	Multiple	0.0900	0.2900	0.0024	0.0488	0.0098	30.19	0.9146	0.7002
AD	22	0.0882	0.0818	0.0756	0.085	Multiple	0.0400	0.1700	0.0012	0.0346	0.0074	39.23	0.5938	0.0329
HP/PHD*	37	0.9329	0.8303	0.7602	0.786	0.647	0.4211	3.6000	0.3258	0.5708	0.0938	61.19	3.1388	13.0068
SCP/DSD*	45	0.2479	0.2252	0.2082	0.235	Multiple	0.1094	0.9787	0.0186	0.1365	0.0204	55.08	3.6201	18.5042

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 56. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. triannulatus*.

Variable (mm.)	Medi a H	Medi a M	Valor t	G.L. .	P	N H	N M	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporció n de Varianzas (F)	p Varianza s	Levene F(1,G.L.)	G.L. Leven e	p Leven e
Long.A.	2.6645	2.4391	8.331	213	0.0000	114	101	0.1742	0.2218	1.6209	0.0129	5.8918	213	0.0160
BP+PHP	0.0965	0.1022	-1.093	142	0.2762	77	67	0.0240	0.0383	2.5467	0.0001	10.8980	142	0.0012
PHD	0.1516	0.1496	0.461	171	0.6451	90	83	0.0262	0.0284	1.1760	0.4533	0.0191	171	0.8904
HP	0.1127	0.1218	-1.818	185	0.0707	98	89	0.0323	0.0364	1.2695	0.2512	0.8218	185	0.3658
HD	0.1489	0.1533	-0.785	192	0.4334	101	93	0.0397	0.0386	1.0575	0.7872	0.0053	192	0.9422
PSP	0.0774	0.0723	1.685	196	0.0936	102	96	0.0175	0.0244	1.9385	0.0012	6.2448	196	0.0133
PSD	0.2852	0.3228	-3.773	143	0.0002	85	60	0.0522	0.0679	1.6876	0.0274	2.0482	143	0.1546
SP	0.0568	0.0595	-0.810	132	0.4191	74	60	0.0191	0.0200	1.0915	0.7177	0.4698	132	0.4943
PRSD	0.0727	0.0908	-2.074	131	0.0400	74	59	0.0294	0.0677	5.3103	0.0000	1.6632	131	0.1994
ASP	0.0847	0.1013	-3.941	197	0.0001	102	97	0.0289	0.0306	1.1242	0.5610	0.1942	197	0.6599
DSD	0.6215	0.5095	10.076	208	0.0000	114	96	0.0953	0.0574	2.7523	0.0000	6.3499	208	0.0125
SCP	0.1054	0.1233	-2.680	210	0.0080	114	98	0.0272	0.0647	5.6741	0.0000	14.4118	210	0.0002
PD	0.5939	0.4793	9.659	174	0.0000	93	83	0.0715	0.0858	1.4400	0.0895	0.0759	174	0.7833
PP	0.1304	0.1524	-2.692	137	0.0080	80	59	0.0438	0.0524	1.4339	0.1361	1.6605	137	0.1997
AD	0.0975	0.0877	1.906	117	0.0591	71	48	0.0223	0.0336	2.2740	0.0018	10.2940	117	0.0017
AP	0.0917	0.0840	0.537	9	0.6043	6	5	0.0172	0.0297	2.9663	0.2641	0.5541	9	0.4756
HP/PHD	0.7844	0.8980	-1.705	171	0.0899	90	83	0.3345	0.5276	2.4875	0.0000	3.5620	171	0.0608
SCP/DSD	0.1705	0.2436	-4.966	206	0.0000	112	96	0.0489	0.1466	8.9687	0.0000	14.3968	206	0.0002

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 57. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de hembras de *An. albimanus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé - Nariño.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	43	2.783	2.776	2.769	2.800	2.650	2.350	3.200	0.03784	0.19453	0.02967	6.991	0.040	-0.343
BP+PHP	37	0.135	0.134	0.132	0.140	Multiple	0.080	0.170	0.00034	0.01835	0.00302	13.580	-0.536	0.831
PHD	40	0.107	0.105	0.102	0.100	0.100	0.060	0.150	0.00049	0.02221	0.00351	20.758	-0.014	-0.605
HP	42	0.173	0.171	0.169	0.170	0.170	0.120	0.230	0.00077	0.02782	0.00429	16.050	-0.120	-0.289
HD	41	0.102	0.098	0.093	0.100	0.110	0.050	0.160	0.00098	0.03137	0.00490	30.620	0.340	-0.798
PSP	40	0.098	0.094	0.089	0.095	0.080	0.040	0.190	0.00089	0.02983	0.00472	30.514	0.931	1.651
PSD	17	0.324	0.322	0.320	0.320	Multiple	0.270	0.400	0.00124	0.03517	0.00853	10.870	0.566	-0.032
SP	14	0.039	0.036	0.033	0.035	Multiple	0.020	0.070	0.00025	0.01592	0.00425	40.512	0.402	-0.843
PRSD	15	0.086	0.079	0.071	0.080	Multiple	0.030	0.140	0.00127	0.03562	0.00920	41.415	0.161	-1.340
ASP	36	0.096	0.076	0.066	0.070	0.060	0.020	0.690	0.01156	0.10752	0.01792	111.876	5.073	28.340
DSD	39	0.682	0.667	0.632	0.700	0.660	0.150	0.780	0.01092	0.10451	0.01673	15.323	-3.700	17.813
SCP	43	0.179	0.164	0.146	0.170	Multiple	0.040	0.620	0.00704	0.08391	0.01280	46.981	3.368	18.357
PD	37	0.635	0.631	0.626	0.630	0.570	0.450	0.810	0.00551	0.07426	0.01221	11.697	-0.028	0.474
PP	26	0.218	0.215	0.212	0.225	0.260	0.150	0.270	0.00126	0.03544	0.00695	16.252	-0.401	-0.928
AD	18	0.083	0.081	0.080	0.080	Multiple	0.060	0.120	0.00033	0.01815	0.00428	21.780	0.303	-0.677
AP	4	0.108	0.105	0.102	0.105	Multiple	0.080	0.140	0.00076	0.02754	0.01377	25.617	0.323	-3.033
HP/PHD*	40	1.682	1.618	1.556	1.652	1.214	0.923	2.857	0.21937	0.46837	0.07406	27.853	0.424	-0.329
SCP/DSD*	39	0.346	0.247	0.209	0.254	Multiple	0.052	4.133	0.39338	0.62720	0.10043	181.428	6.097	37.744

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 58. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de hembras de *An. albimanus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé - Nariño.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	39	2.790	2.783	2.776	2.800	2.900	2.400	3.200	0.03871	0.19674	0.03150	7.052	0.025	-0.604
BP+PHP	18	0.153	0.153	0.152	0.155	0.160	0.120	0.180	0.00019	0.01372	0.00323	8.948	-0.683	1.497
PHD	28	0.113	0.111	0.109	0.110	Multiple	0.080	0.160	0.00045	0.02127	0.00402	18.784	0.441	-0.414
HP	34	0.171	0.169	0.167	0.170	0.180	0.130	0.230	0.00074	0.02721	0.00467	15.867	0.133	-0.724
HD	35	0.109	0.104	0.097	0.110	0.080	0.030	0.160	0.00099	0.03147	0.00532	28.835	-0.445	-0.338
PSP	35	0.096	0.093	0.089	0.100	0.100	0.040	0.150	0.00061	0.02474	0.00418	25.699	0.183	0.359
PSD	17	0.303	0.302	0.300	0.300	0.290	0.230	0.340	0.00086	0.02932	0.00711	9.678	-0.834	0.821
SP	16	0.054	0.048	0.043	0.050	0.050	0.020	0.160	0.00104	0.03222	0.00806	59.950	2.591	8.334
PRSD	15	0.084	0.076	0.069	0.080	0.140	0.030	0.140	0.00128	0.03582	0.00925	42.639	0.354	-0.769
ASP	35	0.092	0.084	0.073	0.090	0.130	0.020	0.170	0.00133	0.03653	0.00617	39.702	0.022	-0.567
DSD	37	0.686	0.683	0.680	0.690	Multiple	0.490	0.820	0.00417	0.06457	0.01062	9.413	-0.597	1.299
SCP	39	0.168	0.161	0.151	0.180	0.190	0.050	0.270	0.00180	0.04246	0.00680	25.317	-0.734	1.340
PD	33	0.630	0.625	0.620	0.610	Multiple	0.410	0.820	0.00587	0.07659	0.01333	12.162	-0.130	1.674
PP	28	0.207	0.203	0.199	0.215	Multiple	0.130	0.260	0.00147	0.03828	0.00723	18.482	-0.472	-0.693
AD	21	0.074	0.072	0.071	0.070	0.070	0.050	0.100	0.00020	0.01431	0.00312	19.387	0.265	-0.440
AP	5	0.106	0.098	0.089	0.120	Multiple	0.050	0.150	0.00193	0.04393	0.01965	41.445	-0.467	-2.417
HP/PHD*	28	1.579	1.523	1.471	1.431	2.000	0.933	2.625	0.18844	0.43409	0.08204	27.497	0.558	-0.519
SCP/DSD*	37	0.248	0.235	0.218	0.250	0.333	0.074	0.429	0.00539	0.07339	0.01207	29.552	-0.276	0.742

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 59. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. albimanus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé - Nariño.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	73	2.652	2.644	2.635	2.650	2.800	2.200	3.250	0.04559	0.21351	0.02499	8.051	0.429	0.549
BP+PHP	56	0.129	0.128	0.126	0.130	0.120	0.070	0.160	0.00028	0.01659	0.00222	12.867	-1.410	4.078
PHD	63	0.097	0.095	0.094	0.090	0.080	0.070	0.140	0.00032	0.01802	0.00227	18.578	0.555	-0.386
HP	65	0.173	0.171	0.169	0.170	0.170	0.130	0.230	0.00082	0.02862	0.00355	16.521	0.167	-1.155
HD	69	0.112	0.107	0.102	0.120	0.120	0.040	0.170	0.00091	0.03018	0.00363	27.042	-0.161	-0.328
PSP	71	0.103	0.098	0.090	0.100	0.100	0.020	0.160	0.00080	0.02836	0.00337	27.512	-0.297	0.996
PSD	37	0.329	0.326	0.323	0.320	0.320	0.250	0.450	0.00231	0.04807	0.00790	14.591	0.324	-0.282
SP	35	0.044	0.041	0.036	0.040	0.050	0.010	0.110	0.00031	0.01769	0.00299	40.205	1.274	4.697
PRSD	35	0.097	0.092	0.087	0.100	0.100	0.050	0.150	0.00082	0.02869	0.00485	29.710	-0.078	-0.833
ASP	69	0.111	0.098	0.089	0.100	0.120	0.040	0.510	0.00585	0.07646	0.00921	69.148	4.230	20.881
DSD	71	0.562	0.554	0.541	0.570	0.580	0.210	0.720	0.00667	0.08165	0.00969	14.530	-1.957	8.604
SCP	69	0.221	0.217	0.214	0.220	Multiple	0.130	0.400	0.00180	0.04237	0.00510	19.195	1.997	7.961
PD	47	0.512	0.507	0.501	0.510	0.540	0.390	0.750	0.00626	0.07913	0.01154	15.445	0.809	1.252
PP	24	0.225	0.221	0.217	0.225	0.220	0.140	0.310	0.00183	0.04283	0.00874	19.001	-0.039	0.409
AD	17	0.064	0.062	0.061	0.060	0.050	0.050	0.100	0.00029	0.01698	0.00412	26.479	1.170	0.426
AP	0		0.000	0.000		Multiple								
HP/PHD*	63	1.844	1.780	1.722	1.750	1.750	1.167	3.286	0.26307	0.51290	0.06462	27.816	0.927	0.472
SCP/DSD*	67	0.429	0.397	0.381	0.389	0.418	0.222	1.905	0.07207	0.26846	0.03280	62.565	5.151	27.179

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 60. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. albimanus*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Iscuandé - Nariño.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	78	2.724	2.716	2.709	2.700	2.700	2.250	3.200	0.04044	0.20109	0.02277	7.383	0.034	-0.404
BP+PHP	36	0.142	0.134	0.105	0.150	0.150	0.010	0.180	0.00081	0.02847	0.00474	20.055	-2.946	12.752
PHD	61	0.107	0.104	0.101	0.110	0.110	0.050	0.160	0.00059	0.02435	0.00312	22.679	0.037	-0.117
HP	70	0.171	0.167	0.163	0.170	0.170	0.080	0.250	0.00114	0.03379	0.00404	19.809	-0.141	-0.072
HD	70	0.117	0.110	0.103	0.120	0.130	0.030	0.180	0.00118	0.03438	0.00411	29.496	-0.413	-0.393
PSP	71	0.098	0.095	0.092	0.100	Multiple	0.040	0.150	0.00058	0.02418	0.00287	24.561	0.031	-0.195
PSD	35	0.321	0.318	0.315	0.320	0.330	0.230	0.470	0.00210	0.04581	0.00774	14.265	1.236	2.911
SP	31	0.049	0.044	0.038	0.050	0.050	0.010	0.160	0.00068	0.02599	0.00467	53.015	2.572	10.727
PRSD	30	0.094	0.088	0.081	0.090	0.080	0.030	0.140	0.00097	0.03114	0.00569	33.127	-0.114	-0.691
ASP	71	0.101	0.093	0.084	0.100	Multiple	0.020	0.170	0.00135	0.03674	0.00436	36.335	-0.050	-0.720
DSD	75	0.629	0.623	0.618	0.630	Multiple	0.490	0.820	0.00683	0.08263	0.00954	13.144	0.281	-0.911
SCP	78	0.185	0.179	0.171	0.190	0.200	0.050	0.270	0.00181	0.04254	0.00482	22.963	-0.683	1.114
PD	60	0.565	0.556	0.547	0.570	0.570	0.400	0.820	0.01000	0.10001	0.01291	17.701	0.181	-0.520
PP	43	0.210	0.207	0.203	0.220	Multiple	0.130	0.270	0.00131	0.03615	0.00551	17.197	-0.502	-0.470
AD	32	0.072	0.070	0.067	0.070	0.070	0.030	0.100	0.00030	0.01731	0.00306	24.082	-0.388	-0.076
AP	6	0.110	0.102	0.094	0.125	Multiple	0.050	0.150	0.00164	0.04050	0.01653	36.815	-0.813	-1.289
HP/PHD*	61	1.739	1.626	1.533	1.538	2.000	0.692	4.400	0.50340	0.70951	0.09084	40.792	1.750	3.980
SCP/DSD*	75	0.304	0.287	0.265	0.302	Multiple	0.074	0.510	0.00881	0.09387	0.01084	30.828	-0.121	-0.120

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 61. Comparación de medias y varianzas de las alas de hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albimanus*.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1, G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.790	2.658	3.052	76	0.0031	39	39	0.197	0.185	1.129	0.710	0.415	76	0.5212
BP+PHP	0.153	0.131	2.589	34	0.0141	18	18	0.014	0.035	6.405	0.000	2.422	34	0.1289
PHD	0.113	0.102	1.754	59	0.0846	28	33	0.021	0.026	1.493	0.291	0.927	59	0.3397
HP	0.171	0.170	0.215	68	0.8305	34	36	0.027	0.039	2.096	0.035	3.876	68	0.0531
HD	0.109	0.124	-1.838	68	0.0704	35	35	0.031	0.036	1.308	0.438	0.159	68	0.6914
PSP	0.096	0.101	-0.741	69	0.4609	35	36	0.025	0.024	1.083	0.815	0.186	69	0.6673
PSD	0.303	0.338	-2.446	33	0.0199	17	18	0.029	0.052	3.192	0.025	2.507	33	0.1229
SP	0.054	0.044	1.045	29	0.3045	16	15	0.032	0.017	3.671	0.020	0.640	29	0.4302
PRSD	0.084	0.104	-1.829	28	0.0781	15	15	0.036	0.023	2.508	0.096	1.927	28	0.1760
ASP	0.092	0.110	-2.114	69	0.0381	35	36	0.037	0.035	1.076	0.830	0.022	69	0.8823
DSD	0.686	0.558	6.258	74	0.0000	37	39	0.065	0.107	2.748	0.003	0.025	74	0.8758
SCP	0.168	0.203	-3.983	76	0.0002	39	39	0.042	0.035	1.464	0.245	0.493	76	0.4848
PD	0.630	0.469	6.739	59	0.0000	33	28	0.077	0.109	2.040	0.054	0.179	59	0.6736
PP	0.207	0.216	-0.762	41	0.4505	28	15	0.038	0.032	1.409	0.507	1.200	41	0.2797
AD	0.074	0.068	0.870	30	0.3911	21	11	0.014	0.022	2.424	0.088	4.609	30	0.0400
AP	0.106	0.130	-0.499	4	0.6442	5	1	0.044	0.000	0.000	1.000			
HP/PHD	1.579	1.876	-1.652	59	0.1038	28	33	0.434	0.862	3.944	0.000	6.518	59	0.0133
SCP/DSD	0.248	0.359	-6.311	73	0.0000	37	38	0.073	0.078	1.144	0.688	0.319	73	0.5741

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 62. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú – Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	105	2.564	2.557	2.550	2.550	2.500	2.150	3.100	0.03633	0.19061	0.01860	7.433	0.145	-0.249
BP+PHP	91	0.153	0.152	0.151	0.150	0.150	0.110	0.230	0.00043	0.02070	0.00217	13.515	0.836	1.520
PHD	101	0.056	0.052	0.047	0.050	0.060	0.020	0.130	0.00043	0.02066	0.00206	37.200	0.632	1.240
HP	101	0.160	0.158	0.156	0.170	0.170	0.090	0.210	0.00062	0.02486	0.00247	15.518	-0.350	-0.226
HD	94	0.119	0.115	0.111	0.120	0.110	0.040	0.180	0.00091	0.03021	0.00312	25.328	-0.068	-0.637
PSP	94	0.066	0.061	0.056	0.070	0.080	0.020	0.120	0.00060	0.02457	0.00253	36.953	0.199	-0.329
PSD	13	0.259	0.257	0.254	0.270	0.270	0.210	0.330	0.00151	0.03883	0.01077	14.979	0.422	-0.608
SP	12	0.046	0.042	0.039	0.045	0.030	0.020	0.080	0.00035	0.01881	0.00543	41.038	0.435	-0.908
PRSD	12	0.088	0.084	0.080	0.085	Multiple	0.040	0.130	0.00071	0.02657	0.00767	30.081	-0.134	-0.614
ASP	95	0.083	0.074	0.063	0.080	0.080	0.010	0.190	0.00122	0.03496	0.00359	42.255	0.322	0.228
DSD	94	0.626	0.624	0.621	0.630	0.620	0.470	0.750	0.00332	0.05766	0.00595	9.203	-0.330	-0.355
SCP	101	0.148	0.138	0.125	0.150	0.120	0.030	0.270	0.00249	0.04991	0.00497	33.672	-0.047	-0.279
PD	81	0.574	0.571	0.569	0.560	0.550	0.430	0.710	0.00296	0.05442	0.00605	9.482	0.083	-0.148
PP	62	0.180	0.174	0.168	0.180	0.200	0.070	0.290	0.00183	0.04283	0.00544	23.857	0.014	0.231
AD	56	0.104	0.098	0.092	0.105	0.130	0.050	0.180	0.00115	0.03389	0.00453	32.498	0.008	-1.035
AP	28	0.061	0.060	0.058	0.060	0.070	0.040	0.090	0.00018	0.01353	0.00256	22.026	0.012	-0.610
HP/PHD*	101	3.432	3.067	2.769	3.000	Multiple	1.000	9.000	3.18138	1.78364	0.17748	51.978	1.563	2.420
SCP/DSD*	93	0.238	0.221	0.199	0.232	Multiple	0.048	0.509	0.00696	0.08345	0.00865	35.055	0.179	0.365

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 63. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú – Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	70	2.613	2.606	2.599	2.600	2.500	2.150	3.100	0.03541	0.18818	0.02249	7.202	0.086	0.098
BP+PHP	25	0.167	0.166	0.165	0.170	Multiple	0.140	0.200	0.00026	0.01626	0.00325	9.747	0.376	-0.194
PHD	46	0.058	0.054	0.051	0.060	Multiple	0.020	0.110	0.00037	0.01920	0.00283	33.197	0.206	0.079
HP	52	0.160	0.158	0.156	0.160	0.170	0.110	0.220	0.00055	0.02347	0.00326	14.688	-0.194	-0.032
HD	58	0.124	0.120	0.116	0.130	0.140	0.060	0.230	0.00096	0.03106	0.00408	25.055	0.339	1.214
PSP	60	0.070	0.067	0.063	0.070	0.080	0.030	0.120	0.00047	0.02163	0.00279	30.898	0.177	-0.730
PSD	12	0.264	0.261	0.259	0.275	Multiple	0.210	0.330	0.00159	0.03988	0.01151	15.095	0.034	-1.223
SP	12	0.053	0.052	0.051	0.050	0.050	0.030	0.070	0.00013	0.01155	0.00333	21.651	-0.362	0.300
PRSD	12	0.083	0.078	0.071	0.090	Multiple	0.030	0.120	0.00084	0.02902	0.00838	34.829	-0.398	-0.874
ASP	70	0.090	0.084	0.076	0.090	0.100	0.020	0.140	0.00089	0.02985	0.00357	33.011	-0.275	-0.434
DSD	69	0.634	0.632	0.629	0.630	0.590	0.500	0.770	0.00346	0.05882	0.00708	9.275	0.207	-0.546
SCP	71	0.142	0.132	0.117	0.150	0.150	0.020	0.250	0.00237	0.04869	0.00578	34.265	-0.238	-0.400
PD	47	0.581	0.576	0.571	0.580	0.550	0.360	0.730	0.00503	0.07095	0.01035	12.215	-0.534	1.038
PP	38	0.186	0.182	0.178	0.190	0.190	0.080	0.260	0.00129	0.03590	0.00582	19.268	-0.467	0.762
AD	36	0.090	0.085	0.080	0.090	0.070	0.030	0.160	0.00084	0.02898	0.00483	32.203	0.179	-0.238
AP	18	0.063	0.060	0.058	0.060	0.060	0.030	0.090	0.00028	0.01674	0.00394	26.658	-0.156	-0.373
HP/PHD*	46	3.219	2.932	2.706	2.917	4.250	1.500	9.000	2.47676	1.57377	0.23204	48.891	1.874	4.388
SCP/DSD*	68	0.229	0.210	0.183	0.231	Multiple	0.031	0.424	0.00700	0.08365	0.01014	36.510	-0.132	-0.343

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 64. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú – Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	139	2.483	2.478	2.474	2.500	2.500	2.100	2.900	0.02401	0.15494	0.01314	6.240	0.212	-0.061
BP+PHP	125	0.145	0.144	0.143	0.150	0.150	0.080	0.190	0.00037	0.01912	0.00171	13.158	-0.251	0.275
PHD	130	0.052	0.048	0.043	0.050	0.050	0.010	0.120	0.00047	0.02178	0.00191	41.523	0.433	-0.225
HP	130	0.164	0.163	0.161	0.170	0.170	0.100	0.230	0.00057	0.02379	0.00209	14.477	-0.034	0.159
HD	112	0.125	0.122	0.118	0.130	0.130	0.030	0.180	0.00065	0.02540	0.00240	20.318	-0.447	0.822
PSP	112	0.078	0.074	0.070	0.080	0.080	0.030	0.140	0.00057	0.02393	0.00226	30.766	0.205	-0.219
PSD	26	0.288	0.284	0.280	0.280	0.270	0.200	0.380	0.00220	0.04693	0.00920	16.313	0.321	-0.159
SP	27	0.043	0.040	0.037	0.050	0.050	0.020	0.070	0.00024	0.01534	0.00295	36.017	0.149	-0.748
PRSD	27	0.121	0.118	0.113	0.120	0.120	0.050	0.170	0.00081	0.02852	0.00549	23.473	-0.312	0.226
ASP	137	0.102	0.098	0.094	0.100	0.100	0.040	0.170	0.00074	0.02717	0.00232	26.700	0.225	-0.243
DSD	128	0.567	0.565	0.562	0.570	0.600	0.430	0.700	0.00250	0.05004	0.00442	8.828	0.006	0.073
SCP	127	0.150	0.142	0.133	0.150	0.130	0.040	0.380	0.00226	0.04757	0.00422	31.628	0.696	3.367
PD	110	0.464	0.460	0.455	0.460	0.450	0.200	0.660	0.00318	0.05642	0.00538	12.167	-0.503	4.655
PP	103	0.181	0.178	0.174	0.180	0.170	0.050	0.270	0.00097	0.03119	0.00307	17.244	-0.197	2.659
AD	88	0.080	0.076	0.072	0.080	0.070	0.030	0.160	0.00061	0.02461	0.00262	30.808	0.591	0.570
AP	26	0.062	0.059	0.057	0.060	0.050	0.040	0.160	0.00054	0.02333	0.00457	37.671	3.149	12.761
HP/PHD*	130	3.966	3.407	2.980	3.200	5.667	0.917	17.000	6.02316	2.45421	0.21525	61.880	2.011	6.073
SCP/DSD*	124	0.269	0.253	0.235	0.266	0.333	0.071	0.844	0.00919	0.09585	0.00861	35.665	1.700	9.465

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 65. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tibú – Norte de Santander.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	87	2.516	2.510	2.504	2.500	2.500	2.150	2.900	0.02856	0.16901	0.01812	6.719	-0.084	-0.512
BP+PHP	24	0.156	0.155	0.155	0.150	0.150	0.120	0.200	0.00025	0.01583	0.00323	10.130	0.468	2.273
PHD	41	0.057	0.053	0.049	0.060	0.070	0.020	0.090	0.00035	0.01866	0.00291	32.970	-0.226	-0.750
HP	48	0.161	0.159	0.157	0.160	0.160	0.110	0.250	0.00069	0.02625	0.00379	16.261	0.674	1.591
HD	56	0.126	0.122	0.116	0.130	0.130	0.030	0.190	0.00084	0.02896	0.00387	22.935	-0.594	1.156
PSP	58	0.078	0.073	0.067	0.070	0.070	0.030	0.160	0.00094	0.03060	0.00402	39.002	0.685	0.006
PSD	14	0.270	0.266	0.262	0.265	Multiple	0.190	0.350	0.00217	0.04658	0.01245	17.250	0.069	-0.694
SP	16	0.051	0.048	0.045	0.050	Multiple	0.020	0.070	0.00023	0.01526	0.00382	30.146	-0.505	-0.549
PRSD	16	0.113	0.107	0.097	0.120	Multiple	0.030	0.150	0.00097	0.03114	0.00778	27.525	-1.287	2.157
ASP	85	0.107	0.104	0.100	0.100	0.090	0.060	0.190	0.00087	0.02945	0.00319	27.414	0.607	-0.148
DSD	80	0.563	0.560	0.558	0.550	0.530	0.410	0.720	0.00307	0.05545	0.00620	9.847	0.339	0.455
SCP	82	0.157	0.149	0.140	0.160	0.170	0.050	0.250	0.00197	0.04437	0.00490	28.334	-0.428	0.025
PD	63	0.462	0.459	0.457	0.460	0.480	0.350	0.590	0.00218	0.04667	0.00588	10.111	0.303	0.770
PP	56	0.180	0.174	0.162	0.180	Multiple	0.030	0.260	0.00169	0.04105	0.00549	22.785	-0.625	1.915
AD	48	0.069	0.066	0.064	0.070	0.070	0.030	0.120	0.00033	0.01825	0.00263	26.460	0.226	0.342
AP	13	0.057	0.056	0.054	0.050	0.050	0.040	0.080	0.00017	0.01316	0.00365	23.112	0.673	-0.373
HP/PHD*	41	3.329	2.981	2.720	2.667	Multiple	1.571	8.333	3.03513	1.74216	0.27208	52.337	1.413	1.333
SCP/DSD*	80	0.282	0.267	0.249	0.288	Multiple	0.083	0.439	0.00681	0.08252	0.00923	29.297	-0.310	-0.223

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 66. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F, localidad Tibú-Norte de Santander.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1, G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.584	2.496	5.017	399	0.0000	226	175	0.1609	0.1906	1.4031	0.0170	5.8015	399	0.0165
BP+PHP	0.156	0.147	3.720	263	0.0002	149	116	0.0190	0.0205	1.1680	0.3728	0.7474	263	0.3881
PHD	0.056	0.053	1.207	316	0.2282	171	147	0.0211	0.0202	1.0932	0.5804	1.3948	316	0.2385
HP	0.160	0.164	-1.292	329	0.1971	178	153	0.0244	0.0243	1.0094	0.9555	0.0730	329	0.7872
HD	0.121	0.125	-1.368	318	0.1724	168	152	0.0266	0.0305	1.3206	0.0797	4.1343	318	0.0429
PSP	0.068	0.078	-3.648	322	0.0003	170	154	0.0263	0.0235	1.2572	0.1495	1.0411	322	0.3083
PSD	0.262	0.282	-1.775	63	0.0808	40	25	0.0470	0.0386	1.4828	0.3094	0.5186	63	0.4741
SP	0.050	0.046	1.002	65	0.3198	43	24	0.0156	0.0157	1.0137	0.9420	0.1341	65	0.7154
PRSD	0.086	0.118	-4.448	65	0.0000	43	24	0.0294	0.0273	1.1596	0.7177	0.0320	65	0.8585
ASP	0.086	0.104	-5.752	385	0.0000	222	165	0.0281	0.0330	1.3774	0.0268	3.4928	385	0.0624
DSD	0.630	0.565	11.228	369	0.0000	208	163	0.0521	0.0581	1.2441	0.1384	2.9020	369	0.0893
SCP	0.146	0.153	-1.450	379	0.1478	209	172	0.0463	0.0494	1.1351	0.3825	2.7434	379	0.0985
PD	0.576	0.463	17.257	299	0.0000	173	128	0.0529	0.0608	1.3198	0.0907	6.1644	299	0.0136
PP	0.182	0.181	0.311	257	0.7559	159	100	0.0349	0.0403	1.3359	0.1045	3.4448	257	0.0646
AD	0.099	0.075	6.207	227	0.0000	137	92	0.0239	0.0327	1.8643	0.0010	17.7796	227	0.0000
AP	0.059	0.059	0.142	86	0.8877	40	48	0.0223	0.0191	1.3714	0.2996	0.0000	86	1.0000
HP/PHD	3.365	3.813	1.934	316	0.0540	171	147	2.3150	1.7182	1.8153	0.0002	8.3635	316	0.0041
SCP/DSD	0.234	0.274	-4.279	363	0.0000	204	161	0.0909	0.0834	1.1874	0.2557	0.0476	363	0.8274

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 67. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	56	2.540	2.536	2.532	2.550	2.650	2.250	2.950	0.02177	0.14753	0.01971	5.808	-0.122	0.100
BP+PHP	47	0.149	0.148	0.147	0.150	Multiple	0.110	0.170	0.00026	0.01623	0.00237	10.916	-0.294	-0.775
PHD	51	0.055	0.051	0.047	0.060	0.070	0.020	0.100	0.00039	0.01963	0.00275	35.634	0.084	-0.864
HP	53	0.150	0.148	0.147	0.150	0.150	0.100	0.200	0.00047	0.02157	0.00296	14.382	0.036	0.038
HD	41	0.145	0.142	0.139	0.150	0.150	0.070	0.200	0.00078	0.02785	0.00435	19.157	-0.384	0.160
PSP	42	0.060	0.056	0.052	0.060	0.050	0.020	0.140	0.00050	0.02242	0.00346	37.359	0.914	2.648
PSD	5	0.272	0.271	0.270	0.270	Multiple	0.250	0.320	0.00082	0.02864	0.01281	10.528	1.584	2.739
SP	4	0.043	0.042	0.041	0.045	0.050	0.030	0.050	0.00009	0.00957	0.00479	22.528	-0.855	-1.289
PRSD	4	0.063	0.062	0.061	0.065	0.070	0.050	0.070	0.00009	0.00957	0.00479	15.319	-0.855	-1.289
ASP	55	0.096	0.091	0.085	0.090	Multiple	0.030	0.190	0.00097	0.03120	0.00421	32.620	0.586	0.455
DSD	56	0.623	0.621	0.618	0.620	Multiple	0.510	0.760	0.00319	0.05644	0.00754	9.058	0.623	0.316
SCP	56	0.153	0.146	0.137	0.165	0.180	0.070	0.250	0.00209	0.04573	0.00611	29.848	-0.271	-0.772
PD	53	0.583	0.581	0.578	0.590	0.600	0.480	0.720	0.00309	0.05560	0.00764	9.534	0.148	-0.317
PP	51	0.182	0.180	0.178	0.180	0.180	0.130	0.250	0.00071	0.02661	0.00373	14.624	0.225	0.020
AD	48	0.117	0.114	0.110	0.120	0.120	0.050	0.170	0.00072	0.02689	0.00388	22.969	-0.408	-0.104
AP	31	0.067	0.065	0.064	0.060	Multiple	0.050	0.150	0.00035	0.01883	0.00338	28.066	2.948	12.297
HP/PHD*	51	3.231	2.909	2.641	2.667	2.143	1.333	7.500	2.40013	1.54924	0.21694	47.945	0.903	-0.206
SCP/DSD*	56	0.250	0.234	0.216	0.260	Multiple	0.092	0.431	0.00697	0.08348	0.01116	33.338	-0.181	-0.725

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 68. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	41	2.589	2.585	2.581	2.200	2.950	2.250	2.950	0.02081	0.14427	0.02253	5.572	-0.190	0.810
BP+PHP	14	0.158	0.157	0.156	0.140	0.200	0.110	0.170	0.00026	0.01626	0.00434	10.298	1.279	2.361
PHD	34	0.070	0.065	0.060	0.030	0.150	0.020	0.100	0.00072	0.02680	0.00460	38.443	0.686	0.824
HP	37	0.149	0.147	0.146	0.110	0.180	0.100	0.200	0.00038	0.01946	0.00320	13.091	-0.015	-0.878
HD	30	0.160	0.151	0.146	0.080	0.550	0.070	0.200	0.00597	0.07726	0.01411	48.186	4.654	24.194
PSP	30	0.064	0.060	0.056	0.030	0.140	0.020	0.140	0.00058	0.02414	0.00441	37.913	1.176	2.185
PSD	4	0.273	0.272	0.272	0.250	0.290	0.250	0.320	0.00029	0.01708	0.00854	6.267	-0.753	0.343
SP	3	0.047	0.046	0.046	0.040	0.050	0.030	0.050	0.00003	0.00577	0.00333	12.372	-1.732	-
PRSD	3	0.063	0.061	0.058	0.040	0.080	0.050	0.070	0.00043	0.02082	0.01202	32.868	-1.293	-
ASP	38	0.094	0.088	0.082	0.040	0.200	0.030	0.190	0.00127	0.03567	0.00579	38.078	0.917	0.920
DSD	39	0.632	0.630	0.628	0.530	0.780	0.510	0.760	0.00260	0.05100	0.00817	8.069	0.701	1.469
SCP	40	0.160	0.154	0.148	0.070	0.230	0.070	0.250	0.00150	0.03869	0.00612	24.259	-0.262	-0.292
PD	38	0.570	0.568	0.566	0.470	0.710	0.480	0.720	0.00267	0.05167	0.00838	9.066	0.429	0.305
PP	37	0.176	0.174	0.172	0.130	0.250	0.130	0.250	0.00077	0.02782	0.00457	15.790	0.423	0.280
AD	35	0.109	0.105	0.102	0.050	0.150	0.050	0.170	0.00067	0.02591	0.00438	23.866	-0.135	-0.583
AP	14	0.059	0.057	0.055	0.030	0.080	0.050	0.150	0.00018	0.01351	0.00361	23.059	-0.138	0.385
HP/PHD*	34	2.500	2.240	2.015	0.867	5.333	1.333	7.500	1.45932	1.20802	0.20717	48.329	0.791	-0.506
SCP/DSD*	39	0.257	0.247	0.236	0.104	0.386	0.092	0.431	0.00454	0.06736	0.01079	26.217	-0.192	-0.068

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 69. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	78	2.479	2.476	2.472	2.450	2.400	2.200	2.900	0.01951	0.13967	0.01581	5.633	0.979	1.382
BP+PHP	63	0.141	0.140	0.139	0.140	0.140	0.090	0.190	0.00027	0.01635	0.00206	11.560	-0.169	1.306
PHD	70	0.057	0.054	0.050	0.050	0.050	0.020	0.110	0.00038	0.01941	0.00232	33.875	0.396	-0.165
HP	72	0.150	0.149	0.147	0.150	0.150	0.110	0.200	0.00050	0.02226	0.00262	14.815	-0.241	-0.639
HD	59	0.147	0.145	0.142	0.150	0.140	0.080	0.220	0.00080	0.02820	0.00367	19.123	-0.027	0.427
PSP	59	0.069	0.065	0.060	0.070	0.080	0.020	0.130	0.00056	0.02370	0.00309	34.186	0.301	0.159
PSD	15	0.289	0.287	0.285	0.290	Multiple	0.210	0.320	0.00094	0.03067	0.00792	10.626	-1.174	1.809
SP	17	0.046	0.044	0.041	0.050	Multiple	0.020	0.080	0.00026	0.01618	0.00392	34.816	0.353	-0.385
PRSD	17	0.098	0.095	0.091	0.100	Multiple	0.040	0.120	0.00049	0.02223	0.00539	22.764	-1.019	1.136
ASP	78	0.099	0.094	0.088	0.100	0.120	0.030	0.170	0.00088	0.02964	0.00336	29.906	-0.036	-0.189
DSD	77	0.566	0.564	0.561	0.560	0.570	0.440	0.730	0.00294	0.05422	0.00618	9.578	0.585	0.851
SCP	77	0.157	0.151	0.144	0.160	0.170	0.070	0.290	0.00181	0.04254	0.00485	27.048	-0.002	0.254
PD	75	0.474	0.471	0.468	0.470	0.470	0.360	0.660	0.00269	0.05183	0.00598	10.935	0.352	1.249
PP	74	0.178	0.175	0.171	0.180	Multiple	0.100	0.230	0.00101	0.03182	0.00370	17.906	-0.395	-0.432
AD	69	0.092	0.089	0.087	0.090	0.080	0.050	0.140	0.00052	0.02287	0.00275	24.814	0.309	-0.723
AP	30	0.056	0.056	0.055	0.050	0.050	0.040	0.080	0.00009	0.00964	0.00176	17.118	0.583	-0.127
HP/PHD*	70	3.066	2.748	2.496	2.733	Multiple	1.091	10.000	2.64942	1.62770	0.19455	53.093	2.046	5.735
SCP/DSD*	77	0.281	0.268	0.253	0.293	Multiple	0.117	0.509	0.00662	0.08138	0.00927	28.959	-0.083	-0.185

