



REUNION CIENTIFICA
GRUPO ARGENTINO
DE BIOESTADISTICA

LIBRO DE RESÚMENES

XXVI REUNIÓN CIENTÍFICA DEL
GRUPO ARGENTINO DE
BIOESTADÍSTICA

26, 27 y 28 de Octubre 2022

Ciudad de Córdoba

República Argentina

Bioestadística, Grupo Argentino de
XXVI Reunión Científica Anual del Grupo Argentino de Bioestadística : libro de
resúmenes / Grupo Argentino de Bioestadística. - 1a ed - Neuquén : Grupo Argentino
Bioestadística, 2023.

Libro digital, PDF/A

Archivo Digital: descarga

ISBN 978-631-90133-0-6

1. Bioestadísticas. 2. Estadísticas. 3. Análisis de Datos. I. Título.
CDD 310

XXVI Reunión Científica del Grupo Argentino de Bioestadística

Ciudad de Córdoba, Argentina. 2022

**AUTORIDADES DE LA XXVI REUNIÓN ANUAL DEL GRUPO ARGENTINO DE
BIOESTADÍSTICA**

Presidenta Dra. Cecilia Bruno

Comité Organizador Local

Cecilia Bruno FCA – UNC, UFYMA-CONICET

Mónica Balzarini FCA – UNC, UFYMA-CONICET

Pablo Paccioretti FCA – UNC, CONICET

Margot Tablada FCA – UNC

Mariano Córdoba FCA – UNC, UFYMA-CONICET

David Morales FCA – UNC

Mónica Piccardi FCA – UNC, UFYMA-CONICET

Franca Giannini Kurina UFYMA-CONICET

Franco Suarez UFYMA-CONICET

Fabrizio García Seleme FCA – UNC

MIEMBROS DEL COMITÉ CIENTÍFICO

PhD. Mónica Balzarini

PhD. Sergio Bramardi

PhD. Fernando Casanoves

MSc. Cendoya María Gabriela

PhD. Raúl Macchiavelli

PhD. Pablo Reeb

Lic. Silvia Sühring

COMISIÓN DIRECTIVA GRUPO ARGENTINO DE BIOESTADÍSTICA 2022-2023

Presidenta	Silvia Sührling
Secretaria	Natalia Rubio
Tesorera	Teresa Boca
Vocal 1	Cecilia Bruno
Vocal 2	Pablo Demetrio
Revisor de cuentas	Valentín Tassile
Suplentes:	
Vocal 1 suplente	Mariano Córdoba
Vocal 2 suplente	Adriana Pérez
Revisor de cuentas suplente	Oswaldo Arce

Contenido

COMUNICACIONES ORALES	4
EL USO DE TABLEROS DINÁMICOS COMO HERRAMIENTA EN LA TOMA DE DECISIONES ELABORADOS CON SOFTWARE LIBRE.	5
CONSTRUCCIÓN DE UN MODELO PREDICTIVO PARA EL PRONÓSTICO DE FLORACIONES ALGALES EN EL EMBALSE SAN ROQUE (ESR).....	6
IMPACTO DE MÉTODOS DE REMOCIÓN DE MEDIDAS ANTROPOMÉTRICAS NO PLAUSIBLES EN LA ESTIMACIÓN DE DESNUTRICIÓN INFANTO-JUVENIL.....	7
DISTRIBUCIÓN ESPACIO-TEMPORAL DE CENTOLLA COMERCIAL (Lithodes santolla) EN EL ÁREA CENTRAL, ARGENTINA.	8
SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE LOS PARÁMETROS EN EL MODELO LINEAL LOGÍSTICO MIXTO: APLICACIÓN AL ESTUDIO DE PERIODONTITIS EN EMBARAZADAS.....	9
MODELADO MULTINIVEL APLICADO A TRAYECTORIAS DE CALIDAD DE VIDA RELACIONADA A LA SALUD DE NIÑOS, NIÑAS Y ADOLESCENTES DE CÓRDOBA, ARGENTINA.....	10
MODELOS MIXTOS PARA EL ESTUDIO DE FACTORES DE ASOCIACIÓN A LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS DEL MICROAMBIENTE TUMORAL ADIPOSEO	11
POSTERS	12
Área: Estadística Espacial.....	13
IMPACTO DE LOS CAMBIOS EN LA PRECIPITACIÓN SOBRE EL RENDIMIENTO DE LOS CULTIVOS EN LA REGIÓN AGRÍCOLA DE LA PROVINCIA DE LA PAMPA	14
UN MODELO DINÁMICO ESPACIO-TEMPORAL PARA DEL VIRUSTOMATOS POTTED WILT (TSWV) EN PAPA.	15
Área: Análisis exploratorio y visualización de datos	16
CARACTERÍSTICAS DEL CONSUMO DE FRUTAS Y HORTALIZAS EN LA PROVINCIA DE CHACO.....	17
ANÁLISIS DE PRECIOS DE CARNE EN EL MERCADO PATAGÓNICO UTILIZANDO SERIES DE TIEMPO CON R Y PYTHON	18
EVALUACIÓN DE LA TOLERANCIA A ESTRÉS SALINO DE GENOTIPOS DE BUFFEL GRASS (Cenchrus ciliaris L.).....	19
PREVALENCIA DE SÍNTOMAS DE DEPRESIÓN, ANSIEDAD Y ESTRÉS EN ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS DE MEDICINA EN EL RETORNO A LA PRESENCIALIDAD.....	20
Área: Aprendizaje Automático	21
DETECCIÓN Y CONTEO DE PERAS A PARTIR DE IMÁGENES MEDIANTE USO DE TÉCNICAS DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL.....	22
Área Consultoría Estadística.....	24
ANÁLISIS ESTADÍSTICO COLABORATIVO: PROPUESTA DE DIFUSIÓN DE LA BIOMETRÍA DE LAS REGIONES IBEROAMERICANAS DE LA IBS.....	25