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 70. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	66	2.480	2.477	2.475	2.450	2.450	2.250	2.850	0.01499	0.12244	0.01507	4.936	0.720	0.925
BP+PHP	25	0.156	0.155	0.154	0.160	0.160	0.130	0.200	0.00026	0.01607	0.00321	10.303	0.393	1.040
PHD	41	0.061	0.056	0.051	0.060	0.050	0.020	0.140	0.00060	0.02453	0.00383	40.398	0.883	1.517
HP	48	0.150	0.148	0.146	0.150	0.170	0.090	0.200	0.00057	0.02392	0.00345	15.926	-0.279	-0.424
HD	47	0.152	0.148	0.144	0.150	0.150	0.080	0.260	0.00111	0.03329	0.00486	21.885	0.267	1.650
PSP	49	0.080	0.068	0.061	0.070	0.050	0.020	0.580	0.00584	0.07644	0.01092	95.800	6.046	40.114
PSD	11	0.283	0.281	0.279	0.280	Multiple	0.230	0.340	0.00114	0.03379	0.01019	11.952	0.188	-0.810
SP	12	0.043	0.039	0.036	0.045	0.050	0.020	0.070	0.00029	0.01712	0.00494	40.288	0.318	-0.839
PRSD	12	0.104	0.102	0.100	0.100	0.100	0.070	0.140	0.00043	0.02065	0.00596	19.826	0.142	-0.563
ASP	63	0.105	0.100	0.096	0.100	0.080	0.050	0.180	0.00086	0.02939	0.00370	28.100	0.337	-0.440
DSD	65	0.560	0.559	0.557	0.560	0.560	0.480	0.680	0.00167	0.04081	0.00506	7.288	0.526	0.161
SCP	65	0.154	0.148	0.141	0.150	0.180	0.060	0.240	0.00182	0.04264	0.00529	27.663	-0.012	-0.438
PD	64	0.469	0.465	0.462	0.470	0.450	0.360	0.670	0.00310	0.05569	0.00696	11.884	0.515	1.603
PP	62	0.172	0.169	0.166	0.165	0.150	0.120	0.290	0.00106	0.03257	0.00414	18.960	1.113	2.004
AD	59	0.082	0.079	0.076	0.080	0.080	0.040	0.160	0.00048	0.02195	0.00286	26.763	0.814	1.954
AP	19	0.054	0.053	0.052	0.050	0.050	0.040	0.070	0.00008	0.00895	0.00205	16.673	0.183	-0.454
HP/PHD*	41	3.037	2.632	2.301	2.500	Multiple	1.000	8.500	3.16831	1.77997	0.27799	58.605	1.614	2.805
SCP/DSD*	65	0.278	0.265	0.251	0.274	0.333	0.111	0.490	0.00702	0.08380	0.01039	30.175	0.231	-0.260

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 71. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F de la localidad San Carlos de Guaroa, Palmeras - Meta.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F(1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.48	2.561	-4.460	239	<0.0001	144	97	0.1316	0.1474	1.2547	0.2174	1.6002	239	0.2071
BP+PHP	0.146	0.151	-1.840	147	0.0674	88	61	0.0175	0.0166	1.1134	0.6637	0.2052	147	0.6512
PHD	0.059	0.061	-0.74	194	0.4622	111	85	0.0214	0.0237	1.2304	0.3068	1.3437	194	0.2478
HP	0.150	0.149	0.264	208	0.7924	120	90	0.0228	0.0206	1.2262	0.3120	1.2743	208	0.2603
HD	0.150	0.152	-0.340	175	0.7363	106	71	0.0305	0.0545	3.1942	<0.0001	0.3329	175	0.5647
PSP	0.074	0.062	1.850	178	0.0660	108	72	0.0543	0.0231	5.5573	<0.0001	1.0578	178	0.3051
PSD	0.286	0.272	1.216	33	0.2327	26	9	0.0315	0.0228	1.9109	0.3448	1.6697	33	0.2053
SP	0.045	0.044	0.084	34	0.9332	29	7	0.0164	0.0079	4.3408	0.0736	4.3640	34	0.0443
PRSD	0.100	0.063	4.381	34	0.0001	29	7	0.0215	0.0138	2.4181	0.2726	1.3745	34	0.2492
ASP	0.102	0.095	1.627	232	0.1052	141	93	0.0296	0.0329	1.2413	0.2474	0.7262	232	0.395
DSD	0.563	0.627	-9.410	235	<0.0001	142	95	0.0485	0.0542	1.249	0.2309	0.9792	235	0.3234
SCP	0.156	0.156	0.002	236	0.9983	142	96	0.0425	0.0428	1.0177	0.9160	0.1225	236	0.7266
PD	0.472	0.578	-14.700	228	<0.0001	139	91	0.0535	0.0541	1.0221	0.8988	0.2362	228	0.6274
PP	0.175	0.18	-1.100	222	0.274	136	88	0.0322	0.0271	1.4081	0.0860	5.1684	222	0.024
AD	0.088	0.113	-7.540	209	<0.0001	128	83	0.0229	0.0267	1.3514	0.1267	3.2559	209	0.0726
AP	0.055	0.064	-3.170	92	0.0021	49	45	0.0094	0.0177	3.5441	<0.0001	3.8382	92	0.0531
HP/PHD*	3.055	2.939	0.510	194	0.6107	111	85	1.6776	1.4601	1.3200	0.1829	0.001	194	0.9753
SCP/DSD*	0.280	0.253	2.487	235	0.0136	142	95	0.0822	0.077	1.1415	0.4932	0.5826	235	0.4461

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 72. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	14	2.764	2.762	2.759	2.750	2.700	2.500	3.000	0.01555	0.12470	0.03333	4.511	-0.171	0.576
BP+PHP	13	0.154	0.153	0.152	0.150	0.140	0.130	0.200	0.00034	0.01850	0.00513	12.026	1.289	2.130
PHD	14	0.066	0.063	0.059	0.070	0.070	0.030	0.090	0.00033	0.01828	0.00488	27.814	-0.839	-0.465
HP	13	0.146	0.144	0.142	0.130	0.130	0.120	0.200	0.00069	0.02631	0.00730	18.003	0.820	-0.463
HD	13	0.148	0.146	0.144	0.140	Multiple	0.100	0.190	0.00065	0.02544	0.00706	17.139	0.059	-0.292
PSP	14	0.066	0.063	0.060	0.070	0.080	0.030	0.100	0.00041	0.02023	0.00541	30.457	-0.210	-0.785
PSD	1	0.270	0.270	0.270	0.270	0.270	0.270	0.270	-	-	-	-	-	-
SP	1	0.060	0.060	0.060	0.060	0.060	0.060	0.060	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	-	-	-	-	-	-
ASP	14	0.111	0.108	0.104	0.100	Multiple	0.070	0.170	0.00091	0.03009	0.00804	27.005	0.473	-0.800
DSD	14	0.651	0.648	0.645	0.655	Multiple	0.520	0.720	0.00359	0.05993	0.01602	9.210	-0.979	0.445
SCP	14	0.171	0.160	0.148	0.175	Multiple	0.070	0.290	0.00370	0.06082	0.01626	35.629	0.167	-0.360
PD	11	0.635	0.634	0.633	0.610	0.600	0.580	0.720	0.00211	0.04591	0.01384	7.224	0.737	-0.657
PP	9	0.199	0.197	0.195	0.200	0.200	0.150	0.240	0.00084	0.02892	0.00964	14.539	-0.257	-0.537
AD	8	0.086	0.084	0.082	0.080	0.080	0.060	0.120	0.00040	0.01996	0.00706	23.137	0.690	-0.219
AP	2	0.085	0.085	0.085	0.085	Multiple	0.080	0.090	0.00005	0.00707	0.00500	8.319	-	-
HP/PHD*	13	2.234	2.168	2.102	2.143	Multiple	1.444	3.250	0.32523	0.57029	0.15817	25.525	0.353	-0.840
SCP/DSD*	14	0.265	0.247	0.230	0.257	0.257	0.135	0.527	0.01124	0.10600	0.02833	40.007	1.006	1.628

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 73. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	15	2.773	2.771	2.768	2.850	2.850	2.550	3.000	0.01638	0.12799	0.03305	4.615	-0.162	-1.005
BP+PHP	6	0.160	0.160	0.159	0.155	0.150	0.150	0.180	0.00016	0.01265	0.00516	7.906	0.889	-0.781
PHD	13	0.075	0.071	0.067	0.080	0.080	0.030	0.100	0.00041	0.02025	0.00562	27.146	-1.250	1.014
HP	14	0.158	0.157	0.156	0.160	0.160	0.130	0.190	0.00036	0.01888	0.00505	11.963	0.039	-0.947
HD	14	0.149	0.145	0.141	0.160	0.160	0.080	0.210	0.00110	0.03316	0.00886	22.211	-0.488	0.640
PSP	14	0.074	0.069	0.066	0.065	0.060	0.040	0.130	0.00069	0.02620	0.00700	35.607	0.713	0.084
PSD	3	0.273	0.273	0.272	0.270	Multiple	0.250	0.300	0.00063	0.02517	0.01453	-	0.586	-
SP	3	0.050	0.047	0.044	0.050	Multiple	0.030	0.070	0.00040	0.02000	0.01155	-	0.000	-
PRSD	3	0.113	0.107	0.101	0.110	Multiple	0.070	0.160	0.00203	0.04509	0.02603	-	0.331	-
ASP	15	0.106	0.099	0.090	0.110	0.130	0.030	0.150	0.00113	0.03355	0.00866	31.653	-0.764	0.113
DSD	14	0.648	0.644	0.641	0.680	Multiple	0.490	0.720	0.00439	0.06624	0.01770	10.224	-1.196	0.866
SCP	14	0.184	0.178	0.172	0.175	Multiple	0.110	0.260	0.00243	0.04926	0.01316	26.729	0.118	-1.356
PD	11	0.611	0.610	0.609	0.600	0.600	0.540	0.670	0.00147	0.03833	0.01156	6.274	-0.176	-0.160
PP	9	0.197	0.196	0.194	0.190	0.180	0.170	0.240	0.00053	0.02291	0.00764	11.651	0.846	-0.108
AD	8	0.085	0.084	0.082	0.085	Multiple	0.060	0.110	0.00026	0.01604	0.00567	18.865	0.000	-0.311
AP	2	0.065	0.065	0.065	0.065	Multiple	0.060	0.070	0.00005	0.00707	0.00500	10.879	-	-
HP/PHD*	13	2.411	2.199	2.059	1.889	Multiple	1.500	6.000	1.63231	1.27762	0.35435	52.987	2.218	5.126
SCP/DSD*	14	0.287	0.276	0.266	0.258	Multiple	0.186	0.456	0.00723	0.08506	0.02273	29.604	0.653	-0.627

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 74. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala derecha (mm.) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	17	2.612	2.609	2.605	2.600	2.600	2.350	2.800	0.01735	0.13173	0.03195	5.044	-0.661	-0.263
BP+PHP	16	0.148	0.147	0.145	0.150	Multiple	0.110	0.190	0.00042	0.02040	0.00510	13.774	0.074	0.063
PHD	16	0.073	0.070	0.068	0.070	0.050	0.050	0.110	0.00048	0.02182	0.00546	29.844	0.554	-0.983
HP	16	0.158	0.155	0.152	0.155	0.130	0.110	0.210	0.00091	0.03022	0.00756	19.188	0.207	-1.051
HD	17	0.134	0.125	0.116	0.150	0.180	0.050	0.200	0.00209	0.04570	0.01108	34.072	-0.338	-1.141
PSP	17	0.076	0.069	0.061	0.080	0.080	0.020	0.140	0.00100	0.03163	0.00767	41.689	0.336	0.136
PSD	3	0.307	0.305	0.304	0.290	Multiple	0.280	0.350	0.00143	0.03786	0.02186	-	1.597	-
SP	3	0.053	0.052	0.051	0.050	Multiple	0.040	0.070	0.00023	0.01528	0.00882	-	0.935	-
PRSD	3	0.083	0.081	0.079	0.090	Multiple	0.060	0.100	0.00043	0.02082	0.01202	-	-1.293	-
ASP	16	0.109	0.105	0.101	0.115	Multiple	0.060	0.170	0.00097	0.03108	0.00777	28.420	0.097	-0.705
DSD	16	0.548	0.544	0.540	0.555	Multiple	0.410	0.690	0.00446	0.06678	0.01670	12.198	-0.124	0.852
SCP	17	0.154	0.146	0.139	0.140	Multiple	0.080	0.250	0.00255	0.05050	0.01225	32.770	0.323	-1.010
PD	15	0.483	0.480	0.477	0.480	Multiple	0.380	0.590	0.00291	0.05391	0.01392	11.170	0.077	0.031
PP	12	0.200	0.198	0.196	0.195	Multiple	0.150	0.250	0.00089	0.02985	0.00862	14.924	0.222	-0.623
AD	11	0.077	0.072	0.066	0.070	Multiple	0.030	0.150	0.00100	0.03165	0.00954	40.961	1.045	2.088
AP	2	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.00000	0.00000	0.00000	0.000	-	-
HP/PHD*	16	2.420	2.205	1.997	2.214	1.625	1.000	4.000	1.06388	1.03144	0.25786	42.619	0.190	-1.588
SCP/DSD*	16	0.293	0.276	0.260	0.272	Multiple	0.148	0.472	0.01103	0.10500	0.02625	35.885	0.541	-0.918

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 75. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm.) y de las manchas costales del ala izquierda (mm.) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Fuente de Oro, Caño blanco-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	13	2.635	2.632	2.629	2.650	Multiple	2.400	2.800	0.01599	0.12647	0.03508	4.800	-0.832	-0.417
BP+PHP	8	0.155	0.154	0.153	0.160	0.170	0.130	0.170	0.00029	0.01690	0.00598	10.905	-0.828	-0.973
PHD	10	0.075	0.069	0.064	0.075	0.040	0.040	0.120	0.00089	0.02991	0.00946	39.876	0.109	-1.449
HP	11	0.142	0.135	0.128	0.160	Multiple	0.070	0.190	0.00168	0.04094	0.01234	28.870	-0.662	-0.763
HD	11	0.147	0.139	0.130	0.150	0.200	0.070	0.210	0.00254	0.05042	0.01520	34.233	-0.102	-1.578
PSP	12	0.066	0.061	0.057	0.055	0.050	0.030	0.120	0.00072	0.02678	0.00773	40.686	1.047	0.393
PSD	3	0.313	0.311	0.308	0.320	Multiple	0.260	0.360	0.00253	0.05033	0.02906	-	-0.586	-
SP	3	0.037	0.034	0.032	0.040	Multiple	0.020	0.050	0.00023	0.01528	0.00882	-	-0.935	-
PRSD	3	0.113	0.113	0.113	0.120	0.120	0.100	0.120	0.00013	0.01155	0.00667	-	-1.732	-
ASP	13	0.112	0.106	0.096	0.120	Multiple	0.030	0.140	0.00075	0.02734	0.00758	24.511	-2.417	7.243
DSD	12	0.549	0.546	0.543	0.560	0.560	0.440	0.650	0.00366	0.06052	0.01747	11.021	-0.391	-0.125
SCP	12	0.163	0.157	0.152	0.165	0.190	0.100	0.250	0.00195	0.04413	0.01274	27.159	0.348	-0.303
PD	11	0.488	0.487	0.486	0.480	0.480	0.420	0.540	0.00120	0.03459	0.01043	7.085	-0.380	0.325
PP	10	0.193	0.192	0.190	0.190	Multiple	0.160	0.230	0.00062	0.02497	0.00790	12.936	0.270	-0.821
AD	8	0.080	0.078	0.076	0.080	0.080	0.050	0.120	0.00037	0.01927	0.00681	24.091	0.958	3.500
AP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HP/PHD*	10	2.324	1.899	1.500	2.143	3.000	0.583	4.750	2.02576	1.42329	0.45008	61.241	0.509	-0.792
SCP/DSD*	12	0.305	0.288	0.272	0.290	0.339	0.169	0.543	0.01242	0.11143	0.03217	36.582	0.932	0.461

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 76. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F de la localidad Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.622	2.769	-4.488	57	0.0000	30	29	0.1278	0.1242	1.0579	0.8834	0.0661	57	0.7980
BP+PHP	0.150	0.156	-0.962	41	0.3416	24	19	0.0192	0.0168	1.3132	0.5603	0.5580	41	0.4593
PHD	0.074	0.070	0.632	51	0.5302	26	27	0.0247	0.0194	1.6147	0.2315	2.7952	51	0.1007
HP	0.151	0.152	-0.137	52	0.8913	27	27	0.0351	0.0231	2.3125	0.0369	4.1048	52	0.0479
HD	0.139	0.149	-0.905	53	0.3696	28	27	0.0471	0.0291	2.6177	0.0164	10.9930	53	0.0017
PSP	0.072	0.070	0.244	55	0.8084	29	28	0.0296	0.0233	1.6257	0.2105	1.2563	55	0.2672
PSD	0.310	0.273	1.706	8	0.1264	6	4	0.0400	0.0206	3.7647	0.3044	3.9757	8	0.0813
SP	0.045	0.053	-0.697	8	0.5057	6	4	0.0164	0.0171	1.0802	0.8740	0.0170	8	0.8994
PRSD	0.098	0.108	-0.482	8	0.6430	6	4	0.0223	0.0386	3.0034	0.2673	1.1039	8	0.3241
ASP	0.110	0.109	0.217	56	0.8290	29	29	0.0290	0.0315	1.1808	0.6632	0.9529	56	0.3332
DSD	0.548	0.649	-6.050	54	0.0000	28	28	0.0630	0.0620	1.0330	0.9334	0.0510	54	0.8221
SCP	0.158	0.178	-1.471	55	0.1471	29	28	0.0473	0.0547	1.3378	0.4486	0.3441	55	0.5599
PD	0.485	0.623	-10.671	46	0.0000	26	22	0.0460	0.0431	1.1361	0.7729	0.0018	46	0.9665
PP	0.197	0.198	-0.114	38	0.9097	22	18	0.0273	0.0253	1.1631	0.7597	0.1323	38	0.7181
AD	0.078	0.086	-0.929	33	0.3598	19	16	0.0265	0.0175	2.2953	0.1100	0.4966	33	0.4860
AP	0.070	0.075	-0.516	4	0.6328	2	4	0.0000	0.0129	0.0000	1.0000	-	-	-
HP/PHD*	2.383	2.323	0.203	50	0.8402	26	26	1.1704	0.9735	1.4454	0.3632	3.8824	50	0.0543
SCP/DSD*	0.298	0.276	0.804	54	0.4249	28	28	0.1059	0.0950	1.2436	0.5751	0.6815	54	0.4127

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 77. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	25	2.796	2.792	2.787	2.850	2.900	2.400	3.000	0.02519	0.15872	0.03174	5.677	-0.881	0.227
BP+PHP	24	0.161	0.159	0.157	0.165	0.180	0.110	0.200	0.00070	0.02643	0.00539	16.389	-0.394	-0.927
PHD	25	0.064	0.058	0.051	0.060	0.070	0.020	0.150	0.00080	0.02828	0.00566	44.194	0.949	2.283
HP	25	0.160	0.157	0.154	0.170	0.170	0.100	0.200	0.00075	0.02746	0.00549	17.205	-0.585	-0.327
HD	24	0.157	0.153	0.150	0.160	0.170	0.090	0.240	0.00122	0.03495	0.00713	22.250	0.499	0.826
PSP	24	0.072	0.067	0.056	0.075	0.080	0.010	0.120	0.00053	0.02303	0.00470	31.945	-0.464	1.479
PSD	4	0.270	0.269	0.268	0.260	0.250	0.250	0.310	0.00080	0.02828	0.01414	10.476	1.414	1.500
SP	2	0.045	0.045	0.044	0.045	Multiple	0.040	0.050	0.00005	0.00707	0.00500	15.713	-	-
PRSD	2	0.075	0.060	0.048	0.075	Multiple	0.030	0.120	0.00405	0.06364	0.04500	84.853	-	-
ASP	22	0.102	0.095	0.083	0.110	0.120	0.020	0.140	0.00094	0.03065	0.00653	30.102	-1.215	1.120
DSD	23	0.670	0.666	0.662	0.680	Multiple	0.460	0.750	0.00502	0.07087	0.01478	10.571	-1.271	1.974
SCP	24	0.163	0.155	0.147	0.170	0.140	0.070	0.250	0.00217	0.04656	0.00950	28.649	-0.148	-0.546
PD	23	0.640	0.637	0.634	0.670	0.670	0.520	0.720	0.00320	0.05661	0.01180	8.851	-0.741	-0.508
PP	23	0.207	0.204	0.200	0.210	0.200	0.130	0.280	0.00136	0.03686	0.00769	17.809	-0.236	-0.306
AD	20	0.100	0.098	0.096	0.100	0.110	0.060	0.150	0.00038	0.01947	0.00435	19.467	0.285	1.411
AP	8	0.074	0.073	0.071	0.070	0.070	0.050	0.100	0.00020	0.01408	0.00498	19.090	0.339	2.053
HP/PHD*	24	3.249	2.663	2.213	2.381	2.286	0.667	9.500	5.29366	2.30080	0.46965	70.819	1.671	2.371
SCP/DSD*	12	0.270	0.252	0.237	0.226	Multiple	0.160	0.500	0.01214	0.11016	0.03180	40.822	1.011	0.045

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 78. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	20	2.805	2.800	2.796	2.850	2.900000	2.400	3.000	0.02603	0.16133	0.03607	5.751	-1.218	0.859
BP+PHP	10	0.211	0.194	0.185	0.170	Multiple	0.160	0.550	0.01437	0.11986	0.03790	56.804	3.091	9.660
PHD	15	0.068	0.066	0.063	0.070	.0800000	0.040	0.100	0.00029	0.01699	0.00439	24.981	-0.246	-0.344
HP	16	0.155	0.151	0.146	0.160	Multiple	0.070	0.200	0.00101	0.03183	0.00796	20.537	-1.247	2.287
HD	18	0.152	0.148	0.144	0.150	Multiple	0.080	0.240	0.00131	0.03623	0.00854	23.799	0.433	1.107
PSP	18	0.077	0.074	0.070	0.075	Multiple	0.030	0.130	0.00054	0.02321	0.00547	30.061	0.348	0.797
PSD	2	0.285	0.285	0.284	0.285	Multiple	0.270	0.300	0.00045	0.02121	0.01500	7.443	-	-
SP	2	0.060	0.057	0.053	0.060	Multiple	0.040	0.080	0.00080	0.02828	0.02000	47.140	-	-
PRSD	2	0.055	0.049	0.044	0.055	Multiple	0.030	0.080	0.00125	0.03536	0.02500	64.282	-	-
ASP	18	0.111	0.107	0.102	0.120	.1300000	0.050	0.140	0.00073	0.02711	0.00639	24.522	-1.122	0.288
DSD	19	0.660	0.657	0.653	0.680	Multiple	0.480	0.730	0.00438	0.06616	0.01518	10.025	-1.370	1.545
SCP	20	0.163	0.155	0.147	0.160	.1600000	0.070	0.230	0.00201	0.04482	0.01002	27.584	-0.608	-0.183
PD	18	0.618	0.597	0.555	0.650	.6500000	0.170	0.720	0.01455	0.12061	0.02843	19.524	-3.300	12.432
PP	15	0.213	0.209	0.205	0.210	.2300000	0.140	0.300	0.00190	0.04353	0.01124	20.407	0.273	0.086
AD	14	0.094	0.089	0.083	0.100	Multiple	0.050	0.150	0.00101	0.03180	0.00850	33.723	0.028	-1.073
AP	4	0.083	0.082	0.081	0.080	.0800000	0.070	0.100	0.00016	0.01258	0.00629	15.252	1.129	2.227
HP/PHD*	15	2.456	2.253	2.019	2.286	Multiple	0.700	4.500	0.99372	0.99685	0.25739	40.589	0.510	0.096
SCP/DSD*	13	0.257	0.240	0.222	0.263	Multiple	0.099	0.479	0.00893	0.09448	0.02620	36.711	0.629	1.801

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 79. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	40	2.720	2.716	2.713	2.700	Multiple	2.400	3.000	0.02074	0.14403	0.02277	5.295	-0.051	-0.647
BP+PHP	35	0.157	0.156	0.156	0.160	0.160	0.130	0.190	0.00020	0.01430	0.00242	9.118	0.338	0.333
PHD	38	0.060	0.056	0.052	0.060	0.050	0.020	0.130	0.00045	0.02124	0.00345	35.562	0.750	2.136
HP	38	0.166	0.163	0.160	0.170	0.180	0.090	0.220	0.00075	0.02738	0.00444	16.542	-0.669	0.420
HD	32	0.155	0.150	0.145	0.150	0.150	0.060	0.230	0.00121	0.03473	0.00614	22.453	-0.270	0.834
PSP	33	0.073	0.067	0.061	0.070	0.090	0.020	0.120	0.00080	0.02834	0.00493	38.803	0.102	-1.031
PSD	13	0.328	0.315	0.291	0.350	0.350	0.100	0.390	0.00520	0.07209	0.02000	21.949	-3.021	10.090
SP	14	0.081	0.064	0.054	0.050	0.050	0.020	0.330	0.00597	0.07725	0.02065	94.864	2.910	9.387
PRSD	14	0.088	0.085	0.082	0.090	Multiple	0.050	0.120	0.00048	0.02190	0.00585	24.928	-0.297	-0.309
ASP	39	0.109	0.101	0.088	0.120	0.120	0.020	0.160	0.00124	0.03516	0.00563	32.118	-0.881	0.451
DSD	36	0.650	0.648	0.646	0.660	0.680	0.530	0.780	0.00238	0.04881	0.00814	7.510	-0.156	0.840
SCP	34	0.136	0.125	0.113	0.130	Multiple	0.040	0.240	0.00255	0.05052	0.00866	37.263	0.031	-0.756
PD	34	0.530	0.510	0.451	0.535	Multiple	0.070	0.680	0.00928	0.09634	0.01652	18.168	-3.244	16.111
PP	35	0.197	0.192	0.189	0.200	0.200	0.130	0.470	0.00287	0.05357	0.00905	27.210	3.995	20.646
AD	32	0.088	0.086	0.083	0.085	0.080	0.050	0.140	0.00039	0.01979	0.00350	22.542	0.537	1.037
AP	7	0.057	0.056	0.054	0.050	0.050	0.040	0.080	0.00019	0.01380	0.00522	24.152	0.706	-0.326
HP/PHD*	37	3.327	2.912	2.548	2.833	Multiple	0.692	11.000	3.69933	1.92336	0.31620	57.813	2.047	5.965
SCP/DSD*	17	0.218	0.197	0.173	0.239	Multiple	0.056	0.377	0.00775	0.08803	0.02135	40.410	-0.056	-0.463

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 80. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	31	2.735	2.733	2.731	2.750	2.650	2.550	2.900	0.01153	0.10739	0.01929	3.926	-0.114	-1.055
BP+PHP	7	0.166	0.165	0.165	0.170	0.170	0.150	0.180	0.00010	0.00976	0.00369	5.889	-0.277	0.042
PHD	18	0.058	0.054	0.050	0.050	Multiple	0.030	0.100	0.00052	0.02282	0.00538	39.114	0.297	-1.343
HP	20	0.163	0.161	0.159	0.165	0.170	0.110	0.200	0.00065	0.02557	0.00572	15.685	-0.351	-0.295
HD	19	0.160	0.155	0.150	0.170	0.190	0.090	0.230	0.00148	0.03844	0.00882	24.026	-0.216	-0.754
PSP	19	0.078	0.074	0.070	0.070	0.070	0.030	0.130	0.00061	0.02478	0.00568	31.598	0.251	-0.039
PSD	9	0.316	0.313	0.310	0.310	0.310	0.240	0.370	0.00175	0.04187	0.01396	13.267	-0.439	-0.321
SP	9	0.056	0.052	0.047	0.060	0.060	0.020	0.090	0.00038	0.01944	0.00648	34.986	-0.108	1.267
PRSD	9	0.098	0.092	0.086	0.080	Multiple	0.060	0.180	0.00157	0.03962	0.01321	40.517	1.189	1.072
ASP	30	0.107	0.103	0.097	0.110	Multiple	0.040	0.170	0.00085	0.02924	0.00534	27.238	-0.330	0.280
DSD	27	0.641	0.639	0.637	0.650	0.620	0.550	0.750	0.00244	0.04938	0.00950	7.706	0.186	0.163
SCP	27	0.140	0.132	0.121	0.140	0.180	0.050	0.230	0.00206	0.04540	0.00874	32.432	-0.253	-0.354
PD	26	0.517	0.515	0.514	0.510	Multiple	0.450	0.630	0.00160	0.03998	0.00784	7.734	0.762	1.199
PP	26	0.182	0.180	0.178	0.180	0.180	0.130	0.230	0.00073	0.02708	0.00531	14.919	-0.032	-0.800
AD	27	0.084	0.080	0.077	0.080	0.070	0.040	0.150	0.00062	0.02483	0.00478	29.664	0.664	0.498
AP	9	0.054	0.054	0.054	0.050	0.050	0.050	0.070	0.00005	0.00726	0.00242	13.344	1.501	1.467
HP/PHD*	18	3.422	3.027	2.677	2.900	2.143	1.222	6.667	2.90251	1.70368	0.40156	49.790	0.495	-1.123
SCP/DSD*	15	0.211	0.191	0.169	0.194	Multiple	0.068	0.390	0.00772	0.08789	0.02269	41.569	0.113	-0.145

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 81. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F de la localidad Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.800	2.727	2.730	114	0.0073	45	71	0.1581	0.1287	1.5097	0.1220	1.9793	114	0.1622
BP+PHP	0.176	0.158	1.583	74	0.1176	34	42	0.0702	0.0140	25.3398	0.0000	4.0579	74	0.0476
PHD	0.066	0.059	1.315	94	0.1916	40	56	0.0245	0.0216	1.2900	0.3803	0.1842	94	0.6688
HP	0.158	0.165	-1.218	97	0.2263	41	58	0.0289	0.0266	1.1863	0.5470	0.0891	97	0.7660
HD	0.155	0.157	-0.225	91	0.8225	42	51	0.0351	0.0359	1.0415	0.8998	0.1606	91	0.6895
PSP	0.074	0.075	-0.136	92	0.8919	42	52	0.0230	0.0270	1.3790	0.2900	3.0580	92	0.0837
PSD	0.275	0.323	-1.881	26	0.0712	6	22	0.0251	0.0607	5.8411	0.0592	0.9478	26	0.3393
SP	0.053	0.071	-0.594	25	0.5578	4	23	0.0189	0.0619	10.6885	0.0744	0.6188	25	0.4389
PRSD	0.065	0.092	-1.560	25	0.1314	4	23	0.0436	0.0296	2.1624	0.2426	1.5922	25	0.2187
ASP	0.106	0.109	-0.450	107	0.6534	40	69	0.0291	0.0325	1.2497	0.4553	0.3154	107	0.5756
DSD	0.666	0.646	1.723	103	0.0878	42	63	0.0682	0.0489	1.9443	0.0175	4.2499	103	0.0418
SCP	0.163	0.138	2.693	103	0.0083	44	61	0.0452	0.0480	1.1246	0.6917	0.3206	103	0.5725
PD	0.630	0.525	6.322	99	0.0000	41	60	0.0898	0.0769	1.3639	0.2744	0.5004	99	0.4810
PP	0.209	0.190	2.174	97	0.0322	38	61	0.0392	0.0446	1.2965	0.4007	0.5576	97	0.4571
AD	0.098	0.086	2.344	91	0.0213	34	59	0.0250	0.0221	1.2745	0.4132	0.5567	91	0.4575
AP	0.077	0.056	4.644	26	0.0001	12	16	0.0137	0.0103	1.7683	0.3017	0.3864	26	0.5396
HP/PHD*	2.944	3.358	-1.054	92	0.2948	39	55	1.9295	1.8390	1.1008	0.7360	0.0310	92	0.8606
SCP/DSD*	0.263	0.215	1.958	55	0.0553	25	32	0.1003	0.0866	1.3424	0.4363	0.2479	55	0.6205

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 82. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies hembras de *An. albicans* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	13	2.673	2.667	2.661	2.600	2.600	2.400	3.050	0.03609	0.18997	0.05269	7.107	0.871	0.198
BP+PHP	12	0.148	0.147	0.146	0.145	Multiple	0.120	0.170	0.00028	0.01658	0.00479	11.243	-0.099	-1.210
PHD	11	0.089	0.088	0.087	0.090	0.080	0.070	0.110	0.00021	0.01446	0.00436	16.231	0.190	-1.245
HP	13	0.155	0.153	0.150	0.170	Multiple	0.110	0.190	0.00081	0.02847	0.00789	18.319	-0.649	-1.167
HD	11	0.148	0.146	0.144	0.150	0.150	0.100	0.200	0.00070	0.02639	0.00796	17.808	0.080	0.979
PSP	13	0.068	0.064	0.060	0.060	0.060	0.030	0.100	0.00052	0.02279	0.00632	33.662	0.036	-1.109
PSD	1	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	-	-	-	-	-	-
SP	1	0.040	0.040	0.040	0.040	0.040	0.040	0.040	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	-	-	-	-	-	-
ASP	11	0.112	0.104	0.095	0.100	0.100	0.040	0.200	0.00176	0.04191	0.01264	37.480	0.462	1.288
DSD	9	0.638	0.637	0.636	0.640	0.650	0.590	0.700	0.00109	0.03308	0.01103	5.187	0.384	0.489
SCP	13	0.173	0.167	0.161	0.170	0.200	0.090	0.250	0.00197	0.04442	0.01232	25.665	-0.215	-0.331
PD	6	0.548	0.547	0.546	0.540	Multiple	0.500	0.620	0.00182	0.04262	0.01740	7.773	0.916	0.710
PP	6	0.178	0.171	0.163	0.205	0.210	0.100	0.220	0.00254	0.05037	0.02056	28.242	-1.051	-0.990
AD	5	0.128	0.122	0.117	0.120	0.090	0.090	0.200	0.00207	0.04550	0.02035	35.545	1.171	1.064
AP	1	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	-	-	-	-	-	-
HP/PHD*	11	1.737	1.676	1.611	1.875	2.000	1.000	2.429	0.210225	0.458503	0.138244	26.399	-0.315	-0.787
SCP/DSD*	9	0.251	0.241	0.231	0.238	Multiple	0.145	0.373	0.005553	0.074516	0.024839	29.718	0.392	-0.801

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 83. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	9	2.633	2.632	2.630	2.600	2.750	2.500	2.750	0.00938	0.09682	0.03227	3.677	0.207	-1.613
BP+PHP	5	0.150	0.150	0.150	0.150	0.150	0.140	0.160	0.00005	0.00707	0.00316	4.714	0.000	2.000
PHD	6	0.097	0.095	0.094	0.105	0.110	0.070	0.110	0.00031	0.01751	0.00715	18.116	-0.919	-1.205
HP	6	0.150	0.149	0.148	0.150	0.150	0.130	0.190	0.00048	0.02191	0.00894	14.606	1.369	2.500
HD	7	0.144	0.144	0.143	0.150	0.150	0.120	0.160	0.00020	0.01397	0.00528	9.684	-1.079	0.167
PSP	9	0.077	0.072	0.068	0.080	Multiple	0.040	0.120	0.00075	0.02739	0.00913	35.721	0.261	-0.946
PSD	1	0.240	0.240	0.240	0.240	0.240	0.240	0.240	-	-	-	-	-	-
SP	1	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	-	-	-	-	-	-
ASP	9	0.098	0.088	0.075	0.110	0.120	0.030	0.140	0.00142	0.03768	0.01256	38.532	-1.185	0.238
DSD	9	0.628	0.627	0.626	0.640	0.650	0.580	0.690	0.00139	0.03734	0.01245	5.948	0.094	-0.871
SCP	8	0.169	0.166	0.163	0.180	0.180	0.120	0.220	0.00110	0.03314	0.01172	19.638	-0.168	-0.586
PD	6	0.548	0.546	0.544	0.550	0.550	0.480	0.610	0.00270	0.05193	0.02120	9.470	-0.128	-1.548
PP	5	0.178	0.171	0.163	0.190	Multiple	0.100	0.230	0.00257	0.05070	0.02267	28.480	-0.976	0.611
AD	5	0.138	0.134	0.131	0.130	Multiple	0.100	0.180	0.00127	0.03564	0.01594	25.824	0.272	-2.680
AP	3	0.073	0.070	0.068	0.070	Multiple	0.050	0.100	0.00063	0.02517	0.01453	-	0.586	-
HP/PHD*	6	1.633	1.562	1.506	1.364	1.364	1.182	2.714	0.337462	0.580915	0.237157	35.572	1.699	2.567
SCP/DSD*	8	0.268	0.263	0.257	0.269	Multiple	0.188	0.338	0.003147	0.056099	0.019834	20.898	-0.258	-1.283

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 84. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	25	2.502	2.500	2.497	2.500	Multiple	2.250	2.700	0.01239	0.11132	0.02226	4.449	-0.670	0.428
BP+PHP	20	0.145	0.144	0.143	0.150	0.160	0.100	0.160	0.00025	0.01572	0.00352	10.879	-1.298	2.048
PHD	25	0.077	0.073	0.067	0.080	0.080	0.020	0.120	0.00051	0.02268	0.00454	29.530	-0.383	0.631
HP	24	0.144	0.141	0.137	0.140	0.130	0.080	0.220	0.00106	0.03256	0.00665	22.585	0.260	0.448
HD	21	0.144	0.138	0.132	0.150	0.160	0.060	0.200	0.00149	0.03866	0.00844	26.884	-0.303	-0.416
PSP	22	0.073	0.065	0.057	0.080	Multiple	0.020	0.160	0.00107	0.03272	0.00698	44.705	0.442	0.996
PSD	3	0.273	0.271	0.268	0.270	Multiple	0.230	0.320	0.00203	0.04509	0.02603	16.497	0.331	-
SP	3	0.047	0.044	0.041	0.040	Multiple	0.030	0.070	0.00043	0.02082	0.01202	44.607	1.293	-
PRSD	3	0.143	0.142	0.140	0.140	Multiple	0.120	0.170	0.00063	0.02517	0.01453	17.558	0.586	-
ASP	25	0.103	0.096	0.088	0.100	Multiple	0.030	0.170	0.00125	0.03542	0.00708	34.452	-0.037	-0.517
DSD	22	0.568	0.565	0.563	0.570	0.590	0.450	0.650	0.00283	0.05318	0.01134	9.367	-0.354	-0.167
SCP	22	0.159	0.156	0.152	0.150	0.150	0.100	0.230	0.00121	0.03477	0.00741	21.853	0.548	-0.411
PD	16	0.442	0.440	0.439	0.440	0.480	0.380	0.510	0.00151	0.03885	0.00971	8.793	-0.045	-0.959
PP	11	0.178	0.174	0.170	0.180	0.180	0.100	0.240	0.00136	0.03683	0.01110	20.669	-0.514	1.303
AD	10	0.077	0.074	0.071	0.070	Multiple	0.050	0.130	0.00065	0.02541	0.00803	32.997	0.979	0.616
AP	4	0.060	0.059	0.058	0.055	0.050	0.050	0.080	0.00020	0.01414	0.00707	23.570	1.414	1.500
HP/PHD*	24	2.281	1.951	1.736	1.804	1.750	0.909	8.000	2.461243	1.568835	0.320237	68.791	2.426	7.112
SCP/DSD*	22	0.285	0.275	0.266	0.266	0.200	0.182	0.442	0.006059	0.077837	0.016595	27.325	0.626	-0.640

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 85. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	25	2.526	2.524	2.521	2.550	2.550	2.200	2.650	0.01148	0.10716	0.02143	4.242	-1.327	2.847
BP+PHP	10	0.156	0.156	0.156	0.150	0.150	0.150	0.180	0.00009	0.00966	0.00306	6.193	1.959	4.187
PHD	18	0.078	0.073	0.067	0.070	0.070	0.030	0.140	0.00074	0.02713	0.00639	34.879	0.264	0.795
HP	20	0.151	0.147	0.144	0.155	Multiple	0.100	0.200	0.00093	0.03052	0.00682	20.277	-0.077	-1.369
HD	19	0.142	0.138	0.134	0.130	0.130	0.080	0.200	0.00114	0.03371	0.00773	23.809	0.217	-0.461
PSP	19	0.075	0.069	0.062	0.070	0.090	0.030	0.130	0.00082	0.02855	0.00655	38.203	-0.009	-0.412
PSD	4	0.290	0.289	0.287	0.290	Multiple	0.250	0.330	0.00113	0.03367	0.01683	11.609	0.000	-0.161
SP	4	0.048	0.047	0.047	0.050	0.050	0.040	0.050	0.00003	0.00500	0.00250	10.526	-2.000	4.000
PRSD	4	0.113	0.111	0.110	0.115	0.130	0.090	0.130	0.00043	0.02062	0.01031	18.325	-0.200	-4.858
ASP	24	0.110	0.103	0.094	0.120	0.070	0.030	0.180	0.00150	0.03873	0.00791	35.074	-0.103	-0.838
DSD	23	0.563	0.560	0.558	0.560	Multiple	0.450	0.650	0.00269	0.05189	0.01082	9.224	-0.118	-0.445
SCP	23	0.164	0.160	0.156	0.160	0.120	0.090	0.230	0.00141	0.03752	0.00782	22.828	0.159	-0.271
PD	17	0.442	0.440	0.438	0.440	Multiple	0.370	0.520	0.00198	0.04452	0.01080	10.063	0.088	-0.924
PP	13	0.177	0.172	0.167	0.180	Multiple	0.100	0.250	0.00176	0.04191	0.01162	23.688	-0.026	-0.298
AD	12	0.085	0.082	0.079	0.080	0.080	0.050	0.130	0.00055	0.02355	0.00680	27.704	0.627	-0.089
AP	5	0.052	0.051	0.051	0.050	Multiple	0.040	0.060	0.00007	0.00837	0.00374	16.090	-0.512	-0.612
HP/PHD*	18	2.358	2.049	1.786	2.205	Multiple	0.714	5.667	1.881530	1.371689	0.323310	58.178	1.558	2.458
SCP/DSD*	23	0.295	0.286	0.276	0.286	Multiple	0.141	0.444	0.005708	0.075550	0.015753	25.585	0.282	-0.227

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 86. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F, localidad Granada-Meta.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.514	2.657	-4.460	70	0.0000	50	22	0.109	0.157	2.077	0.036	4.099	70	0.047
BP+PHP	0.148	0.148	0.022	45	0.9825	30	17	0.015	0.014	1.090	0.880	0.154	45	0.696
PHD	0.077	0.092	-2.283	58	0.0261	43	17	0.024	0.016	2.462	0.054	1.072	58	0.305
HP	0.147	0.154	-0.807	61	0.4227	44	19	0.031	0.026	1.454	0.393	0.806	61	0.373
HD	0.143	0.147	-0.427	56	0.6713	40	18	0.036	0.022	2.679	0.032	6.139	56	0.016
PSP	0.074	0.071	0.336	61	0.7380	41	22	0.030	0.025	1.542	0.290	0.527	61	0.471
PSD	0.283	0.260	0.807	7	0.4464	7	2	0.036	0.028	1.655	1.000			
SP	0.047	0.045	0.224	7	0.8288	7	2	0.013	0.007	3.143	0.814			
PRSD	0.126	0.100	1.283	7	0.2402	7	2	0.026	0.014	3.476	0.778			
ASP	0.107	0.106	0.103	67	0.9182	49	20	0.037	0.040	1.156	0.663	0.296	67	0.588
DSD	0.565	0.633	-5.078	61	0.0000	45	18	0.052	0.035	2.257	0.071	3.262	61	0.076
SCP	0.162	0.171	-0.984	64	0.3287	45	21	0.036	0.040	1.221	0.566	0.313	64	0.578
PD	0.442	0.548	-7.450	43	0.0000	33	12	0.041	0.045	1.208	0.643	0.001	43	0.975
PP	0.178	0.178	-0.045	33	0.9645	24	11	0.039	0.048	1.524	0.387	1.596	33	0.215
AD	0.081	0.133	-4.611	30	0.0001	22	10	0.024	0.039	2.590	0.070	4.121	30	0.051
AP	0.056	0.073	-1.951	11	0.0770	9	4	0.011	0.021	3.326	0.155	0.963	11	0.347
HP/PHD*	2.314	1.700	1.675	57	0.0993	42	17	1.470	0.489	9.030	0.000	5.293	57	0.025
SCP/DSD*	0.290	0.259	1.492	60	0.1409	45	17	0.076	0.065	1.363	0.509	0.428	60	0.516

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 87. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yaguará-Huila.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	18	2.750	2.745	2.740	2.750	2.800	2.400	3.050	0.03609	0.18997	0.05269	6.908	0.871	0.198
BP+PHP	17	0.169	0.168	0.167	0.170	0.170	0.120	0.170	0.00028	0.01658	0.00479	9.823	-0.099	-1.210
PHD	17	0.061	0.057	0.052	0.060	0.050	0.070	0.110	0.00021	0.01446	0.00436	23.636	0.190	-1.245
HP	17	0.168	0.167	0.166	0.170	0.170	0.110	0.190	0.00081	0.02847	0.00789	16.979	-0.649	-1.167
HD	17	0.142	0.138	0.134	0.150	0.150	0.100	0.200	0.00070	0.02639	0.00796	18.614	0.080	0.979
PSP	17	0.083	0.080	0.077	0.080	Multiple	0.030	0.100	0.00052	0.02279	0.00632	27.473	0.036	-1.109
PSD	1	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	-	-	-	-	-	-
SP	1	0.030	0.030	0.030	0.030	0.030	0.040	0.040	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.080	0.080	0.080	0.080	0.080	0.110	0.110	-	-	-	-	-	-
ASP	18	0.091	0.087	0.083	0.095	0.080	0.040	0.200	0.00176	0.04191	0.01264	45.998	0.462	1.288
DSD	18	0.672	0.669	0.667	0.665	0.620	0.590	0.700	0.00109	0.03308	0.01103	4.921	0.384	0.489
SCP	18	0.160	0.157	0.154	0.170	Multiple	0.090	0.250	0.00197	0.04442	0.01232	27.762	-0.215	-0.331
PD	18	0.590	0.586	0.582	0.580	Multiple	0.500	0.620	0.00182	0.04262	0.01740	7.224	0.916	0.710
PP	18	0.204	0.203	0.201	0.205	0.180	0.100	0.220	0.00254	0.05037	0.02056	24.635	-1.051	-0.990
AD	16	0.120	0.117	0.114	0.120	Multiple	0.090	0.200	0.00207	0.04550	0.02035	37.914	1.171	1.064
AP	9	0.073	0.072	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	-	-	-	-	-	-
HP/PHD*	17	3.191	2.939	2.747	2.833	Multiple	1.000	2.429	0.21022	0.45850	0.13824	14.370	-0.315	-0.787
SCP/DSD*	18	0.241	0.234	0.228	0.243	0.290	0.145	0.373	0.00555	0.07452	0.02484	30.895	0.392	-0.801

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 88. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	17	2.782	2.777	2.771	2.750	2.850	2.550	3.200	0.03373	0.18366	0.04454	6.601	0.71364	0.085
BP+PHP	9	0.187	0.185	0.184	0.180	Multiple	0.160	0.220	0.00055	0.02345	0.00782	12.564	0.21597	-1.891
PHD	12	0.096	0.066	0.058	0.050	0.050	0.040	0.530	0.01886	0.13734	0.03965	143.314	3.40897	11.722
HP	13	0.181	0.180	0.180	0.180	0.170	0.150	0.200	0.00022	0.01498	0.00415	8.286	-0.32878	-0.161
HD	14	0.149	0.147	0.146	0.150	0.130	0.120	0.200	0.00044	0.02107	0.00563	14.182	0.96683	1.378
PSP	14	0.087	0.084	0.080	0.085	Multiple	0.050	0.120	0.00059	0.02431	0.00650	27.902	0.01376	-1.086
PSD	2	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.280	0.00000	0.00000	0.00000	-	-	-
SP	2	0.060	0.059	0.058	0.060	Multiple	0.050	0.070	0.00020	0.01414	0.01000	-	-	-
PRSD	1	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	-	-	-	-	-	-
ASP	16	0.096	0.093	0.090	0.100	0.100	0.050	0.130	0.00043	0.02065	0.00516	21.590	-0.72502	0.648
DSD	16	0.666	0.663	0.660	0.645	Multiple	0.560	0.760	0.00396	0.06293	0.01573	9.454	0.10638	-1.099
SCP	17	0.164	0.160	0.155	0.170	0.170	0.090	0.220	0.00121	0.03481	0.00844	21.287	-0.29560	0.086
PD	17	0.551	0.521	0.457	0.560	0.550	0.110	0.790	0.01818	0.13484	0.03270	24.490	-2.07475	7.730
PP	15	0.221	0.218	0.216	0.220	Multiple	0.170	0.290	0.00115	0.03390	0.00875	15.365	0.92371	0.955
AD	15	0.098	0.096	0.094	0.100	0.100	0.070	0.140	0.00040	0.02007	0.00518	20.481	0.25441	-0.009
AP	5	0.214	0.134	0.106	0.100	Multiple	0.070	0.710	0.07713	0.27772	0.12420	-	2.21797	4.935
HP/PHD*	12	3.141	2.716	1.827	3.400	Multiple	0.321	4.500	1.387689	1.178002	0.340060	37.507	-1.28602	1.872
SCP/DSD*	16	0.242	0.237	0.230	0.248	Multiple	0.145	0.308	0.002404	0.049036	0.012259	20.236	-0.97032	0.346

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 89. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	10	2.830	2.827	2.823	2.850	Multiple	2.550	3.050	0.02067	0.14376	0.04546	5.080	-0.69000	0.667
BP+PHP	9	0.159	0.158	0.157	0.150	0.150	0.140	0.180	0.00026	0.01616	0.00539	10.170	0.22760	-1.817
PHD	9	0.072	0.068	0.063	0.070	0.060	0.030	0.130	0.00074	0.02728	0.00909	37.779	0.93522	2.433
HP	9	0.193	0.193	0.192	0.200	0.200	0.160	0.210	0.00028	0.01658	0.00553	8.577	-1.10424	0.600
HD	10	0.157	0.156	0.156	0.155	Multiple	0.140	0.180	0.00020	0.01418	0.00448	9.033	0.66035	-0.378
PSP	10	0.102	0.099	0.096	0.105	Multiple	0.070	0.150	0.00064	0.02530	0.00800	24.802	0.38911	-0.141
PSD	2	0.310	0.307	0.305	0.310	Multiple	0.270	0.350	0.00320	0.05657	0.04000	-	-	-
SP	1	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	0.110	-	-	-	-	-	-
ASP	9	0.111	0.110	0.109	0.110	0.100	0.090	0.130	0.00021	0.01453	0.00484	13.077	0.07115	-1.498
DSD	10	0.646	0.644	0.642	0.650	0.650	0.570	0.730	0.00320	0.05661	0.01790	8.763	0.02352	-1.459
SCP	10	0.179	0.175	0.171	0.180	Multiple	0.100	0.220	0.00114	0.03381	0.01069	18.890	-1.37999	2.879
PD	10	0.519	0.519	0.518	0.525	0.530	0.490	0.550	0.00052	0.02283	0.00722	4.398	0.01261	-1.473
PP	10	0.207	0.203	0.199	0.210	0.230	0.150	0.290	0.00193	0.04398	0.01391	21.247	0.45701	-0.408
AD	10	0.090	0.086	0.082	0.095	Multiple	0.050	0.130	0.00071	0.02667	0.00843	29.630	-0.04395	-1.214
AP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HP/PHD*	9	3.119	2.848	2.615	3.000	Multiple	1.385	6.667	2.302265	1.517322	0.50577	48.641	1.68667	4.048
SCP/DSD*	10	0.276	0.273	0.269	0.285	Multiple	0.175	0.323	0.001560	0.039502	0.01249	14.329	-1.97265	5.224

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 90. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. albitarsis* F, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Yagurá-Huila.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	7	2.679	2.668	2.657	2.650	Multiple	2.350	3.100	0.06905	0.26277	0.09932	9.810	0.30963	-0.473
BP+PHP	1	0.170	0.170	0.170	0.170	0.170	0.170	0.170	-	-	-	-	-	-
PHD	2	0.055	0.053	0.051	0.055	Multiple	0.040	0.070	0.00045	0.02121	0.01500	38.569	-	-
HP	4	0.178	0.177	0.176	0.170	0.170	0.160	0.210	0.00049	0.02217	0.01109	12.492	1.71987	3.265
HD	6	0.160	0.154	0.147	0.160	Multiple	0.090	0.230	0.00216	0.04648	0.01897	29.047	0.00000	1.006
PSP	7	0.097	0.091	0.085	0.110	0.110	0.050	0.150	0.00126	0.03546	0.01340	36.499	0.01474	-0.952
PSD	2	0.285	0.285	0.284	0.285	Multiple	0.270	0.300	0.00045	0.02121	0.01500	-	-	-
SP	1	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	0.050	-	-	-	-	-	-
PRSD	1	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	-	-	-	-	-	-
ASP	6	0.107	0.104	0.102	0.100	0.100	0.080	0.150	0.00063	0.02503	0.01022	23.469	1.13891	1.137
DSD	7	0.630	0.627	0.624	0.610	0.590	0.540	0.710	0.00403	0.06351	0.02400	10.081	-0.01093	-1.640
SCP	7	0.173	0.161	0.147	0.190	0.210	0.070	0.250	0.00376	0.06130	0.02317	35.460	-0.68024	-0.141
PD	7	0.464	0.463	0.461	0.470	Multiple	0.420	0.550	0.00200	0.04467	0.01688	9.621	1.22142	1.710
PP	7	0.209	0.205	0.202	0.220	0.220	0.150	0.270	0.00151	0.03891	0.01471	18.657	0.05527	0.103
AD	6	0.085	0.082	0.079	0.080	0.080	0.050	0.120	0.00055	0.02345	0.00957	27.591	0.06977	0.817
AP	1	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	-	-	-	-	-	-
HP/PHD*	2	3.268	3.117	2.973	3.268	Multiple	2.286	4.250	1.929209	1.388960	0.982143	42.504	-	-
SCP/DSD*	7	0.270	0.257	0.241	0.309	Multiple	0.130	0.356	0.007158	0.084603	0.031977	31.281	-0.71609	-0.676

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 91. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. albitarsis* F de la localidad Yagurá-Huila.

Variable (mm.)	Media H	Media M	Valor t	G.L.	p	NH	NM	Std. Dev. H	Std. Dev. M	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1, G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.766	2.768	-0.035	50	0.9723	35	17	0.177	0.208	1.388	0.4115	0.611	50	0.4383
BP+PHP	0.175	0.160	2.107	34	0.0426	26	10	0.020	0.016	1.677	0.4242	0.109	34	0.7438
PHD	0.076	0.069	0.232	38	0.8177	29	11	0.090	0.026	11.688	0.0003	0.572	38	0.4540
HP	0.173	0.188	-2.555	41	0.0144	30	13	0.017	0.019	1.218	0.6353	1.499	41	0.2278
HD	0.145	0.158	-1.574	45	0.1224	31	16	0.027	0.029	1.194	0.6556	0.008	45	0.9308
PSP	0.085	0.100	-2.002	46	0.0512	31	17	0.023	0.029	1.613	0.2516	1.539	46	0.2210
PSD	0.280	0.298	-0.784	5	0.4687	3	4	0.000	0.038	0.000	1.0000	5.186	5	0.0718
SP	0.050	0.060	-0.600	3	0.5908	3	2	0.020	0.014	2.000	0.8944	-	-	-
-PRSD	0.065	0.100	-1.941	2	0.1917	2	2	0.021	0.014	2.250	0.7487	-	-	-
ASP	0.093	0.109	-2.398	47	0.0205	34	15	0.023	0.019	1.486	0.4337	0.546	47	0.4638
DSD	0.669	0.639	1.630	49	0.1094	34	17	0.063	0.058	1.168	0.7623	0.007	49	0.9320
SCP	0.162	0.176	-1.343	50	0.1854	35	17	0.033	0.045	1.942	0.1025	1.212	50	0.2762
PD	0.571	0.496	2.711	50	0.0092	35	17	0.109	0.043	6.521	0.0002	1.519	50	0.2236
PP	0.212	0.208	0.404	48	0.6880	33	17	0.031	0.041	1.716	0.1893	3.139	48	0.0828
AD	0.109	0.088	2.546	45	0.0144	31	16	0.028	0.025	1.287	0.6180	0.014	45	0.9061
AP	0.124	0.070	0.305	13	0.7652	14	1	0.170	0.000	0.000	1.0000	-	-	-
HP/PHD	3.170	3.146	0.047	38	0.9625	29	11	1.398	1.428	1.042	0.8716	0.003	38	0.9589
SCP/DSD	0.242	0.274	-1.946	49	0.0574	34	17	0.053	0.060	1.291	0.5193	0.066	49	0.7989

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 94. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdo-Chocó.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	191	2.551	2.542	2.534	2.600	2.650	2.000	3.000	0.040816	0.202028	0.014618	7.921	-0.294	-0.480
BP+PHP	129	0.039	0.037	0.034	0.040	0.030	0.010	0.090	0.000183	0.013512	0.001190	34.653	0.688	0.689
PHD	137	0.250	0.248	0.246	0.250	0.230	0.160	0.310	0.000979	0.031294	0.002674	12.503	-0.293	-0.137
HP	176	0.082	0.078	0.074	0.080	0.080	0.030	0.160	0.000489	0.022119	0.001667	27.034	-0.178	0.508
HD	166	0.163	0.161	0.160	0.160	0.150	0.120	0.220	0.000488	0.022100	0.001715	13.592	-0.057	-0.752
PSP	169	0.059	0.056	0.053	0.060	0.060	0.020	0.130	0.000370	0.019246	0.001480	32.428	0.514	0.576
PSD	87	0.313	0.309	0.305	0.320	0.330	0.210	0.420	0.002486	0.049863	0.005346	15.931	-0.227	-0.441
SP	72	0.041	0.037	0.034	0.040	0.030	0.010	0.080	0.000293	0.017107	0.002016	42.181	0.658	-0.386
PRSD	73	0.075	0.071	0.066	0.070	0.070	0.030	0.150	0.000681	0.026093	0.003054	34.696	0.507	0.569
ASP	165	0.080	0.074	0.067	0.080	0.070	0.020	0.160	0.000848	0.029123	0.002267	36.321	0.264	0.111
DSD	170	0.664	0.661	0.657	0.660	0.720	0.450	0.800	0.004400	0.066330	0.005087	9.986	-0.351	-0.156
SCP	176	0.090	0.081	0.067	0.090	0.100	0.010	0.330	0.001391	0.037301	0.002812	41.315	1.432	8.999
PD	174	0.589	0.586	0.583	0.590	0.580	0.430	0.760	0.003641	0.060343	0.004575	10.238	-0.184	0.245
PP	184	0.115	0.110	0.101	0.120	0.100	0.010	0.200	0.000878	0.029623	0.002184	25.698	-0.292	1.100
AD	169	0.178	0.173	0.167	0.180	0.150	0.040	0.300	0.001422	0.037714	0.002901	21.246	0.011	1.140
AP	151	0.058	0.056	0.053	0.060	0.050	0.020	0.100	0.000290	0.017039	0.001387	29.138	0.135	0.135
HP/PHD*	137	0.341	0.324	0.306	0.333	0.333	0.103	0.889	0.011453	0.107018	0.009143	31.378	0.981	4.180
SCP/DSD*	170	0.139	0.124	0.099	0.138	Multiple	0.013	0.569	0.003799	0.061638	0.004727	44.217	1.915	12.963

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 95. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	103	2.529	2.521	2.514	2.500	2.400	2.100	2.950	0.039437	0.198589	0.019568	7.852	0.086	-0.681
BP+PHP	18	0.047	0.044	0.042	0.050	0.050	0.030	0.090	0.000259	0.016088	0.003792	34.474	1.091	1.793
PHD	30	0.251	0.249	0.247	0.250	0.230	0.170	0.310	0.000917	0.030278	0.005528	12.079	-0.196	0.738
HP	61	0.072	0.070	0.066	0.070	0.070	0.030	0.110	0.000351	0.018743	0.002400	25.926	-0.172	-0.213
HD	64	0.161	0.159	0.156	0.160	Multiple	0.090	0.220	0.000677	0.026011	0.003251	16.146	-0.258	0.390
PSP	78	0.060	0.056	0.053	0.060	0.060	0.020	0.110	0.000364	0.019068	0.002159	31.916	0.211	0.004
PSD	43	0.296	0.293	0.289	0.290	0.280	0.200	0.390	0.001925	0.043874	0.006691	14.832	0.223	-0.311
SP	41	0.040	0.037	0.034	0.040	0.050	0.010	0.080	0.000190	0.013775	0.002151	34.863	0.212	0.497
PRSD	40	0.084	0.072	0.063	0.075	0.070	0.020	0.410	0.003630	0.060251	0.009527	71.515	4.174	22.513
ASP	94	0.082	0.070	0.060	0.070	Multiple	0.010	0.730	0.005345	0.073107	0.007540	89.248	7.621	67.806
DSD	94	0.641	0.623	0.527	0.650	0.650	0.030	0.780	0.008186	0.090479	0.009332	14.118	-3.316	21.381
SCP	97	0.090	0.080	0.070	0.080	0.080	0.010	0.540	0.003122	0.055873	0.005673	61.868	5.459	43.695
PD	96	0.581	0.578	0.575	0.580	0.550	0.420	0.750	0.003241	0.056933	0.005811	9.802	-0.107	0.521
PP	102	0.107	0.102	0.097	0.100	0.080	0.040	0.190	0.001010	0.031778	0.003147	29.738	0.323	-0.518
AD	89	0.164	0.161	0.157	0.160	Multiple	0.070	0.260	0.001193	0.034539	0.003661	21.026	0.378	0.824
AP	83	0.060	0.055	0.052	0.060	0.060	0.030	0.400	0.001677	0.040949	0.004495	68.111	7.106	59.220
HP/PHD*	30	0.274	0.262	0.250	0.260	0.200	0.111	0.471	0.006813	0.082540	0.015070	30.100	0.642	0.175
SCP/DSD*	92	0.328	0.128	0.106	0.137	0.077	0.018	18.000	3.472546	1.863477	0.194281	568.570	9.580	91.843

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 96. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	185	2.585	2.577	2.568	2.600	Multiple	2.000	3.000	0.042509	0.206177	0.015158	7.975	-0.304	-0.795
BP+PHP	114	0.043	0.037	0.032	0.030	0.030	0.010	0.180	0.000947	0.030770	0.002882	71.587	2.875	9.092
PHD	123	0.240	0.232	0.220	0.250	0.230	0.070	0.320	0.002411	0.049098	0.004427	20.465	-1.854	4.164
HP	171	0.096	0.091	0.087	0.100	0.100	0.030	0.200	0.000942	0.030686	0.002347	31.937	1.120	2.411
HD	152	0.160	0.157	0.153	0.160	0.150	0.070	0.250	0.000909	0.030152	0.002446	18.884	-0.047	0.232
PSP	154	0.060	0.056	0.053	0.060	0.050	0.020	0.130	0.000416	0.020404	0.001644	34.044	0.608	1.066
PSD	84	0.348	0.344	0.341	0.350	0.350	0.220	0.460	0.002310	0.048062	0.005244	13.826	-0.107	-0.189
SP	86	0.051	0.045	0.039	0.050	0.050	0.010	0.120	0.000575	0.023981	0.002586	46.873	0.635	0.205
PRSD	84	0.087	0.081	0.074	0.080	0.080	0.020	0.160	0.000957	0.030934	0.003375	35.401	0.232	-0.270
ASP	177	0.101	0.095	0.088	0.100	0.080	0.020	0.190	0.001109	0.033301	0.002503	32.929	0.213	-0.343
DSD	178	0.591	0.585	0.576	0.590	0.580	0.140	0.760	0.005490	0.074092	0.005553	12.539	-1.142	6.832
SCP	180	0.131	0.119	0.109	0.120	0.120	0.040	0.490	0.004446	0.066678	0.004970	50.899	2.434	7.663
PD	175	0.509	0.506	0.501	0.510	0.520	0.320	0.660	0.003924	0.062645	0.004736	12.296	-0.115	0.101
PP	173	0.140	0.134	0.127	0.140	0.150	0.030	0.290	0.001762	0.041977	0.003191	29.897	0.708	1.481
AD	155	0.144	0.137	0.128	0.150	0.150	0.030	0.240	0.001402	0.037449	0.003008	26.077	-0.471	0.572
AP	93	0.066	0.063	0.060	0.060	0.050	0.030	0.150	0.000558	0.023620	0.002449	35.545	1.498	2.685
HP/PHD*	122	0.496	0.404	0.359	0.396	0.435	0.094	2.857	0.227927	0.477417	0.043223	96.306	3.543	12.255
SCP/DSD*	178	0.243	0.205	0.184	0.205	Multiple	0.063	3.500	0.075393	0.274579	0.020581	113.065	9.719	113.024

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 97. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Quibdó-Chocó.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	88	2.548	2.541	2.534	2.500	2.400	2.200	2.950	0.037267	0.193047	0.020579	7.576	0.359	-1.122
BP+PHP	24	0.041	0.034	0.029	0.035	0.020	0.010	0.170	0.001008	0.031749	0.006481	77.752	3.145	12.295
PHD	33	0.216	0.203	0.185	0.230	0.250	0.070	0.300	0.003675	0.060619	0.010552	28.056	-1.524	1.353
HP	62	0.092	0.087	0.081	0.080	0.070	0.030	0.190	0.001242	0.035236	0.004475	38.126	1.310	1.633
HD	61	0.157	0.155	0.152	0.160	Multiple	0.090	0.200	0.000678	0.026035	0.003333	16.578	-0.532	0.149
PSP	69	0.063	0.060	0.057	0.060	0.050	0.030	0.160	0.000427	0.020658	0.002487	32.844	1.618	6.085
PSD	47	0.333	0.331	0.328	0.320	0.320	0.260	0.430	0.001858	0.043101	0.006287	12.928	0.563	-0.377
SP	49	0.047	0.041	0.035	0.050	0.050	0.010	0.100	0.000419	0.020469	0.002924	43.989	0.249	-0.188
PRSD	50	0.090	0.084	0.077	0.085	0.070	0.030	0.160	0.000965	0.031069	0.004394	34.444	0.100	-0.452
ASP	86	0.099	0.095	0.090	0.100	0.090	0.050	0.200	0.000918	0.030301	0.003267	30.550	0.420	0.305
DSD	85	0.575	0.571	0.567	0.570	0.570	0.420	0.730	0.004435	0.066594	0.007223	11.587	0.168	0.142
SCP	84	0.129	0.115	0.096	0.115	0.120	0.010	0.400	0.005102	0.071429	0.007794	55.198	2.305	5.895
PD	77	0.495	0.491	0.487	0.500	0.520	0.350	0.670	0.004096	0.064003	0.007294	12.932	0.063	0.223
PP	76	0.132	0.124	0.107	0.130	0.130	0.010	0.270	0.001788	0.042288	0.004851	31.979	0.747	2.397
AD	65	0.138	0.133	0.127	0.140	0.130	0.040	0.240	0.001309	0.036181	0.004488	26.189	0.246	0.768
AP	36	0.064	0.061	0.058	0.060	Multiple	0.040	0.150	0.000631	0.025122	0.004187	38.982	1.901	3.944
HP/PHD*	33	0.611	0.434	0.364	0.348	0.400	0.200	2.714	0.462502	0.680075	0.118386	111.300	2.215	3.633
SCP/DSD*	84	0.234	0.200	0.162	0.200	Multiple	0.015	0.930	0.023856	0.154453	0.016852	65.967	2.649	7.654

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 98. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. darlingi*, localidad Quibdó-Chocó.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.573	2.543	1.785	565	0.0749	273	294	0.20242	0.20075	1.01669	0.8884	0.36572	565	0.5456
BP+PHP	0.043	0.040	0.953	283	0.3415	138	147	0.03084	0.01402	4.83698	<0.0001	12.91357	283	0.0004
PHD	0.235	0.250	-3.255	321	0.0013	156	167	0.05246	0.03102	2.85874	<0.0001	8.12715	321	0.0046
HP	0.095	0.079	6.264	468	0.0000	233	237	0.03192	0.02167	2.17047	<0.0001	12.03344	468	0.0006
HD	0.159	0.162	-1.308	441	0.1914	213	230	0.02900	0.02321	1.56144	0.0001	8.03863	441	0.0048
PSP	0.061	0.059	0.754	468	0.4513	223	247	0.02048	0.01915	1.14380	0.3038	0.40069	468	0.5270
PSD	0.343	0.307	5.977	259	0.0000	131	130	0.04668	0.04848	1.07851	0.6676	0.19778	259	0.6569
SP	0.049	0.040	3.655	246	0.0003	135	113	0.02280	0.01592	2.05048	0.0001	10.15614	246	0.0016
PRSD	0.088	0.078	2.173	245	0.0307	134	113	0.03090	0.04148	1.80236	0.0012	0.05578	245	0.8135
ASP	0.100	0.081	5.376	520	0.0000	263	259	0.03231	0.04966	2.36324	<0.0001	0.09912	520	0.7530
DSD	0.586	0.656	-10.853	525	0.0000	263	264	0.07203	0.07647	1.12718	0.3328	0.29293	525	0.5886
SCP	0.130	0.090	8.114	535	0.0000	264	273	0.06809	0.04469	2.32183	<0.0001	12.40555	535	0.0005
PD	0.505	0.586	-15.171	520	0.0000	252	270	0.06329	0.05919	1.14342	0.2798	0.74608	520	0.3881
PP	0.138	0.112	8.117	533	0.0000	249	286	0.04216	0.03062	1.89529	<0.0001	7.69162	533	0.0057
AD	0.142	0.173	-9.089	476	0.0000	220	258	0.03708	0.03712	1.00224	0.9890	0.02822	476	0.8667
AP	0.066	0.059	2.345	361	0.0196	129	234	0.02397	0.02789	1.35387	0.0577	1.74294	361	0.1876
HP/PHD*	0.520	0.329	4.593	320	0.0000	155	167	0.52672	0.10600	24.69166	<0.0001	35.11451	320	<0.0001
SCP/DSD*	0.240	0.206	0.494	522	0.6216	262	262	0.24235	1.10513	20.79467	<0.0001	0.45121	522	0.5021

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 99. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Cordoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	70	2.513	2.508	2.502	2.500	2.500	2.200	3.250	0.028238	0.168042	0.020085	6.687	1.086	4.114
BP+PHP	38	0.040	0.038	0.036	0.040	Multiple	0.020	0.070	0.000178	0.013356	0.002167	33.390	0.359	-0.322
PHD	51	0.240	0.238	0.235	0.240	Multiple	0.140	0.310	0.000980	0.031305	0.004384	13.044	-0.436	1.409
HP	65	0.086	0.084	0.082	0.090	0.090	0.050	0.140	0.000337	0.018345	0.002275	21.293	0.437	0.857
HD	65	0.154	0.152	0.150	0.150	0.140	0.100	0.200	0.000508	0.022539	0.002796	14.665	-0.081	-0.372
PSP	66	0.058	0.056	0.053	0.060	0.060	0.020	0.100	0.000265	0.016290	0.002005	27.853	0.054	0.544
PSD	19	0.285	0.283	0.281	0.280	Multiple	0.230	0.350	0.001249	0.035335	0.008106	12.410	0.177	-0.700
SP	20	0.042	0.040	0.038	0.040	Multiple	0.020	0.070	0.000185	0.013611	0.003044	32.407	0.434	0.261
PRSD	18	0.087	0.084	0.080	0.090	0.090	0.040	0.120	0.000412	0.020292	0.004783	23.414	-0.913	0.735
ASP	63	0.086	0.071	0.065	0.070	0.070	0.030	0.780	0.009857	0.099280	0.012508	115.400	6.099	40.647
DSD	63	0.638	0.635	0.633	0.640	0.650	0.550	0.770	0.002976	0.054557	0.006874	8.556	0.467	-0.129
SCP	70	0.095	0.085	0.073	0.100	0.120	0.020	0.180	0.001660	0.040743	0.004870	42.694	-0.040	-0.799
PD	68	0.581	0.578	0.575	0.590	0.600	0.420	0.700	0.003411	0.058405	0.007083	10.055	-0.404	-0.025
PP	67	0.119	0.110	0.103	0.110	0.100	0.030	0.580	0.004126	0.064233	0.007847	54.065	5.720	41.149
AD	63	0.160	0.155	0.148	0.170	0.200	0.050	0.220	0.001382	0.037176	0.004684	23.166	-0.834	0.156
AP	49	0.064	0.062	0.060	0.060	Multiple	0.040	0.110	0.000257	0.016033	0.002290	25.180	0.788	0.624
HP/PHD*	51	0.366	0.354	0.343	0.348	0.333	0.172	0.714	0.009406	0.096986	0.013581	26.503	1.303	3.308
SCP/DSD*	63	0.156	0.139	0.119	0.159	Multiple	0.031	0.298	0.004434	0.066587	0.008389	42.677	0.009	-0.732

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 100. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Cordoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C.V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	54	2.562	2.556	2.550	2.550	2.550	2.150	3.200	0.032824	0.181174	0.024655	7.071	0.769	2.593
BP+PHP	10	0.041	0.039	0.037	0.040	Multiple	0.020	0.060	0.000143	0.011972	0.003786	29.200	-0.233	-0.369
PHD	17	0.254	0.252	0.251	0.260	0.260	0.210	0.330	0.000662	0.025725	0.006239	10.147	1.378	4.439
HP	39	0.091	0.088	0.083	0.090	Multiple	0.030	0.130	0.000554	0.023528	0.003768	25.775	-0.609	0.309
HD	43	0.156	0.154	0.152	0.150	0.150	0.100	0.220	0.000676	0.026006	0.003966	16.641	0.311	0.215
PSP	47	0.062	0.057	0.054	0.060	0.050	0.030	0.280	0.001259	0.035487	0.005176	57.315	5.204	32.217
PSD	17	0.299	0.297	0.295	0.300	0.300	0.250	0.380	0.001211	0.034800	0.008440	11.646	0.767	0.484
SP	20	0.037	0.035	0.033	0.035	0.030	0.020	0.070	0.000159	0.012607	0.002819	34.074	0.809	0.944
PRSD	20	0.104	0.100	0.095	0.110	0.080	0.040	0.170	0.000815	0.028544	0.006383	27.446	0.123	0.956
ASP	50	0.075	0.071	0.066	0.080	0.080	0.020	0.140	0.000568	0.023840	0.003371	31.702	0.271	1.182
DSD	51	0.638	0.636	0.634	0.640	Multiple	0.520	0.760	0.002464	0.049639	0.006951	7.780	0.133	0.547
SCP	53	0.098	0.090	0.079	0.100	Multiple	0.020	0.170	0.001345	0.036676	0.005038	37.310	-0.136	-0.629
PD	49	0.582	0.580	0.578	0.580	Multiple	0.470	0.700	0.002476	0.049760	0.007109	8.546	-0.160	-0.156
PP	50	0.106	0.102	0.097	0.110	0.120	0.030	0.170	0.000715	0.026733	0.003781	25.267	-0.289	0.354
AD	48	0.155	0.150	0.145	0.160	0.180	0.070	0.220	0.001191	0.034517	0.004982	22.299	-0.817	0.391
AP	39	0.057	0.056	0.054	0.050	0.050	0.030	0.090	0.000209	0.014458	0.002315	25.173	0.145	-0.243
HP/PHD*	17	0.364	0.343	0.316	0.385	Multiple	0.130	0.571	0.013223	0.114990	0.027889	31.600	-0.460	0.140
SCP/DSD*	51	0.155	0.141	0.123	0.154	Multiple	0.031	0.266	0.003683	0.060692	0.008499	39.081	-0.067	-0.677

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 101. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Cordoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	43	2.638	2.635	2.631	2.650	2.700	2.400	2.950	0.018790	0.137077	0.020904	5.196	0.030	-0.608
BP+PHP	23	0.038	0.037	0.035	0.030	0.030	0.020	0.060	0.000115	0.010725	0.002236	28.031	0.376	-1.115
PHD	31	0.255	0.254	0.253	0.250	0.250	0.190	0.300	0.000432	0.020796	0.003735	8.150	-0.583	2.380
HP	41	0.093	0.090	0.087	0.090	0.100	0.050	0.150	0.000522	0.022852	0.003569	24.527	0.249	0.127
HD	39	0.155	0.154	0.152	0.150	0.150	0.100	0.220	0.000552	0.023491	0.003762	15.118	0.411	0.771
PSP	40	0.054	0.051	0.048	0.050	0.050	0.020	0.100	0.000307	0.017525	0.002771	32.304	0.387	0.283
PSD	20	0.357	0.355	0.354	0.350	0.350	0.300	0.440	0.001034	0.032163	0.007192	9.022	0.447	1.493
SP	20	0.043	0.039	0.036	0.040	0.030	0.020	0.070	0.000314	0.017733	0.003965	41.726	0.460	-1.124
PRSD	20	0.116	0.112	0.109	0.120	0.130	0.060	0.160	0.000710	0.026651	0.005959	23.074	-0.423	-0.218
ASP	42	0.086	0.082	0.078	0.080	0.080	0.040	0.150	0.000630	0.025099	0.003873	29.282	0.407	-0.063
DSD	43	0.617	0.615	0.614	0.620	0.620	0.530	0.720	0.002235	0.047275	0.007209	7.659	0.143	-0.566
SCP	43	0.126	0.117	0.102	0.130	Multiple	0.020	0.190	0.001649	0.040609	0.006193	32.336	-0.594	-0.044
PD	41	0.535	0.533	0.531	0.540	0.520	0.430	0.650	0.002121	0.046050	0.007192	8.609	-0.028	0.615
PP	37	0.131	0.127	0.123	0.140	0.140	0.060	0.210	0.000872	0.029528	0.004854	22.620	0.122	0.638
AD	30	0.161	0.158	0.154	0.170	0.180	0.090	0.220	0.001033	0.032135	0.005867	19.918	-0.610	-0.078
AP	18	0.053	0.051	0.049	0.050	0.050	0.030	0.080	0.000209	0.014473	0.003411	27.423	0.632	-0.398
HP/PHD*	31	0.366	0.353	0.340	0.375	Multiple	0.217	0.600	0.010027	0.100137	0.017985	27.364	0.414	-0.419
SCP/DSD*	43	0.207	0.189	0.162	0.210	Multiple	0.029	0.340	0.005161	0.071843	0.010956	34.772	-0.457	-0.165

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 102. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Tierralta-Cordoba.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	35	2.654	2.652	2.650	2.700	2.750	2.450	2.800	0.012261	0.110727	0.018716	4.172	-0.597	-0.951
BP+PHP	1	0.030			0.030	0.030	0.030	0.030						
PHD	8	0.275	0.273	0.270	0.260	0.250	0.230	0.340	0.001629	0.040356	0.014268	14.675	0.626	-1.187
HP	27	0.089	0.087	0.085	0.090	0.100	0.060	0.130	0.000344	0.018544	0.003569	20.949	0.155	-0.346
HD	30	0.159	0.158	0.157	0.160	0.170	0.120	0.200	0.000382	0.019538	0.003567	12.288	-0.177	-0.455
PSP	32	0.055	0.053	0.050	0.050	0.040	0.030	0.080	0.000271	0.016461	0.002910	29.929	0.093	-1.394
PSD	11	0.371	0.366	0.362	0.370	Multiple	0.280	0.450	0.003549	0.059574	0.017962	16.062	-0.118	-1.117
SP	12	0.050	0.046	0.042	0.050	Multiple	0.020	0.080	0.000364	0.019069	0.005505	38.139	0.000	-1.269
PRSD	13	0.112	0.102	0.090	0.110	Multiple	0.030	0.170	0.001681	0.040997	0.011371	36.756	-0.516	-0.355
ASP	34	0.087	0.082	0.077	0.090	Multiple	0.030	0.140	0.000712	0.026689	0.004577	30.656	-0.132	-0.284
DSD	32	0.613	0.610	0.607	0.615	0.620	0.460	0.720	0.003026	0.055007	0.009724	8.981	-0.409	0.550
SCP	33	0.132	0.124	0.116	0.130	Multiple	0.050	0.230	0.001782	0.042214	0.007348	32.098	0.140	-0.095
PD	27	0.536	0.534	0.533	0.540	0.570	0.450	0.610	0.001725	0.041534	0.007993	7.750	-0.209	-0.938
PP	25	0.124	0.122	0.120	0.120	0.120	0.090	0.190	0.000617	0.024833	0.004967	20.026	0.759	0.597
AD	20	0.156	0.154	0.152	0.160	0.170	0.100	0.200	0.000552	0.023486	0.005252	15.055	-0.654	1.169
AP	16	0.056	0.055	0.054	0.060	0.060	0.040	0.070	0.000118	0.010878	0.002720	19.339	-0.189	-1.153
HP/PHD*	8	0.335	0.317	0.299	0.388	0.400	0.188	0.444	0.011701	0.108171	0.038244	32.326	-0.550	-1.946
SCP/DSD*	32	0.222	0.207	0.191	0.222	Multiple	0.081	0.371	0.005940	0.077070	0.013624	34.696	-0.004	-0.657