Área: Diseño de experimentos	26
MODELO JERÁRQUICO CON INFOSTAT Y R-STUDIO EN UN PROBLEMA DE USO DE BIOPROMOTORES EN POLLOS DE GRANJA.....	27
SITIOS DE ENSAYO Y REPETICIONES NECESARIAS PARA EVALUAR EL RENDIMIENTO EN LOS ENSAYOS DE CULTIVOS COMERCIALES DE TRIGO PAN EN ARGENTINA	28
Área: Experiencia Áulica	29
EXPERIENCIA ÁULICA. ESTRATEGIA DE GAMIFICACIÓN: ACTIVIDAD DE CIERRE PARA LA MATERIA ESTADÍSTICA EMPRESARIAL II.....	30
Área: Uso de imágenes	31
ESTIMACIÓN DEL TAMAÑO DE FRUTOS A PARTIR DE IMÁGENES DIGITALES.....	32
ZONIFICACIÓN DINÁMICA DE LOTES AGRÍCOLAS A PARTIR DE INFORMACIÓN SATELITAL.....	33
Área: Multivariados.....	34
ANÁLISIS COMPARATIVO DE ALTERNATIVAS PARA EL TRATAMIENTOS DE BASES DE DATOS CON VARIABLES MIXTAS CON FINES DE CARACTERIZACIÓN	35
ESTUDIO COMPARATIVO ENTRE AFM Y MAPEO ASOCIATIVO PARA IDENTIFICAR RELACIONES ENTRE CARACTERES FENOTÍPICOS CUANTITATIVOS Y MARCADORES MOLECULARES.....	36
COMPARACIÓN DE TÉCNICAS MULTIVARIADA DE ORDENAMIENTO DE VARIEDADES EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES	37
ANÁLISIS DE CONGLOMERADOS CON RESTRICCIÓN ESPACIAL PARA CARACTERIZAR LAS CONDICIONES DE VIDA DE LOS HOGARES DE VILLA MARÍA.....	38
TRATAMIENTO DE UNA BASE DE DATOS INCOMPLETA PARA EL ANÁLISIS DEL CONTENIDO DE SILICIO EN SUELOS DEL SUDESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES.....	39
CONCORDANCIA EN LA CLASIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE QUÍNOA SEGÚN SU RESPUESTA A LA TEMPERATURA	40
Área: Modelación estadística datos normales.....	41
MODELOS MIXTOS PARA EL ESTUDIO DE FACTORES DE ASOCIACIÓN A LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS DEL MICROAMBIENTE TUMORAL ADIPOSEO	42
COMPARACIÓN DE MODELOS ESTADÍSTICOS EN GWAS CON DIFERENTES VARIABILIDADES ENTRE AMBIENTES	43
MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA A BACTERIOSIS EN MAÍZ.....	44
ORDENAMIENTO DE GENOTIPOS EN GRÁFICOS BILOT A PARTIR DE BASES DE DATOS INCOMPLETAS	45
MODELOS LINEALES MIXTOS MULTICARACTER Y MULTIAMBIENTAL EN LA SELECCIÓN DE VARIEDADES DE TRIGO.....	46
COMPARACIÓN DE ESTRATEGIAS DE MODELACIÓN TEMPORAL EN ENSAYOS DE ESPACIAMIENTO DE LARGO PLAZO EN EUCALYPTUS PARA MEJORAR EFICIENCIA EXPERIMENTAL	47
Área: Modelación estadística datos no normales.....	48

ASOCIACIÓN ENTRE CLIMA Y ACTIVIDAD FÍSICA, Y EL ROL MODULADOR DEL NIVEL SOCIOECONÓMICO EN ADULTOS DE ARGENTINA.....	49
MODELOS DE PREDICCIÓN PARA ESTIMAR LA INCIDENCIA DE PREECLAMPSIA Y ECLAMPSIA A PARTIR DE UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA	50
ESTUDIO DEL USO DE SUSTANCIAS INOCUAS CON CAPACIDAD FUNGICIDA Y/O INDUCCIÓN DE DEFENSA EN PERAS, MEDIANTE ANÁLISIS DE CORRESPONDENCIA Y MODELO LOGIT	51
ANÁLISIS DE SUPERVIVENCIA EN EL SOFTWARE INFOTAT: MODELO DE COX PARA EVENTOS RECURRENTE.....	52
Área: Modelos bayesianos.....	53
DEPREDACIÓN POST DISPERSIVA COMO FILTRO BIÓTICO EN LA COMUNIDAD DEL BOSQUE ANDINO PATAGÓNICO	54
ANÁLISIS DEL CONSUMO DE FRUTAS Y VERDURAS A ESCALA PROVINCIAL EN ARGENTINA MEDIANTE EL AJUSTE DE MODELOS BAYESIANOS CON ESTRUCTURA ESPACIAL.....	56
MODELACIÓN CONJUNTA DE LA RELACIÓN CLIMA Y ENFERMEDAD EN CULTIVOS AFECTADOS POR UN MISMO PATÓGENO	57
Área: Modelos no lineales y suavizados	58
MODELOS DE REGRESIÓN PARA PARAMETRIZAR EL DESARROLLO FENOLÓGICO DE QUÍNOA EN ALTA TEMPERATURA.....	59
MODELIZACIÓN DE CRECIMIENTO DE FRUTOS DE NARANJA VALENCIA LATE CON MODELOS NO LINEALES MIXTOS.....	60
TABLAS DE PREDICCIÓN DE TAMAÑOS COMERCIALES Y PESOS EN FRUTOS DE TANGOR 'MURCOTT' EN LA PROVINCIA DE CORRIENTES, ARGENTINA.....	61
Área: Series temporales.....	62
ANÁLISIS DE PRECIOS DE CARNE EN EL MERCADO PATAGÓNICO UTILIZANDO SERIES DE TIEMPO CON R Y PYTHON	63
Índice por Autor	64

COMUNICACIONES ORALES

EL USO DE TABLEROS DINÁMICOS COMO HERRAMIENTA EN LA TOMA DE DECISIONES ELABORADOS CON SOFTWARE LIBRE.

Vanín, M.¹; Boca, T.²

¹ Instituto de Sanidad y Calidad Agropecuaria de Mendoza (ISCAMEN)

² Departamento de Métodos Cuantitativos y Sistemas de Información, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

rtboca@agro.uba.ar

A mediados de 2019, ISCAMEN implementó el sistema de liberación de insectos estériles a través del método del adulto frío (TAF) para el control de la mosca de la fruta de *Ceratitis capitata*, una de las plagas de mayor importancia económica para la producción frutihortícola. Esto implica una mejora en la técnica del insecto estéril, una ventaja que presenta es que es sometido a menor estrés y, por otro lado, desde el punto de vista ecológico se elimina el uso de las bolsas de papel. Este sistema implica varios pasos desde la producción de la mosca hasta su liberación, y son muchas las variables a tener en cuenta para lograr resultados exitosos. La institución lleva registros minuciosos de cada paso y esto genera un volumen impórtate de datos y la necesidad de contar con herramientas de visualización que proporcionaran un sistema rápido y de forma interactiva. Dentro de los llamados tableros dinámicos existen varios comerciales, pero también de software libres como R, que usando el paquete *flexdashboard* que junto con R *Shiny* generan un marco para producir paneles interactivos útiles en la toma de decisiones. Estos tableros sirven a la institución para detectar cualquier inconveniente en el proceso de liberación de forma casi inmediata. Los datos pueden almacenarse en gestores de bases de datos alimentadas a través de formularios, y a partir de esta base de datos se genera periódicamente un nuevo tablero dinámico. Otra ventaja importante es que tracciona el trabajo en equipo de las distintas áreas que participan en este sistema de control.

Palabras clave: estadísticas descriptivas, software libre, bases de datos.

CONSTRUCCIÓN DE UN MODELO PREDICTIVO PARA EL PRONÓSTICO DE FLORACIONES ALGALES EN EL EMBALSE SAN ROQUE (ESR)

*Juaneda Allende, M.¹; Mansu, P.¹; Baraibar, V.¹; Ruiz Diaz, P.¹; Muchiut, J.¹; Romero, F.¹;
Ferreya, A.¹; Frangi, S.¹; Srmekar, M.¹; Rodriguez, A.¹; Calvimonte, H.²*

¹ Universidad Nacional de Córdoba, Laboratorio de Hidráulica. Córdoba, Argentina.