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 103. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. darlingi*, localidad Tierralta-Cordoba.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.646	2.534	4.882	200	0.0000	78	124	0.125405	0.174883	1.944762	0.0019	2.713	200	0.1011
BP+PHP	0.038	0.040	-0.749	70	0.4566	24	48	0.010624	0.012963	1.488901	0.3034	0.244	70	0.6225
PHD	0.259	0.243	2.713	105	0.0078	39	68	0.026595	0.030401	1.306696	0.3746	0.769	105	0.3825
HP	0.091	0.088	1.002	170	0.3178	68	104	0.021224	0.020483	1.073633	0.7372	0.369	170	0.5443
HD	0.157	0.155	0.628	175	0.5310	69	108	0.021781	0.023895	1.203458	0.4126	0.683	175	0.4097
PSP	0.055	0.060	-1.544	183	0.1244	72	113	0.016945	0.025963	2.347568	0.0002	0.034	183	0.8532
PSD	0.362	0.291	7.298	65	0.0000	31	36	0.043443	0.035307	1.513983	0.2377	0.626	65	0.4316
SP	0.045	0.040	1.564	70	0.1223	32	40	0.018313	0.013195	1.926353	0.0533	8.702	70	0.0043
PRSD	0.114	0.096	2.606	69	0.0112	33	38	0.032494	0.026163	1.542555	0.2039	2.012	69	0.1605
ASP	0.086	0.081	0.563	187	0.5743	76	113	0.025656	0.075724	8.711286	0.0000	0.620	187	0.4320
DSD	0.615	0.638	-2.953	187	0.0036	75	114	0.050413	0.052187	1.071593	0.7562	0.001	187	0.9799
SCP	0.128	0.097	5.426	197	0.0000	76	123	0.041141	0.038913	1.117787	0.5796	0.007	197	0.9338
PD	0.535	0.581	-5.928	183	0.0000	68	117	0.043997	0.054729	1.547364	0.0522	2.531	183	0.1133
PP	0.128	0.113	2.072	177	0.0398	62	117	0.027707	0.051876	3.505556	0.0000	0.479	177	0.4896
AD	0.159	0.158	0.204	159	0.8383	50	111	0.028844	0.036001	1.557736	0.0833	2.702	159	0.1022
AP	0.054	0.061	-2.163	120	0.0326	34	88	0.012837	0.015583	1.473602	0.2110	0.892	120	0.3468
HP/PHD	0.360	0.365	-0.291	105	0.7713	39	68	0.101173	0.100887	1.005676	0.9632	0.849	105	0.3590
SCP/DSD	0.213	0.156	5.691	187	0.0000	75	114	0.074010	0.063739	1.348226	0.1510	1.362	187	0.2446

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 104. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	60	2.457	2.453	2.449	2.475	Multiple	2.100	2.800	0.0200	0.1413	0.0182	5.750	-0.2290	-0.2493
BP+PHP	44	0.040	0.037	0.034	0.040	0.030	0.010	0.080	0.0002	0.0152	0.0023	38.545	0.8229	0.5854
PHD	42	0.241	0.240	0.238	0.240	0.240	0.170	0.300	0.0008	0.0275	0.0042	11.374	-0.3867	0.3585
HP	47	0.065	0.062	0.059	0.070	Multiple	0.020	0.100	0.0003	0.0178	0.0026	27.247	-0.4534	-0.2053
HD	48	0.151	0.149	0.147	0.150	0.150	0.080	0.210	0.0006	0.0248	0.0036	16.400	-0.5129	0.8329
PSP	55	0.071	0.067	0.062	0.070	0.060	0.020	0.130	0.0006	0.0239	0.0032	33.514	0.3853	0.4391
PSD	38	0.272	0.269	0.265	0.270	0.280	0.180	0.360	0.0018	0.0425	0.0069	15.619	-0.0158	-0.0442
SP	36	0.050	0.047	0.044	0.050	0.050	0.020	0.090	0.0003	0.0170	0.0028	33.782	0.1765	-0.4334
PRSD	35	0.097	0.093	0.089	0.100	0.100	0.040	0.170	0.0008	0.0279	0.0047	28.638	0.4449	0.2948
ASP	50	0.071	0.065	0.059	0.070	0.070	0.020	0.130	0.0007	0.0272	0.0039	38.479	0.2215	-0.3961
DSD	50	0.627	0.624	0.622	0.645	0.650	0.500	0.720	0.0031	0.0554	0.0078	8.839	-0.3370	-0.7682
SCP	58	0.116	0.111	0.102	0.120	0.100	0.020	0.180	0.0009	0.0308	0.0040	26.433	-0.5220	0.8453
PD	53	0.533	0.530	0.528	0.520	0.520	0.420	0.650	0.0027	0.0516	0.0071	9.678	0.1798	-0.3700
PP	53	0.126	0.117	0.110	0.120	0.150	0.050	0.530	0.0043	0.0658	0.0090	52.013	4.5378	27.6706
AD	44	0.155	0.152	0.148	0.155	Multiple	0.060	0.220	0.0008	0.0275	0.0041	17.786	-0.6911	2.6934
AP	32	0.083	0.078	0.073	0.070	0.070	0.040	0.170	0.0011	0.0332	0.0059	39.892	1.2923	1.0515
HP/PHD*	41	0.280	0.265	0.247	0.292	0.292	0.074	0.455	0.0071	0.0844	0.0132	30.172	0.0451	0.2695
SCP/DSD*	50	0.192	0.181	0.164	0.185	Multiple	0.031	0.327	0.0034	0.0585	0.0083	30.520	-0.0960	0.1643

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 105. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de hembras de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	60	2.468	2.464	2.460	2.450	Multiple	2.100	2.850	0.0221	0.1487	0.0192	6.025	0.1379	0.0312
BP+PHP	28	0.038	0.034	0.030	0.035	0.030	0.010	0.090	0.0003	0.0166	0.0031	43.941	1.0944	2.6995
PHD	32	0.252	0.251	0.250	0.250	0.250	0.210	0.300	0.0004	0.0209	0.0037	8.281	0.1210	-0.0879
HP	48	0.066	0.062	0.058	0.065	Multiple	0.030	0.140	0.0005	0.0224	0.0032	34.132	0.6727	1.3778
HD	51	0.153	0.150	0.147	0.160	0.170	0.080	0.210	0.0008	0.0284	0.0040	18.553	-0.4424	0.2009
PSP	56	0.078	0.072	0.067	0.080	0.080	0.020	0.250	0.0010	0.0320	0.0043	41.151	2.6885	14.6902
PSD	47	0.267	0.256	0.227	0.270	0.270	0.030	0.360	0.0032	0.0562	0.0082	21.073	-1.6150	5.6537
SP	46	0.052	0.049	0.046	0.050	0.050	0.020	0.100	0.0004	0.0190	0.0028	36.658	0.9578	0.9584
PRSD	45	0.105	0.098	0.091	0.100	Multiple	0.040	0.180	0.0012	0.0343	0.0051	32.756	-0.1485	-0.3821
ASP	55	0.068	0.063	0.059	0.060	0.060	0.030	0.130	0.0007	0.0257	0.0035	37.827	0.7367	0.0336
DSD	51	0.629	0.626	0.622	0.620	0.630	0.500	0.810	0.0045	0.0667	0.0093	10.609	0.3734	-0.1631
SCP	55	0.119	0.115	0.110	0.120	0.120	0.040	0.170	0.0008	0.0284	0.0038	23.878	-0.5402	-0.0091
PD	49	0.517	0.515	0.512	0.520	Multiple	0.400	0.680	0.0026	0.0509	0.0073	9.850	0.8482	1.7897
PP	48	0.116	0.111	0.102	0.120	0.100	0.020	0.180	0.0009	0.0301	0.0043	25.820	-0.4518	1.4073
AD	45	0.144	0.141	0.136	0.140	Multiple	0.050	0.200	0.0009	0.0302	0.0045	20.932	-0.4671	0.8275
AP	32	0.077	0.072	0.068	0.070	0.070	0.030	0.160	0.0009	0.0306	0.0054	39.657	1.2558	1.0748
HP/PHD*	32	0.258	0.241	0.226	0.239	0.222	0.111	0.560	0.0100	0.0998	0.0176	38.628	1.1148	1.6634
SCP/DSD*	51	0.191	0.182	0.171	0.182	0.250	0.057	0.304	0.0032	0.0563	0.0079	29.466	-0.1491	-0.6090

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 106. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala derecha (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s ²	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g ₂
Long.A.	38	2.493	2.490	2.486	2.500	2.500	2.250	2.750	0.0177	0.1331	0.0216	5.340	-0.0141	-0.6399
BP+PHP	25	0.035	0.033	0.031	0.030	0.030	0.020	0.060	0.0002	0.0126	0.0025	35.860	0.4916	-0.7222
PHD	28	0.241	0.239	0.238	0.240	Multiple	0.180	0.290	0.0006	0.0254	0.0048	10.542	-0.2033	-0.0968
HP	33	0.074	0.072	0.068	0.080	0.080	0.020	0.110	0.0003	0.0162	0.0028	21.897	-0.8791	3.1214
HD	33	0.160	0.152	0.131	0.160	Multiple	0.020	0.280	0.0018	0.0422	0.0074	26.351	-0.3588	4.4992
PSP	36	0.070	0.065	0.059	0.070	0.060	0.020	0.140	0.0006	0.0241	0.0040	34.539	0.3074	1.1198
PSD	31	0.307	0.305	0.302	0.310	Multiple	0.240	0.390	0.0015	0.0386	0.0069	12.561	0.1692	-0.4537
SP	31	0.062	0.057	0.051	0.070	0.070	0.020	0.100	0.0004	0.0208	0.0037	33.811	-0.5365	-0.1716
PRSD	29	0.118	0.110	0.100	0.120	Multiple	0.030	0.180	0.0014	0.0374	0.0069	31.793	-0.3034	0.1824
ASP	35	0.086	0.083	0.079	0.080	Multiple	0.030	0.150	0.0006	0.0246	0.0042	28.539	0.5317	0.7338
DSD	35	0.587	0.586	0.584	0.580	0.580	0.480	0.660	0.0020	0.0451	0.0076	7.673	-0.3467	0.2679
SCP	38	0.144	0.140	0.136	0.140	0.120	0.080	0.220	0.0011	0.0339	0.0055	23.547	0.2163	-0.5807
PD	35	0.468	0.466	0.464	0.470	0.490	0.370	0.570	0.0018	0.0426	0.0072	9.107	-0.0903	0.8362
PP	31	0.141	0.137	0.132	0.130	0.130	0.070	0.200	0.0011	0.0338	0.0061	23.976	0.1158	-0.2848
AD	26	0.138	0.135	0.132	0.140	Multiple	0.080	0.200	0.0007	0.0272	0.0053	19.736	0.0823	0.2022
AP	15	0.072	0.067	0.062	0.070	Multiple	0.040	0.150	0.0009	0.0303	0.0078	42.062	1.2755	1.8984
HP/PHD*	28	0.315	0.299	0.276	0.318	Multiple	0.074	0.478	0.0074	0.0862	0.0163	27.376	-0.5363	1.1957
SCP/DSD*	35	0.249	0.240	0.231	0.242	Multiple	0.136	0.358	0.0042	0.0645	0.0109	25.964	-0.0518	-0.9848

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 107. Estadística descriptiva de la longitud total del ala (mm) y de las manchas costales del ala izquierda (mm) de las progenies de machos de *An. darlingi*, descendientes de hembras grávidas recapturadas en Granada-Meta.

Variable (mm.)	N	Media	G	H	Md	Mo	Min.	Max.	s^2	Std. Dev.	Std. Error	C. V. (%)	Sesgo	g_2
Long.A.	38	2.512	2.508	2.505	2.500	2.500	2.250	2.800	0.0179	0.1338	0.0217	5.326	0.1524	-0.5668
BP+PHP	14	0.039	0.037	0.035	0.040	0.050	0.020	0.050	0.0001	0.0114	0.0030	29.047	-0.5657	-1.1126
PHD	17	0.237	0.236	0.235	0.230	Multiple	0.200	0.280	0.0006	0.0254	0.0062	10.730	0.5284	-0.6215
HP	27	0.075	0.072	0.069	0.080	0.080	0.030	0.100	0.0004	0.0193	0.0037	25.656	-0.7075	-0.2032
HD	27	0.153	0.150	0.147	0.150	Multiple	0.100	0.220	0.0011	0.0325	0.0062	21.172	0.2380	-0.9448
PSP	33	0.072	0.064	0.053	0.070	0.100	0.010	0.130	0.0009	0.0299	0.0052	41.693	-0.0306	-0.6932
PSD	29	0.317	0.313	0.310	0.310	Multiple	0.240	0.410	0.0022	0.0473	0.0088	14.944	0.2317	-0.8103
SP	29	0.065	0.061	0.057	0.070	0.080	0.030	0.150	0.0006	0.0249	0.0046	38.167	1.2118	3.3914
PRSD	28	0.109	0.103	0.094	0.110	Multiple	0.030	0.200	0.0012	0.0340	0.0064	31.241	0.0926	1.5642
ASP	34	0.092	0.087	0.082	0.080	0.080	0.040	0.160	0.0009	0.0307	0.0053	33.451	0.4110	-0.6921
DSD	36	0.573	0.571	0.569	0.585	Multiple	0.460	0.650	0.0024	0.0490	0.0082	8.555	-0.4946	-0.4727
SCP	38	0.140	0.136	0.131	0.150	0.160	0.070	0.200	0.0011	0.0338	0.0055	24.105	-0.3649	-0.6778
PD	34	0.451	0.448	0.445	0.455	Multiple	0.320	0.530	0.0025	0.0503	0.0086	11.156	-0.6482	0.1403
PP	29	0.138	0.134	0.131	0.140	0.130	0.080	0.200	0.0009	0.0300	0.0056	21.775	-0.0408	-0.1893
AD	27	0.127	0.123	0.119	0.110	Multiple	0.080	0.200	0.0012	0.0347	0.0067	27.340	0.7332	-0.6880
AP	17	0.086	0.077	0.067	0.060	0.050	0.030	0.140	0.0018	0.0420	0.0102	48.541	0.2061	-1.8952
HP/PHD*	17	0.314	0.302	0.289	0.333	Multiple	0.179	0.429	0.0070	0.0840	0.0204	26.741	-0.3983	-1.1196
SCP/DSD*	36	0.251	0.241	0.229	0.256	Multiple	0.111	0.388	0.0048	0.0693	0.0116	27.606	-0.1878	-0.4159

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 108. Comparación de medias y varianzas de las alas de progenies hembras (H) y machos (M) para la longitud total, las manchas costales y las proporciones HP/PHD y SCP/DSD del ala en *An. darlingi*, localidad Granada-Meta.

Variable (mm.)	Media M	Media H	Valor t	G.L.	p	NM	NH	Std. Dev. M	Std. Dev. H	Proporción de Varianzas (F)	p Varianzas	Levene F (1,G.L.)	G.L. Levene	p Levene
Long.A.	2.503	2.463	1.953	194	0.0522	76	120	0.1329	0.1445	1.1831	0.4337	1.2533	194	0.2643
BP+PHP	0.037	0.038	-0.569	110	0.5707	39	73	0.0122	0.0162	1.7699	0.0566	0.6793	110	0.4116
PHD	0.239	0.246	-1.388	117	0.1676	45	74	0.0252	0.0252	1.0028	1.0000	0.1652	117	0.6851
HP	0.075	0.065	2.855	153	0.0049	60	95	0.0175	0.0201	1.3242	0.2464	1.8490	153	0.1759
HD	0.157	0.152	0.963	157	0.3369	60	99	0.0380	0.0266	2.0422	0.0017	5.2409	157	0.0234
PSP	0.071	0.075	-0.888	178	0.3757	69	111	0.0269	0.0283	1.1106	0.6453	0.5409	178	0.4630
PSD	0.312	0.269	5.315	143	0.0000	60	85	0.0429	0.0503	1.3762	0.1951	0.0317	143	0.8590
SP	0.063	0.051	3.533	140	0.0006	60	82	0.0227	0.0181	1.5831	0.0550	3.7366	140	0.0553
PRSD	0.113	0.102	2.043	135	0.0430	57	80	0.0357	0.0317	1.2726	0.3213	0.3863	135	0.5353
ASP	0.089	0.069	4.739	172	0.0000	69	105	0.0277	0.0263	1.1073	0.6328	0.5371	172	0.4646
DSD	0.580	0.628	-5.498	170	0.0000	71	101	0.0473	0.0611	1.6658	0.0244	7.4196	170	0.0071
SCP	0.142	0.118	5.282	187	0.0000	76	113	0.0337	0.0295	1.3008	0.2056	3.4047	187	0.0666
PD	0.459	0.525	-8.470	169	0.0000	69	102	0.0470	0.0516	1.2050	0.4133	0.5203	169	0.4717
PP	0.139	0.122	2.379	159	0.0185	60	101	0.0318	0.0519	2.6722	0.0001	0.6308	159	0.4282
AD	0.132	0.149	-3.274	140	0.0013	53	89	0.0314	0.0292	1.1588	0.5363	1.7326	140	0.1902
AP	0.080	0.080	-0.064	94	0.9488	32	64	0.0371	0.0318	1.3622	0.2975	3.1972	94	0.0770
HP/PHD*	0.314	0.270	2.619	116	0.0100	45	73	0.0844	0.0914	1.1743	0.5720	0.2107	116	0.6471
SCP/DSD*	0.250	0.191	6.175	170	0.0000	71	101	0.0665	0.0571	1.3576	0.1598	2.6220	170	0.1072

* Estas variables por ser proporciones no se expresan en mm.

Tabla 113. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala (Long.A.) como variable predictora en progenies hembras de *An. nuneztovari*, localidad Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.052	0.013	3.937	0.0001	0.163	59.793	<0.0001
	Long.A.	0.037	0.005	7.733	<0.0001			
PHD	Intercepto	0.065	0.020	3.194	0.0016	0.002	1.699	0.1935
	Long.A.	0.010	0.007	1.303	0.1935			
HP	Intercepto	0.020	0.023	0.834	0.4049	0.096	33.021	<0.0001
	Long.A.	0.049	0.009	5.746	<0.0001			
HD	Intercepto	0.064	0.028	2.308	0.0218	0.010	3.694	0.0557
	Long.A.	0.020	0.010	1.922	0.0557			
PSP	Intercepto	0.051	0.028	1.806	0.0720	-0.002	0.469	0.4941
	Long.A.	0.007	0.010	0.685	0.4941			
PSD	Intercepto	0.102	0.042	2.424	0.0161	0.098	26.412	<0.0001
	Long.A.	0.079	0.015	5.139	<0.0001			
SP	Intercepto	0.087	0.025	3.508	0.0005	-0.001	0.658	0.4182
	Long.A.	-0.007	0.009	-0.811	0.4182			
PRSD	Intercepto	-0.058	0.030	-1.915	0.0567	0.074	19.671	<0.0001
	Long.A.	0.049	0.011	4.435	<0.0001			
ASP	Intercepto	0.081	0.034	2.381	0.0179	-0.002	0.583	0.4458
	Long.A.	0.009	0.012	0.764	0.4458			
DSD	Intercepto	0.145	0.050	2.911	0.0039	0.177	66.436	<0.0001
	Long.A.	0.147	0.018	8.151	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.173	0.037	4.613	<0.0001	0.031	10.829	0.0011
	Long.A.	0.045	0.014	3.291	0.0011			
PD	Intercepto	-0.102	0.050	-2.023	0.0439	0.301	133.388	<0.0001
	Long.A.	0.212	0.018	11.549	<0.0001			
PP	Intercepto	0.049	0.028	1.735	0.0837	0.109	38.519	<0.0001
	Long.A.	0.063	0.010	6.206	<0.0001			
AD	Intercepto	0.011	0.019	0.587	0.5574	0.041	14.175	0.0002
	Long.A.	0.026	0.007	3.765	0.0002			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	1.138	0.710	1.603	0.1100	0.000	0.932	0.3351
	Long.A.	0.249	0.258	0.965	0.3351			
SCP/DSD	Intercepto	0.733	0.096	7.606	<0.0001	0.009	3.747	0.0538
	Long.A.	-0.068	0.035	-1.936	0.0538			

Tabla 114. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. nuneztovari*, localidad Buenaventura-Valle del Cauca.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.086	0.013	6.568	<0.0001	0.072	27.148	<0.0001
	Long.A.	0.026	0.005	5.210	<0.0001			
PHD	Intercepto	0.038	0.021	1.850	0.0652	0.013	5.497	0.0196
	Long.A.	0.018	0.008	2.345	0.0196			
HP	Intercepto	-0.010	0.022	-0.481	0.6311	0.142	57.876	<0.0001
	Long.A.	0.062	0.008	7.608	<0.0001			
HD	Intercepto	0.049	0.025	1.952	0.0518	0.030	0.001	<0.0001
	Long.A.	0.032	0.009	3.363	0.0009			
PSP	Intercepto	0.070	0.026	2.701	0.0073	-0.003	0.094	0.7592
	Long.A.	0.003	0.010	0.307	0.7592			
PSD	Intercepto	-0.042	0.034	-1.236	0.2173	0.288	129.194	<0.0001
	Long.A.	0.145	0.013	11.366	<0.0001			
SP	Intercepto	0.099	0.025	4.028	<0.0001	0.003	1.867	0.1729
	Long.A.	-0.013	0.009	-1.366	0.1729			
PRSD	Intercepto	-0.062	0.028	-2.226	0.0268	0.070	22.875	<0.0001
	Long.A.	0.050	0.010	4.783	<0.0001			
ASP	Intercepto	0.055	0.031	1.749	0.0812	0.015	5.874	0.0159
	Long.A.	0.028	0.012	2.424	0.0159			
DSD	Intercepto	0.095	0.045	2.127	0.0341	0.185	79.215	<0.0001
	Long.A.	0.149	0.017	8.900	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.158	0.038	4.136	<0.0001	0.035	13.331	0.0003
	Long.A.	0.052	0.014	3.651	0.0003			
PD	Intercepto	0.009	0.039	0.233	0.8155	0.220	98.513	<0.0001
	Long.A.	0.144	0.015	9.925	<0.0001			
PP	Intercepto	0.009	0.039	0.233	0.8155	0.086	33.279	<0.0001
	Long.A.	0.144	0.015	9.925	<0.0001			
AD	Intercepto	0.018	0.016	1.161	0.2466	0.033	12.663	0.0004
	Long.A.	0.021	0.006	3.558	0.0004			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	0.402	0.796	0.505	0.6142	0.033	12.663	0.0004
	Long.A.	0.591	0.298	1.981	0.0484			
SCP/DSD	Intercepto	0.772	0.164	4.707	<0.0001	0.000	0.866	0.3527
	Long.A.	-0.057	0.061	-0.931	0.3527			

Tabla 115. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. nuneztovari*, uniendo localidades Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.121	0.024	4.976	<0.0001	0.009	2.300	0.1315
	Long.A.	0.013	0.008	1.517	0.1315			
PHD	Intercepto	-0.075	0.046	-1.654	0.1003	0.103	18.277	<0.0001
	Long.A.	0.068	0.016	4.275	<0.0001			
HP	Intercepto	0.095	0.045	2.091	0.0382	0.007	2.109	0.1485
	Long.A.	0.023	0.016	1.452	0.1485			
HD	Intercepto	-0.213	0.064	-3.316	0.0012	0.144	25.686	<0.0001
	Long.A.	0.114	0.022	5.068	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.182	0.054	3.363	0.0010	0.013	2.975	0.0867
	Long.A.	-0.033	0.019	-1.725	0.0867			
PSD	Intercepto	-0.267	0.075	-3.555	0.0005	0.334	66.130	<0.0001
	Long.A.	0.213	0.026	8.132	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.034	0.098	-0.347	0.7292	0.000	1.012	0.3165
	Long.A.	0.035	0.034	1.006	0.3165			
PRSD	Intercepto	0.024	0.069	0.350	0.7269	-0.003	0.673	0.4136
	Long.A.	0.020	0.024	0.821	0.4136			
ASP	Intercepto	-0.070	0.060	-1.167	0.2452	0.068	10.736	0.0013
	Long.A.	0.069	0.021	3.277	0.0013			
DSD	Intercepto	0.020	0.081	0.242	0.8093	0.231	46.042	<0.0001
	Long.A.	0.192	0.028	6.785	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.177	0.090	1.975	0.0501	0.001	1.156	0.2841
	Long.A.	0.034	0.031	1.075	0.2841			
PD	Intercepto	-0.024	0.079	-0.310	0.7571	0.226	44.818	<0.0001
	Long.A.	0.185	0.028	6.695	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.027	0.065	-0.424	0.6723	0.116	20.590	<0.0001
	Long.A.	0.102	0.023	4.538	<0.0001			
AD	Intercepto	0.109	0.043	2.540	0.0121	-0.007	0.036	0.8498
	Long.A.	-0.003	0.015	-0.190	0.8498			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	3.498	1.047	3.342	0.0011	0.019	3.930	0.0493
	Long.A.	-0.725	0.366	-1.983	0.0493			
SCP/DSD	Intercepto	0.786	0.199	3.944	0.0001	0.008	2.282	0.1330
	Long.A.	-0.105	0.070	-1.511	0.1330			

Tabla 116. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. nuneztovari*, uniendo localidades Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.053	0.022	2.409	0.0169	0.087	20.515	<0.0001
	Long.A.	0.036	0.008	4.529	<0.0001			
PHD	Intercepto	-0.005	0.034	-0.152	0.8795	0.054	12.708	0.0005
	Long.A.	0.044	0.012	3.565	0.0005			
HP	Intercepto	0.058	0.040	1.458	0.1463	0.032	7.730	0.0059
	Long.A.	0.040	0.014	2.780	0.0059			
HD	Intercepto	-0.133	0.043	-3.064	0.0025	0.150	36.902	<0.0001
	Long.A.	0.094	0.015	6.075	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.183	0.041	4.447	<0.0001	0.023	5.797	0.0169
	Long.A.	-0.035	0.015	-2.408	0.0169			
PSD	Intercepto	-0.020	0.061	-0.319	0.7501	0.186	40.649	<0.0001
	Long.A.	0.140	0.022	6.376	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.030	0.070	-0.428	0.6689	0.004	1.642	0.2020
	Long.A.	0.032	0.025	1.282	0.2020			
PRSD	Intercepto	-0.051	0.055	-0.930	0.3540	0.028	5.330	0.0223
	Long.A.	0.046	0.020	2.309	0.0223			
ASP	Intercepto	0.049	0.047	1.035	0.3023	0.006	2.064	0.1526
	Long.A.	0.024	0.017	1.437	0.1526			
DSD	Intercepto	-0.100	0.061	-1.632	0.1043	0.339	106.875	<0.0001
	Long.A.	0.226	0.022	10.338	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.262	0.066	3.969	0.0001	-0.003	0.378	0.5394
	Long.A.	0.014	0.023	0.615	0.5394			
PD	Intercepto	-0.221	0.084	-2.620	0.0094	0.215	57.280	<0.0001
	Long.A.	0.227	0.030	7.568	<0.0001			
PP	Intercepto	0.112	0.050	2.232	0.0267	0.037	8.834	0.0033
	Long.A.	0.053	0.018	2.972	0.0033			
AD	Intercepto	0.095	0.034	2.785	0.0058	-0.005	0.018	0.8943
	Long.A.	-0.002	0.012	-0.133	0.8943			
AP	Intercepto					0.002	1.458	0.2287
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	2.771	1.009	2.747	0.0065	0.054	12.662	0.0005
	Long.A.	-0.433	0.359	-1.207	0.2287			
SCP/DSD	Intercepto	1.139	0.159	7.150	<0.0001	0.054	12.662	0.0005
	Long.A.	-0.202	0.057	-3.558	0.0005			

Tabla 117. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala derecha como variable predictora en progenies hembras de *An. benarrochi* B.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.0157	0.0291	0.5402	0.5908	0.2073	18.782	<0.0001
	Long.A.	0.0340	0.0078	4.3338	0.0001			
PHD	Intercepto	0.1495	0.0381	3.9284	0.0002	0.0291	3.039	0.0859
	Long.A.	-0.0179	0.0103	-1.7431	0.0859			
HP	Intercepto	-0.0894	0.0407	-2.1952	0.0315	0.4431	56.688	< 0.0001
	Long.A.	0.0827	0.0110	7.5291	< 0.0001			
HD	Intercepto	0.0321	0.0480	0.6678	0.5065	0.0270	2.969	0.0893
	Long.A.	0.0223	0.0129	1.7230	0.0893			
PSP	Intercepto	-0.0191	0.0439	-0.4337	0.6659	0.0750	6.758	0.0114
	Long.A.	0.0308	0.0118	2.5996	0.0114			
PSD	Intercepto	-0.0018	0.0548	-0.0322	0.9744	0.3937	47.112	< 0.0001
	Long.A.	0.1013	0.0148	6.8638	< 0.0001			
SP	Intercepto	-0.0088	0.0385	-0.2283	0.8201	0.0561	4.922	0.0300
	Long.A.	0.0229	0.0103	2.2186	0.0300			
PRSD	Intercepto	-0.0655	0.0550	-1.1905	0.2382	0.0940	7.845	0.0067
	Long.A.	0.0413	0.0148	2.8009	0.0067			
ASP	Intercepto	-0.0012	0.0422	-0.0274	0.9782	0.0609	5.349	0.0239
	Long.A.	0.0262	0.0113	2.3127	0.0239			
DSD	Intercepto	0.0831	0.0705	1.1782	0.2427	0.4739	64.957	< 0.0001
	Long.A.	0.1530	0.0190	8.0596	< 0.0001			
SCP	Intercepto	-0.0674	0.0748	-0.9010	0.3707	0.1218	10.845	0.0016
	Long.A.	0.0663	0.0201	3.2931	0.0016			
PD	Intercepto	0.0948	0.0820	1.1572	0.2512	0.4329	54.442	< 0.0001
	Long.A.	0.1631	0.0221	7.3785	< 0.0001			
PP	Intercepto	-0.1781	0.0646	-2.7587	0.0077	0.3549	35.116	< 0.0001
	Long.A.	0.1035	0.0175	5.9259	< 0.0001			
AD	Intercepto	0.0666	0.0497	1.3412	0.1854	-0.0137	0.243	0.6239
	Long.A.	0.0066	0.0135	0.4931	0.6239			
AP	Intercepto	-0.1056	0.0785	-1.3460	0.1855	0.1530	8.765	0.0050
	Long.A.	0.0636	0.0215	2.9605	0.0050			
HP/PHD	Intercepto	-2.7301	1.7430	-1.5664	0.1220	0.1217	10.425	0.0019
	Long.A.	1.5163	0.4696	3.2288	0.0019			
SCP/DSD	Intercepto	0.1723	0.1333	1.2922	0.2005	-0.0052	0.63	0.4302
	Long.A.	0.0285	0.0359	0.7935	0.4302			

Tabla 118. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala izquierda como variable predictora en progenies hembras de *An. benarrochi* B.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	P	R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	2.6469	0.2319	11.4143	< 0.0001	0.2437	20.980	< 0.0001
	Long.A.	6.8075	1.4862	4.5804	< 0.0001			
HD	Intercepto	3.8590	0.1250	30.8741	< 0.0001	0.0117	1.737	0.1925
	Long.A.	-1.8855	1.4308	-1.3178	0.19250			
HP	Intercepto	2.7424	0.1485	18.4640	< 0.0001	0.3907	43.320	< 0.0001
	Long.A.	4.4035	0.6690	6.5818	< 0.0001			
HD	Intercepto	3.5345	0.1362	25.9547	< 0.0001	0.0127	1.873	0.1757
	Long.A.	1.5583	1.1386	1.3686	0.1757			
PSP	Intercepto	3.4658	0.1084	31.9761	< 0.0001	0.0626	5.606	0.0208
	Long.A.	2.4941	1.0534	2.3676	0.0208			
PSD	Intercepto	2.0370	0.2123	9.5973	< 0.0001	0.4674	62.419	< 0.0001
	Long.A.	4.4779	0.5668	7.9006	< 0.0001			
SP	Intercepto	3.5201	0.1324	26.5812	< 0.0001	0.0229	2.498	0.1190
	Long.A.	2.5522	1.6149	1.5804	0.1190			
PRSD	Intercepto	3.4460	0.0898	38.3793	< 0.0001	0.1368	10.982	0.0015
	Long.A.	2.9928	0.9031	3.3139	0.0015			
ASP	Intercepto	3.6870	0.1302	28.3219	< 0.0001	-0.0146	0.094	0.7603
	Long.A.	0.4046	1.3205	0.3064	0.7603			
DSD	Intercepto	1.6783	0.2656	6.3201	< 0.0001	0.4585	58.574	< 0.0001
	Long.A.	3.1463	0.4111	7.6534	< 0.0001			
SCP	Intercepto	3.3464	0.1085	30.8559	< 0.0001	0.1327	11.555	0.0011
	Long.A.	1.9658	0.5783	3.3993	0.0011			
PD	Intercepto	1.7098	0.2904	5.8886	< 0.0001	0.4253	46.8840	< 0.0001
	Long.A.	2.8991	0.4234	6.8472	< 0.0001			
PP	Intercepto	2.9161	0.1199	24.3314	< 0.0001	0.4234	43.592	< 0.0001
	Long.A.	3.7222	0.5638	6.6024	< 0.0001			
AD	Intercepto	3.8783	0.1436	27.0164	< 0.0001	0.0149	1.850	0.1794
	Long.A.	-2.0960	1.5412	-1.3600	0.1794			
AP	Intercepto	3.3576	0.1434	23.4132	< 0.0001	0.1029	5.587	0.0232
	Long.A.	2.5633	1.0844	2.3637	0.0232			
HP/PHD	Intercepto	3.4917	0.0969	36.0450	< 0.0001	0.0641	5.244	0.0255
	Long.A.	0.0727	0.0318	2.2899	0.0255			
SCP/DSD	Intercepto	3.6023	0.1139	31.6275	< 0.0001	-0.0024	0.838	0.3633
	Long.A.	0.3495	0.3818	0.9154	0.3633			

Tabla 119. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala derecha como variable predictora en progenies machos de *An. benarrochi* B.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t		R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	3.3678	0.1868	18.0265	< 0.0001	0.0057	1.376	0.2451
	Long.A.	1.5525	1.3237	1.1729	0.2451			
PHD	Intercepto	3.5136	0.1030	34.1081	< 0.0001	-0.0077	0.503	0.4809
	Long.A.	0.7978	1.1253	0.7090	0.4809			
HP	Intercepto	2.9612	0.1812	16.3377	< 0.0001	0.1364	12.053	< 0.0001
	Long.A.	2.8722	0.8273	3.4717	< 0.0001			
HD	Intercepto	3.5368	0.1037	34.1097	< 0.0001	-0.0103	0.257	0.6135
	Long.A.	0.4753	0.9369	0.5072	0.6135			
PSP	Intercepto	3.4762	0.0887	39.2086	< 0.0001	0.0098	1.720	0.1939
	Long.A.	1.0818	0.8249	1.3114	0.1939			
PSD	Intercepto	2.4861	0.1795	13.8491	< 0.0001	0.3325	37.857	< 0.0001
	Long.A.	2.7089	0.4403	6.1528	< 0.0001			
SP	Intercepto	3.6474	0.0730	49.9752	< 0.0001	-0.0085	0.416	0.5211
	Long.A.	-0.5728	0.8880	-0.6450	0.5211			
PRSD	Intercepto	3.3487	0.0683	49.0388	< 0.0001	0.1623	14.558	0.0003
	Long.A.	2.4969	0.6544	3.8155	0.0003			
ASP	Intercepto	3.5804	0.0995	35.9853	< 0.0001	-0.0141	0.026	0.8727
	Long.A.	0.1402	0.8717	0.1608	0.8727			
DSD	Intercepto	2.2117	0.2173	10.1771	< 0.0001	0.3422	40.023	< 0.0001
	Long.A.	2.5350	0.4007	6.3263	< 0.0001			
SCP	Intercepto	3.0876	0.0913	33.8172	< 0.0001	0.2875	30.863	< 0.0001
	Long.A.	1.9667	0.3540	5.5555	< 0.0001			
PD	Intercepto	2.7681	0.1990	13.9130	< 0.0001	0.1917	17.126	< 0.0001
	Long.A.	1.5066	0.3641	4.1384	< 0.0001			
PP	Intercepto	3.1223	0.1538	20.3072	< 0.0001	0.1316	8.881	< 0.0001
	Long.A.	2.1739	0.7295	2.9802	< 0.0001			
AD	Intercepto	3.6327	0.1200	30.2788	< 0.0001	-0.0145	0.312	0.5790
	Long.A.	-0.7727	1.3827	-0.5588	0.5790			
AP	Intercepto	3.4706	0.2303	15.0706	< 0.0001	-0.0350	0.155	0.6971
	Long.A.	0.6141	1.5590	0.3939	0.6971			
HP/PHD	Intercepto	3.6173	0.0713	50.7362	< 0.0001	-0.0122	0.229	0.6341
	Long.A.	-0.0119	0.0248	-0.4783	0.6341			
SCP/DSD	Intercepto	3.3350	0.0946	35.2472	< 0.0001	0.0776	7.224	0.0089
	Long.A.	0.5242	0.1950	2.6877	0.0089			

Tabla 120. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala izquierda como variable predictora en progenies machos de *An. benarrochi* B.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t		R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	3.0903	0.1743	17.7299	< 0.0001	0.1059	8.816	0.00418
	Long.A.	3.3977	1.1443	2.9691	0.00418			
PHD	Intercepto	3.6122	0.0967	37.3586	< 0.0001	-0.0153	0.009	0.9265
	Long.A.	-0.0975	1.0531	-0.0926	0.9265			
HP	Intercepto	2.8071	0.1324	21.19564	< 0.0001	0.3119	36.356	< 0.0001
	Long.A.	3.5708	0.5922	6.0296	< 0.0001			
HD	Intercepto	3.6185	0.0929	38.9654	< 0.0001	-0.0128	0.028	0.8670
	Long.A.	-0.1389	0.8272	-0.1680	0.8670			
PSP	Intercepto	3.4804	0.0828	42.0543	< 0.0001	0.0176	2.381	0.1270
	Long.A.	1.1868	0.7691	1.5431	0.1270			
PSD	Intercepto	2.4524	0.1810	13.5479	< 0.0001	0.3449	41.016	< 0.0001
	Long.A.	2.8278	0.4415	6.4043	< 0.0001			
SP	Intercepto	3.5706	0.0780	45.7635	< 0.0001	-0.0095	0.315	0.5765
	Long.A.	0.5640	1.0052	0.5611	0.5765			
PRSD	Intercepto	3.4417	0.0703	48.9857	< 0.0001	0.0708	6.563	0.0125
	Long.A.	1.7263	0.6738	2.5619	0.0125			
ASP	Intercepto	3.3902	0.0927	36.5662	< 0.0001	0.0628	5.961	0.0170
	Long.A.	1.8649	0.7638	2.4416	0.0170			
DSD	Intercepto	2.7872	0.2091	13.3270	< 0.0001	0.1560	15.238	< 0.0001
	Long.A.	1.5228	0.3901	3.903524	0.0002			
SCP	Intercepto	3.1666	0.0852	37.1586	< 0.0001	0.2546	26.953	< 0.0001
	Long.A.	1.6480	0.3174	5.1916	< 0.0001			
PD	Intercepto	3.1462	0.1611	19.5292	< 0.0001	0.0894	7.777	0.0069
	Long.A.	0.8355	0.2996	2.7887	0.0069			
PP	Intercepto	3.3009	0.1352	24.4084	< 0.0001	0.0507	4.095	0.0477
	Long.A.	1.3578	0.6710	2.0237	0.0477			
AD	Intercepto	3.7199	0.1214	30.6334	< 0.0001	0.0116	1.587	0.2137
	Long.A.	-1.8158	1.4413	-1.2598	0.2137			
AP	Intercepto	3.3295	0.1543	21.5791	< 0.0001	0.0398	2.201	0.1491
	Long.A.	1.6949	1.1424	1.4836	0.1491			
HP/PHD	Intercepto	3.5864	0.0685	52.3489	< 0.0001	-0.0151	0.030	0.8630
	Long.A.	0.0041	0.0236	0.1732	0.8630			
SCP/DSD	Intercepto	3.3619	0.0852	39.4648	< 0.0001	0.0859	8.141	0.0056
	Long. Ala	0.4723	0.1656	2.8532	0.0056			

Tabla 121. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. strodei*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.044	0.041	1.091	0.2896	0.181	5.213	0.0348
	Long.A.	0.036	0.016	2.283	0.0348			
PHD	Intercepto	-0.045	0.045	-1.012	0.3219	0.198	7.184	0.0131
	Long.A.	0.047	0.017	2.680	0.0131			
HP	Intercepto	0.076	0.049	1.540	0.1361	0.032	1.857	0.1851
	Long.A.	0.026	0.019	1.363	0.1851			
HD	Intercepto	0.065	0.079	0.816	0.4239	-0.033	0.325	0.5747
	Long.A.	0.018	0.031	0.571	0.5747			
PSP	Intercepto	-0.195	0.153	-1.274	0.2165	0.095	3.320	0.0827
	Long.A.	0.109	0.060	1.822	0.0827			
PSD	Intercepto	0.327	0.260	1.255	0.2354	-0.086	0.048	0.8308
	Long.A.	-0.023	0.103	-0.219	0.8308			
SP	Intercepto	0.051	0.035	1.459	0.1683	-0.076	0.005	0.9421
	Long.A.	-0.001	0.014	-0.074	0.9421			
PRSD	Intercepto	0.031	0.081	0.387	0.7053	-0.058	0.233	0.6373
	Long.A.	0.015	0.032	0.483	0.6373			
ASP	Intercepto	-0.403	0.254	-1.588	0.1240	0.099	4.069	0.0537
	Long.A.	0.199	0.099	2.017	0.0537			
DSD	Intercepto	-0.024	0.223	-0.107	0.9156	0.166	6.780	0.0146
	Long.A.	0.226	0.087	2.604	0.0146			
SCP	Intercepto	0.038	0.257	0.149	0.8829	-0.023	0.347	0.5604
	Long.A.	0.059	0.100	0.589	0.5604			
PD	Intercepto	0.040	0.293	0.136	0.8930	0.089	3.341	0.0806
	Long.A.	0.208	0.114	1.828	0.0806			
PP	Intercepto	0.339	0.115	2.953	0.0085	0.054	2.095	0.1650
	Long.A.	-0.064	0.044	-1.447	0.1650			
AD	Intercepto	-0.019	0.069	-0.278	0.7843	0.026	1.461	0.2443
	Long.A.	0.032	0.027	1.209	0.2443			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	5.950	1.649	3.609	0.0015	0.167	5.802	0.0244
	Long.A.	-1.551	0.644	-2.409	0.0244			
SCP/DSD	Intercepto	-0.035	1.124	-0.031	0.9754	-0.030	0.142	0.7093
	Long.A.	0.165	0.437	0.377	0.7093			

Tabla 122. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. strodei*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.072	0.034	2.106	0.042	0.060	3.571	0.0662
	Long.A.	0.025	0.013	1.890	0.066			
PHD	Intercepto	0.057	0.034	1.673	0.0999	-0.014	0.215	0.6446
	Long.A.	0.006	0.014	0.464	0.6446			
HP	Intercepto	-0.011	0.045	-0.251	0.8024	0.195	15.091	0.0003
	Long.A.	0.069	0.018	3.885	0.0003			
HD	Intercepto	0.093	0.049	1.923	0.0598	-0.012	0.346	0.5589
	Long.A.	0.011	0.019	0.588	0.5589			
PSP	Intercepto	0.018	0.039	0.460	0.6470	0.010	1.529	0.2216
	Long.A.	0.019	0.015	1.236	0.2216			
PSD	Intercepto	-0.025	0.101	-0.245	0.8092	0.367	11.439	0.0035
	Long.A.	0.139	0.041	3.382	0.0035			
SP	Intercepto	0.134	0.093	1.449	0.1680	-0.021	0.666	0.4272
	Long.A.	-0.031	0.038	-0.816	0.4272			
PRSD	Intercepto	-0.143	0.085	-1.672	0.1152	0.261	6.641	0.0210
	Long.A.	0.090	0.035	2.577	0.0210			
ASP	Intercepto	0.083	0.049	1.692	0.0958	-0.007	0.592	0.4447
	Long.A.	0.015	0.020	0.769	0.4447			
DSD	Intercepto	-0.209	0.058	-3.615	0.0006	0.712	159.151	<0.0001
	Long.A.	0.291	0.023	12.616	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.052	0.076	0.682	0.4979	0.039	3.604	0.0622
	Long.A.	0.058	0.030	1.898	0.0622			
PD	Intercepto	-0.033	0.092	-0.365	0.7167	0.294	25.937	<0.0001
	Long.A.	0.187	0.037	5.093	<0.0001			
PP	Intercepto	0.034	0.063	0.532	0.5969	0.099	6.916	0.0112
	Long.A.	0.066	0.025	2.630	0.0112			
AD	Intercepto	-0.087	0.042	-2.077	0.0430	0.188	12.810	0.0008
	Long.A.	0.060	0.017	3.579	0.0008			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	0.107	1.785	0.060	0.9523	0.012	1.707	0.1969
	Long.A.	0.932	0.714	1.306	0.1969			
SCP/DSD	Intercepto	0.715	0.185	3.865	0.0003	0.033	3.172	0.0797
	Long.A.	-0.131	0.074	-1.781	0.0797			

Tabla 123. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala derecha como variable predictora en progenies hembras de *An. triannulatus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.0309	0.0550	0.5606	0.5779	0.0076	1.345	0.2524
	Long.A.	0.0240	0.0207	1.1599	0.2524			
PHD	Intercepto	0.1306	0.0551	2.3684	0.0218	-0.0172	0.137	0.7128
	Long.A.	0.0077	0.0207	0.3702	0.7128			
HP	Intercepto	0.0426	0.0622	0.6844	0.4966	0.0038	1.345	0.2524
	Long.A.	0.0258	0.0234	1.1004	0.2759			
HD	Intercepto	0.0668	0.0874	0.7647	0.4477	-0.0020	0.891	0.3495
	Long.A.	0.0311	0.0329	0.9437	0.3495			
PSP	Intercepto	0.0136	0.0344	0.3953	0.6942	0.0398	3.321	0.0738
	Long.A.	0.0236	0.0130	1.8223	0.0738			
PSD	Intercepto	0.2370	0.1210	1.9594	0.0566	-0.0203	0.127	0.7237
	Long.A.	0.0162	0.0456	0.3559	0.7237			
SP	Intercepto	-0.0392	0.0510	-0.7678	0.4475	0.0640	3.598	0.0657
	Long.A.	0.0365	0.0192	1.8969	0.0657			
PRSD	Intercepto	0.0459	0.0689	0.6666	0.5092	-0.0227	0.155	0.6956
	Long.A.	0.0102	0.0260	0.3943	0.6956			
ASP	Intercepto	0.1238	0.0615	2.0138	0.0492	-0.0113	0.408	0.5258
	Long.A.	-0.0147	0.0231	-0.6387	0.5258			
DSD	Intercepto	0.1301	0.1416	0.9189	0.3620	0.1644	12.413	0.0008
	Long.A.	0.1879	0.0533	3.5232	0.0008			
SCP	Intercepto	0.0952	0.0572	1.6651	0.1012	-0.0156	0.078	0.7812
	Long.A.	0.0060	0.0216	0.2790	0.7812			
PD	Intercepto	0.0382	0.1462	0.2612	0.7951	0.2167	14.282	0.0004
	Long.A.	0.2074	0.0549	3.7791	0.0004			
PP	Intercepto	0.0942	0.1202	0.7831	0.4381	-0.0221	0.092	0.7638
	Long.A.	0.0136	0.0450	0.3025	0.7638			
AD	Intercepto	0.1444	0.0685	2.1084	0.0422	-0.0122	0.566	0.4568
	Long.A.	0.6170	0.6766	0.9119	0.3662			
HP/PHD	Intercepto	0.6170	0.6766	0.9119	0.3662	-0.0188	0.058	0.8104
	Long.A.	0.0614	0.2546	0.2412	0.8104			
SCP/DSD	Intercepto	0.3386	0.1051	3.2227	0.0021	0.0218	2.293	0.1354
	Long.A.	-0.0599	0.0396	-1.5144	0.1354			

Tabla 124. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala izquierda como variable predictora en progenies hembras de *An. triannulatus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	P	R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	-0.0076	0.0832	-0.0911	0.9280	0.0224	1.6643	0.2076
	Long.A.	0.0401	0.0311	1.2901	0.2076			
PHD	Intercepto	0.2053	0.0902	2.2757	0.0291	-0.0188	0.3373	0.5651
	Long.A.	-0.0197	0.0339	-0.5808	0.5651			
HP	Intercepto	-0.1295	0.1014	-1.2774	0.2092	0.1124	5.9382	0.0196
	Long.A.	0.0928	0.0381	2.4368	0.0196			
HD	Intercepto	0.0162	0.1191	0.1356	0.8928	0.0058	1.2384	0.2724
	Long.A.	0.0497	0.0447	1.1128	0.2724			
PSP	Intercepto	-0.0420	0.0553	-0.7595	0.4519	0.0837	4.8386	0.0335
	Long.A.	0.0457	0.0208	2.1997	0.0335			
PSD	Intercepto	0.1742	0.1878	0.9276	0.3598	-0.0166	0.3953	0.5335
	Long.A.	0.0442	0.0703	0.6287	0.5335			
SP	Intercepto	-0.0583	0.0697	-0.8371	0.4087	0.0488	2.6923	0.1106
	Long.A.	0.0426	0.0260	1.6408	0.1106			
PRSD	Intercepto	0.1276	0.1264	1.0094	0.3203	-0.0249	0.1997	0.6579
	Long.A.	-0.0211	0.0471	-0.4469	0.6579			
ASP	Intercepto	0.1190	0.0667	1.7846	0.0812	-0.0165	0.2679	0.6073
	Long.A.	-0.0128	0.0248	-0.5176	0.6073			
DSD	Intercepto	0.0344	0.1556	0.2208	0.8262	0.2180	14.6571	0.0004
	Long.A.	0.2225	0.0581	3.8285	0.0004			
SCP	Intercepto	0.1588	0.0551	2.8818	0.0059	0.0048	1.2329	0.2725
	Long.A.	-0.0229	0.0206	-1.1103	0.2725			
PD	Intercepto	-0.0395	0.1463	-0.2697	0.7889	0.3167	19.0741	0.0001
	Long.A.	0.2387	0.0547	4.3674	0.0001			
PP	Intercepto	-0.0726	0.1001	-0.7259	0.4734	0.0891	4.1297	0.0508
	Long.A.	0.0757	0.0372	2.0322	0.0508			
AD	Intercepto	0.0839	0.0480	1.7470	0.0916	-0.0300	0.1540	0.6977
	Long.A.	0.0070	0.0178	0.3924	0.6977			
HP/PHD	Intercepto	-1.4010	1.1197	-1.2512	0.2191	0.0744	3.8941	0.0564
	Long.A.	0.8293	0.4203	1.9733	0.0564			
SCP/DSD	Intercepto	0.3783	0.0888	4.2598	0.0001	0.0983	6.2299	0.0161
	Long.A.	-0.0828	0.0332	-2.4960	0.0161			

Tabla 125. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala derecha como variable predictora en progenies machos de *An. triannulatus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	P	R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	-0.1264	0.0428	-2.9570	0.0052	0.3877	26.9560	0.0000
	Long.A.	0.0911	0.0175	5.1919	0.0000			
PHD	Intercepto	0.2698	0.0388	6.9536	0.0000	0.1617	9.6809	0.0033
	Long.A.	-0.0496	0.0160	-3.1114	0.0033			
HP	Intercepto	-0.2386	0.0288	-8.2770	0.0000	0.7651	154.0945	0.0000
	Long.A.	0.1476	0.0119	12.4135	0.0000			
HD	Intercepto	0.2961	0.0670	4.4189	0.0001	0.0634	4.3182	0.0431
	Long.A.	-0.0579	0.0278	-2.0780	0.0431			
PSP	Intercepto	0.0307	0.0400	0.7667	0.4469	0.0011	1.0540	0.3095
	Long.A.	0.0171	0.0166	1.0266	0.3095			
PSD	Intercepto	-0.2952	0.1047	-2.8190	0.0086	0.5256	34.2338	0.0000
	Long.A.	0.2491	0.0426	5.8510	0.0000			
SP	Intercepto	0.0133	0.0399	0.3340	0.7410	0.0170	1.4846	0.2336
	Long.A.	0.0197	0.0162	1.2184	0.2336			
PRSD	Intercepto	0.1396	0.1955	0.7141	0.4813	-0.0355	0.0400	0.8431
	Long.A.	-0.0158	0.0792	-0.1999	0.8431			
ASP	Intercepto	-0.0157	0.0494	-0.3184	0.7515	0.0816	5.4421	0.0238
	Long.A.	0.0477	0.0204	2.3328	0.0238			
DSD	Intercepto	0.2027	0.0759	2.6708	0.0102	0.2322	16.1213	0.0002
	Long.A.	0.1262	0.0314	4.0151	0.0002			
SCP	Intercepto	-0.2239	0.0871	-2.5697	0.0133	0.2256	15.5674	0.0003
	Long.A.	0.1424	0.0361	3.9456	0.0003			
PD	Intercepto	0.1887	0.1159	1.6281	0.1107	0.1061	6.3420	0.0155
	Long.A.	0.1206	0.0479	2.5183	0.0155			
PP	Intercepto	-0.2336	0.0624	-3.7450	0.0007	0.5242	37.3588	0.0000
	Long.A.	0.1572	0.0257	6.1122	0.0000			
AD	Intercepto	0.0050	0.0559	0.0888	0.9300	0.0457	2.1961	0.1514
	Long.A.	0.0339	0.0229	1.4819	0.1514			
HP/PHD	Intercepto	-2.6879	0.5952	-4.5161	0.0000	0.4378	36.0393	0.0000
	Long.A.	1.4692	0.2447	6.0033	0.0000			
SCP/DSD	Intercepto	-0.4530	0.2207	-2.0523	0.0455	0.1516	9.9337	0.0028
	Long.A.	0.2882	0.0914	3.1518	0.0028			

Tabla 126. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala izquierda como variable predictora en progenies machos de *An. triannulatus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	P	R ² Ajustado	F	P
BP+PHP	Intercepto	-0.2032	0.0705	-2.8826	0.0084	0.4490	20.5604	0.0001
	Long.A.	0.1237	0.0273	4.5344	0.0001			
PHD	Intercepto	0.2305	0.0550	4.1889	0.0002	0.0316	2.1745	0.1493
	Long.A.	-0.0324	0.0220	-1.4746	0.1493			
HP	Intercepto	-0.1309	0.0444	-2.9466	0.0054	0.4510	33.8544	0.0000
	Long.A.	0.1034	0.0178	5.8185	0.0000			
HD	Intercepto	0.2251	0.0566	3.9769	0.0003	0.0196	1.8416	0.1822
	Long.A.	-0.0308	0.0227	-1.3571	0.1822			
PSP	Intercepto	0.0290	0.0420	0.6896	0.4942	0.0027	1.1144	0.2972
	Long.A.	0.0178	0.0168	1.0556	0.2972			
PSD	Intercepto	-0.1116	0.0968	-1.1532	0.2589	0.4175	21.0710	0.0001
	Long.A.	0.1761	0.0384	4.5903	0.0001			
SP	Intercepto	0.0492	0.0423	1.1632	0.2542	-0.0331	0.0386	0.8457
	Long.A.	0.0033	0.0166	0.1964	0.8457			
PRSD	Intercepto	0.0815	0.0584	1.3951	0.1739	-0.0357	0.0000	0.9978
	Long.A.	-0.0001	0.0229	-0.0028	0.9978			
ASP	Intercepto	0.0198	0.0443	0.4463	0.6576	0.0552	3.6300	0.0633
	Long.A.	0.0339	0.0178	1.9053	0.0633			
DSD	Intercepto	0.1406	0.0806	1.7441	0.0883	0.3185	21.5666	0.0000
	Long.A.	0.1503	0.0324	4.6440	0.0000			
SCP	Intercepto	-0.1030	0.1028	-1.0022	0.3216	0.0821	5.1154	0.0286
	Long.A.	0.0934	0.0413	2.2617	0.0286			
PD	Intercepto	0.1955	0.1550	1.2613	0.2155	0.0622	3.3893	0.0741
	Long.A.	0.1144	0.0621	1.8410	0.0741			
PP	Intercepto	-0.1209	0.0743	-1.6278	0.1172	0.3622	14.6288	0.0009
	Long.A.	0.1125	0.0294	3.8248	0.0009			
AD	Intercepto	-0.0099	0.0642	-0.1549	0.8784	0.0611	2.3655	0.1397
	Long.A.	0.0390	0.0254	1.5380	0.1397			
HP/PHD	Intercepto	-1.6247	0.9450	-1.7192	0.0944	0.1507	7.3865	0.0102
	Long.A.	1.0247	0.3770	2.7178	0.0102			
SCP/DSD	Intercepto	-0.1070	0.2221	-0.4817	0.6325	0.0345	2.5732	0.1160
	Long.A.	0.1431	0.0892	1.6041	0.1160			

Tabla 127. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. albimanus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.121	0.024	4.976	<0.0001	0.009	2.300	0.1315
	Long.A.	0.013	0.008	1.517	0.1315			
PHD	Intercepto	-0.075	0.046	-1.654	0.1003	0.103	18.277	<0.0001
	Long.A.	0.068	0.016	4.275	<0.0001			
HP	Intercepto	0.095	0.045	2.091	0.0382	0.007	2.109	0.1485
	Long.A.	0.023	0.016	1.452	0.1485			
HD	Intercepto	-0.213	0.064	-3.316	0.0012	0.144	25.686	<0.0001
	Long.A.	0.114	0.022	5.068	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.182	0.054	3.363	0.0010	0.013	2.975	0.0867
	Long.A.	-0.033	0.019	-1.725	0.0867			
PSD	Intercepto	-0.267	0.075	-3.555	0.0005	0.334	66.130	<0.0001
	Long.A.	0.213	0.026	8.132	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.034	0.098	-0.347	0.7292	0.000	1.012	0.3165
	Long.A.	0.035	0.034	1.006	0.3165			
PRSD	Intercepto	0.024	0.069	0.350	0.7269	-0.003	0.673	0.4136
	Long.A.	0.020	0.024	0.821	0.4136			
ASP	Intercepto	-0.070	0.060	-1.167	0.2452	0.068	10.736	0.0013
	Long.A.	0.069	0.021	3.277	0.0013			
DSD	Intercepto	0.020	0.081	0.242	0.8093	0.231	46.042	<0.0001
	Long.A.	0.192	0.028	6.785	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.177	0.090	1.975	0.0501	0.001	1.156	0.2841
	Long.A.	0.034	0.031	1.075	0.2841			
PD	Intercepto	-0.024	0.079	-0.310	0.7571	0.226	44.818	<0.0001
	Long.A.	0.185	0.028	6.695	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.027	0.065	-0.424	0.6723	0.116	20.590	<0.0001
	Long.A.	0.102	0.023	4.538	<0.0001			
AD	Intercepto	0.109	0.043	2.540	0.0121	-0.007	0.036	0.8498
	Long.A.	-0.003	0.015	-0.190	0.8498			
AP	Intercepto							
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	3.498	1.047	3.342	0.0011	0.019	3.930	0.0493
	Long.A.	-0.725	0.366	-1.983	0.0493			
SCP/DSD	Intercepto	0.786	0.199	3.944	0.0001	0.008	2.282	0.1330
	Long.A.	-0.105	0.070	-1.511	0.1330			

Tabla 128. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. albimanus*.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.053	0.022	2.409	0.0169	0.087	20.515	<0.0001
	Long.A.	0.036	0.008	4.529	<0.0001			
PHD	Intercepto	-0.005	0.034	-0.152	0.8795	0.054	12.708	0.0005
	Long.A.	0.044	0.012	3.565	0.0005			
HP	Intercepto	0.058	0.040	1.458	0.1463	0.032	7.730	0.0059
	Long.A.	0.040	0.014	2.780	0.0059			
HD	Intercepto	-0.133	0.043	-3.064	0.0025	0.150	36.902	<0.0001
	Long.A.	0.094	0.015	6.075	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.183	0.041	4.447	<0.0001	0.023	5.797	0.0169
	Long.A.	-0.035	0.015	-2.408	0.0169			
PSD	Intercepto	-0.020	0.061	-0.319	0.7501	0.186	40.649	<0.0001
	Long.A.	0.140	0.022	6.376	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.030	0.070	-0.428	0.6689	0.004	1.642	0.2020
	Long.A.	0.032	0.025	1.282	0.2020			
PRSD	Intercepto	-0.051	0.055	-0.930	0.3540	0.028	5.330	0.0223
	Long.A.	0.046	0.020	2.309	0.0223			
ASP	Intercepto	0.049	0.047	1.035	0.3023	0.006	2.064	0.1526
	Long.A.	0.024	0.017	1.437	0.1526			
DSD	Intercepto	-0.100	0.061	-1.632	0.1043	0.339	106.875	<0.0001
	Long.A.	0.226	0.022	10.338	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.262	0.066	3.969	0.0001	-0.003	0.378	0.5394
	Long.A.	0.014	0.023	0.615	0.5394			
PD	Intercepto	-0.221	0.084	-2.620	0.0094	0.215	57.280	<0.0001
	Long.A.	0.227	0.030	7.568	<0.0001			
PP	Intercepto	0.112	0.050	2.232	0.0267	0.037	8.834	0.0033
	Long.A.	0.053	0.018	2.972	0.0033			
AD	Intercepto	0.095	0.034	2.785	0.0058	-0.005	0.018	0.8943
	Long.A.	-0.002	0.012	-0.133	0.8943			
AP	Intercepto					0.002	1.458	0.2287
	Long.A.							
HP/PHD	Intercepto	2.771	1.009	2.747	0.0065	0.054	12.662	0.0005
	Long.A.	-0.433	0.359	-1.207	0.2287			
SCP/DSD	Intercepto	1.139	0.159	7.150	<0.0001	0.054	12.662	0.0005
	Long.A.	-0.202	0.057	-3.558	0.0005			

Tabla 129. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. albicans* F de Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmas-Meta y Granada Meta, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.047	0.020	2.325	0.0211	0.122	27.591	<0.0001
	Long.A.	0.041	0.008	5.253	<0.0001			
PHD	Intercepto	-0.067	0.021	-3.274	0.0012	0.132	38.638	<0.0001
	Long.A.	0.049	0.008	6.216	<0.0001			
HP	Intercepto	0.034	0.021	1.653	0.0996	0.113	34.025	<0.0001
	Long.A.	0.047	0.008	5.833	<0.0001			
HD	Intercepto	0.061	0.039	1.589	0.1135	0.010	3.381	0.0672
	Long.A.	0.027	0.015	1.839	0.0672			
PSP	Intercepto	0.007	0.021	0.341	0.7334	0.027	7.685	0.0060
	Long.A.	0.023	0.008	2.772	0.0060			
PSD	Intercepto	-0.021	0.090	-0.235	0.8153	0.207	10.145	0.0031
	Long.A.	0.108	0.034	3.185	0.0031			
SP	Intercepto	0.027	0.044	0.614	0.5435	-0.025	0.226	0.6382
	Long.A.	0.008	0.017	0.475	0.6382			
PRSD	Intercepto	-0.024	0.081	-0.292	0.7726	0.021	1.698	0.2022
	Long.A.	0.040	0.031	1.303	0.2022			
ASP	Intercepto	0.033	0.030	1.126	0.2610	0.009	3.597	0.0590
	Long.A.	0.022	0.011	1.897	0.0590			
DSD	Intercepto	0.064	0.036	1.792	0.0743	0.480	252.257	<0.0001
	Long.A.	0.219	0.014	15.883	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.018	0.041	0.446	0.6560	0.033	10.636	0.0012
	Long.A.	0.052	0.016	3.261	0.0012			
PD	Intercepto	0.110	0.055	1.997	0.0471	0.235	71.447	<0.0001
	Long.A.	0.182	0.022	8.453	<0.0001			
PP	Intercepto	0.013	0.040	0.319	0.7504	0.079	17.957	<0.0001
	Long.A.	0.066	0.016	4.238	<0.0001			
AD	Intercepto	0.021	0.038	0.536	0.5929	0.022	5.111	0.0250
	Long.A.	0.034	0.015	2.261	0.0250			
AP	Intercepto	0.066	0.029	2.285	0.0250	-0.011	0.009	0.9250
	Long.A.	-0.001	0.011	-0.094	0.9250			
HP/PHD	Intercepto	10.136	1.513	6.700	<0.0001	0.077	21.691	<0.0001
	Long.A.	-2.725	0.585	-4.657	<0.0001			
SCP/DSD	Intercepto	0.264	0.072	3.673	0.0003	-0.003	0.088	0.7668
	Long.A.	-0.008	0.028	-0.297	0.7668			

Tabla 130. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. albitarsis* F de Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmas-Meta y Granada Meta, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.043	0.018	2.429	0.0158	0.113	34.770	<0.0001
	Long.A.	0.042	0.007	5.897	<0.0001			
PHD	Intercepto	0.010	0.021	0.465	0.6423	0.013	5.104	0.0245
	Long.A.	0.019	0.009	2.259	0.0245			
HP	Intercepto	-0.003	0.022	-0.132	0.8951	0.131	52.093	<0.0001
	Long.A.	0.064	0.009	7.218	<0.0001			
HD	Intercepto	0.118	0.031	3.852	0.0001	-0.002	0.341	0.5596
	Long.A.	0.007	0.012	0.584	0.5596			
PSP	Intercepto	0.049	0.038	1.298	0.1951	-0.002	0.522	0.4706
	Long.A.	0.011	0.015	0.722	0.4706			
PSD	Intercepto	-0.145	0.076	-1.912	0.0600	0.300	31.829	<0.0001
	Long.A.	0.171	0.030	5.642	<0.0001			
SP	Intercepto	0.022	0.033	0.666	0.5074	-0.006	0.534	0.4673
	Long.A.	0.009	0.013	0.731	0.4673			
PRSD	Intercepto	0.139	0.059	2.378	0.0199	-0.010	0.211	0.6475
	Long.A.	-0.011	0.023	-0.459	0.6475			
ASP	Intercepto	0.024	0.025	0.968	0.3338	0.022	10.407	0.0014
	Long.A.	0.032	0.010	3.226	0.0014			
DSD	Intercepto	-0.005	0.032	-0.156	0.8761	0.440	309.520	<0.0001
	Long.A.	0.228	0.013	17.593	<0.0001			
SCP	Intercepto	-0.009	0.037	-0.248	0.8041	0.046	20.044	<0.0001
	Long.A.	0.066	0.015	4.477	<0.0001			
PD	Intercepto	0.006	0.044	0.147	0.8830	0.240	109.481	<0.0001
	Long.A.	0.184	0.018	10.463	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.032	0.032	-1.018	0.3093	0.119	43.902	<0.0001
	Long.A.	0.085	0.013	6.626	<0.0001			
AD	Intercepto	-0.009	0.026	-0.332	0.7402	0.038	12.278	0.0005
	Long.A.	0.037	0.010	3.504	0.0005			
AP	Intercepto	0.062	0.031	1.999	0.0484	-0.010	0.024	0.8783
	Long.A.	-0.002	0.012	-0.154	0.8783			
HP/PHD	Intercepto	1.631	1.965	0.830	0.4071	-0.001	0.769	0.3811
	Long.A.	0.690	0.787	0.877	0.3811			
SCP/DSD	Intercepto	0.273	0.074	3.689	0.0003	-0.003	0.004	0.9480
	Long.A.	0.002	0.030	0.065	0.9480			

Tabla 131. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. albitarsis* F de Fuente de oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta y Yaguará-Meta, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.156	0.096	1.617	0.1099	0.024	0.024	0.8772
	Long.A.	0.005	0.035	0.155	0.8772			
PHD	Intercepto	0.101	0.095	1.058	0.2929	-0.010	0.105	0.7466
	Long.A.	-0.011	0.034	-0.324	0.7466			
HP	Intercepto	-0.067	0.039	-1.728	0.0872	0.256	35.068	<0.0001
	Long.A.	0.082	0.014	5.922	<0.0001			
HD	Intercepto	0.064	0.055	1.159	0.2492	0.015	2.494	0.1175
	Long.A.	0.031	0.020	1.579	0.1175			
PSP	Intercepto	0.013	0.041	0.306	0.7602	0.013	2.338	0.1294
	Long.A.	0.023	0.015	1.529	0.1294			
PSD	Intercepto	0.265	0.115	2.310	0.0413	-0.090	0.007	0.9326
	Long.A.	0.004	0.042	0.087	0.9326			
SP	Intercepto	0.152	0.095	1.589	0.1466	0.010	1.097	0.3223
	Long.A.	-0.036	0.035	-1.047	0.3223			
PRSD	Intercepto	-0.134	0.238	-0.565	0.5878	-0.019	0.830	0.3888
	Long.A.	0.079	0.087	0.911	0.3888			
ASP	Intercepto	0.040	0.051	0.782	0.4362	0.006	1.593	0.2098
	Long.A.	0.023	0.018	1.262	0.2098			
DSD	Intercepto	-0.110	0.083	-1.338	0.1839	0.458	87.903	<0.0001
	Long.A.	0.278	0.030	9.376	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.129	0.075	1.713	0.0896	-0.007	0.255	0.6148
	Long.A.	0.014	0.027	0.505	0.6148			
PD	Intercepto	-0.291	0.140	-2.078	0.0404	0.293	41.216	<0.0001
	Long.A.	0.323	0.050	6.420	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.028	0.059	-0.468	0.6411	0.145	15.954	0.0001
	Long.A.	0.085	0.021	3.994	0.0001			
AD	Intercepto	0.009	0.050	0.189	0.8506	0.028	3.301	0.0730
	Long.A.	0.033	0.018	1.817	0.0730			
AP	Intercepto	-0.164	0.310	-0.528	0.6014	-0.010	0.719	0.4037
	Long.A.	0.095	0.113	0.848	0.4037			
HP/PHD	Intercepto	0.547	2.863	0.191	0.8488	-0.004	0.644	0.4242
	Long.A.	0.824	1.026	0.803	0.4242			
SCP/DSD	Intercepto	0.639	0.154	4.162	0.0001	0.057	6.151	0.0151
	Long.A.	-0.138	0.056	-2.480	0.0151			

Tabla 132. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. albitarsis* F de Fuente de oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya, Villavicencio-Meta y Yaguará-Meta,, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.017	0.030	0.575	0.5669	0.214	21.375	<0.0001
	Long.A.	0.051	0.011	4.623	<0.0001			
PHD	Intercepto	0.042	0.045	0.919	0.3607	-0.008	0.255	0.6145
	Long.A.	0.008	0.017	0.505	0.6145			
HP	Intercepto	0.054	0.054	0.995	0.3223	0.032	4.180	0.0436
	Long.A.	0.041	0.020	2.045	0.0436			
HD	Intercepto	-0.067	0.069	-0.962	0.3383	0.087	9.968	0.0021
	Long.A.	0.081	0.026	3.157	0.0021			
PSP	Intercepto	-0.102	0.050	-2.042	0.0439	0.111	13.052	0.0005
	Long.A.	0.067	0.018	3.613	0.0005			
PSD	Intercepto	0.103	0.149	0.694	0.4933	0.034	2.083	0.1593
	Long.A.	0.079	0.055	1.443	0.1593			
SP	Intercepto	-0.156	0.149	-1.043	0.3054	0.039	2.206	0.1483
	Long.A.	0.082	0.055	1.485	0.1483			
PRSD	Intercepto	0.043	0.077	0.557	0.5815	-0.019	0.437	0.5139
	Long.A.	0.019	0.029	0.661	0.5139			
ASP	Intercepto	-0.030	0.050	-0.593	0.5545	0.057	7.711	0.0064
	Long.A.	0.051	0.018	2.777	0.0064			
DSD	Intercepto	0.054	0.108	0.499	0.6188	0.198	27.335	<0.0001
	Long.A.	0.209	0.040	5.228	<0.0001			
SCP	Intercepto	-0.137	0.082	-1.678	0.0962	0.096	12.288	0.0007
	Long.A.	0.106	0.030	3.505	0.0007			
PD	Intercepto	0.049	0.113	0.430	0.6683	0.133	16.651	0.0001
	Long.A.	0.171	0.042	4.081	0.0001			
PP	Intercepto	0.220	0.078	2.815	0.0059	-0.009	0.106	0.7457
	Long.A.	-0.009	0.029	-0.325	0.7457			
AD	Intercepto	0.058	0.050	1.157	0.2504	-0.008	0.293	0.5898
	Long.A.	0.010	0.018	0.541	0.5898			
AP	Intercepto	0.048	0.069	0.700	0.4933	-0.058	0.019	0.8930
	Long.A.	0.004	0.026	0.137	0.8930			
HP/PHD	Intercepto	0.884	3.201	0.276	0.7830	-0.006	0.462	0.4984
	Long.A.	0.804	1.183	0.680	0.4984			
SCP/DSD	Intercepto	-0.061	0.192	-0.316	0.7532	0.023	2.751	0.1014
	Long.A.	0.118	0.071	1.658	0.1014			

Tabla 133. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. darlingi* de Tierralta-Córdoba, Quibdó-Chocó, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	0.028	0.014	2.029	0.0439	-0.002	0.678	0.4111
	Long.A.	0.004	0.005	0.824	0.4111			
PHD	Intercepto	-0.035	0.022	-1.575	0.1165	0.414	166.235	<0.0001
	Long.A.	0.111	0.009	12.893	<0.0001			
HP	Intercepto	-0.018	0.015	-1.196	0.2325	0.113	44.125	<0.0001
	Long.A.	0.039	0.006	6.643	<0.0001			
HD	Intercepto	0.077	0.016	4.770	<0.0001	0.069	26.022	<0.0001
	Long.A.	0.032	0.006	5.101	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.041	0.015	2.750	0.0063	0.002	1.596	0.2073
	Long.A.	0.007	0.006	1.263	0.2073			
PSD	Intercepto	-0.198	0.032	-6.237	<0.0001	0.604	251.138	<0.0001
	Long.A.	0.196	0.012	15.847	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.001	0.017	-0.077	0.9390	0.031	5.887	0.0164
	Long.A.	0.016	0.007	2.426	0.0164			
PRSD	Intercepto	0.007	0.045	0.146	0.8839	0.013	2.888	0.0913
	Long.A.	0.030	0.018	1.699	0.0913			
ASP	Intercepto	-0.021	0.040	-0.507	0.6126	0.014	6.356	0.0121
	Long.A.	0.040	0.016	2.521	0.0121			
DSD	Intercepto	0.078	0.038	2.026	0.0434	0.373	222.658	<0.0001
	Long.A.	0.224	0.015	14.922	<0.0001			
SCP	Intercepto	-0.004	0.028	-0.129	0.8973	0.026	11.473	0.0008
	Long.A.	0.038	0.011	3.387	0.0008			
PD	Intercepto	0.079	0.029	2.744	0.0064	0.444	307.388	<0.0001
	Long.A.	0.198	0.011	17.532	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.016	0.025	-0.649	0.5168	0.062	27.524	<0.0001
	Long.A.	0.050	0.010	5.246	<0.0001			
AD	Intercepto	0.006	0.025	0.239	0.8116	0.104	43.723	<0.0001
	Long.A.	0.064	0.010	6.612	<0.0001			
AP	Intercepto	0.053	0.019	2.865	0.0044	-0.003	0.116	0.7339
	Long.A.	0.002	0.007	0.340	0.7339			
HP/PHD	Intercepto	0.268	0.098	2.732	0.0068	-0.002	0.529	0.4678
	Long.A.	0.028	0.038	0.727	0.4678			
SCP/DSD	Intercepto	-0.448	0.636	-0.704	0.4818	0.000	1.015	0.3143
	Long.A.	0.250	0.248	1.008	0.3143			

Tabla 134. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. darlingi* de Tierralta-Córdoba, Quibdó-Chocó, analizadas conjuntamente.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	-0.065	0.030	-2.192	0.0298	0.070	13.039	0.0004
	Long.A.	0.041	0.011	3.611	0.0004			
PHD	Intercepto	0.162	0.047	3.486	0.0006	0.009	2.759	0.0983
	Long.A.	0.030	0.018	1.661	0.0983			
HP	Intercepto	-0.049	0.022	-2.234	0.0262	0.124	43.155	<0.0001
	Long.A.	0.055	0.008	6.569	<0.0001			
HD	Intercepto	0.069	0.022	3.184	0.0016	0.056	17.551	<0.0001
	Long.A.	0.035	0.008	4.189	<0.0001			
PSP	Intercepto	0.030	0.016	1.862	0.0637	0.009	3.520	0.0616
	Long.A.	0.012	0.006	1.876	0.0616			
PSD	Intercepto	-0.108	0.032	-3.394	0.0009	0.560	206.076	<0.0001
	Long.A.	0.175	0.012	14.355	<0.0001			
SP	Intercepto	-0.004	0.023	-0.189	0.8506	0.026	5.444	0.0208
	Long.A.	0.020	0.009	2.333	0.0208			
PRSD	Intercepto	0.024	0.034	0.692	0.4900	0.019	4.265	0.0405
	Long.A.	0.027	0.013	2.065	0.0405			
ASP	Intercepto	0.020	0.023	0.843	0.3999	0.030	11.255	0.0009
	Long.A.	0.030	0.009	3.355	0.0009			
DSD	Intercepto	0.111	0.044	2.546	0.0113	0.263	121.527	<0.0001
	Long.A.	0.186	0.017	11.024	<0.0001			
SCP	Intercepto	-0.095	0.045	-2.120	0.0347	0.067	25.196	<0.0001
	Long.A.	0.087	0.017	5.020	<0.0001			
PD	Intercepto	0.132	0.041	3.203	0.0015	0.209	85.506	<0.0001
	Long.A.	0.146	0.016	9.247	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.057	0.029	-1.965	0.0503	0.124	45.031	<0.0001
	Long.A.	0.074	0.011	6.711	<0.0001			
AD	Intercepto	0.032	0.029	1.101	0.2717	0.051	15.338	0.0001
	Long.A.	0.044	0.011	3.916	0.0001			
AP	Intercepto	0.017	0.025	0.675	0.5007	0.014	3.358	0.0687
	Long.A.	0.018	0.010	1.833	0.0687			
HP/PHD	Intercepto	-0.973	0.445	-2.189	0.0298	0.049	10.876	0.0012
	Long.A.	0.563	0.171	3.298	0.0012			
SCP/DSD	Intercepto	0.146	0.161	0.905	0.3659	-0.002	0.305	0.5814
	Long.A.	0.034	0.062	0.552	0.5814			

Tabla 135. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies hembras de *An. darlingi* de Granada-Meta.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	-0.003	0.031	-0.102	0.9189	0.011	1.791	0.1851
	Long.A.	0.017	0.013	1.338	0.1851			
PHD	Intercepto	0.143	0.049	2.936	0.0045	0.045	4.473	0.0379
	Long.A.	0.042	0.020	2.115	0.0379			
HP	Intercepto	0.045	0.035	1.284	0.2025	-0.007	0.346	0.5581
	Long.A.	0.008	0.014	0.588	0.5581			
HD	Intercepto	0.066	0.045	1.453	0.1496	0.027	3.673	0.0583
	Long.A.	0.035	0.018	1.916	0.0583			
PSP	Intercepto	0.125	0.046	2.688	0.0083	0.002	1.176	0.2805
	Long.A.	-0.020	0.019	-1.085	0.2805			
PSD	Intercepto	-0.099	0.082	-1.212	0.2290	0.187	20.282	<0.0001
	Long.A.	0.150	0.033	4.504	<0.0001			
SP	Intercepto	0.093	0.033	2.846	0.0056	0.008	1.645	0.2033
	Long.A.	-0.017	0.013	-1.283	0.2033			
PRSD	Intercepto	0.077	0.058	1.328	0.1881	-0.010	0.182	0.6707
	Long.A.	0.010	0.024	0.427	0.6707			
ASP	Intercepto	-0.017	0.043	-0.395	0.6936	0.029	4.093	0.0456
	Long.A.	0.035	0.017	2.023	0.0456			
DSD	Intercepto	0.176	0.102	1.726	0.0874	0.158	19.695	<0.0001
	Long.A.	0.183	0.041	4.438	<0.0001			
SCP	Intercepto	0.105	0.051	2.053	0.0425	-0.008	0.062	0.8045
	Long.A.	0.005	0.021	0.248	0.8045			
PD	Intercepto	0.028	0.078	0.363	0.7171	0.284	41.011	<0.0001
	Long.A.	0.202	0.032	6.404	<0.0001			
PP	Intercepto	0.074	0.091	0.822	0.4132	-0.007	0.274	0.6017
	Long.A.	0.019	0.037	0.524	0.6017			
AD	Intercepto	0.023	1.264	0.209	-0.0170	0.007	1.599	0.2094
	Long.A.	0.000	0.000	0.000	<0.0001			
AP	Intercepto	0.012	0.072	0.170	0.8653	-0.002	0.894	0.3480
	Long.A.	0.028	0.029	0.946	0.3480			
HP/PHD	Intercepto	0.328	0.182	1.800	0.0761	-0.013	0.100	0.7533
	Long.A.	-0.023	0.074	-0.316	0.7533			
SCP/DSD	Intercepto	0.341	0.103	3.299	0.0013	0.011	2.099	0.1505
	Long.A.	-0.061	0.042	-1.449	0.1505			

Tabla 136. Regresión simple usando el modelo lineal generalizado entre las manchas costales (variables dependientes) y la longitud total del ala como variable predictora en progenies machos de *An. darlingi* Granada-Meta.