² Administración de Recursos Hídricos de la Provincia (APRHi). Córdoba, Argentina.

lh.micaela13@gmail.com

La eutrofización de los embalses es un grave problema ambiental a nivel mundial por los efectos indeseables que provoca. El ESR presenta una condición eutrófica que produce un desarrollo exagerado de fitoplancton y plantas acuáticas. Resultan de interés las floraciones de cianobacterias, en algunas ocasiones tóxicas, ya que impactan en la salud pública, actividades recreativas y el medioambiente. Para el desarrollo de un modelo predictivo del nivel de clorofila, se utilizaron datos meteorológicos, biológicos, y de calidad de agua de los últimos 20 años de diferentes fuentes, con mediciones intermitentes. Algunas de las series son mensuales, otras diarias y otras horarias por lo que compatibilizarlas origina numerosos valores faltantes. Además, la cantidad de floraciones es del orden del 10% de los casos, lo que agrega la dificultad del desbalanceo en la respuesta. Se implementaron redes neuronales, regresión logística, bosques aleatorios y finalmente se optó por un modelo de XGBoosting para la regresión. Las predicciones activan alertas a partir de distintos umbrales en el nivel de clorofila.

Palabras clave: XGBoosting, Desbalanceo, Regresión, Valores Faltantes

IMPACTO DE MÉTODOS DE REMOCIÓN DE MEDIDAS ANTROPOMÉTRICAS NO PLAUSIBLES EN LA ESTIMACIÓN DE DESNUTRICIÓN INFANTO-JUVENIL

Dramis, A.^{1,2}; Fernández, M. S.^{1,2}; Pérez, A.¹; Cueto, G.^{1,2}; Nuñez, P.^{1,2}; Turjanski, P.^{1,2}

¹ Grupo de Bioestadística Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina (GBA, FCEyN-UBA).

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas de Argentina, Argentina (CONICET).

pturjanski@dc.uba.ar

Las grandes bases de datos en salud constituyen una oportunidad para la toma de decisiones en políticas públicas basadas en evidencia. La malnutrición infanto-juvenil es una problemática de gran relevancia en salud pública. La proporción de individuos con baja talla para la edad (pBT) es un indicador del estado nutricional de una población. En Argentina, el Ministerio de Salud recolecta información de medidas antropométricas en controles de salud infanto-juveniles (2-3 millones anuales), con amplia cobertura de la población vulnerable. Dicha base posee inexorablemente errores inherentes a procesos de recolección de datos, que podrían impactar sobre el cálculo de indicadores nutricionales. En este trabajo se analiza el impacto de un proceso de limpieza de 3 etapas sobre el cálculo de la pBT para los años 2014 a 2018 y para 12 departamentos. El proceso toma como insumo una base preprocesada con los campos validados. La etapa 1 involucra la remoción de valores no plausibles según pautas de la OMS, la etapa 2 la retención de un único control diario por individuo, y la etapa 3 la remoción de datos inconsistentes de crecimiento de un mismo individuo. Las 3 etapas removieron observaciones y modificaron la pBT respecto a la base insumo. El impacto varió a lo largo del proceso, siendo entre -1.8% y -15,2% luego de la etapa 1, entre -1.8% y -15,2% luego de la etapa 2, y entre -7.7% y -32,5% luego de la etapa 3, dependiendo del año y la jurisdicción. Este trabajo evidencia la importancia de realizar y detallar el proceso de limpieza previo al análisis de datos al presentar resultados.

Palabras clave: Grandes Bases de Datos, Calidad de Datos, Malnutrición infanto-juvenil

*DISTRIBUCIÓN ESPACIO-TEMPORAL DE CENTOLLA COMERCIAL (*Lithodes santolla*) EN EL ÁREA CENTRAL, ARGENTINA.*

Molinari, D.^{1,2}; Chaparro, M. A. E.^{1,2}; Firpo, C. A.³

¹Centro Marplatense de Investigaciones Matemáticas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata (CEMIM).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

³Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero, Subprograma Pesquerías de Crustáceos Bentónicos (INIDEP).

danielamolinari@mdp.edu.ar

Desde el año 2004 la pesquería de centolla *Lithodes santolla*, con buques congeladores, se desarrolla en el Área Central (entre latitudes 44 y 48° S), Golfo San Jorge, Argentina. La población de centolla presenta la característica de ocupar el ambiente de manera contagiosa. Por otra parte, la estructura espacial de una población explotada es un aspecto muy importante al momento de establecer medidas de manejo. Entre los años 2016 y 2021 se realizaron seis campañas de investigación con el fin de describir la estructura espacial de la población y obtener indicadores poblacionales. En este trabajo, se desarrolla un modelo geoestadístico para determinar la distribución espacio-temporal de centolla comercial. En cada campaña, se diseñaron grillas regulares con la particularidad que, en verano de 2018, se amplió la zona de muestreo, cambiando así, el tamaño muestral. Para el desarrollo de un modelo espacio-temporal es necesario contar con las mismas posiciones espaciales en cada tiempo. Para la regularización de las posiciones espaciales se utilizó la campaña con más sitios de muestreo, correspondiente al verano 2018 (n=192). Con estas posiciones se extrajeron las predicciones kriging de las otras campañas. Con estos datos se realizó un análisis exploratorio espacial, temporal, la construcción y ajuste del variograma espacio-temporal. A partir de las predicciones kriging espacio-temporales se observa que a lo largo de los años hay una mayor agregación de la especie en el Golfo San Jorge.

Palabras clave: geoestadística, variograma espacio temporal, pesquería

SOBRE LA INTERPRETACIÓN DE LOS PARÁMETROS EN EL MODELO LINEAL LOGÍSTICO MIXTO: APLICACIÓN AL ESTUDIO DE PERIODONTITIS EN EMBARAZADAS

González-Montoro, A. M.¹; Nores, M. L.¹; Bertolotto, P. I.¹; Tabares, S.²; Usin, M. M.³; Sembaj, A.²

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Matemática, Astronomía, Física y Computación, Grupo de Probabilidad y Estadística. Córdoba, Argentina.

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Médicas, Cátedra de Bioquímica y Biología Molecular. Córdoba, Argentina.

³Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Odontología, Cátedra B de Periodoncia. Córdoba, Argentina.

aldana.gonzalez.montoro@unc.edu.ar

El objetivo de este trabajo es discutir las interpretaciones de los parámetros de los efectos fijos y aleatorios del modelo lineal logístico mixto (MLLM). En dicho modelo, la interpretación directa del vector de parámetros de efectos fijos es condicional, permitiendo comparaciones dentro de un mismo *cluster* o individuo. Esto difiere con el modelo lineal mixto general, en donde estos parámetros tienen también una interpretación directa marginal, útil para comparar diferentes *clusters*. En este trabajo se presentan tres formas comparables de obtener interpretaciones marginales en el MLLM: a partir de una relación estrecha existente entre los parámetros del MLLM y los de un modelo para las esperanzas marginales, directamente desde un modelo marginal de ecuaciones de estimación generalizadas (GEE) y a través de simulaciones. Por otro lado, se interpreta el parámetro de la varianza de los efectos aleatorios usando la mediana de *odds ratios* MOR y el coeficiente de partición de varianza VPC, equivalente al coeficiente de correlación intraclass ICC. Todo lo expuesto se ilustra en datos de un estudio de pacientes embarazadas y con enfermedad periodontal del Servicio Odontológico del Hospital Provincial Dr. Raúl Lucini (Córdoba). En los seis sectores de la boca de cada paciente se miden variables clínicas y la variable respuesta binaria en los modelos considerados es el índice de necesidad de tratamiento comunitario (INTC), agrupado en dos categorías. La gravedad de la enfermedad resultó mayor ante la presencia de la bacteria *tannerella forshytia* y al aumentar el índice de placa.

Palabras clave: condicional, marginal, ecuaciones de estimación generalizadas, MOR, modelo lineal generalizado mixto.

*MODELADO MULTINIVEL APLICADO A TRAYECTORIAS DE CALIDAD DE VIDA
RELACIONADA A LA SALUD DE NIÑOS, NIÑAS Y ADOLESCENTES DE CÓRDOBA,
ARGENTINA*

Bernaschini, M.E.^{1,3}; Berra, S.^{2,3}

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Matemática, Astronomía, Física y Computación. Av. Medina Allende s/n, Ciudad Universitaria. Córdoba, Argentina.

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Médicas. Av. de la Reforma, Pabellón Perú, Ciudad Universitaria. Córdoba, Argentina.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Centro de Investigaciones y Estudios sobre Cultura y Sociedad. Av. Ciudad de Valparaíso s/n, Ciudad Universitaria. Córdoba, Argentina.

mebernaschini@unc.edu.ar

La calidad de vida relacionada con la salud (CVRS) es una herramienta conceptual que permite medir el impacto de la salud y sus determinantes sobre el bienestar físico, psicológico y social de las personas. Para el caso de la población infantil y adolescente, un instrumento que se utiliza para medir la CVRS es el cuestionario KIDSCREEN, desarrollado mediante métodos mixtos en Europa y adaptado transculturalmente para su uso en Argentina. El objetivo de este trabajo consistió en describir la evolución de la CVRS (KIDSCREEN) a lo largo de 7 años de seguimiento de una muestra de niños y niñas de la ciudad de Córdoba a través de la implementación de modelos multinivel (MLM) adaptados a medidas repetidas. Los modelos MLM para estudios longitudinales son un tipo de análisis estadístico que consideran al conjunto de mediciones segmentado en dos niveles jerárquicos, donde el primer nivel corresponde a las medidas repetidas y el segundo a los individuos. Este tipo de análisis permite describir los cambios en una variable de una población mediante dos ecuaciones que se corresponden una a cada nivel, la primera modela la evolución que sigue cada individuo a lo largo del tiempo y la segunda describe la variación de las trayectorias entre individuos. Los resultados de estos modelos muestran que ocurre una disminución en la CVRS durante el período de transición de la niñez a la adolescencia, siendo las mujeres las más afectadas. Estos hallazgos son relevantes para el desarrollo de programas que tengan como objetivo mejorar la salud autopercebida de los niños, niñas y adolescentes.

Palabras clave: CVRS, KIDSCREEN, Salud, Medidas Repetidas.

MODELOS MIXTOS PARA EL ESTUDIO DE FACTORES DE ASOCIACIÓN A LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS DEL MICROAMBIENTE TUMORAL ADIPOSO

González Garelo, T.¹; Pagnotta, P.^{2,3}; Fletcher, S.²; Dreszman, R.⁴; Crosbie, M. L.⁵; Santiso, N.⁵; Ursino, A.⁵; Frascarolli, C.⁵; Amato, A.⁵; Calvo, J. C.^{2,3}; Toneatto, J.²

¹Universidad de Buenos Aires (UBA)-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Grupo de Bioestadística Aplicada, CABA, Argentina

²CONICET y Técnicas, Instituto de Biología y Medicina Experimental, CABA, Argentina

³UBA, FCEN, Departamento de Química Biológica, CABA, Argentina

⁴Clinica de Microcirugia, CABA, Argentina

⁵Complejo Medico Policial Churruca-Visca, CABA, Argentina

tomas21.gg@gmail.com

El cáncer de mama es la causa más común de muerte por cáncer en mujeres a nivel mundial. El estudio de la enfermedad se realiza principalmente caracterizando factores asociados a la aparición y progreso de la enfermedad. Sin embargo, son poco comunes los estudios que evalúen eventos de asociación a través de un enfoque multinivel. El objetivo de este trabajo es estudiar la expresión de dos proteínas (plin1 y FABP4) en el microambiente adiposo en función de la cercanía al tumor, evaluando a la vez en un único modelo la asociación con predictoras a nivel tisular y a nivel de individuo. Como variable respuesta, contamos con datos de expresión de plin1 y FABP4, provenientes de tejido cercano y lejano al tumor de 29 pacientes con cáncer de mama. Las variables predictoras son la cercanía al tumor (cercana/lejana), la clasificación de origen (3 niveles) y la clasificación hormonal (2 niveles) del tumor, y la edad, el índice de masa corporal (IMC)(3 niveles) y el estado menopáusico de la paciente (2 niveles). Al haber dos datos por paciente, ajustamos un modelo mixto de regresión múltiple y realizamos comparaciones a posteriori cuando fue necesario. La expresión de ambas plin1 y FABP4 varió significativamente respecto al tipo de tumor según su origen, en donde los niveles “ductal invasivo” y “ductolobulillar” difirieron (pvalor < 0,05). En el caso de plin1, resultó significativa la interacción entre la cercanía al tumor y el IMC, en donde la expresión varió según la cercanía al tumor sólo en pacientes con sobrepeso, habiendo mayor expresión en el nivel lejano (pvalor < 0,05)

Palabras clave: Diseño de Parcela Dividida, Marcadores Tumorales, Regresión Múltiple, Cáncer de mama.

POSTERS

Área: Estadística Espacial

IMPACTO DE LOS CAMBIOS EN LA PRECIPITACIÓN SOBRE EL RENDIMIENTO DE LOS CULTIVOS EN LA REGIÓN AGRÍCOLA DE LA PROVINCIA DE LA PAMPA

Boca, T.¹; Cipriotti, P. A.^{1,2}

¹Departamento de Métodos Cuantitativos y Sistemas de Información, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.