Variable	Parámetro	Valor	Error estándar	t	p	R ² Ajustado	F	p
BP+PHP	Intercepto	-0.003	0.038	-0.075	0.9408	0.002	1.086	0.3041
	Long.A.	0.016	0.015	1.042	0.3041			
PHD	Intercepto	-0.067	0.053	-1.258	0.2153	0.424	33.441	<0.0001
	Long.A.	0.123	0.021	5.783	<0.0001			
HP	Intercepto	0.084	0.042	1.994	0.0509	-0.016	0.052	0.8201
	Long.A.	-0.004	0.017	-0.228	0.8201			
HD	Intercepto	-0.150	0.082	-1.819	0.0741	0.180	13.946	0.0004
	Long.A.	0.123	0.033	3.734	0.0004			
PSP	Intercepto	0.117	0.062	1.879	0.0645	-0.007	0.549	0.4611
	Long.A.	-0.018	0.025	-0.741	0.4611			
PSD	Intercepto	-0.213	0.087	-2.449	0.0173	0.375	36.426	<0.0001
	Long.A.	0.210	0.035	6.035	<0.0001			
SP	Intercepto	0.091	0.058	1.561	0.1240	-0.013	0.223	0.6385
	Long.A.	-0.011	0.023	-0.472	0.6385			
PRSD	Intercepto	-0.105	0.091	-1.150	0.2551	0.078	5.750	0.0199
	Long.A.	0.087	0.036	2.398	0.0199			
ASP	Intercepto	-0.006	0.064	-0.088	0.9302	0.017	2.196	0.1431
	Long.A.	0.038	0.025	1.482	0.1431			
DSD	Intercepto	0.251	0.103	2.426	0.0179	0.116	10.219	0.0021
	Long.A.	0.131	0.041	3.197	0.0021			
SCP	Intercepto	0.014	0.072	0.199	0.8426	0.028	3.126	0.0812
	Long.A.	0.051	0.029	1.768	0.0812			
PD	Intercepto	0.003	0.088	0.031	0.9756	0.278	27.172	<0.0001
	Long.A.	0.183	0.035	5.213	<0.0001			
PP	Intercepto	-0.104	0.067	-1.548	0.1271	0.171	13.137	0.0006
	Long.A.	0.097	0.027	3.624	0.0006			
AD	Intercepto	0.090	0.077	1.166	0.2490	-0.014	0.294	0.5900
	Long.A.	0.017	0.031	0.542	0.5900			
AP	Intercepto	-0.142	0.113	-1.253	0.2200	0.084	3.845	0.0592
	Long.A.	0.088	0.045	1.961	0.0592			
HP/PHD	Intercepto	0.844	0.223	3.791	0.0005	0.096	5.671	0.0217
	Long.A.	-0.213	0.089	-2.381	0.0217			
SCP/DSD	Intercepto	0.209	0.155	1.345	0.1831	-0.013	0.069	0.7940
	Long.A.	0.016	0.062	0.262	0.7940			

Tabla 137. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala (Long. A), de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. nuneztovari* de Buenaventura-Valle del Cauca. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long. A	308	34	8.7	0.009401517	0.020143060	0.029544577	0.3182	0.1118	0.1501	<0.0001
(BP+PHP)/Long. A	258	33	7.5	0.000000020	0.000000065	0.000000085	0.2349	0.1105	0.1104	0.0020
PHD/Long. A	260	33	7.6	0.000000230	0.000000074	0.000000304	0.7572	0.1523	0.3624	<0.0001
HP/Long. A	260	33	7.6	0.000000130	0.000000117	0.000000248	0.5267	0.1414	0.2501	<0.0001
HD/Long. A	221	34	6.2	0.000000159	0.000000280	0.000000439	0.3632	0.1362	0.1715	0.0001
PSP/Long. A	221	34	6.2	0.000000414	0.000000352	0.000000766	0.5400	0.1502	0.2565	<0.0001
PSD/Long. A	193	33	5.6	0.000000413	0.000000036	0.000000449	0.9188	0.1633	0.4445	<0.0001
SP/Long. A	196	33	5.8	0.000000289	0.000000287	0.000000576	0.5014	0.1550	0.2405	<0.0001
PRSD/Long. A	193	33	5.7	0.000000279	0.000000462	0.000000741	0.3767	0.1464	0.1801	0.0003
ASP/Long. A	234	34	6.6	0.000000270	0.000000362	0.000000633	0.4270	0.1386	0.2017	<0.0001
DSD/Long. A	264	34	7.4	0.000000089	0.000001691	0.000001781	0.0502	0.0797	0.0235	0.2281
SCP/Long. A	264	34	7.4	0.000000218	0.000000153	0.000000371	0.5885	0.1439	0.2804	<0.0001
PD/Long. A	264	34	7.4	0.000000316	0.000000105	0.000000421	0.7497	0.1504	0.3592	<0.0001
PP/Long. A	264	34	7.4	0.000000132	0.000000133	0.000000265	0.4995	0.1378	0.2373	<0.0001
AD/Long. A	264	34	7.4	0.000000121	0.000000155	0.000000276	0.4380	0.1326	0.2077	<0.0001
AP/Long. A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HP/PHD _T	260	33	7.6	0.047597584	0.010968956	0.058566540	0.8127	0.1531	0.3897	<0.0001
SCP/DSD _T	261	34	7.4	0.002152340	0.000494772	0.002647112	0.8131	0.1517	0.3902	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 138. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala (Long. A), de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. nuneztovari* de Buenaventura-Valle del Cauca. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long. A	346	34	9.8	0.008205348	0.022830197	0.031035545	0.2644	0.0988	0.1250	<0.0001
(BP+PHP)/Long. A	340	34	9.6	0.000000036	0.000000093	0.000000130	0.2802	0.1019	0.1325	<0.0001
PHD/Long. A	346	34	9.8	0.000000179	0.000000168	0.000000347	0.5150	0.1277	0.2455	<0.0001
HP/Long. A	345	34	9.8	0.000000090	0.000000137	0.000000227	0.3980	0.1162	0.1890	<0.0001
HD/Long. A	337	34	9.5	0.000000096	0.000000293	0.000000389	0.2469	0.0975	0.1166	0.0001
PSP/Long. A	336	34	9.5	0.000000312	0.000000334	0.000000645	0.4829	0.1259	0.2297	<0.0001
PSD/Long. A	318	34	9.0	0.000000196	0.000000128	0.000000324	0.6048	0.1373	0.2896	<0.0001
SP/Long. A	290	34	8.2	0.000000273	0.000000386	0.000000659	0.4144	0.1254	0.1971	<0.0001
PRSD/Long. A	289	34	8.2	0.000000479	0.000000280	0.000000759	0.6310	0.1424	0.3020	<0.0001
ASP/Long. A	311	34	8.8	0.000000266	0.000000310	0.000000576	0.4625	0.1272	0.2194	<0.0001
DSD/Long. A	346	34	9.8	0.000000184	0.000000272	0.000000456	0.4030	0.1166	0.1914	<0.0001
SCP/Long. A	346	34	9.8	0.000000346	0.000000118	0.000000464	0.7464	0.1414	0.3584	<0.0001
PD/Long. A	346	34	9.8	0.000000111	0.000000364	0.000000474	0.2331	0.0942	0.1101	0.0001
PP/Long. A	346	34	9.8	0.000000165	0.000000184	0.000000349	0.4730	0.1239	0.2252	<0.0001
AD/Long. A	346	34	9.8	0.000000046	0.000000187	0.000000233	0.1974	0.0887	0.0932	0.0008
AP/Long. A										
HP/PHD _T	345	34	9.8	0.037305723	0.030882299	0.068188022	0.5471	0.1304	0.2610	<0.0001
SCP/DSD _T	346	34	9.8	0.002967581	0.002870330	0.005837910	0.5083	0.1271	0.2422	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 139. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala (Long. A), de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. nuneztovari* de Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long, Ala	151	16	9.3	0.003490483	0.009650695	0.013141177	0.2656	0.1500	0.1244	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	150	16	9.2	0.000000044	0.000000063	0.000000107	0.4093	0.1769	0.1926	<0.0001
PHD/Long.A.	151	16	9.3	0.000000208	0.000000233	0.000000441	0.4710	0.1857	0.2222	<0.0001
HP/Long.A.	150	16	9.2	0.000000205	0.000000123	0.000000328	0.6257	0.2035	0.2970	<0.0001
HD/Long.A.	148	16	9.1	0.000001095	-0.000000120	0.000000975	1.1236	0.2045	0.5431	0.0000
PSP/Long.A.	148	16	9.1	0.000000428	0.000000369	0.000000797	0.5367	0.1952	0.2538	<0.0001
PSD/Long.A.	131	16	8.0	0.000000579	-0.000000096	0.000000484	1.1975	0.2004	0.5795	<0.0001
SP/Long.A.	116	16	7.1	0.000000943	0.000000673	0.000001616	0.5836	0.2152	0.2757	<0.0001
PRSD/Long.A.	116	16	7.1	0.000000430	0.000000834	0.000001264	0.3403	0.1849	0.1592	<0.0001
ASP/Long.A.	135	16	8.3	0.000000201	0.000000536	0.000000737	0.2728	0.1596	0.1279	<0.0001
DSD/Long.A.	151	16	9.3	0.000000049	0.000000325	0.000000373	0.1306	0.1186	0.0608	<0.0001
SCP/Long.A.	151	16	9.3	0.000000569	0.000000270	0.000000840	0.6779	0.2072	0.3222	<0.0001
PD/Long.A.	151	16	9.3	0.000000110	0.000000272	0.000000382	0.2877	0.1545	0.1348	0.0022
PP/Long.A.	151	16	9.3	0.000000206	0.000000218	0.000000424	0.4860	0.1878	0.2294	<0.0001
AD/Long.A.	150	16	9.2	0.000000225	0.000000225	0.000000450	0.5001	0.1900	0.2361	0.0000
AP/Long.A.										
HP/PHD _T	150	16	9.2	0.017047497	0.014259523	0.031307020	0.5445	0.1954	0.2576	<0.0001
SCP/DSD _T	151	16	9.3	0.001565225	0.001293123	0.002858348	0.5476	0.1954	0.2591	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 140. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala (Long. A), de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg et al. (1972) considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. nuneztovari* de Tierralta-Córdoba y Tibú-Norte de Santander. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long.A.	177	17	10.2	0.004858447	0.010133816	0.014992263	0.3241	0.1506	0.1526	0.0002
(BP+PHP)/Long.A.	177	17	10.2	0.000000085	0.000000073	0.000000158	0.5360	0.1831	0.2543	<0.0001
PHD/Long.A.	177	17	10.2	0.000000226	0.000000238	0.000000464	0.4869	0.1769	0.2306	<0.0001
HP/Long.A.	177	17	10.2	0.000000167	0.000000248	0.000000416	0.4023	0.1643	0.1900	<0.0001
HD/Long.A.	176	17	10.2	0.000000468	0.000000208	0.000000676	0.6924	0.1978	0.3304	<0.0001
PSP/Long.A.	176	17	10.2	0.000000419	0.000000448	0.000000868	0.4834	0.1767	0.2289	<0.0001
PSD/Long.A.	152	17	8.8	0.000000240	0.000000128	0.000000367	0.6525	0.2016	0.3105	<0.0001
SP/Long.A.	134	16	8.2	0.000000311	0.000000635	0.000000946	0.3283	0.1711	0.1534	0.0020
PRSD/Long.A.	134	16	8.2	0.000000075	0.000001197	0.000001272	0.0588	0.1105	0.0272	0.2469
ASP/Long.A.	158	16	9.7	0.000000118	0.000000745	0.000000863	0.1367	0.1169	0.0636	0.0549
DSD/Long.A.	177	17	10.2	0.000000077	0.000000246	0.000000323	0.2396	0.1335	0.1125	0.0031
SCP/Long.A.	177	17	10.2	0.000000465	0.000000150	0.000000614	0.7565	0.2011	0.3617	<0.0001
PD/Long.A.	177	17	10.2	0.000000335	0.000000306	0.000000641	0.5219	0.1814	0.2475	<0.0001
PP/Long.A.	177	17	10.2	0.000000241	0.000000251	0.000000493	0.4900	0.1773	0.2321	<0.0001
AD/Long.A.	176	17	10.2	0.000000261	0.000000275	0.000000536	0.4878	0.1773	0.2312	<0.0001
AP/Long.A.										
HP/PHD _T	177	17	10.2	0.020768613	0.023978692	0.044747305	0.4641	0.1738	0.2197	<0.0001
SCP/DSD _T	177	17	10.2	0.001636833	0.000790563	0.002427396	0.6743	0.1963	0.3215	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 141. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. benarrochi* B. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.*Para estas variables las varianzas no se multiplican $\times 10^{-7}$.

Variable	N	S	k_1	$V_G (\times 10^{-7})$	$V_E (\times 10^{-7})$	$V_P (\times 10^{-7})$	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long. Ala*	144	14	9.8	0.0535	0.0232	0.0767	0.5108	0.2015	0.3228	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	132	13	9.6	1.0587	3.2700	4.3287	0.2446	0.1592	0.1094	0.0099
PHD/Long.A.	132	13	9.6	16.4229	-3.0584	13.3645	1.2288	0.2144	0.5842	<0.0001
HP/Long.A.	138	14	9.3	9.5404	-0.7288	8.8116	1.0827	0.2216	0.5106	<0.0001
HD/Long.A.	141	14	9.6	8.2020	5.5277	13.7297	0.5954	0.2129	0.2739	<0.0001
PSP/Long.A.	142	14	9.6	3.8371	9.2132	13.0504	0.2940	0.1650	0.1326	0.0025
PSD/Long.A.	143	14	9.7	2.6459	3.1504	5.7963	0.4565	0.1948	0.2082	<0.0001
SP/Long.A.	132	14	8.9	3.6884	6.3798	10.0682	0.3663	0.1850	0.1654	0.0008
PRSD/Long.A.	131	14	8.8	10.5980	10.0931	20.6912	0.5122	0.2087	0.2331	<0.0001
ASP/Long.A.	132	14	8.9	-0.4451	36.6780	36.2329	-0.0120	0.0886	-0.0054	0.5089
DSD/Long.A.	141	14	9.6	6.7703	0.8068	7.5772	0.8935	0.2291	0.4178	<0.0001
SCP/Long.A.	142	14	9.6	30.7909	-2.6142	28.1767	1.0928	0.2209	0.5171	<0.0001
PD/Long.A.	134	14	9.1	7.0648	2.6171	9.6819	0.7297	0.2274	0.3371	<0.0001
PP/Long.A.	122	14	8.2	15.9782	13.7677	29.7459	0.5372	0.2165	0.2448	<0.0001
AD/Long.A.	114	14	7.7	17.0031	-0.1386	16.8645	1.0082	0.2345	0.4734	<0.0001
AP/Long.A.	84	12	6.6	31.0476	4.6893	35.7369	0.8688	0.2656	0.4023	<0.0001
*HP/PHD _T	134	13	9.79	0.0504	0.0606	0.1110	0.9085	0.2489	0.4236	<0.0001
*SCP/DSD _T	141	14	9.57	0.0015	0.0015	0.0030	1.0082	0.2363	0.4746	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 142. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. benarrochi* B. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo. *Para estas variables las varianzas no se multiplican $\times 10^{-7}$.

Variable	N	S	k_1	$V_G (\times 10^{-7})$	$V_E (\times 10^{-7})$	$V_P (\times 10^{-7})$	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long.A.*	157	20	7.4	0.0410	0.0045	0.0455	0.2535	0.1471	0.4245	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	134	20	6.2	0.6010	4.5044	5.1054	0.1177	0.1377	0.0525	0.1468
PHD/Long.A.	133	20	6.2	11.1363	0.4618	11.5981	0.9602	0.2041	0.4498	<0.0001
HP/Long.A.	150	20	7.0	6.1329	-0.1311	6.0018	1.0218	0.1957	0.4841	<0.0001
HD/Long.A.	152	20	7.2	12.0689	0.2428	12.3117	0.9803	0.1972	0.4639	<0.0001
PSP/Long.A.	152	20	7.2	10.5787	3.5878	14.1665	0.7467	0.1990	0.3491	<0.0001
PSD/Long.A.	151	20	7.1	5.2638	1.2816	6.5453	0.8042	0.2003	0.3775	<0.0001
SP/Long.A.	144	20	6.8	3.8682	9.6474	13.5156	0.2862	0.1599	0.1304	0.0072
PRSD/Long.A.	145	20	6.8	9.4137	9.8435	19.2572	0.4888	0.1856	0.2251	<0.0001
ASP/Long.A.	145	20	6.8	3.2138	9.1478	12.3616	0.2600	0.1550	0.1183	0.0117
DSD/Long.A.	154	20	7.3	5.4799	3.2958	8.7758	0.6244	0.1926	0.2904	<0.0001
SCP/Long.A.	152	20	7.2	50.7240	-0.1855	32.1777	1.5764	0.1193	0.7707	<0.0001
PD/Long.A.	139	20	6.6	14.5468	3.8593	18.4062	0.7903	0.2043	0.3710	<0.0001
PP/Long.A.	112	20	5.3	10.6029	4.5238	15.1268	0.7009	0.2166	0.3286	<0.0001
AD/Long.A.	100	20	4.7	10.2747	2.8239	13.0986	0.7844	0.2254	0.3703	<0.0001
AP/Long.A.	56	14	3.8	7.4640	22.9924	30.4563	0.2451	0.2713	0.1119	0.1458
*HP/PHD _T	136	20	6.3	0.0433	0.0803	0.1236	0.7008	0.2119	0.3236	<0.0001
*SCP/DSD _T	152	20	7.2	0.0041	0.0018	0.0059	1.3875	0.1608	0.6717	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 143. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. triannulatus*. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long,A.	114	9	11.9	0.00851513	0.02249293	0.03100805	0.2746	0.1859	0.1184	0.0059
(BP+PHP)/Long.A.	64	9	6.3	0.00000055	0.00000061	0.00000116	0.4719	0.2869	0.1981	0.0082
PHD/Long.A.	72	9	7.3	0.00000105	0.00000087	0.00000192	0.5451	0.2829	0.2358	0.0012
HP/Long.A.	78	9	7.9	0.00000111	0.00000019	0.00000130	0.8533	0.2982	0.3785	0.0000
HD/Long.A.	79	9	7.8	0.00000181	-0.00000002	0.00000179	1.0119	0.2925	0.4519	0.0000
PSP/Long.A.	79	9	7.8	0.00000003	0.00000045	0.00000048	0.0563	0.1537	0.0228	0.2963
PSD/Long.A.	60	7	7.7	0.00000312	-0.00000011	0.00000205	1.5232	0.2260	0.7141	0.0000
SP/Long.A.	53	7	6.9	0.00000025	0.00000093	0.00000118	0.2111	0.2518	0.0864	0.1160
PRSD/Long.A.	53	7	6.9	0.00000061	0.00000136	0.00000197	0.3099	0.2809	0.1282	0.0526
ASP/Long.A.	77	9	7.9	0.00000063	0.00000122	0.00000185	0.3401	0.2383	0.1450	0.0149
DSD/Long.A.	84	9	8.4	0.00000122	-0.00000016	0.00000106	1.1521	0.2759	0.5229	0.0000
SCP/Long.A.	84	9	8.6	0.00000055	0.00000033	0.00000088	0.6226	0.2799	0.2696	0.0001
PD/Long.A.	73	9	7.0	0.00000012	0.00000089	0.00000101	0.1176	0.1901	0.0463	0.1987
PP/Long.A.	64	9	6.1	0.00000382	0.00000005	0.00000387	0.9864	0.3069	0.4306	0.0001
AD/Long.A.	57	8	6.1	0.00000049	0.00000094	0.00000143	0.3408	0.2848	0.1353	0.0455
HP/PHD _T	91	9	9.2	0.02762645	0.02675062	0.05437707	0.5081	0.2587	0.2180	0.0003
SCP/DSD _T	91	9	9.2	0.00047134	0.00129128	0.00176263	0.2674	0.2042	0.1122	0.0212

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 144. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. triannulatus*. K_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2 Ajustado representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2 Ajustado	P
Long.A.	101	8	11.8	0.08509879	-0.02853775	0.05656104	1.5045	0.2101	0.7151	0.0000
(BP+PHP)/Long.A.	67	8	7.9	0.00000148	0.00000019	0.00000167	0.8839	0.3181	0.3987	0.0000
PHD/Long.A.	84	8	9.9	0.00000277	-0.00000008	0.00000269	1.0295	0.3017	0.4697	0.0000
HP/Long.A.	90	8	10.6	0.00000117	0.00000063	0.00000180	0.6516	0.2888	0.2875	0.0000
HD/Long.A.	93	8	10.9	0.00000237	-0.00000031	0.00000206	1.1496	0.2870	0.5280	0.0000
PSP/Long.A.	96	8	11.2	0.00000051	0.00000056	0.00000106	0.4759	0.2562	0.2046	0.0003
PSD/Long.A.	60	6	8.2	0.00000090	0.00000078	0.00000169	0.5355	0.3396	0.2024	0.0037
SP/Long.A.	60	6	8.5	0.00000098	0.00000056	0.00000154	0.6382	0.3528	0.2527	0.0008
PRSD/Long.A.	59	6	8.3	0.00000084	0.00000473	0.00000557	0.1511	0.2247	0.0552	0.1562
ASP/Long.A.	97	8	11.4	0.00000020	0.00000116	0.00000136	0.1450	0.1568	0.0610	0.0804
DSD/Long.A.	96	8	11.2	0.00000034	0.00000031	0.00000065	0.5214	0.2652	0.2258	0.0001
SCP/Long.A.	98	8	11.5	0.00000186	0.00000068	0.00000254	0.7329	0.2930	0.3250	0.0000
PD/Long.A.	83	8	9.9	0.00000111	0.00000139	0.00000250	0.4431	0.2578	0.1938	0.0013
PP/Long.A.	59	7	8.3	0.00000167	0.00000101	0.00000268	0.6229	0.3249	0.2801	0.0006
AD/Long.A.	48	7	6.7	0.00000041	0.00000223	0.00000265	0.1567	0.2405	0.0677	0.1809
HP/PHD _T	101	8	11.8	0.03236647	0.04097836	0.07334483	0.4413	0.2450	0.1896	0.0003
SCP/DSD _T	101	8	11.8	0.00270698	0.00496989	0.00767687	0.3526	0.2223	0.1503	0.0021

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 145. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. albimanus*. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	82	8	8.8	0.063475465	-0.018169200	0.045306266	1.4010	0.2427	0.6410	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	55	8	5.6	0.000000132	0.000000832	0.000000964	0.1365	0.2452	0.0505	0.2236
PHD/Long.A.	68	8	7.1	0.000000016	0.000000797	0.000000814	0.0200	0.1643	0.0074	0.3927
HP/Long.A.	76	8	8.1	0.000000414	0.000000433	0.000000847	0.4884	0.2825	0.1959	0.0023
HD/Long.A.	76	8	8.1	0.000001830	0.000000372	0.000002202	0.8311	0.3154	0.3496	<0.0001
PSP/Long.A.	75	8	8.0	0.000001083	0.000000557	0.000001640	0.6603	0.3068	0.2720	0.0001
PSD/Long.A.	34	8	3.8	0.000000255	0.000000731	0.000000985	0.2585	0.3638	0.1062	0.1917
SP/Long.A.	30	8	3.2	-0.000001418	0.000000623	0.000005405	-0.2623	0.2928	-0.0990	0.7286
PRSD/Long.A.	30	8	3.2	0.000004994	0.000002263	0.000007257	0.6881	0.4223	0.2896	0.0358
ASP/Long.A.	71	8	7.6	-0.000000096	0.000007560	0.000007464	-0.0128	0.1406	-0.0049	0.4740
DSD/Long.A.	76	8	8.3	-0.000000460	0.000004484	0.000004024	-0.1143	0.0829	-0.0435	0.7905
SCP/Long.A.	82	8	8.8	0.000001842	0.000003298	0.000005141	0.3584	0.2465	0.1428	0.0092
PD/Long.A.	70	8	7.5	0.000000977	0.000000958	0.000001935	0.5051	0.2922	0.2045	0.0029
PP/Long.A.	54	8	5.8	0.000002864	0.000000020	0.000002884	0.9931	0.3297	0.4315	<0.0001
AD/Long.A.	39	8	4.1	0.000000569	0.000001172	0.000001741	0.3268	0.3518	0.1290	0.1219
AP/Long.A.										
HP/PHD _T	68	8	7.1	0.007851401	0.018225514	0.026076915	0.3011	0.2550	0.1163	0.0414
SCP/DSD _T	76	8	8.3	-0.003037593	0.028492966	0.025455374	-0.1193	0.0805	-0.0454	0.8049

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 146. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. albimanus*. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	86	7	11.7	0.047711968	-0.005281072	0.042430897	1.1245	0.3106	0.51376	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	52	7	7.0	0.000000267	0.000000559	0.000000826	0.3234	0.2839	0.13697	0.0466
PHD/Long.A.	73	7	9.9	0.000000983	0.000000123	0.000001106	0.8887	0.3303	0.39836	<0.0001
HP/Long.A.	77	7	10.5	0.000000934	0.000000476	0.000001410	0.6623	0.3135	0.29036	<0.0001
HD/Long.A.	80	7	10.9	0.000001313	0.000000914	0.000002227	0.5896	0.3006	0.25653	<0.0001
PSP/Long.A.	82	7	11.1	0.000000333	0.000001462	0.000001795	0.1853	0.1872	0.07759	0.0590
PSD/Long.A.	41	5	7.6	0.000000900	0.000002139	0.000003039	0.2962	0.3214	0.11684	0.0753
SP/Long.A.	34	5	6.3	0.000000349	0.000002492	0.000002840	0.1228	0.2883	0.04755	0.2549
PRSD/Long.A.	36	5	6.7	-0.000000363	0.000004037	0.000003674	-0.0987	0.1646	-0.03724	0.6072
ASP/Long.A.	80	7	10.8	0.000000044	0.000004676	0.000004719	0.0093	0.1138	0.00383	0.4002
DSD/Long.A.	84	7	11.4	-0.000000131	0.000002260	0.000002129	-0.0617	0.0727	-0.02527	0.6828
SCP/Long.A.	83	7	11.3	0.000000727	0.000001240	0.000001966	0.3696	0.2482	0.15742	0.0037
PD/Long.A.	55	7	7.4	0.000000170	0.000001998	0.000002168	0.0782	0.1956	0.03224	0.2754
PP/Long.A.	29	7	3.9	0.000001596	0.000001013	0.000002609	0.6118	0.4209	0.26666	0.0407
AD/Long.A.	20	5	3.7	-0.000001647	0.000004157	0.000002510	-0.6563	0.0612	-0.23832	0.9855
AP/Long.A.										
HP/PHD _T	73	7	9.9	0.059815654	-0.005959205	0.053856449	1.1106	0.3171	0.50837	<0.0001
SCP/DSD _T	81	7	11.0	0.000289075	0.006776794	0.007065869	0.0409	0.1270	0.01695	0.3009

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 147. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. alb tarsis* F tomando en conjunto: Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long. A.	290	66	4.4	0.019255176	0.010933689	0.030188865	0.6378	0.1283	0.31511	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	193	62	3.1	0.000428671	-0.000214037	0.000214635	1.9972	0.0006	0.99858	<0.0001
PHD/Long.A.	249	65	3.8	0.000261032	-0.000129802	0.000131230	1.9891	0.0022	0.99447	<0.0001
HP/Long.A.	259	65	4.0	0.000244605	-0.000121915	0.000122690	1.9937	0.0013	0.99679	<0.0001
HD/Long.A.	240	62	3.8	0.000343228	-0.000170376	0.000172852	1.9857	0.0030	0.99270	<0.0001
PSP/Long.A.	243	62	3.9	0.000269145	-0.000133659	0.000135486	1.9865	0.0028	0.99313	<0.0001
PSD/Long.A.	38	18	2.1	0.002095233	-0.001046312	0.001048921	1.9975	0.0011	0.99870	<0.0001
SP/Long.A.	32	15	2.1	0.001679948	-0.000837828	0.000842120	1.9949	0.0025	0.99732	<0.0001
PRSD/Long.A.	32	15	2.1	0.001964321	-0.000980087	0.000984234	1.9958	0.0020	0.99778	<0.0001
ASP/Long.A.	268	63	4.2	0.000238514	-0.000117974	0.000120540	1.9787	0.0043	0.98916	<0.0001
DSD/Long.A.	270	63	4.3	0.000430014	-0.000214661	0.000215353	1.9968	0.0007	0.99836	<0.0001
SCP/Long.A.	281	63	4.4	0.000274332	-0.000135749	0.000138583	1.9795	0.0041	0.98959	<0.0001
PD/Long.A.	232	62	3.7	0.000468270	-0.000227655	0.000240615	1.9461	0.0111	0.97258	<0.0001
PP/Long.A.	196	57	3.4	0.000481806	-0.000240137	0.000241668	1.9937	0.0014	0.99677	<0.0001
AD/Long.A.	188	55	3.4	0.000489880	-0.000242646	0.000247234	1.9814	0.0042	0.99052	<0.0001
AP/Long.A.	95	40	2.3	0.001256731	-0.000626386	0.000630346	1.9937	0.0018	0.99676	<0.0001
HP/PHD _T	244	63	3.8	0.092378980	0.069192088	0.161571068	0.5718	0.1393	0.28224	<0.0001
SCP/DSD _T	265	63	4.2	0.002020478	0.000505901	0.002526379	0.7998	0.1333	0.39549	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 148. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. albitarsis* F tomando en conjunto: Tibú-Norte de Santander, San Carlos de Guaroa, Palmeras–Meta y Granada-Meta. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long. A.	411	74	5.5	0.015242665	0.004599590	0.019842256	0.7682	0.1112	0.37957	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	258	71	3.6	0.000558534	-0.000278035	0.000280499	1.9912	0.0017	0.99553	<0.0001
PHD/Long.A.	316	71	4.3	0.000436440	-0.000216656	0.000219783	1.9858	0.0027	0.99262	<0.0001
HP/Long.A.	332	72	4.6	0.000421845	-0.000210090	0.000211754	1.9921	0.0015	0.99600	<0.0001
HD/Long.A.	305	70	4.3	0.000498327	-0.000247579	0.000250748	1.9874	0.0024	0.99356	<0.0001
PSP/Long.A.	310	70	4.4	0.000368034	-0.000180913	0.000187121	1.9668	0.0063	0.98308	<0.0001
PSD/Long.A.	70	29	2.4	0.003428396	-0.001711450	0.001716946	1.9968	0.0011	0.99834	<0.0001
SP/Long.A.	79	30	2.6	0.002145108	-0.001068267	0.001076841	1.9920	0.0026	0.99587	<0.0001
PRSD/Long.A.	79	30	2.6	0.002571434	-0.001279728	0.001291706	1.9907	0.0030	0.99519	<0.0001
ASP/Long.A.	402	74	5.4	0.000380679	-0.000188962	0.000191717	1.9856	0.0026	0.99268	<0.0001
DSD/Long.A.	385	73	5.2	0.000656230	-0.000327465	0.000328765	1.9960	0.0007	0.99798	<0.0001
SCP/Long.A.	384	71	5.4	0.000414859	-0.000205747	0.000209112	1.9839	0.0030	0.99179	<0.0001
PD/Long.A.	337	67	5.0	0.000776886	-0.000384821	0.000392065	1.9815	0.0035	0.99057	<0.0001
PP/Long.A.	307	66	4.6	0.000664154	-0.000331062	0.000333092	1.9939	0.0012	0.99689	<0.0001
AD/Long.A.	283	62	4.5	0.000619232	-0.000307139	0.000312093	1.9841	0.0032	0.99188	<0.0001
AP/Long.A.	91	36	2.5	0.001683987	-0.000841234	0.000842753	1.9982	0.0005	0.99907	<0.0001
HP/PHD _T	320	71	4.5	0.112510805	0.129732077	0.242242882	0.4645	0.1182	0.22890	<0.0001
SCP/DSD _T	382	72	5.3	0.002011841	0.000828685	0.002840526	0.7083	0.1142	0.34967	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 149. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. albatus* F tomando en conjunto: Fuente de Oro, Caño Blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long. A.	113	14	7.6	0.065839964	-0.016011768	0.049828196	1.3213	0.1977	0.63280	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	80	13	5.8	0.000510102	-0.000245585	0.000264517	1.9284	0.0303	0.95969	<0.0001
PHD/Long.A.	98	13	7.2	0.000472156	-0.000217477	0.000254679	1.8539	0.0590	0.91831	<0.0001
HP/Long.A.	101	13	7.4	0.000525047	-0.000250389	0.000274657	1.9116	0.0366	0.95031	<0.0001
HD/Long.A.	103	13	7.5	0.000339089	-0.000157842	0.000181247	1.8709	0.0524	0.92751	<0.0001
PSP/Long.A.	104	13	7.6	0.000296155	-0.000138280	0.000157875	1.8759	0.0505	0.93020	<0.0001
PSD/Long.A.	13	5	2.4	0.006876059	-0.003435969	0.003440091	1.9988	0.0009	0.99925	<0.0001
SP/Long.A.	11	5	2.1	0.007009123	-0.003486096	0.003523027	1.9895	0.0083	0.99374	<0.0001
PRSD/Long.A.	10	5	1.9	0.009103300	-0.004520593	0.004582707	1.9864	0.0108	0.99198	<0.0001
ASP/Long.A.	107	13	7.8	0.000400619	-0.000185228	0.000215390	1.8600	0.0564	0.92153	<0.0001
DSD/Long.A.	108	13	7.9	0.000636683	-0.000296406	0.000340277	1.8711	0.0522	0.92748	<0.0001
SCP/Long.A.	111	13	8.1	0.000402737	-0.000183781	0.000218956	1.8394	0.0639	0.90971	<0.0001
PD/Long.A.	102	12	8.1	0.000649839	-0.000292360	0.000357479	1.8178	0.0749	0.89749	<0.0001
PP/Long.A.	93	12	7.3	0.000622879	-0.000290755	0.000332124	1.8754	0.0529	0.92959	<0.0001
AD/Long.A.	85	11	7.3	0.000643949	-0.000302440	0.000341509	1.8856	0.0511	0.93511	<0.0001
AP/Long.A.	32	8	3.8	0.003884529	-0.001692322	0.002192206	1.7720	0.1219	0.86916	<0.0001
HP/PHD _T	96	13	7.0	0.072844855	0.084069229	0.156914084	0.4642	0.2263	0.21157	0.0011
SCP/DSD _T	91	13	6.5	0.002514144	0.000414666	0.002928810	0.8584	0.2554	0.39530	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 150. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. albitarsis* F tomando en conjunto: Fuente de Oro, Caño blanco-Meta, Bajo Pompeya-Villavicencio y Yaguará-Huila. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	127	12	9.2	0.013020160	0.010340748	0.023360908	0.5573	0.2278	0.23751	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	76	12	5.6	0.000422783	-0.000210579	0.000212204	1.9923	0.0035	0.99538	<0.0001
PHD/Long.A.	93	12	6.8	0.000400089	-0.000197435	0.000202654	1.9742	0.0114	0.98417	<0.0001
HP/Long.A.	98	12	7.1	0.000434250	-0.000215046	0.000219204	1.9810	0.0084	0.98831	<0.0001
HD/Long.A.	95	12	4.8	0.000434250	-0.000215046	0.000219204	1.9810	0.0084	0.97380	<0.0001
PSP/Long.A.	98	12	7.4	0.000267741	-0.000129453	0.000138288	1.9361	0.0278	0.96223	<0.0001
PSD/Long.A.	32	6	3.4	0.008230012	-0.004096168	0.004133844	1.9909	0.0060	0.99166	<0.0001
SP/Long.A.	31	5	3.5	0.006513214	-0.003224271	0.003288943	1.9803	0.0143	0.97935	<0.0001
PRSD/Long.A.	31	5	3.5	0.009597107	-0.004786657	0.004810450	1.9951	0.0036	0.99476	<0.0001
ASP/Long.A.	113	12	8.3	0.000351482	-0.000172164	0.000179318	1.9601	0.0174	0.97553	<0.0001
DSD/Long.A.	108	12	8.0	0.000492749	-0.000244129	0.000248620	1.9819	0.0080	0.98902	<0.0001
SCP/Long.A.	107	12	7.9	0.000378429	-0.000183858	0.000194572	1.9449	0.0240	0.96652	<0.0001
PD/Long.A.	103	11	8.2	0.000591774	-0.000289988	0.000301786	1.9609	0.0179	0.97594	<0.0001
PP/Long.A.	100	11	7.9	0.000686693	-0.000339956	0.000346737	1.9804	0.0090	0.98773	<0.0001
AD/Long.A.	94	11	7.3	0.000645589	-0.000319855	0.000325733	1.9820	0.0084	0.98852	<0.0001
AP/Long.A.	7	4	1.6	0.007826623	-0.003912847	0.003913776	1.9998	0.0002	0.99985	<0.0001
HP/PHD _T	92	12	6.6	0.146662184	0.044966310	0.191628494	0.7653	0.2640	0.33152	<0.0001
SCP/DSD _T	77	11	6.3	0.002694511	0.001139023	0.003833535	0.7029	0.2782	0.31150	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 151. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. darlingi* tomando en conjunto: Tierralta-Córdoba, y Quibdó-Chocó. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	418	48	8.5	0.037262178	0.000770807	0.038032985	0.9797	0.1225	0.4806	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	195	44	4.4	0.000417026	-0.000207832	0.000209194	1.9935	0.0016	0.9966	<0.0001
PHD/Long.A.	235	43	5.4	0.000324076	-0.000161487	0.000162589	1.9932	0.0016	0.9965	<0.0001
HP/Long.A.	341	47	7.1	0.000147749	-0.000073469	0.000074280	1.9891	0.0024	0.9943	<0.0001
HD/Long.A.	338	47	7.1	0.000136834	-0.000068005	0.000068829	1.9880	0.0027	0.9938	<0.0001
PSP/Long.A.	357	47	7.5	0.000112754	-0.000055660	0.000057094	1.9749	0.0055	0.9870	<0.0001
PSD/Long.A.	165	40	4.1	0.000612213	-0.000305524	0.000306689	1.9962	0.0010	0.9980	<0.0001
SP/Long.A.	152	38	3.9	0.000377296	-0.000187618	0.000189678	1.9891	0.0029	0.9944	<0.0001
PRSD/Long.A.	150	39	3.8	0.000453652	-0.000224373	0.000229280	1.9786	0.0056	0.9889	<0.0001
ASP/Long.A.	366	47	7.6	0.000128138	-0.000061596	0.000066542	1.9257	0.0160	0.9614	<0.0001
DSD/Long.A.	374	47	7.8	0.000239211	-0.000118895	0.000120316	1.9882	0.0026	0.9939	<0.0001
SCP/Long.A.	394	47	8.2	0.000127265	-0.000062006	0.000065258	1.9502	0.0108	0.9741	<0.0001
PD/Long.A.	385	47	15.3	0.000127265	-0.000062006	0.000065258	1.9502	0.0108	0.9963	<0.0001
PP/Long.A.	400	48	8.2	0.000159522	-0.000078569	0.000080953	1.9706	0.0064	0.9847	<0.0001
AD/Long.A.	369	47	7.7	0.000189188	-0.000093939	0.000095248	1.9863	0.0030	0.9929	<0.0001
AP/Long.A.	321	46	7.4	0.000189188	-0.000093939	0.000095248	1.9863	0.0031	0.9934	<0.0001
HP/PHD _T	330	47	6.9	0.006907060	0.007708357	0.014615417	0.4726	0.1187	0.2299	<0.0001
SCP/DSD _T	261	44	5.7	0.021281621	0.030366633	0.051648254	0.4120	0.1284	0.1979	0.00001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 152. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. darlingi* tomando en conjunto: Tierralta-Córdoba, y Quibdó-Chocó. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	351	51	6.8	0.051160299	-0.014219147	0.036941153	1.3849	0.0977	0.68622	<0.0001
(BP+PHP)/Long.A.	161	47	3.4	0.000278059	-0.000138131	0.000139928	1.9872	0.0031	0.99341	<0.0001
PHD/Long.A.	194	48	3.8	0.000278059	-0.000138131	0.000139928	1.9872	0.0030	0.99547	<0.0001
HP/Long.A.	300	51	5.8	0.000115895	-0.000057503	0.000058392	1.9848	0.0033	0.99216	<0.0001
HD/Long.A.	281	51	5.4	0.000115266	-0.000057238	0.000058028	1.9864	0.0030	0.99298	<0.0001
PSP/Long.A.	292	51	5.6	0.000091472	-0.000045250	0.000046222	1.9790	0.0046	0.98916	<0.0001
PSD/Long.A.	162	41	3.9	0.000597797	-0.000298281	0.000299517	1.9959	0.0011	0.99786	<0.0001
SP/Long.A.	167	42	3.9	0.000297418	-0.000147422	0.000149996	1.9828	0.0043	0.99113	<0.0001
PRSD/Long.A.	167	42	3.9	0.000388613	-0.000192747	0.000195866	1.9841	0.0040	0.99177	<0.0001
ASP/Long.A.	336	51	6.5	0.000101376	-0.000050009	0.000051367	1.9736	0.0056	0.98640	<0.0001
DSD/Long.A.	338	50	6.7	0.000191964	-0.000095482	0.000096482	1.9896	0.0022	0.99467	<0.0001
SCP/Long.A.	340	50	6.7	0.000105444	-0.000051476	0.000053967	1.9538	0.0098	0.97626	<0.0001
PD/Long.A.	320	50	6.3	0.000183864	-0.000091503	0.000092361	1.9907	0.0020	0.99523	<0.0001
PP/Long.A.	311	51	6.0	0.000121390	-0.000060112	0.000061278	1.9810	0.0041	0.99022	<0.0001
AD/Long.A.	270	51	5.2	0.000142062	-0.000070353	0.000071709	1.9811	0.0041	0.99029	<0.0001
AP/Long.A.	163	46	3.5	0.000156865	-0.000078006	0.000078859	1.9892	0.0027	0.99443	<0.0001
HP/PHD _T	301	50	6.0	0.033419848	0.012617286	0.046037133	0.7259	0.1317	0.35675	<0.0001
SCP/DSD _T	211	46	4.5	0.009476688	0.002273051	0.011749739	0.8065	0.1513	0.39384	<0.0001

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 153. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies hembras de *An. darlingi*, Granada-Meta. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	120	13	8.8	0.000323395	0.020588350	0.020911744	0.0155	0.1025	0.00684	0.3941
(BP+PHP)/Long.A.	72	13	5.3	0.000000794	0.000001012	0.000001805	0.4396	0.2527	0.20074	0.0104
PHD/Long.A.	74	13	5.4	0.000000713	0.000000364	0.000001077	0.6621	0.2670	0.30649	0.0003
HP/Long.A.	95	13	7.0	0.000000511	0.000000971	0.000001482	0.3449	0.2084	0.15605	0.0089
HD/Long.A.	99	13	7.2	0.000001028	0.000000235	0.000001263	0.8138	0.2498	0.37813	<0.0001
PSP/Long.A.	111	13	8.1	0.000000876	0.000001222	0.000002097	0.4176	0.2076	0.18911	0.0008
PSD/Long.A.	85	12	6.7	0.000000576	0.000002658	0.000003233	0.1780	0.1851	0.07891	0.1017
SP/Long.A.	76	11	6.5	0.000000076	0.000001477	0.000001553	0.0491	0.1620	0.02123	0.3319
PRSD/Long.A.	74	10	6.9	0.000000671	0.000002165	0.000002836	0.2365	0.2144	0.10299	0.0630
ASP/Long.A.	99	11	8.4	0.000001008	0.000001024	0.000002033	0.4960	0.2366	0.22123	0.0003
DSD/Long.A.	101	12	8.0	0.000001511	0.000000155	0.000001666	0.9067	0.2549	0.42214	<0.0001
SCP/Long.A.	112	12	8.9	0.000000460	0.000001322	0.000001782	0.2582	0.1755	0.11601	0.0138
PD/Long.A.	101	12	8.0	0.000000581	0.000000508	0.000001090	0.5334	0.2348	0.24279	0.0001
PP/Long.A.	100	12	7.9	-0.000000259	0.000004287	0.000004028	-0.0644	0.0911	-0.02808	0.6839
AD/Long.A.	88	12	6.9	0.000000141	0.000001676	0.000001818	0.0778	0.1543	0.03408	0.2529
AP/Long.A.	64	12	4.8	0.000000733	0.000003388	0.000004120	0.1778	0.2340	0.07559	0.1721
HP/PHD _T	73	13	5.4	0.000316882	0.002873715	0.003190597	0.0993	0.1899	0.04457	0.2541
SCP/DSD _T	101	12	8.0	0.000710929	0.000791231	0.001502160	0.4733	0.2265	0.21448	0.0005

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras);

k_1 = Numero de Progenie/familia.

Tabla 154. Componentes de varianza genética (V_G), ambiental (V_E) y fenotípica (V_P) de la longitud total del ala, de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) y de las proporciones HP/PHD y SCP/DSD transformadas según Kihlberg *et al.* (1972), considerando la variable categórica madre (aleatoria) en progenies machos de *An. darlingi*, Granada-Meta. k_1 hace referencia a la estimación del número de progenie por hembra grávida (madre) calculado según Becker (1988) para diseños desbalanceados y R^2_{Ajustado} representa el coeficiente de determinación del modelo.

Variable	N	S	k_1	V_G	V_E	V_P	H^2	E.S (H^2)	R^2_{Ajustado}	P
Long.A.	76	13	5.5	0.010223929	0.008011488	0.018235418	0.5607	0.2588	0.25687	0.0014
(BP+PHP)/Long.A.	39	11	3.3	0.000000281	0.000000883	0.000001163	0.2413	0.3455	0.10534	0.2114
PHD/Long.A.	45	12	3.5	0.000000001	0.000000553	0.000000554	0.0027	0.2767	0.00115	0.4634
HP/Long.A.	60	13	4.3	0.000000970	0.000000196	0.000001166	0.8316	0.2885	0.38444	0.0002
HD/Long.A.	60	13	4.3	0.000001021	0.000001369	0.000002390	0.4272	0.2789	0.19246	0.0294
PSP/Long.A.	69	13	4.2	0.000000970	0.000000196	0.000001166	0.8316	0.2869	0.16123	0.0325
PSD/Long.A.	60	11	5.1	0.000001123	0.000000155	0.000001278	0.8788	0.2958	0.40576	0.0001
SP/Long.A.	60	11	5.2	0.000001648	0.000000515	0.000002164	0.7619	0.2985	0.34945	0.0003
PRSD/Long.A.	57	11	4.9	0.000002372	0.000000927	0.000003300	0.7190	0.3032	0.32974	0.0010
ASP/Long.A.	69	13	5.0	0.000001067	0.000000678	0.000001744	0.6116	0.2728	0.28017	0.0015
DSD/Long.A.	71	13	5.2	0.000001127	0.000000040	0.000001167	0.9660	0.2658	0.45301	<0.0001
SCP/Long.A.	76	13	5.5	0.000000658	0.000000969	0.000001627	0.4046	0.2422	0.18370	0.0124
PD/Long.A.	69	13	5.0	0.000000516	0.000000550	0.000001066	0.4841	0.2638	0.21984	0.0081
PP/Long.A.	60	13	4.3	0.000000840	0.000000711	0.000001551	0.5415	0.2885	0.24381	0.0101
AD/Long.A.	53	12	4.0	0.000001025	0.000001064	0.000002090	0.4907	0.3067	0.21633	0.0262
AP/Long.A.	31	7	3.5	0.000007530	-0.000001198	0.000006332	1.1891	0.3577	0.50462	0.0006
HP/PHD _T	45	12	3.5	0.001913870	0.000907818	0.002821687	0.6783	0.3349	0.30759	0.0114
SCP/DSD _T	71	13	5.2	0.001314965	0.000554984	0.001869950	0.7032	0.2728	0.32466	0.0003

N= Número total de progenie; S = Número de hembras grávidas analizadas (Progenitoras); k_1 = Numero de progenie/familia.

Tabla 155. Coeficientes de regresión lineal por parejas de covariables de las longitudes de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies hembras de *An. benarrochi* B. Sobre la diagonal se muestran los valores de los coeficientes y debajo su significancia.

Variabl e	(X _i)														
(Y _i)	(BP+PHP)/ Long. A	PHD/ Long. A	HP /Long. A	HD /Long. A	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
(BP+PHP)/ Long. A		-0.133	0.204	-0.070	0.140	-0.188	0.179	-0.112	-0.027	-0.154	0.116	-0.086	0.067	-0.065	0.078
PHD/ Long. A	0.009		-1.033	0.188	-0.124	0.138	-0.043	0.010	0.089	0.566	-0.361	0.387	-0.307	0.439	-0.241
HP /Long. A	0.003	<0.001		-0.301	0.129	-0.235	0.079	-0.058	-0.028	-0.452	0.363	-0.309	0.197	-0.355	0.162
HD /Long. A	0.162	0.027	<0.001		-0.287	0.239	-0.311	0.156	-0.061	0.333	-0.286	0.275	-0.081	0.167	-0.125
PSP /Long. A	0.006	0.161	0.067	0.001		-0.571	0.518	-0.311	0.190	-0.278	0.140	-0.144	0.043	-0.099	0.126
PSD /Long. A	0.016	0.305	0.024	0.064	<0.001		-0.359	0.128	-0.057	0.041	0.140	0.029	0.007	0.049	-0.048
SP /Long. A	0.003	0.665	0.081	0.002	<0.001	<0.001		-0.369	-0.013	-0.157	0.104	-0.262	0.179	-0.053	0.147
PRSD /Long. A	0.007	0.881	0.310	0.030	<0.001	0.007	<0.001		-0.088	-0.087	-0.064	-0.027	0.079	-0.165	-0.031
ASP /Long. A	0.375	0.073	0.502	0.249	0.550	0.102	0.775	0.178		-0.097	-0.081	0.126	-0.487	-0.062	-0.015
DSD /Long. A	0.018	<0.001	<0.001	0.005	0.013	0.582	0.138	0.559	0.632		-0.310	0.280	-0.123	0.249	-0.173
SCP /Long. A	0.001	<0.001	<0.001	<0.001	0.106	0.013	0.070	0.438	0.471	<0.001		-0.819	0.280	-0.463	0.272
PD /Long. A	0.154	<0.001	<0.001	0.008	0.147	0.672	0.005	0.841	0.494	<0.001	<0.00		-0.229	0.169	-0.159
PP /Long. A	0.059	<0.001	<0.001	0.202	0.467	0.860	0.036	0.531	0.005	0.008	<0.001	<0.001		-0.484	0.321
AD /Long. A	0.199	<0.001	<0.001	0.072	0.240	0.385	0.523	0.181	0.492	<0.001	<0.001	0.015	<0.001		-0.260
AP /Long. A	0.036	<0.001	0.006	0.083	0.056	0.295	0.013	0.718	0.823	0.001	0.003	0.001	0.004	<0.001	

Tabla 156. Coeficientes de regresión lineal por parejas de covariables de las longitudes de las manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies machos de *An. benarrochi* B. Sobre la diagonal se muestran los valores de los coeficientes y debajo su significancia.

Variables	(X _i)														
(Y _i)	(BP+PHP)/ Long. A	PHD/ Long. A	HP /Long. A	HD /Long. A	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
((BP+PHP)/Long. A		-0.120	0.173	0.008	-0.026	-0.044	0.011	0.000	0.041	-0.072	0.073	-0.128	0.013	-0.010	-0.001
PHD/ Long. A	0.041		-0.958	0.379	-0.195	0.259	-0.022	-0.077	0.061	0.200	-0.363	0.290	-0.354	0.401	-0.103
HP /Long. A	0.037	<0.001		-0.350	0.144	-0.297	0.098	0.055	0.024	-0.201	0.223	-0.201	0.230	-0.352	0.145
HD /Long. A	0.895	<0.001	<0.001		-0.538	0.534	-0.326	0.181	-0.093	0.200	-0.247	0.112	-0.167	0.273	-0.078
PSP /Long. A	0.632	0.013	0.008	<0.001		-0.911	0.312	-0.196	0.051	-0.094	0.198	-0.128	0.113	-0.155	-0.030
PSD /Long. A	0.575	0.024	<0.001	<0.001	<0.001		-0.255	0.143	-0.131	0.003	-0.096	-0.015	-0.034	0.083	-0.029
SP /Long. A	0.837	0.773	0.069	<0.001	<0.001	<0.001		-0.412	0.148	-0.116	0.003	0.030	0.066	-0.014	0.109
PRSD /Long. A	0.998	0.231	0.224	0.004	0.006	0.003	<0.001		-0.430	-0.363	0.311	-0.260	0.140	-0.238	0.018
ASP /Long. A	0.478	0.438	0.662	0.231	0.558	0.031	0.088	<0.001		-0.460	0.002	-0.032	-0.074	0.114	0.044
DSD /Long. A	0.305	0.054	0.003	0.073	0.439	0.967	0.278	0.004	<0.001		-0.274	0.229	-0.061	0.061	-0.129
SCP /Long. A	0.063	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	0.014	0.959	<0.001	0.970	<0.001		-0.722	0.408	-0.544	0.200
PD /Long. A	0.008	<0.001	<0.001	0.106	0.086	0.774	0.030	0.004	0.670	<0.001	<0.001		-0.545	0.335	-0.074
PP /Long. A	0.830	<0.001	<0.001	0.063	0.205	0.602	0.476	0.214	0.405	0.335	0.003	<0.001		-0.559	0.111
AD /Long. A	0.887	<0.001	<0.001	0.005	0.117	0.275	0.898	0.069	0.256	0.399	<0.001	0.010	<0.001		-0.175
AP /Long. A	0.990	0.103	0.023	0.364	0.030	0.683	0.238	0.874	0.626	0.035	0.207	0.541	0.267	0.068	

Tabla 157. Estimaciones de las covarianzas genética (Cov_G), residual (Cov_e) y fenotípica (Cov_P) y de la coheredabilidad ($Co-H^2$) por parejas de manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies hembras de *An. benarrochi* B.

Variable		(X _i)						
(Y _i)	Item	PHD/ Long. A	HP /Long. A	HD /Long. A	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A
(BP+PHP)/Long. A	N	132	132	131	132	130	119	118
	Cov_G	-0.000000110	0.000000107	-0.000000098	0.000000036	-0.000000026	0.000000108	-0.000000136
	Cov_e	-0.000000067	0.000000041	-0.000000006	0.000000139	-0.000000071	0.000000095	-0.000000126
	Cov_P	-0.000000177	0.000000148	-0.000000104	0.000000175	-0.000000097	0.000000203	-0.000000262
	$co-H^2$	0.6226	0.7240	0.9403	0.2049	0.2706	0.5321	0.5175
	E.S.($co-H^2$)	0.0709	0.0627	0.0313	0.0869	0.0866	0.0809	0.0821
	P	<0.0001	<0.0001	<0.0001	0.0002	<0.0001	<0.0001	<0.0001
	N		132	131	132	131	120	119
PHD/Long. A	Cov_G		-0.000000562	0.000000190	-0.000000012	-0.000000077	0.000000190	-0.000000215
	Cov_e		-0.000000191	0.000000081	-0.000000140	0.000000142	-0.0000000599	0.000000209
	Cov_P		-0.000000753	0.000000271	-0.000000152	0.000000065	-0.0000000409	-0.000000006
	$co-H^2$		0.7460	0.7019	0.0781	-1.1877	-0.4646	35.9813
	E.S.($co-H^2$)		0.0606	0.0650	0.0877	-	0.0727	-
	P		<0.0001	<0.0001	0.0530	-	-	-
	N			137	138	137	126	125
	Cov_G			-0.000000208	0.000000000	-0.000000013	0.000000042	0.000000066
HP/Long. A	Cov_e			-0.000000215	0.000000157	-0.000000119	0.000000042	-0.000000174
	Cov_P			-0.000000423	0.000000157	-0.000000132	0.000000084	-0.000000108
	$co-H^2$			0.4915	0.0007	0.0994	0.4996	-0.6074
	E.S.($co-H^2$)			0.0772	0.0854	0.0861	0.0804	0.0565
	P			<0.0001	0.4494	0.0242	<0.0001	-
	N							

Continuación de la tabla 157.

Variable		(X _i)						
(Y _i)	Item	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
((BP+PHP)/Long. A	N	120	129	130	125	114	106	77
	Cov _G	-0.000000037	-0.000000084	0.000000249	-0.000000089	0.000000171	-0.000000086	0.000000311
	Cov _e	-0.000000074	-0.000000041	0.000000084	-0.000000001	0.000000048	-0.000000022	-0.000000013
	Cov _p	-0.000000111	-0.000000126	0.000000334	-0.000000090	0.000000219	-0.000000109	0.000000297
	co-H ²	0.3356	0.6712	0.7470	0.9874	0.7820	0.7951	1.0452
	E.S.(co-H ²)	0.0887	0.0682	0.0610	0.0150	0.0616	0.0624	-
	P	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-
PHD/Long. A	N	120	129	130	125	114	106	77
	Cov _G	0.000000432	0.000000491	-0.000000975	0.000000361	-0.000000624	0.000000681	-0.000000791
	Cov _e	-0.000000032	-0.000000007	-0.000000088	0.000000044	-0.000000360	0.000000066	-0.000000106
	Cov _p	0.000000400	0.000000483	-0.000001063	0.000000404	-0.000000984	0.000000747	-0.000000896
	co-H ²	1.0802	1.0148	0.9169	0.8924	0.6343	0.9114	0.8822
	E.S.(co-H ²)	-	-	0.0368	0.0425	0.0760	0.0425	0.0577
	P	-	-	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001
HP/Long. A	N	126	135	136	131	119	111	82
	Cov _G	-0.000000253	-0.000000539	0.000000869	-0.000000233	0.000000452	-0.000000500	-0.000011234
	Cov _e	0.000000116	0.000001558	0.000000181	-0.000000084	0.000000174	-0.000000113	0.000010324
	Cov _p	-0.000000136	0.000001019	0.000001050	-0.000000317	0.000000626	-0.000000613	-0.000000909
	co-H ²	1.8527	-0.5285	0.8277	0.7336	0.7227	0.8160	12.3554
	E.S.(co-H ²)	-	0.0637	0.0506	0.0623	0.0668	0.0583	-
	P	-	!	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	!

Continuación de la tabla 157

Variable		(X _i)					
(Y _i)	Item	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A
HD /Long. A	N	141	140	129	128	129	138
	Cov _G	0.000000042	0.000000138	-0.000000131	0.000000017	0.000000025	0.000000231
	Cov _e	-0.000000406	0.000000013	-0.000000193	0.000000300	-0.000000249	0.000000023
	Cov _p	-0.000000364	0.000000151	-0.000000324	0.000000317	-0.000000225	0.000000255
	co-H ²	-0.1156	0.9135	0.4032	0.0533	-0.11074	0.9089
	E.S.(co-H ²)	0.0827	0.0361	0.0834	0.0890	0.0864	0.0374
	P	1.0000	<0.0001	<0.0001	0.1344	0.9999	<0.0001
	N		141	130	129	130	139
PSP /Long. A	Cov _G		-0.000000025	0.000000073	-0.000000083	-0.000000114	-0.000000103
	Cov _e		-0.000000305	0.000000450	-0.000000555	0.000000218	-0.000000037
	Cov _p		-0.000000330	0.000000523	-0.000000638	0.000000104	-0.000000140
	co-H ²		0.0758	0.1401	0.1307	-1.0951	0.7356
	E.S.(co-H ²)		0.0848	0.0883	0.0887	-	0.0601
	P		<0.0001	0.0062	<0.0001	-	<0.0001
	N			132	131	131	140
PSD /Long. A	Cov _G			-0.000000089	0.000000127	-0.000000004	-0.000000007
	Cov _e			-0.000000275	0.000000144	-0.000000207	0.000000036
	Cov _p			-0.000000364	0.000000271	-0.000000210	0.000000029
	co-H ²			0.2444	0.4692	0.0168	-0.2259
	E.S.(co-H ²)			0.0865	0.0801	0.0877	0.0800
	P			<0.0001	<0.0001	0.3247	-

Continuación de la tabla 157

Variable		(X _i)				
(Y _i)	Item	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
HD /Long. A	N	139	131	119	111	82
	Cov _G	-0.000000599	0.000000065	-0.000000130	0.000000224	-0.000014972
	Cov _e	-0.000000226	0.000000200	-0.000000120	0.000000046	0.000012634
	Cov _p	-0.000000824	0.000000265	-0.000000250	0.000000271	-0.000002338
	co-H ²	0.7264	0.2466	0.5200	0.8297	6.4037
	E.S.(co-H ²)	0.0610	0.0868	0.0818	0.0563	-
	P	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-
	N	140	132	120	112	82
PSP /Long. A	Cov _G	0.000000058	-0.000000033	0.000000076	-0.000000001	-0.000013236
	Cov _e	0.000000320	-0.000000105	0.000000057	-0.000000153	0.000011952
	Cov _p	0.000000378	-0.000000138	0.000000132	-0.000000153	-0.000001284
	co-H ²	0.1528	0.2405	0.5719	0.0039	10.3099
	E.S.(co-H ²)	0.0849	0.0865	0.0784	0.0947	-
	P	0.0021	<0.0001	<0.0001	0.4303	-
	N	141	133	121	113	84
	Cov _G	-0.000000134	-0.000000034	0.000000083	-0.000000078	-0.000019956
PSD /Long. A	Cov _e	-0.000000111	0.000000057	-0.000000052	0.000000145	0.000017325
	Cov _p	-0.000000245	0.000000023	0.000000030	0.000000068	-0.000002631
	co-H ²	0.5481	-1.4771	2.7155	-1.1501	7.5852
	E.S.(co-H ²)	0.0732	-	-	-	-
	P	<0.0001	-	-	-	-
	N					

Continuación de la tabla 157

Variable		(X _i)							
(Y _i)	Item	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
SP /Long. A	N	131	131	129	130	123	115	105	77
	Cov _G	-0.000000273	-0.000000047	-0.000000016	0.000000108	-0.000000095	0.000005759	0.000000036	-0.000029737
	Cov _e	-0.000000501	-0.000000007	-0.000000093	0.000000146	-0.000000151	0.000044399	-0.000000105	0.000026501
	Cov _p	-0.000000773	-0.000000053	-0.000000110	0.000000254	-0.000000246	0.000050158	-0.000000069	-0.000003237
	co-H ²	0.3524	0.8753	0.1499	0.4234	0.3856	0.1148	-0.5292	9.1870
	E.S.(co-H ²)	0.0844	0.0445	0.0886	0.0823	0.0862	0.0941	0.0675	-
	P	<0.0001	<0.0001	0.0043	<0.0001	<0.0001	0.0281	-	-
PRSD /Long. A	N		131	129	129	122	104	104	77
	Cov _G		-0.000000074	-0.000000109	0.000000017	0.000000070	0.000000151	-0.000000277	-0.000029445
	Cov _e		-0.000000255	0.000000037	-0.000000159	-0.000000085	-0.000000039	0.000000018	0.000025611
	Cov _p		-0.000000329	-0.000000073	-0.000000142	-0.000000016	0.000000112	-0.000000259	-0.000003835
	co-H ²		0.2255	1.5024	-0.1224	-4.4258	1.3467	1.0687	7.6789
	E.S.(co-H ²)		0.0871	-	0.0862	-	-	-	-
	P		0.0001	-	1.0000	-	-	-	-
ASP /Long. A	N			130	130	123	113	105	77
	Cov _G			0.000000169	-0.000000230	0.000000266	-0.000000522	-0.000000049	-0.000030053
	Cov _e			-0.000000215	0.000000022	-0.000000120	-0.000000114	-0.000000043	0.000026201
	Cov _p			-0.000000046	-0.000000207	0.000000145	-0.000000636	-0.000000091	-0.000003853
	co-H ²			-3.6342	1.1069	1.8280	0.8213	0.5345	7.8007
	E.S.(co-H ²)			-	-	-	0.0570	0.0868	-
	P			-	-	-	<0.0001	<0.0001	-

Continuación de la tabla 157

Variable		(X _i)				
(Y _i)	Item	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
DSD /Long. A	N	141	133	120	112	84
	Cov _G	-0.000000594	0.000000128	-0.000000370	0.000000477	-0.000011033
	Cov _e	-0.000000273	0.000000148	-0.000000029	-0.000000040	0.000009084
	Cov _p	-0.000000867	0.000000276	-0.000000399	0.000000438	-0.000001949
	co-H ²	0.6850	0.4650	0.9277	1.0905	5.6608
	E.S.(co-H ²)	0.0641	0.0796	0.0362	-	-
	P	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-	-
SCP /Long. A	N		134	121	113	84
	Cov _G		-0.000000397	0.000000679	-0.000000751	-0.000023139
	Cov _e		-0.000000409	0.000000211	-0.000000055	0.000021198
	Cov _p		-0.000000806	0.000000890	-0.000000806	-0.000001942
	co-H ²		0.4927	0.7626	0.9323	11.9171
	E.S.(co-H ²)		0.0781	0.0620	0.0363	0.0040
	P		<0.0001	<0.0001	<0.0001	-
PD /Long. A	N			120	112	84
	Cov _G			-0.000000488	0.000000284	-0.000005897
	Cov _e			-0.000000240	0.000000014	0.000004632
	Cov _p			-0.000000727	0.000000298	-0.000001266
	co-H ²			0.6704	0.9533	4.6589
	E.S.(co-H ²)			0.0712	0.0305	-
	P			<0.0001	<0.0001	-
PP /Long. A	N				114	84
	Cov _G				-0.000000656	-0.000014786
	Cov _e				-0.000000188	0.000014045
	Cov _p				-0.000000844	-0.000000741
	co-H ²				0.7773	19.9462
	E.S.(co-H ²)				0.0624	-
	P				<0.0001	-
AD /Long. A	N					84
	Cov _G					-0.000025932
	Cov _e					0.000021462
	Cov _p					-0.000004471
	co-H ²					5.8005
	E.S.(co-H ²)					-
	P					-

N= tamaño de muestra; E.S. = error estándar; P = significancia.

Tabla 158. Estimaciones de las covarianzas genética (Cov_G), residual (Cov_e) y fenotípica (Cov_P) y de la coheredabilidad ($Co-H^2$) por parejas de manchas costales transformadas según Freeman & Tukey (1950) en progenies machos de *An. benarrochi* B.

Variable		(X _i)						
(Y _i)	Item	PHD/ Long. A	HP /Long. A	HD /Long. A	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A
((BP+PHP)/Long. A	N	133	131	130	130	130	123	124
	Cov_G	-0.000000112	0.000000077	-0.000000100	0.000000061	0.000000017	0.000000050	-0.000000041
	Cov_e	-0.000000033	0.000000030	0.000000098	-0.000000089	-0.000000044	-0.000000028	0.000000037
	Cov_P	-0.000000145	0.000000108	-0.000000003	-0.000000028	-0.000000027	0.000000022	-0.000000005
	$co-H^2$	0.7746	0.7185	39.8049	-2.1698	-0.6292	2.2955	9.0272
	E.S.($co-H^2$)	0.0589	0.0026	-	-	0.0397	-	-
	P	<0.0001	<0.0001	!	-	-	-	-
	N		131	129	129	129	122	123
PHD/ Long. A	Cov_G		-0.000000396	0.000000269	-0.000000087	-0.000000008	0.0000000759	-0.000000469
	Cov_e		-0.000000197	0.000000201	-0.000000185	0.000000178	-0.0000000973	0.000000264
	Cov_P		-0.000000593	0.000000469	-0.000000272	0.000000170	-0.0000000214	-0.000000205
	$co-H^2$		0.6675	0.5725	0.3211	-0.0442	-3.5415	2.2895
	E.S.($co-H^2$)		0.0695	0.0767	0.0868	0.0867	!	!
	P		<0.0001	<0.0001	<0.0001	0.7624	-	-
HP /Long. A	N			147	147	146	139	140
	Cov_G			-0.000000297	0.000000124	-0.000000081	0.000000030	0.000000260
	Cov_e			-0.000000134	0.000000077	-0.000000112	0.000000100	-0.000000131
	Cov_P			-0.000000431	0.000000201	-0.000000193	0.000000131	0.000000128
	$co-H^2$			0.6892	0.6192	0.4196	0.2322	2.0234
	E.S.($co-H^2$)			0.0634	0.0685	0.0784	0.0848	-
	P			<0.0001	<0.0001	<0.0001	0.0002	-

Continuación de la tabla 158.

Variable		(X _i)						
(Y _i)	Item	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
((BP+PHP)/Long. A	N	124	131	129	119	96	85	49
	Cov _G	-0.000000046	-0.000000036	0.000000201	-0.000000096	0.000000090	-0.000000102	-0.000000028
	Cov _e	0.000000093	-0.000000027	0.000000012	-0.000000158	-0.000000060	0.000000079	0.000000023
	Cov _p	0.000000047	-0.000000062	0.000000213	-0.000000254	0.000000030	-0.000000023	-0.000000005
	co-H ²	-0.9601	0.5741	0.9452	0.3791	3.0456	4.4572	5.5207
	E.S.(co-H ²)	-	0.0760	0.0312	0.0891	-	-	-
	P	-	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-	-	-
PHD/ Long. A	N	123	130	128	118	95	84	49
	Cov _G	0.000000111	0.000000313	-0.000001014	0.000000467	-0.000000412	0.000000491	-0.000000368
	Cov _e	-0.000000019	-0.000000117	-0.000000054	0.000000132	-0.000000159	0.000000079	0.000000106
	Cov _p	0.000000093	0.000000196	-0.000001068	0.000000599	-0.000000571	0.000000570	-0.000000262
	co-H ²	1.2034	1.5980	0.9495	0.7793	0.7214	0.8618	1.4046
	E.S.(co-H ²)	-	-	0.0301	0.0625	0.0775	0.0618	-
	P	-	-	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-
HP /Long. A	N	140	147	145	133	107	95	56
	Cov _G	-0.000000020	-0.000000287	0.000000760	-0.000000362	0.000000192	-0.000000286	0.000000270
	Cov _e	0.000000048	0.000000086	-0.000000043	-0.000000022	0.000000172	-0.000000171	0.000000194
	Cov _p	0.000000028	-0.000000202	0.000000717	-0.000000383	0.000000363	-0.000000457	0.000000464
	co-H ²	-0.7067	1.4237	1.0603	0.9439	0.5277	0.6255	0.5814
	E.S.(co-H ²)	0.0237	-	-	0.0310	0.0881	0.0875	0.1205
	P	-	-	-	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001

Continuación de la tabla 158.

Variable		(X _i)					
(Y _i)	Item	PSP /Long. A	PSD /Long. A	SP /Long. A	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A
HD /Long. A	N	152	149	142	142	143	150
	Cov _G	-0.000000456	0.000000280	-0.000000215	0.000000001	-0.000000027	0.000000189
	Cov _e	-0.000000323	0.000000077	-0.000000241	0.000000326	-0.000000090	-0.000000043
	Cov _p	-0.000000779	0.000000358	-0.000000456	0.000000327	-0.000000117	0.000000147
	co-H ²	0.5849	0.7832	0.4719	0.0029	0.2337	1.2927
	E.S.(co-H ²)	0.0693	0.0543	0.0777	0.0836	0.0836	-
	P	<0.0001	<0.0001	<0.0001	0.4445	0.0001	-
	N		149	142	142	143	150
PSP /Long. A	Cov _G		-0.000000325	0.000000159	-0.000000076	-0.000000070	-0.000000040
	Cov _e		-0.000000270	0.000000272	-0.000000286	0.000000126	-0.000000024
	Cov _p		-0.000000595	0.000000432	-0.000000363	0.000000056	-0.000000064
	co-H ²		0.5467	0.3689	0.2107	-1.2453	0.6247
	E.S.(co-H ²)		0.0722	0.0812	0.0841	-	0.0674
	P		<0.0001	<0.0001	0.0004	-	<0.0001
	N			142	143	142	150
	Cov _G			-0.000000184	0.000000006	-0.000000041	0.000000053
PSD /Long. A	Cov _e			-0.000000177	0.000000261	-0.000000125	-0.000000045
	Cov _p			-0.000000361	0.000000268	-0.000000166	0.000000008
	co-H ²			0.5101	0.0239	0.2466	6.8912
	E.S.(co-H ²)			0.0760	0.0836	0.0837	-
	P			<0.0001	0.2992	0.0001	-

Continuación de la tabla 158.

Variable		(X _i)				
(Y _i)	Item	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
HD /Long. A	N	148	136	109	97	56
	Cov _G	-0.000000840	0.000000121	-0.000000072	0.000000281	-0.000000226
	Cov _e	0.000000010	0.000000092	-0.000000180	0.000000099	-0.000000031
	Cov _p	-0.000000830	0.000000214	-0.000000251	0.000000380	-0.000000257
	co-H ²	1.012482252	0.5675	0.2859	0.7394	0.8790
	E.S.(co-H ²)	-	0.0748	0.0957	0.0753	0.0727
	P	-	<0.0001	0.0002	<0.0001	<0.0001
	N	148	136	109	97	56
PSP /Long. A	Cov _G	0.000000633	-0.000000091	0.000000196	-0.000000098	0.000000000
	Cov _e	0.000000026	-0.000000148	-0.000000012	-0.000000111	-0.000000089
	Cov _p	0.000000660	-0.000000239	0.000000183	-0.000000209	-0.000000089
	co-H ²	0.9599	0.3823	1.0675	0.4704	0.0032
	E.S.(co-H ²)	0.0247	0.0827	-	0.0962	0.1308
	P	<0.0001	<0.0001	-	<0.0001	0.4576
	N	148	135	109	97	56
	Cov _G	-0.000000342	-0.000000014	0.000000008	-0.000000009	-0.000000008
PSD /Long. A	Cov _e	0.000000037	-0.000000015	-0.000000058	0.000000116	-0.000000080
	Cov _p	-0.000000305	-0.000000028	-0.000000050	0.000000106	-0.000000088
	co-H ²	1.1222	0.4877	-0.1533	-0.0853	0.0898
	E.S.(co-H ²)	-	0.0792	0.0893	0.0966	0.1342
	P	-	<0.0001	0.9970	0.8642	0.2110
	N	148	135	109	97	56
	Cov _G	-0.000000342	-0.000000014	0.000000008	-0.000000009	-0.000000008
	Cov _e	0.000000037	-0.000000015	-0.000000058	0.000000116	-0.000000080

Continuación de la tabla 158

Variable		(X _i)							
(Y _i)	Item	PRSD /Long. A	ASP /Long. A	DSD /Long. A	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
SP /Long. A	N	144	143	143	141	130	104	94	52
	Cov _G	-0.000000150	0.000000106	-0.000000016	0.000000082	0.000000109	-0.000000120	0.000000132	0.000000244
	Cov _e	-0.000000618	0.000000088	-0.000000082	-0.000000066	-0.000000048	0.000000199	-0.000000136	0.000000079
	Cov _P	-0.000000768	0.000000194	-0.000000098	0.000000016	0.000000061	0.000000080	-0.000000004	0.000000322
	co-H ²	0.1953	0.5471	0.1597	5.2215	1.7768	-1.4959	-31.1421	0.7558
	E.S.(co-H ²)	0.0837	0.0738	0.0842	-	-	-	-	0.1036
	P	0.0007	<0.0001	0.0038	-	-	-	-	<0.0001
	N		144	144	142	131	105	95	52
PRSD /Long. A	Cov _G		-0.000000046	-0.000000257	0.000000637	-0.000000407	0.000000367	-0.000000265	0.000000131
	Cov _e		-0.000000487	-0.000000072	0.000000133	-0.000000075	-0.000000136	-0.000000024	-0.000000070
	Cov _P		-0.000000532	-0.000000329	0.000000769	-0.000000481	0.000000231	-0.000000289	0.000000061
	co-H ²		0.0857	0.7802	0.8276	0.8448	1.5863	0.9159	0.000000131
	E.S.(co-H ²)		0.0838	0.0556	0.0504	0.0504	-	0.0460	-
	P		0.0578	<0.0001	<0.0001	<0.0001	-	<0.0001	-
	N			144	142	132	105	95	52
	Cov _G			-0.000000075	-0.000000136	0.000000081	-0.000000256	0.000000264	-0.000000024
ASP /Long. A	Cov _e			-0.000000213	0.000000128	-0.000000126	0.000000127	-0.000000113	0.000000143
	Cov _P			-0.000000288	-0.000000008	-0.000000045	-0.000000129	0.000000151	0.000000119
	co-H ²			0.2593	16.6021	-1.7922	1.9884	1.7473	-0.2000
	E.S.(co-H ²)			0.0829	-	-	-	-	0.1163
	P			<0.0001	-	-	-	-	0.9576

Continuación de la tabla 158

Variable		(X _i)				
(Y _i)	Item	SCP /Long. A	PD /Long. A	PP /Long. A	AD /Long. A	AP /Long. A
DSD /Long. A	N	152	139	112	100	56
	Cov _G	-0.000000632	0.000000332	-0.000000157	0.000000082	-0.000000226
	Cov _e	-0.000000244	0.000000105	0.000000052	0.000000003	-0.000000185
	Cov _p	-0.000000876	0.000000438	-0.000000104	0.000000085	-0.000000411
	co-H ²	0.7214	0.7593	1.5028	0.9621	0.5492
	E.S.(co-H ²)	0.0596	0.0590	-	0.0304	0.1233
	P	<0.0001	<0.0001	-	<0.0001	<0.0001
SCP /Long. A	N		139	112	99	56
	Cov _G		-0.000000990	0.000000707	-0.000000731	0.000000957
	Cov _e		-0.000000385	-0.000000045	-0.000000026	-0.000000261
	Cov _p		-0.000001375	0.000000662	-0.000000757	0.000000696
	co-H ²		0.7201	1.0678	0.9654	1.3747
	E.S.(co-H ²)		0.0628	-	0.0292	-
	P		<0.0001	-	<0.0001	-
PD /Long. A	N			111	99	56
	Cov _G			-0.000000500	0.000000279	-0.000000481
	Cov _e			-0.000000343	0.000000173	0.000000211
	Cov _p			-0.000000843	0.000000452	-0.000000269
	co-H ²			0.5929	0.6174	1.785520472
	E.S.(co-H ²)			0.0822	0.0860	-
	P			<0.0001	<0.0001	-
PP /Long. A	N				100	56
	Cov _G				-0.000000277	0.000000114
	Cov _e				-0.000000454	0.000000233
	Cov _p				-0.000000731	0.000000346
	co-H ²				0.3793	0.3281
	E.S.(co-H ²)				0.0980	0.1347
	P				<0.0001	0.0049
AD /Long. A	N					56
	Cov _G					-0.000000239
	Cov _e					-0.000000310
	Cov _p					-0.000000549
	co-H ²					0.4347
	E.S.(co-H ²)					0.1308
	P					0.0004

N= tamaño de muestra; E.S. = error estándar; P = significancia.