²Instituto de Investigaciones Fisiológicas y Ecológicas Vinculadas a la Agricultura (IFEVA), Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

rtboca@agro.uba.ar

En la región Pampeana argentina, a partir de 1960, las lluvias de primavera-verano aumentaron, con un potencial impacto en los cultivos. En este trabajo se analiza el papel de las precipitaciones sobre el rendimiento de los principales cultivos de la región agrícola de la provincia de La Pampa durante las últimas 5 décadas. Se trabajó con datos de producción total, superficie sembrada, cosechada y rendimiento a nivel departamental para trigo, maíz, girasol y sorgo. Se obtuvieron correlaciones entre las series destendenciadas del rendimiento y tres grupos de precipitaciones: la acumulada anual y las asociadas a los ciclos de los cultivos de invierno y de verano. En trigo, 14 de los 16 departamentos mostraron correlaciones significativas con la precipitación anual. El girasol también se correlacionó con la precipitación anual, pero solamente en 9 de los 15 departamentos, mientras que el maíz y el sorgo lo hicieron con la precipitación del ciclo de crecimiento del cultivo y en más departamentos (11-13 de 15). Si bien los valores de correlación medios fueron similares entre cultivos (0.41-0.47), el trigo presentó la mayor cantidad de correlaciones y alcanzó los valores más altos, llegando hasta 0.65, mientras que el girasol presentó la mayor cantidad de departamentos sin correlaciones significativas. La distribución espacial de no mostró un patrón evidente entre los departamentos de la región, salvo en girasol con correlaciones significativas y más altas en el centro y sur de la región. En cambio, para trigo, la situación fue la más homogénea en el espacio. Los resultados aquí presentados confirman el papel significativo de las precipitaciones sobre los rendimientos.

Palabras clave: agricultura, cambio climático, frontera agrícola, cultivos de secano.

UN MODELO DINÁMICO ESPACIO-TEMPORAL PARA DEL VIRUSTOMATOS POTTED WILT (TSWV) EN PAPA.

Chaparro, M. A. E.^{1,2}; Molinari, D.^{1,2}; Salvalaggio, A.³; Cendoya M. G.³

¹ Centro Marplatense de Investigaciones Matemáticas (CEMIM). Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. UNMDP, Buenos Aires, Argentina.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas.

³ Facultad de Ciencias Agrarias. UNMDP, Buenos Aires, Argentina.

mchaparro@mdp.edu.ar

El TSWV registra una alta incidencia en cultivos hortícolas desde 1995. En plantas de papa el virus produce necrosis en hojas y tallos, reduciendo los rendimientos y la calidad del tubérculo. Insectos vectores son los encargados de transmitir y dispersar el virus. En este trabajo se desarrolla un modelo dinámico espacio temporal (MSTD) con el objetivo de monitorear el desarrollo de la enfermedad en un cultivo de papas no tratadas. El modelo propuesto describe la dinámica espacial y temporal utilizando un kernel de distribución espacial-temporal. Cada retículo es de un tamaño de 1m² aproximadamente en el que hay 4 plantas susceptibles. La dinámica dentro de cada retículo se modeliza con un modelo logístico ($r \approx N(\mu, \sigma^2)$, $K=4$). El proceso de contagio se asume en relaciona la distancia entre retículos. Por otra parte, se considera que existe un proceso aleatorio binomial que produce nuevas infecciones. El kernel de distribución, permite modelizar la dirección e intensidad del proceso de contagio entre retículos, mientras que los parámetros del logístico representan la velocidad de transmisión en el retículo. Se realizaron simulación utilizando un conjunto de datos modelo proviene de un ensayo realizado en INTA-FCA, en la que se plantaron 3.450 plantas y se registró la presencia/ausencia de síntomas, para cada planta y su georreferenciación en 4 momentos temporales. Los resultados de la simulación y ajuste muestran que la dispersión del virus no es isotrópico y los valores de $r=0.008$ ($sd=0.002$), además la aparición de nuevas plantas infectadas de manera aleatoria es de 17 por día.

Palabras clave: Estadística espacio-temporal, Tomato spotted wilt, Control de enfermedades.

Área: Análisis exploratorio y visualización de datos

CARACTERÍSTICAS DEL CONSUMO DE FRUTAS Y HORTALIZAS EN LA PROVINCIA DE CHACO

Rodríguez Azcona, R. I.¹; Bóbeda, G. R. R.¹; Llarens, A.¹; Banzaf, G.²; Giménez, L.¹

¹Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Matemática, Cátedra Cálculo Estadístico y Biometría. Corrientes, Argentina.

²Subsecretaría de Agricultura, Ministerio de Producción, Industria y Empleo del Chaco. Chaco, Argentina.

rociorodriguezazcona@gmail.com

A causa de la escasa información sobre el consumo de frutas y hortalizas en la provincia de Chaco, este trabajo tuvo como objetivo describir las características del consumo de frutas y hortalizas, evaluar las asociaciones con la edad, el sexo y grupo familiar e indagar sobre la percepción individual del consumo. La recolección de datos se realizó en 15 localidades de la provincia del Chaco, mediante un muestreo aleatorio estratificado. Se realizó una encuesta semi estructurada (n=343) entre julio del 2021 y mayo del 2022. La información obtenida se analizó mediante estadísticos descriptivos, tablas de frecuencia, pruebas de chi cuadrado y análisis de correspondencia multivariado. Las hortalizas más consumidas fueron: cebolla, tomate, papa, zapallo, lechuga, zanahoria y acelga; y las frutas: manzana, naranja, banana, mandarina, pera y limón. Se encontraron asociaciones significativas en el consumo cebolla, acelga y zapallo con el sexo, las proporciones de consumo de mujeres fue de un 77% y de los hombres un 23%; además se verificó que los grupos familiares consumen más papa y zapallo, siendo el mayor consumo con 3-4 integrantes. No se encontraron asociaciones con el consumo de frutas. Por otra parte, la valoración del consumo fue considerada con una escala de 0 a 5, siendo 5 la más alta, obteniéndose como resultado una valoración promedio de 3, es decir el consumo es regular. Asimismo, la perspectiva de consumo depende del nivel de estudio. Este estudio permitió identificar un conjunto de frutas y hortalizas representativas en términos de consumo en los habitantes.

Palabras clave: asociaciones, análisis de correspondencia multivariado, encuesta a consumidores.

ANÁLISIS DE PRECIOS DE CARNE EN EL MERCADO PATAGÓNICO UTILIZANDO SERIES DE TIEMPO CON R Y PYTHON

Haique, A. K.¹; Malaespina, M. L.²; Rubio, N.¹; Gimenez, N. G.¹

¹Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Economía y Administración, Departamento de Estadística. Neuquén, Argentina.

²Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Ciencias Agrarias, Neuquén, Argentina.

anahaique@gmail.com

R es una suite informática muy utilizada en el ámbito académico y de investigación para el análisis de datos y en series de tiempo. Otros lenguajes como Python son más utilizados en ámbitos de desarrollo informático y ha surgido fuertemente en disciplinas como machine learning, por poseer una sintaxis más simple, ágil y por ser uno de los lenguajes más rápidos (después de C++). Por tal motivo, se prevé que a futuro desplace paulatinamente a R. En los últimos años se han desarrollado módulos estadísticos como Statsmodels que proporciona funciones para la estimación de una gran cantidad de modelos, realización de pruebas estadísticas y exploración de datos estadísticos. En este trabajo se realiza una aplicación para la exploración de datos tipo serie de tiempo. En particular, se dispone de datos mensuales del precio nominal de los bovinos en la región Patagónica, con inicio en abril de 2014 y última observación abril del 2022. El precio tomado es publicado en el Informe de precios de carne y ganado de la Patagonia, publicado por el INTA y corresponde al kilo/gancho, denominación que recibe el rendimiento de carne a la faena, que recibe el criador. El análisis realizado ha permitido detectar estacionalidades, mostrando valores por encima de la tendencia en los meses de verano y comienzo de la primavera y valores por debajo de la tendencia en los meses de la estación invernal. El análisis visual del remanente de la serie, que se calcula restando los componentes de tendencia y estacionalidad de los valores observados, no muestra un patrón regular, lo que permitiría decir que no se presenta multiestacionalidad y, por otra parte, no se observan comportamientos anormales que sean indicio de la presencia de outliers. Las herramientas presentadas resultan de implementación sencilla y adecuadas para el tratamiento de las variables que se observan a lo largo del tiempo, como el precio promedio de la carne bovina. Y aportan la base para decisiones futuras respecto a qué supuestos, transformaciones y modelos serán necesarios probar.

Palabras clave: statsmodels, serie de tiempo, análisis exploratorio.

EVALUACIÓN DE LA TOLERANCIA A ESTRÉS SALINO DE GENOTIPOS DE BUFFEL GRASS (Cenchrus ciliaris L.)

García Seleme, F. A.¹, López Colomba, E.^{2,3}

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Estadística y Biometría. Córdoba, Argentina.

²Universidad Católica de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal. Córdoba, Argentina.

³Unidad de Estudios Agropecuarios, INTA-CONICET

fabrizio.garcia.seleme@mi.unc.edu.ar

En Argentina se reportan unas 13 millones de hectáreas de suelos afectados por sales en el perfil, siendo la región de ambiente cálido árido y semiárido una de las más afectadas. El desarrollo de nuevas variedades forrajeras tolerantes a estas condiciones resulta de interés para una gran cantidad de productores ganaderos. Con este objetivo, se evaluaron cinco genotipos de Buffel Grass (*Cenchrus ciliaris* L.) obtenidos a través de mutaciones inducidas (J26, J28, J33, J39 y J40) y un cultivar comercial (Biloela), realizando cultivo mediante hidroponía, en condiciones controladas, con solución nutritiva Hoagland, realizando adición de una solución de cloruro de sodio para el tratamiento con sal a 300 mM. Se midió el peso fresco y seco, tanto de la parte aérea como de la raíz de las plantas, y se estimó un índice de daño por salinidad a partir de los valores promedio del control. Se evaluaron además parámetros fisiológicos y bioquímicos asociados a tolerancia en la especie. Los índices obtenidos se evaluaron realizando un ANAVA y test de Di Rienzo, González y Casanoves (DGC) empleando el software InfoStat. El genotipo J26 fue el menos afectado por la salinidad, presentando buen comportamiento también los genotipos J40 y J33. Se requieren posteriores análisis para evaluar el material a campo.

Palabras clave: pasturas megatérmicas, estrés abiótico, mutaciones inducidas, nuevo germoplasma.

PREVALENCIA DE SÍNTOMAS DE DEPRESIÓN, ANSIEDAD Y ESTRÉS EN ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS DE MEDICINA EN EL RETORNO A LA PRESENCIALIDAD

*Seleme, M. L.¹; Carbonetti, M. J.¹; Retamar, A.¹; García Seleme, F. A.²; Moreno, S. E.¹;
Carbonetti, M. E.¹*

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Médicas, Cátedra de Salud Comunitaria.
Córdoba, Argentina.

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Estadística y
Biometría. Córdoba, Argentina.

lucia.seleme@unc.edu.ar

La pandemia de Covid-19 generó un escenario de incertidumbre, miedo y angustia en la población. En este contexto, la demanda de esfuerzo exigida por una carrera universitaria, sumada a los cambios generados por el retorno a la presencialidad, podría comprometer la estabilidad emocional de los estudiantes. En el primer semestre de 2022 se invitó a estudiantes de segundo año de la carrera de medicina de la Universidad Nacional de Córdoba a responder un cuestionario virtual anónimo de autorreporte que incluyó datos sociodemográficos y la escala DASS-21 que evalúa la presencia e intensidad de síntomas de depresión, ansiedad y estrés (DASS). Se analizaron las respuestas utilizando estadística descriptiva, comparaciones mediante Chi cuadrado, ANAVA y prueba de correlación de Pearson. Se registraron 260 respuestas. En los estudiantes encuestados que retomaron el cursado presencial hubo alta prevalencia de síntomas de las tres condiciones. Los factores sexo femenino y financiamiento con programas sociales estuvieron asociados a sintomatología de DASS. La situación laboral de desocupado estuvo asociada con síntomas de estrés. Mayor intensidad de síntomas de estrés se observó en estudiantes que consumían psicofármacos bajo prescripción médica. Se encontró una correlación negativa entre la edad y el puntaje de ansiedad, además de correlaciones positivas entre los puntajes de depresión, ansiedad y estrés.

Palabras clave: prevalencia, Escala DASS-21, trastornos emocionales, estudiantes universitarios.

Área: Aprendizaje Automático

DETECCIÓN Y CONTEO DE PERAS A PARTIR DE IMÁGENES MEDIANTE USO DE TÉCNICAS DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

del Brio, D.^{1,2}, Tassile, V.³, Fernández, D. E.¹, Reeb, P. D.^{2,4}

¹Estación Experimental Ing. Agr. Carlos Casamiquela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Allen
Río Negro, Argentina.

²Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue, Cinco Saltos, Río Negro, Argentina.

³Facultad de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad Nacional del Comahue, Villa Regina, Río
Negro, Argentina.

⁴Centro de Investigaciones en Toxicología Ambiental y Agrobiotecnología del Comahue, CONICET, Cinco
Saltos, Río Negro, Argentina.

delbrio.dolores@inta.gob.ar

Conocer el número de frutos presentes en los árboles es fundamental para realizar pronósticos de producción. Para estimar el número de frutos generalmente se hace un conteo manual que requiere de mucha mano de obra experimentada. La visión artificial surge como una alternativa interesante para obtener conteos de más árboles en menos tiempo. El objetivo de este trabajo fue entrenar y evaluar la performance de un modelo de visión artificial para detectar y contar el número de peras presentes en árboles a partir de imágenes. Para ello se usó un modelo pre-entrenado en la detección de objetos basado en algoritmos de redes neuronales convolucionales (YOLOv7). Para el entrenamiento se usaron 474 imágenes de árboles de pera tomadas de día y de noche durante 4 temporadas. Al momento de la captura de la imagen, los frutos de las plantas fueron contados en forma manual. En cada imagen se etiquetaron manualmente todas las peras, sumando un total de 39.052 anotaciones. La performance del modelo entrenado se evaluó en función de la sensibilidad, precisión y F1 score logrados por el mismo. Además, se calculó el coeficiente de correlación entre los frutos detectados por el modelo y los contados manualmente. La precisión alcanzada por el modelo fue 0,87, la sensibilidad 0,83 y el F1 score 0,84. Las correlaciones fueron 0,73; 0,72; 0,69 y 0,58 para las temporadas 2018, 2019, 2020 y 2021 respectivamente. El modelo entrenado presentó una gran capacidad de detección de peras en las imágenes analizadas, y representa una alternativa interesante a los métodos tradicionales de conteo manual.