Tabla 159. Coeficientes de correlación genético (r_G), ambiental (r_E) y fenotípico (r_P) entre parejas de covariables, considerando la variable categórica madres. Se usaron las proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en las progenies hembras de *An. benarrochi* B. Donde Cov_G representa la covarianza genética, Cov_e la covarianza residual y Cov_P la covarianza fenotípica. Donde

(a) $|r_G| > 1$, debido a que el numerador, $Cov_{S(X,Y)} > \sqrt{\hat{\sigma}_{S(X)}^2 \hat{\sigma}_{S(Y)}^2}$ (denominador); (b) r_E no se puede estimar debido a que $\sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 < \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 > \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$, o $\sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 > \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 < \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$, lo cual genera $\sqrt{-z}$; (c) $|r_E| > 1$ debido a que el numerador $|\widehat{Cov}_W - \widehat{Cov}_S| > \sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 - \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 - \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$ (denominador); (d) r_G no se puede estimar debido a que $\hat{\sigma}_{S(X)}^2 \leq 0$, o $\hat{\sigma}_{S(Y)}^2 \leq 0$, lo cual genera $\sqrt{-z}$; donde z es cualquier valor positivo.

Variable	Variable	n	s	k ₁	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_P	E.S. (r_P)	t	P
X _i	Y _i															
(BP+PHP)/ Long. A	PHD/Long. A	132	13	9.6	-0.5296	0.0744	-7.12	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.2332	0.0853	-0.80	0.2140
	HP/Long. A	132	13	9.6	0.6952	0.0630	11.03	<0.0001	(b)	-	-	-	0.2663	0.0845	0.92	0.1806
	HD/Long. A	131	13	9.5	-0.6665	0.0656	-10.15	<0.0001	0.2260	0.0858	2.64	0.0047	-0.1349	0.0872	-0.45	0.3262
	PSP/Long. A	132	13	9.6	0.3634	0.0817	4.45	<0.0001	0.1935	0.0860	2.25	0.0131	0.2389	0.0852	0.82	0.2080
	PSD/Long. A	130	13	9.5	-0.3473	0.0829	-4.19	<0.0001	-0.1379	0.0875	-1.58	0.0588	-0.2005	0.0866	-0.68	0.2492
	SP/Long. A	119	13	8.6	(a)	-	-	-	-0.0264	0.0924	-0.29	0.3878	0.3033	0.0881	1.06	0.1467
	PRSD/Long. A	118	13	8.5	(a)	-	-	-	0.0154	0.0928	0.17	0.4342	-0.2692	0.0894	-0.93	0.1779
	ASP/Long. A	120	13	8.7	(a)	-!	-	-	-0.0303	0.0920	-0.33	0.6287	-0.0849	0.0917	-0.28	0.3890
	DSD/Long. A	129	13	9.4	-0.5917	0.0715	-8.27	<0.0001	0.2808	0.0852	3.30	0.0006	-0.2178	0.0866	-0.74	0.2303
	SCP/Long. A	130	13	9.5	0.8263	0.0498	16.60	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3074	0.0841	1.07	0.1430
	PD/Long. A	125	13	9.1	-0.6507	0.0685	-9.50	<0.0001	0.2912	0.0863	3.38	0.0005	-0.1415	0.0893	-0.47	0.3181
	PP/Long. A	114	13	8.2	0.7187	0.0657	10.94	<0.0001	-0.1866	0.0928	-2.01	0.0234	0.1911	0.0927	0.65	0.2599
	AD/Long. A	106	13	7.7	-0.3886	0.0904	-4.30	<0.0001	0.4405	0.0880	5.00	<0.0001	-0.1340	0.0972	-0.45	0.3274
	AP/Long. A	77	11	6.6	(a)	-!	-	-	-0.8011	0.0691	-11.59	<0.0001	0.2673	0.1113	0.83	0.2040

Continuación de la tabla 159.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
PHD/ Long. A	HP/Long. A	132	13	9.6	-0.9222	0.0339	-27.19	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.7685	0.0561	-3.98	0.0001
	HD/Long. A	131	13	9.5	0.3141	0.0836	3.76	0.0001	(b)	-	-	-	0.1991	0.0863	0.67	0.2509
	PSP/Long. A	132	13	9.6	-0.0306	0.0877	-0.35	0.3640	(b)	-	-	-	-0.1182	0.0871	-0.39	0.3468
	PSD/Long. A	131	13	9.5	-0.2488	0.0853	-2.92	0.0021	(b)	-	-	-	0.0752	0.0878	0.25	0.4015
	SP/Long. A	120	13	8.7	0.0492	0.0919	0.53	0.2970	(b)	-	-	-	-0.0358	0.0920	-0.12	0.4528
	PRSD/Long. A	119	13	8.6	-0.3222	0.0875	-3.68	0.0002	(b)	-	-	-	-0.0036	0.0924	-0.01	0.4952
	ASP/Long. A	120	13	8.7	(a)	-	-	-	(b)	-	-	-	0.1831	0.0905	0.62	0.2690
	DSD/Long. A	129	13	9.4	0.9154	0.0357	25.63	<0.0001	(b)	-	-	-	0.4718	0.0782	1.77	0.0392
	SCP/Long. A	130	13	9.5	-0.8560	0.0457	-18.74	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.5456	0.0741	-2.16	0.0163
	PD/Long. A	125	13	9.1	0.6661	0.0673	9.90	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3470	0.0846	1.23	0.1110
	PP/Long. A	114	13	8.2	-0.8439	0.0507	-16.64	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5149	0.0810	-1.99	0.0244
	AD/Long. A	106	13	7.7	0.9897	0.0141	70.42	<0.0001	(b)	-	-	-	0.5710	0.0805	2.31	0.0115
	AP/Long. A	77	11	6.6	-0.8470	0.0614	-13.80	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.4548	0.1028	-1.53	0.0649
	HD/Long. A	137	14	9.2	-0.4835	0.0753	-6.42	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.3850	0.0794	-1.45	0.0754
HP/ Long. A	PSP/Long. A	138	14	9.3	0.0003	0.0857	0.00	0.4984	(b)	-	-	-	0.1500	0.0848	0.53	0.3000
	PSD/Long. A	137	14	9.2	-0.0001	0.0861	0.00	0.4997	-0.0010	0.0861	-0.01	0.4953	-0.0015	0.0861	-0.01	0.5021
	SP/Long. A	126	14	8.4	0.1432	0.0889	1.61	0.0549	(b)	-	-	-	0.0894	0.0894	0.31	0.3782
	PRSD/Long. A	125	14	8.4	0.1300	0.0894	1.45	0.0742	(b)	-	-	-	-0.0808	0.0899	-0.28	0.3896
	ASP/Long. A	126	14	8.4	(d)	-	-	-	(b)	-	-	-	-0.0756	0.0895	-0.26	0.3966
	DSD/Long. A	135	14	9.1	-0.8848	0.0404	-21.90	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.4549	0.0772	-1.77	0.0395
	SCP/Long. A	136	14	9.2	0.9955	0.0817	121.90	<0.0001	(c)	-	-	-	0.6654	0.0645	3.09	0.0012
	PD/Long. A	131	14	8.8	-0.0071	0.0880	-0.08	0.4681	0.0024	0.0880	0.03	0.4893	-0.1062	0.0875	-0.37	0.3560
	PP/Long. A	119	14	8.0	0.0024	0.0924	0.03	0.4895	-0.0051	0.0924	-0.06	0.4780	0.0069	0.0924	0.02	0.4905
	AD/Long. A	111	14	7.4	-0.9011	0.0415	-21.69	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.5194	0.0818	-2.11	0.0188
	AP/Long. A	82	12	6.4	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	-0.4867	0.0977	-1.76	0.0410

Continuación de la tabla 159.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
HD/ Long. A	PSP/Long. A	141	14	9.5	0.1489	0.083874	1.77	0.0391	-0.6297	0.0659	-9.56	<0.0010	-0.2718	0.0816	-0.98	0.1648
	PSD/Long. A	140	14	9.5	0.6036	0.06787	8.89	<0.0001	-0.2943	0.0814	-3.62	0.0002	0.1704	0.0839	0.60	0.2750
	SP/Long. A	129	14	8.7	-0.5174	0.075933	-6.81	<0.0001	-0.0964	0.0883	-1.09	0.1386	-0.2761	0.0853	-1.00	0.1608
	PRSD/Long. A	128	14	8.6	0.0371	0.089026	0.42	0.3386	0.3621	0.0830	4.36	<0.0001	0.1873	0.0875	0.66	0.2551
	ASP/Long. A	129	14	8.7	(d)	-	-	-	-0.1872	0.0872	-2.15	0.0168	-0.0991	0.0883	-0.34	0.3654
	DSD/Long. A	138	14	9.3	0.5938	0.068993	8.61	<0.0001	(c)	-	-	-	0.2540	0.0829	0.91	0.1823
	SCP/Long. A	139	14	9.4	-0.7235	0.058979	-12.27	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.4178	0.0776	-1.59	0.0568
	PD/Long. A	131	14	8.8	0.1707	0.086753	1.97	0.0256	0.3528	0.0824	4.28	<0.0001	0.2295	0.0857	0.82	0.2077
	PP/Long. A	119	14	8.0	-0.2401	0.089745	-2.68	0.0043	0.0103	0.0924	0.11	0.4556	-0.1217	0.0918	-0.42	0.3359
	AD/Long. A	111	14	7.4	0.4299	0.086481	4.97	<0.0001	-0.8333	0.0530	-15.74	<0.0001	0.1822	0.0942	0.64	0.2611
PSP/ Long. A	AP/Long. A	82	12	6.4	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	(a)	-	-	-
	PSD/Long. A	141	14	9.5	-0.1552	0.083791	-1.85	0.0330	-0.5167	0.0726	-7.11	<0.0001	-0.3756	0.0786	-1.40	0.0813
	SP/Long. A	130	14	8.7	0.4070	0.080738	5.04	<0.0001	0.4643	0.0783	5.93	<0.0001	0.4437	0.0792	1.72	0.0444
	PRSD/Long. A	129	14	8.7	-0.2661	0.085537	-3.11	0.0012	-0.4658	0.0785	-5.93	<0.0001	-0.3761	0.0822	-1.41	0.0811
	ASP/Long. A	130	14	8.7	(d)	-	-	-	0.1725	0.0871	1.98	0.0249	0.0463	0.0883	0.16	0.4363
	DSD/Long. A	139	14	9.4	-0.3484	0.080084	-4.35	<0.0001	0.2834	0.0819	3.46	0.0004	-0.1445	0.0845	-0.51	0.3069
	SCP/Long. A	140	14	9.5	0.0944	0.084746	1.11	0.1337	(b)	-	-	-	0.2042	0.0833	0.72	0.2356
	PD/Long. A	132	14	8.9	-0.1056	0.0872	-1.21	0.1140	-0.1701	0.0864	-1.97	0.0256	-0.1261	0.0870	-0.44	0.3303
	PP/Long. A	120	14	8.0	0.1603	0.0909	1.76	0.0402	-0.0200	0.0920	-0.22	0.4142	0.0698	0.0918	0.2422	0.4045
	AD/Long. A	112	14	7.5	-0.0012	0.0953	-0.01	0.4951	(c)	-	-	-	-0.1071	0.0948	-0.37	0.3549
	AP/Long. A	82	12	6.4	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	-0.6219	0.0876	-2.51	0.0070

Continuación de la tabla 159.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
PSD/ Long. A	SP/Long. A	132	14	8.9	-0.5692	0.0721	-7.89	<0.0001	-0.3996	0.0804	-4.97	<0.0001	-0.4665	0.0776	-1.83	0.0350
	PRSD/Long. A	131	14	8.8	0.4670	0.0779	6.00	<0.0001	0.0293	0.0880	0.33	0.3700	0.2428	0.0854	0.87	0.1937
	ASP/Long. A	131	14	8.8	(d)	-	-	-	-0.1865	0.0865	-2.16	0.0165	-0.1419	0.0872	-0.50	0.3102
	DSD/Long. A	140	14	9.5	-0.0305	0.0851	-0.36	0.3602	0.2714	0.0819	3.31	0.0006	0.0440	0.0850	0.15	0.4395
	SCP/Long. A	141	14	9.6	-0.2947	0.0811	-3.64	0.0002	(b)	-	-	-	-0.1904	0.0833	-0.67	0.2514
	PD/Long. A	133	14	9.0	-0.1576	0.0863	-1.83	0.0350	0.3143	0.0829	3.79	0.0001	0.0306	0.0873	0.11	0.4579
	PP/Long. A	121	14	8.1	0.2787	0.0880	3.17	0.0010	-0.1933	0.0899	-2.15	0.0168	0.0233	0.0916	0.08	0.4679
	AD/Long. A	113	14	7.6	-0.2463	0.0920	-2.68	0.0043	(b)	-	-	-	0.0696	0.0947	0.24	0.4047
	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	(a)	-	-	-
	PRSD/Long. A	131	14	8.8	-0.8266	0.0496	-16.68	<0.0001	-0.2945	0.0841	-3.50	0.0003	-0.5361	0.0743	-2.20	0.0148
SP/ Long. A	ASP/Long. A	131	14	8.8	(d)	-	-	-	0.0269	0.0880	0.31	0.3800	-0.0278	0.0880	-0.10	0.4618
	DSD/Long. A	129	14	8.7	-0.0693	0.0885	-0.78	0.2174	-0.2449	0.0860	-2.85	0.0026	-0.1289	0.0880	-0.45	0.3267
	SCP/Long. A	130	14	8.8	0.2266	0.0861	2.63	0.0048	(b)	-	-	-	0.1608	0.0872	0.56	0.2867
	PD/Long. A	123	14	8.3	-0.4098	0.0829	-4.94	<0.0001	-0.1295	0.0901	-1.44	0.0767	-0.2552	0.0879	-0.91	0.1812
	PP/Long. A	115	14	7.7	0.9718	0.0222	43.84	<0.0001	0.9943	0.0101	98.80	<0.0001	0.9825	0.0175	18.27	<0.0001
	AD/Long. A	105	14	7.0	0.1158	0.0979	1.18	0.1198	-0.4945	0.0856	-5.77	<0.0001	-0.0570	0.0984	-0.20	0.4218
	AP/Long. A	77	12	6.0	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	(a)	-	-	-
	ASP/Long. A	131	14	8.8	(d)	-	-	-	-0.0937	0.0877	-1.07	0.1435	-0.1199	0.0874	-0.42	0.3382
	DSD/Long. A	129	14	8.7	-0.2869	0.0850	-3.37	0.0005	0.3691	0.0825	4.48	<0.0001	-0.0606	0.0886	-0.21	0.4168
	SCP/Long. A	129	14	8.7	0.0224	0.0887	0.25	0.4006	-0.6131	0.0701	-8.75	<0.0001	-0.0649	0.0885	-0.23	0.4111
PRSD/ Long. A	PD/Long. A	122	14	8.2	0.1609	0.0901	1.79	0.0383	-0.3122	0.0867	-3.60	0.0002	-0.0114	0.0913	-0.04	0.4842
	PP/Long. A	112	14	7.5	0.2096	0.0932	2.25	0.0133	(b)	-	-	-	0.0676	0.0951	0.23	0.4074
	AD/Long. A	104	14	7.0	-0.4344	0.0892	-4.87	<0.0001	0.7469	0.0658	11.34	<0.0001	-0.1451	0.0980	-0.51	0.3062
	AP/Long. A	77	12	6.0	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	(a)	-	-	-

Continuación de la tabla 159.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
ASP/ Long. A	DSD/Long. A	130	14	8.8	(d)	-	-	-	-0.4944	0.0768	-6.44	<0.0001	-0.0291	0.0884	-0.10	0.4600
	SCP/Long. A	130	14	8.8	(d)	-	-	-	0.4168	0.0803	5.19	<0.0001	-0.0712	0.0882	-0.25	0.4025
	PD/Long. A	123	14	8.3	(d)	-	-	-	-0.3713	0.0844	-4.40	<0.0001	0.0783	0.0906	0.27	0.3931
	PP/Long. A	113	14	7.6	(d)	-	-	-	(b)	-	-	-	-0.2825	0.0910	-1.02	0.1549
	AD/Long. A	105	14	7.0	-0.1434	0.0975	-1.47	0.0722	0.0153	0.0985	0.16	0.4383	-0.0700	0.0983	-0.24	0.4042
	AP/Long. A	77	12	6.0	(a)	-	-	-	(b)	-	-	-	(a)	-	-	-
DSD/ Long. A	SCP/Long. A	141	14	9.6	-0.8448	0.0454	-18.61	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.6008	0.0678	-2.60	0.0051
	PD/Long. A	133	14	9.0	0.3533	0.0817	4.32	<0.0001	0.1855	0.0859	2.16	0.0163	0.3174	0.0829	1.16	0.1242
	PP/Long. A	120	14	8.1	-0.6652	0.0687	-9.68	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.2596	0.0889	-0.93	0.1768
	AD/Long. A	112	14	7.6	0.8590	0.0488	17.60	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3960	0.0876	1.49	0.0690
	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(b)	-	-	-	(a)	-	-	-
SCP/ Long. A	PD/Long. A	134	14	9.1	-0.5279	0.0739	-7.14	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.4870	0.0760	-1.93	0.0278
	PP/Long. A	121	14	8.2	0.6488	0.0698	9.30	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3259	0.0867	1.19	0.1174
	AD/Long. A	113	14	7.6	-0.7768	0.0598	-12.99	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.4202	0.0861	-1.60	0.0558
	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(b)	-	-	-	-0.6444	0.0844	-2.66	0.0046
PD/ Long. A	PP/Long. A	120	14	8.1	-0.9626	0.0249	-38.59	<0.0001	0.4227	0.0834	5.07	<0.0001	-0.4461	0.0824	-1.73	0.0434
	AD/Long. A	112	14	7.5	0.5588	0.0791	7.07	<0.0001	(b)	-	-	-	0.2449	0.0924	0.88	0.1917
	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	-0.7878	0.0680	-4.04	0.0001
PP/ Long. A	AD/Long. A	114	14	7.7	-0.8415	0.0511	-16.48	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.3732	0.0877	-1.39	0.0831
	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	-0.2022	0.1082	-0.65	0.2578
AD/Long. A	AP/Long. A	84	12	6.6	(a)	-	-	-	(b)	-	-	-	(a)	-!	-	-

Tabla 160. Coeficientes de correlación genético (r_G), ambiental (r_E) y fenotípico (r_P) entre parejas de covariables, considerando la variable categórica madres. Se usaron las proporciones transformadas según Freeman & Tukey (1950) en las progenies machos de *An. benarrochi* B. Donde (a) $|r_G| > 1$, debido a que el numerador, $Cov_{S(X,Y)} > \sqrt{\hat{\sigma}_{S(X)}^2 \hat{\sigma}_{S(Y)}^2}$ (denominador); (b) r_E no se puede estimar

debido a que $\sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 < \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 > \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$, o $\sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 > \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 < \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$, lo cual genera $\sqrt{-z}$; (c) $|r_E| > 1$ debido a que el numerador $|\widehat{Cov}_W - \widehat{Cov}_S| > \sqrt{(\hat{\sigma}_{W(X)}^2 - \hat{\sigma}_{S(X)}^2)(\hat{\sigma}_{W(Y)}^2 - \hat{\sigma}_{S(Y)}^2)}$ (denominador); (d) r_G no se puede estimar debido a que $\hat{\sigma}_{S(X)}^2 \leq 0$, o $\hat{\sigma}_{S(Y)}^2 \leq 0$, lo cual genera $\sqrt{-z}$; donde z es cualquier valor positivo.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_P	E.S. (r_P)	t	P
(BP+PHP/ Long. A	PHD/Long. A	133	20	6.2	-0.9302	0.0321	-29.00	<0.0001	0.5474	0.0731	7.49	<0.0001	-0.1884	0.0858	-2.20	0.0149
	HP/Long. A	131	20	6.0	0.8763	0.0424	20.66	<0.0001	-0.6186	0.0692	-8.94	<0.0001	0.1926	0.0864	2.23	0.0138
	HD/Long. A	130	20	6.0	-0.7948	0.0536	-14.82	<0.0001	0.8610	0.0449	19.16	<0.0001	-0.0032	0.0884	-0.04	0.4857
	PSP/Long. A	130	20	6.0	0.5490	0.0739	7.43	<0.0001	-0.3055	0.0842	-3.63	0.0002	-0.0333	0.0883	-0.38	0.3536
	PSD/Long. A	130	20	6.0	0.1963	0.0867	2.27	0.0126	-0.2645	0.0852	-3.10	0.0012	-0.0451	0.0883	-0.51	0.3053
	SP/Long. A	123	20	5.7	0.5749	0.0744	7.73	<0.0001	-0.1342	0.0901	-1.49	0.0695	0.0252	0.0909	0.28	0.3912
	PRSD/Long. A	124	20	5.7	-0.3925	0.0833	-4.71	<0.0001	0.1163	0.0899	1.29	0.0991	-0.0045	0.0905	-0.05	0.4802
	ASP/Long. A	124	20	5.7	-0.6483	0.0689	-9.40	<0.0001	0.2100	0.0885	2.37	0.0096	0.0572	0.0904	0.63	0.2642
	DSD/Long. A	131	20	6.1	-0.4877	0.0769	-6.35	<0.0001	0.0206	0.0880	0.23	0.4078	-0.0950	0.0876	-1.08	0.1403
	SCP/Long. A	129	20	6.0	0.8457	0.0474	17.86	<0.0001	(b)	-	-	-	0.1749	0.0874	2.00	0.0237
	PD/Long. A	119	20	5.5	-0.7818	0.0576	-13.56	<0.0001	-0.1425	0.0915	-1.56	0.0611	-0.2457	0.0896	-2.74	0.0035
	PP/Long. A	96	18	5.0	0.9219	0.0400	23.08	<0.0001	-0.3041	0.0983	-3.09	0.0013	0.0321	0.1031	0.31	0.3782
	AD/Long. A	85	18	4.4	-0.7521	0.0723	-10.40	<0.0001	0.4581	0.0976	4.70	<0.0001	-0.0276	0.1097	-0.25	0.4009
	AP/Long. A	49	13	3.6	(d)	-	-	-	0.04616	0.14571	0.3168	0.3764	-0.0045	0.1459	-0.031	0.4878

Continuación de la tabla 160.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
PHD/ Long. A	HP/Long. A	131	20	6.0	-0.9690	0.0218	-44.53	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.7059	0.0624	-11.32	<0.0001
	HD/Long. A	129	20	6.0	0.4852	0.0776	6.25	<0.0001	(c)	-	-	-	0.39739	0.0814	4.88	<0.0001
	PSP/Long. A	129	20	6.0	-0.1777	0.0873	-2.035	0.0220	-0.7590	0.05777	-13.14	<0.0001	-0.2154	0.0867	-2.486	0.0071
	PSD/Long. A	129	20	6.0	-0.0183	0.0887	-0.206	0.4184	(c)	-	-	-	0.18799	0.0872	2.157	0.0164
	SP/Long. A	122	20	5.6	0.1972	0.0895	2.20	0.0147	-0.4788	0.08014	-5.975	<0.0001	-0.0179	0.0913	-0.196	0.4224
	PRSD/Long. A	123	20	5.7	(a)	-	-	-	(c)	-	-	-	-0.1426	0.0900	-1.584	0.0579
	ASP/Long. A	123	20	5.7	0.3984	0.0834	4.78	<0.0001	-0.2790	0.0873	-3.20	0.0009	0.0795	0.0906	0.88	0.1910
	DSD/Long. A	130	20	6.0	0.9278	0.0330	28.15	<0.0001	(c)	-	-	-	0.1982	0.0866	2.29	0.0119
	SCP/Long. A	128	20	5.9	-0.9143	0.0361	-25.34	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5790	0.0726	-7.97	<0.0001
	PD/Long. A	118	20	5.5	0.7419	0.0623	11.92	<0.0001	(c)	-	-	-	0.4051	0.0849	4.77	<0.0001
	PP/Long. A	95	18	4.9	-0.7256	0.0714	-10.17	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.4009	0.0950	-4.22	<0.0001
	AD/Long. A	84	18	4.4	0.9300	0.0406	22.91	<0.0001	(c)	-	-	-	0.4274	0.0998	4.28	<0.0001
	AP/Long. A	49	13	3.6	(d)	-	-	-	(b)	-	-	-	-0.1466	0.1443	-1.02	0.1575
	HD/Long. A	147	20	6.9	-0.7083	0.0586	-12.08	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5061	0.0716	-7.07	<0.0001
HP/ Long. A	PSP/Long. A	147	20	6.9	0.3237	0.0786	4.12	<0.0001	(b)	-	-	-	0.2223	0.0810	2.75	0.0034
	PSD/Long. A	146	20	6.9	-0.2817	0.0800	-3.52	0.0003	(b)	-	-	-	-0.3073	0.0793	-3.87	0.0001
	SP/Long. A	139	20	6.5	0.1225	0.0848	1.45	0.0754	0.3271	0.0807	4.05	<0.0001	0.1535	0.0844	1.82	0.0356
	PRSD/Long. A	140	20	6.6	0.8017	0.0509	15.76	<0.0001	(c)	-	-	-	0.1259	0.0844	1.49	0.0692
	ASP/Long. A	140	20	6.6	-0.0908	0.0848	-1.07	0.1431	0.3113	0.0809	3.85	0.0001	0.0337	0.0851	0.40	0.3464
	DSD/Long. A	147	20	6.9	-0.9787	0.0170	-57.47	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.2748	0.0798	-3.44	0.0004
	SCP/Long. A	145	20	6.8	0.8719	0.0410	21.294	<0.0001	(c)	-	-	-	0.5245	0.0712	7.37	<0.0001
	PD/Long. A	133	20	6.3	-0.8317	0.0485	-17.15	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.3722	0.0811	-4.59	<0.0001
	PP/Long. A	107	20	5.1	0.4664	0.0863	5.40	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3663	0.0908	4.03	0.0001
	AD/Long. A	95	20	4.5	-0.7556	0.0679	-11.12	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5217	0.0885	-5.90	<0.0001
	AP/Long. A	56	14	3.8	0.6725	0.1007	6.68	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3111	0.1293	2.41	0.0098

Continuación de la tabla 160.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
HD/ Long. A	PSP/Long. A	152	20	7.2	-0.8067	0.048255	-16.72	<0.0001	(c)	-	-	-	-0.5900	0.0659	-8.95	<0.0001
	PSD/Long. A	149	20	7.0	0.6743	0.060907	11.071	<0.0001	(c)	-	-	-	0.3996	0.0756	5.29	<0.0001
	SP/Long. A	142	20	6.7	-0.6897	0.061197	-11.27	<0.0001	-0.0719	0.0843	-0.853	0.1976	-0.3749	0.0783	-4.79	<0.0001
	PRSD/Long. A	142	20	6.7	0.0020	0.084515	0.02	0.4907	0.9313	0.03078	30.261	<0.0001	0.2295	0.0823	2.79	0.0030
	ASP/Long. A	143	20	6.7	-0.0961	0.083825	-1.147	0.1267	-0.1789	0.08286	-2.159	0.0163	-0.1003	0.0838	-1.20	0.1167
	DSD/Long. A	150	20	7.1	0.4769	0.072251	6.60	<0.0001	(c)	-	-	-	0.1610	0.0811	1.99	0.0245
	SCP/Long. A	148	20	7.0	-0.6616	0.062059	-10.66	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.4095	0.0755	-5.42	<0.0001
	PD/Long. A	136	20	6.4	0.1744	0.085062	2.05	0.0211	(b)	-	-	-	0.1408	0.0855	1.65	0.0510
	PP/Long. A	109	20	5.2	-0.12282	0.095942	-1.28	0.1016	(c)	-	-	-	-0.1767	0.0952	-1.86	0.0330
	AD/Long. A	97	20	4.6	0.5069	0.088441	5.73	<0.0001	(c)	-	-	-	0.2936	0.0981	2.99	0.0018
	AP/Long. A	56	14	3.8	-0.42825	0.122972	-3.483	0.0005	(b)	-	-	-	-0.1305	0.1349	-0.97	0.1689
	PSD/Long. A	149	20	7.0	-0.84506	0.044099	-19.16	<0.0001	0.3305	0.07784	4.25	<0.0001	-0.6250	0.0644	-9.71	<0.0001
	SP/Long. A	142	20	6.7	0.5142	0.072485	7.09	<0.0001	0.1836	0.08308	2.21	0.0144	0.3199	0.0801	3.99	0.0001
	PRSD/Long. A	142	20	6.7	-0.16135	0.083408	-1.934	0.0275	-0.3483	0.07922	-4.396	<0.0001	-0.2296	0.0823	-2.79	0.0030
PSP/ Long. A	ASP/Long. A	143	20	6.7	-0.24329	0.081685	-2.978	0.0017	0.32293	0.0797	4.05	<0.0001	0.0428	0.0841	0.51	0.3061
	DSD/Long. A	150	20	7.1	-0.1068	0.081729	-1.307	0.0967	0.06893	0.082	0.84	0.2010	-0.0653	0.0820	-0.80	0.2138
	SCP/Long. A	148	20	7.0	0.5318	0.070089	7.59	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3027	0.0789	3.84	0.0001
	PD/Long. A	136	20	6.4	-0.1444	0.085481	-1.689	0.0467	-0.1655	0.0852	-1.942	0.0271	-0.1478	0.085438	-1.73	0.0430
	PP/Long. A	109	20	5.2	0.4366	0.0870	5.02	<0.0001	-0.4249	0.0875	-4.86	<0.0001	0.1319	0.0958	1.38	0.0857
	AD/Long. A	97	20	4.6	-0.2146	0.1002	-2.14	0.0174	-0.0355	0.1025	-0.35	0.3648	-0.1621	0.1012	-1.60	0.0563
	AP/Long. A	56	14	3.8	-0.0006	0.1361	0.00	0.4983	-0.1145	0.1352	-0.85	0.2004	-0.0403	0.1360	-0.30	0.3840

Continuación de la tabla 160.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
PSD/ Long. A	SP/Long. A	142	20	6.7	-0.7784	0.0531	-14.67	<0.0001	0.0276	0.0845	0.33	0.3723	-0.3814	0.0781	-4.88	<0.0001
	PRSD/Long. A	143	20	6.7	0.0177	0.0842	0.21	0.4169	0.7327	0.0573	12.78	<0.0001	0.2360	0.0818	2.88	0.0023
	ASP/Long. A	142	20	6.7	-0.1877	0.0830	-2.26	0.0126	-0.2475	0.0819	-3.02	0.0015	-0.1805	0.0831	-2.17	0.0158
	DSD/Long. A	150	20	7.1	0.2026	0.0805	2.52	0.0064	-0.4521	0.0733	-6.17	<0.0001	0.0101	0.0822	0.12	0.4512
	SCP/Long. A	148	20	7.0	-0.4310	0.0747	-5.77	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.2139	0.0808	-2.65	0.0045
	PD/Long. A	135	20	6.4	-0.0306	0.0867	-0.35	0.3623	-0.0031	0.0867	-0.04	0.4858	-0.0251	0.0867	-0.29	0.3862
	PP/Long. A	109	20	5.2	0.0211	0.0967	0.22	0.4137	-0.2095	0.0945	-2.22	0.0144	-0.0482	0.0966	-0.50	0.3094
	AD/Long. A	97	20	4.6	-0.0244	0.1026	-0.24	0.4063	0.5093	0.0883	5.77	<0.0001	0.1072	0.1020	1.05	0.8521
	AP/Long. A	56	14	3.8	-0.0184	0.1361	-0.14	0.4465	(b)	-	-	-	-0.0543	0.1359	-0.40	0.3455
	PRSD/Long. A	144	20	6.8	-0.4785	0.0737	-6.49	<0.0001	-0.5137	0.0720	-7.13	<0.0001	-0.4822	0.0735	-6.56	<0.0001
SP/ Long. A	ASP/Long. A	143	20	6.7	0.5730	0.0690	8.30	<0.0001	-0.0197	0.0842	-0.23	0.4076	0.1494	0.0833	1.79	0.0375
	DSD/Long. A	143	20	6.7	-0.0668	0.0840	-0.79	0.2141	-0.1266	0.0835	-1.52	0.0659	-0.0906	0.0839	-1.08	0.1410
	SCP/Long. A	141	20	6.6	0.1457	0.0839	1.74	0.0424	(b)	-	-	-	0.0087	0.0848	0.10	0.4593
	PD/Long. A	130	20	6.1	0.3062	0.0841	3.64	0.0002	-0.2476	0.0856	-2.89	0.0023	0.0396	0.0883	0.45	0.3275
	PP/Long. A	104	20	4.9	-0.3602	0.0924	-3.90	0.0001	0.4947	0.0860	5.75	<0.0001	0.0605	0.0988	0.61	0.2709
	AD/Long. A	94	20	4.5	0.3998	0.0956	4.18	<0.0001	-0.5140	0.0894	-5.75	<0.0001	-0.0035	0.1043	-0.03	0.4866
	AP/Long. A	52	14	3.6	0.5807	0.1151	5.04	<0.0001	-0.2224	0.1379	-1.61	0.0565	0.1750	0.1392	1.26	0.1074
	ASP/Long. A	144	20	6.8	-0.1660	0.0828	-2.01	0.0234	-0.4597	0.0745	-6.17	<0.0001	-0.3437	0.0788	-4.36	<0.0001
	DSD/Long. A	144	20	6.8	-0.7076	0.0593	-11.93	<0.0001	0.3349	0.0791	4.23	<0.0001	-0.2546	0.0812	-3.14	0.0010
	SCP/Long. A	142	20	6.7	0.7215	0.0585	12.33	<0.0001	(b)	-	-	-	0.3555	0.0790	4.50	<0.0001
PRSD/ Long. A	PD/Long. A	131	20	6.2	-0.7575	0.0575	-13.18	<0.0001	0.4752	0.0775	6.13	<0.0001	-0.2636	0.0849	-3.10	0.0012
	PP/Long. A	105	20	5.0	(a)	-	-	-	-0.5226	0.0840	-6.22	<0.0001	0.1413	0.0975	1.45	0.0753
	AD/Long. A	95	20	4.5	(d)	-	-	-	0.28524	0.09939	2.87	0.0025	-0.2009	0.10158	-1.978	0.0254
	AP/Long. A	52	14	3.6	0.3893	0.1303	2.99	0.0022	-0.1349	0.1401	-0.96	0.1702	0.0279	0.1414	0.20	0.4223

Continuación de la tabla 160.

Variable X_i	Variable Y_i	n	s	k_1	r_G	E.S. (r_G)	t	P	r_E	E.S. (r_E)	t	P	r_p	E.S. (r_p)	t	P
ASP/ Long. A	DSD/Long. A	144	20	6.8	-0.3727	0.0779	-4.79	<0.0001	-0.4056	0.0767	-5.29	<0.0001	-0.3249	0.0794	-4.09	<0.0001
	SCP/Long. A	142	20	6.7	-0.2533	0.0818	-3.10	0.0012	(b)	-	-	-	-0.0047	0.0845	-0.06	0.4781
	PD/Long. A	132	20	6.2	0.2630	0.0846	3.11	0.0012	-0.3017	0.0836	-3.61	0.0002	-0.0310	0.0877	-0.35	0.3621
	PP/Long. A	105	20	5.0	-0.9493	0.0310	-30.63	<0.0001	0.5533	0.0821	6.74	<0.0001	-0.0988	0.0981	-1.01	0.1580
	AD/Long. A	95	20	4.5	(a)	-	-	-	-0.6608	0.0778	-8.49	<0.0001	0.1366	0.1027	1.33	0.0934
	AP/Long. A	52	14	3.6	-0.6883	0.1026	-6.71	<0.0001	0.1106	0.1406	0.79	0.2176	0.0675	0.1411	0.48	0.3173
DSD/ Long. A	SCP/Long. A	152	20	7.2	-0.7510	0.0539	-13.93	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5183	0.0698	-7.42	<0.0001
	PD/Long. A	139	20	6.6	0.8115	0.0499	16.26	<0.0001	-0.9562	0.0250	-38.25	<0.0001	0.4140	0.0778	5.32	<0.0001
	PP/Long. A	112	20	5.3	-0.4736	0.0840	-5.64	<0.0001	0.6123	0.0754	8.12	<0.0001	-0.1035	0.0948	-1.09	0.1387
	AD/Long. A	100	20	4.7	0.2548	0.0977	2.61	0.0053	-0.2824	0.0969	-2.91	0.0022	0.0904	0.1006	0.90	0.1855
	AP/Long. A	56	14	3.8	-0.8159	0.0787	-10.37	<0.0001	0.0541	0.1359	0.40	0.3460	-0.2915	0.1302	-2.24	0.0146
	PD/Long. A	139	20	6.6	-0.7611	0.0554	-13.73	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.5826	0.0694	-8.39	<0.0001
SCP/ Long. A	PP/Long. A	112	20	5.3	0.5823	0.0775	7.51	<0.0001	(b)	-	--	-	0.2876	0.0913	3.15	0.0011
	AD/Long. A	99	20	4.7	-0.6363	0.0783	-8.12	<0.0001	(b)	-	-	-	-0.3620	0.0946	-3.82	<0.0001
	AP/Long. A	56	14	3.8	0.8194	0.0780	10.51	<0.0001	(b)	-	-	-	0.1887	0.1336	1.41	0.0818
	PP/Long. A	111	20	5.3	-0.7579	0.0625	-12.13	<0.0001	0.3570	0.0895	3.99	0.0001	-0.4749	0.0843	-5.63	<0.0001
PD/ Long. A	AD/Long. A	99	20	4.7	0.4182	0.0922	4.53	<0.0001	-0.2824	0.0974	-2.90	0.0023	0.2642	0.0979	2.70	0.0041
	AP/Long. A	56	14	3.8	(a)	-	-	-	0.3955	0.1250	3.16	0.0013	-0.0995	0.1354	-0.73	0.2328
PP/ Long. A	AD/Long. A	100	20	4.7	-0.5438	0.0848	-6.41	<0.0001	-0.4423	0.0906	-4.88	<0.0001	-0.5088	0.0870	-5.85	<0.0001
	AP/Long. A	56	14	3.8	0.2923	0.1301	2.25	0.0144	0.0843	0.1356	0.62	0.2683	0.1533	0.1345	1.14	0.1297
AD/Long. A	AP/Long. A	56	14	3.8	-0.4311	0.1228	-3.51	0.0005	(b)	-	-	-	-0.2483	0.1318	-1.88	0.0325