Palabras clave: visión artificial, pronóstico de producción, análisis de imágenes.

ENTRENAMIENTO Y VALIDACIÓN DE UN MODELO DE ALERTA A PARTIR DE SERIES TEMPORALES.

Rodríguez Nuñez M. , Balzarini, M..

Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Catedra de estadística y
biometría. Córdoba, Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Córdoba, Argentina.

martinrnu@gmail.com

Los modelos predictivos de contaminación de aire son un pilar fundamental de la salud pública, dado a que permiten alertar a la población ante condiciones adversas de calidad de aire. El objetivo de este trabajo fue evaluar distintas metodologías de entrenamiento y validación de modelos predictivos para determinar cuál permite el mejor ajuste de un sistema de alerta temprana. Dado a la naturaleza temporal de los datos, fueron evaluados tres mecanismos de validación cuyos algoritmos minimizan la destrucción de la secuencialidad de las series temporales. Estos fueron K-Fold cross validation, Time Series cross validation y por último un mecanismo diseñado por los autores en el cual se genera un muestreo aleatorio de puntos estratificado, manteniendo la secuencialidad de los datos de entrenamiento. Los resultados mostraron que los métodos que ya se encontraban implementados no lograron una representatividad completa de las condiciones presentes en los datos, lo cual impactó en la capacidad predictiva del modelo. Por otra parte, el mecanismo alternativo logró maximizar la representatividad, al mismo tiempo que minimizó las perturbaciones sobre la secuencialidad. Su desempeño redujo el error de testeo en un 53% respecto a la metodología de K-Fold cross validation y en un 58% respecto a la de Time Series cross validation. De esta forma se logró obtener un modelo de elevada capacidad predictiva y estimaciones confiables del error para todo el espectro de situaciones.

Palabras clave: Modelado predictivo, series de tiempo, validación, machine learning.

Área Consultoría Estadística

ANÁLISIS ESTADÍSTICO COLABORATIVO: PROPUESTA DE DIFUSIÓN DE LA BIOMETRÍA DE LAS REGIONES IBEROAMERICANAS DE LA IBS

Balzarini, M.; Bruno, C.; Boca, T.; Giannini Kurina, F.; Paccioletti, P.; Pérez, A.; Sühring, S.

Región Argentina de la International Biometric Society.

ssuhring@gmail.com

Las investigaciones de posgrado en ciencias de la vida suelen generar datos que requieren análisis estadísticos complejos que exceden la formación de estudiantes. El abordaje interdisciplinario con especialistas en análisis de datos promueve la planificación e implementación de análisis más eficientes. En el contexto del Programa de Financiamiento de Redes y Actividades Interregionales de la Sociedad Internacional de Biometría (IBS), el Grupo Argentino de Bioestadística propuso realizar talleres de Análisis Estadístico Colaborativo, con la participación de otras regiones iberoamericanas de la IBS, que promovieran la articulación entre doctorandos y especialistas en consultoría estadística. Se convocaron personas que estuvieran realizando su tesis en los temas: Ecología y Ambiente, Epidemiología y Ciencias de la Salud y Ciencias Ómicas. Se seleccionaron 3-4 casos por tema entre +100 solicitudes de participación, que abarcaran la diversidad geográfica y de complejidad en los datos. Cada estudiante fue tutelado por 2 consultores estadísticos. Se organizaron 2 encuentros virtuales sincrónicos por tema: uno para presentar los casos de investigación y los datos y proponer posibles estrategias de análisis y otro para comunicar los resultados, su interpretación y comunicación efectiva y para reflexionar sobre las limitaciones de los análisis. Entre ambos webinarios los tutores guiaron la realización del análisis en reuniones offline. Los webinarios fueron públicos, participaron 300 personas de países iberoamericanos. La propuesta permitió profundizar el análisis de datos, difundir la actividad de consultoría bioestadística y generar una red de cooperación entre analistas e investigadores jóvenes.

Palabras clave: consultoría estadística, Grupo Argentino de Bioestadística, IBS.

Área: Diseño de experimentos

MODELO JERÁRQUICO CON INFOSTAT Y R-STUDIO EN UN PROBLEMA DE USO DE BIOPROMOTORES EN POLLOS DE GRANJA

Del Duca, S. A.; Bonadies, M. E.; Calcagno, M de L.

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Cátedra de Matemática. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

sdelduca@ffyb.uba.ar

Los agentes biopromotores se presentan como alternativa al uso de antibióticos, en la alimentación, la promoción del crecimiento y el control del desarrollo de ciertos microorganismos, en aves comerciales para consumo humano. El objetivo de este trabajo es determinar si existe diferencia en la ganancia de peso de pollos parrilleros machos de granja, sometidos a distintos tratamientos: a) vacunación contra un patógeno; b) adición de un biopromotor a la dieta, que aumenta las defensas inespecíficas; c) combinación de los anteriores; d) controles positivos (antibiótico usado como promotor de crecimiento); e) controles negativos (no recibió ninguno de los tratamientos anteriores). Cien pollos se asignaron aleatoriamente a los distintos tratamientos, cada uno de los cuales se aplicó a dos jaulas de diez pollos cada una. Luego de la crianza, fueron desafiados con un patógeno. Se aplicó un Modelo Jerárquico de Análisis de la Varianza, de dos factores anidados: uno fijo (tratamiento) y uno aleatorio (jaula) y se corrió en los softwares RStudio e InfoStat. Con un nivel de significación del 5%, se rechazó la hipótesis de igualdad de ganancia media de peso por tratamiento. Además, no se evidenció variabilidad significativa entre jaulas. Se consideraron las comparaciones de a pares, además del planteo de contrastes: con un nivel de significación global igual a 0,05, se confirmó que la ganancia media de peso correspondiente al control negativo difiere significativamente de todos los demás, pero las medias de los restantes tratamientos no difieren significativamente entre sí. Los resultados permiten considerar a los agentes biopromotores como alternativa al uso de antibióticos, responsables de la aparición de resistencia bacteriana en humanos.

Palabras clave: ANOVA, antibiótico, biopromotor, modelo jerárquico, peso.

SITIOS DE ENSAYO Y REPETICIONES NECESARIAS PARA EVALUAR EL RENDIMIENTO EN LOS ENSAYOS DE CULTIVOS COMERCIALES DE TRIGO PAN EN ARGENTINA

Mójica, C.J.^{1,2}; Abbate, P. E.³; Bonamico, N. C.²; Rossi, E. A.²; Balzarini, M.^{4,5}

¹Universidad Nacional de Córdoba de Ciencias, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Escuela para Graduados, (FONCYT-UNC), Córdoba, Argentina.

²Universidad Nacional de Río Cuarto, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Departamento de Biología Agrícola, Cátedra de Mejoramiento Genético. Río Cuarto, Argentina.

³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Balcarce), Buenos Aires, Argentina.

⁴Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

⁵Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de Córdoba, Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola. Córdoba, Argentina.

jmojica@ayv.unrc.edu.ar

Las redes de ensayos de cultivares permiten evaluar la interacción genotipo×ambiente para elegir los cultivares superiores. El objetivo del trabajo fue determinar el número de sitios de ensayos y repeticiones para evaluar el rendimiento de cultivares comerciales de trigo pan en Argentina. La base de datos contenía información de 271 cultivares evaluados en 15 sitios experimentales, pertenecientes a ocho subregiones, durante el periodo comprendido entre el año 2005 y el 2020. Los ensayos considerados fueron manejo con fungicida (CF) y sin fungicida (SF), en dos épocas de siembra: la primera (E1) y la tercera (E3). Las varianzas se obtuvieron mediante un modelo de efectos aleatorios, mediante máxima verosimilitud restringida (REML). Se estimaron el número de sitios y repeticiones requeridas por año para obtener una repetibilidad de la media del 75%. Los resultados mostraron que el número de sitios por año para realizar ensayos es tres, y el número de repeticiones para cada cultivar en un año es de tres a cuatro, presentando el mayor valor los ensayos CF-E3. Se observó que el número óptimo de sitios y repeticiones varió en cada subregión según el manejo realizado, por lo que debería reajustarse a cada una en particular o considerando mega-ambientes. Estos resultados permiten maximizar la utilización de los recursos disponibles de la red de ensayos de trigo pan en Argentina para la elección de los cultivares superiores.

Palabras clave: *Triticum aestivum*, interacción genotipo×ambiente, red de ensayos, maximización de recursos.

Área: Experiencia Áulica

EXPERIENCIA ÁULICA. ESTRATEGIA DE GAMIFICACIÓN: ACTIVIDAD DE CIERRE PARA LA MATERIA ESTADÍSTICA EMPRESARIAL II

Bozzalla, A. E.; Burcez, N.G.

Universidad Argentina de la Empresa, Facultad de Ciencias Económicas, Departamento de Métodos Cuantitativos. CABA, Argentina.

abozzalla@uade.edu.ar

Estadística Empresarial II es una materia basada en la resolución de problemas referidos a la estadística inferencial. Las secuencias didácticas puestas en juego en cada clase ponen de manifiesto la utilización de una serie acotada de registros de representación y siempre en el mismo orden: registro del lenguaje natural, registro algebraico, registro gráfico. En raras ocasiones se rompe el orden de aparición de estos registros o bien, se presentan actividades en otros, no habitualmente indagados. La actividad planteada consiste en el recorrido y posterior resolución de una sala de escape. La misma genera una ruptura sobre espacios presentados y obliga a recorrer el problema en un orden inusual. Esta secuencia didáctica pone en juego, en primer lugar, la indagación exhaustiva de un mismo registro (lenguaje natural) y luego la conversión constante a registros gráficos, algebraicos y aritméticos, ya que sin esta última competencia no se avanza en la resolución. La sala de escape invita a los alumnos a la revisión de conceptos estructurales de la materia en un entorno lúdico y centrado en una problemática de dimensión empresarial. El avance en la actividad puso de manifiesto diversas competencias: capacidad de análisis, abstracción, síntesis, organización del tiempo, formulación de metas comunes, elaboración de resultados creativos, conformación de vínculos e instaló a los alumnos en la toma de decisiones. Lo diferencial de la actividad propuesta refiere a la convocatoria a todas ellas en un mismo momento.

Palabras clave: registros, gamificación, representación, secuencias, competencias

Área: Uso de imágenes

ESTIMACIÓN DEL TAMAÑO DE FRUTOS A PARTIR DE IMÁGENES DIGITALES

del Brio, D.^{1,2}; Tassile, V.³; Fernández, D. E.¹; Reeb, P. D.^{2,4}

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Ing. Agr. Carlos Casamiquela, Allen Río Negro, Argentina.

²Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue, Cinco Saltos, Río Negro, Argentina.

³Facultad de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad Nacional del Comahue, Villa Regina, Río Negro, Argentina.

⁴Centro de Investigaciones en Toxicología Ambiental y Agrobiotecnología del Comahue, Cinco Saltos, Río Negro, Argentina

delbrio.dolores@inta.gob.ar

Para realizar pronósticos de producción en perales y manzanos es fundamental conocer el tamaño de los frutos en los árboles. En general, el tamaño se estima con la medición manual del diámetro ecuatorial del fruto utilizando un calibre. Esta tarea demanda mucho tiempo, es poco precisa y difícil de implementar a campo a fin de lograr un muestreo óptimo. El objetivo de este trabajo fue evaluar la estimación del diámetro de frutos a partir de imágenes (DI) como alternativa a la medición manual (DM). Las mediciones se realizaron en laboratorio y a campo en parcelas de peras y manzanas. En laboratorio se trabajó con 113 frutos que fueron numerados, colocados en bandejas y medidos manualmente con calibre digital y fotografiados. A campo se trabajó con 98 peras y 89 manzanas ubicadas en distintos árboles. Se numeraron, se midieron sus diámetros con calibre y se tomaron imágenes a cada planta colocando un objeto de referencia. En cada imagen se estableció la escala con el objeto de referencia y se estimó el diámetro de cada fruto utilizando ImageJ. Las correlaciones obtenidas entre DM y DI fueron de 0.89 para frutos en laboratorio; y 0.74 y 0.80 para manzanas y peras medidas a campo. La correlación menor a campo puede deberse a que la posición de los frutos en las plantas es más variable. La distribución de frecuencias de las diferencias entre DI y DM mostraron que en peras existe sobrestimación de los DM, mientras que en manzanas hay tanto sobrestimación como subestimación. Las medianas de las diferencias fueron 0.15 y 8.38 mm para manzanas y peras, respectivamente.

Palabras clave: Peras, manzanas, pronóstico de producción, análisis de imágenes.

ZONIFICACIÓN DINÁMICA DE LOTES AGRÍCOLAS A PARTIR DE INFORMACIÓN SATELITAL

Paccioretti, P.^{1,2}; Scavuzzo, M.¹; Balzarini, M.²

¹Comisión Nacional de Actividades espaciales. Universidad Nacional de Córdoba. Instituto Mario Gulich.

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Desarrollo Rural, Cátedra de Estadística y Biometría. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Córdoba, Argentina.

pablopaccioretti@agro.unc.edu.ar

Favorecido por información de sensores remotos, los agricultores pueden identificar los principales factores que impactan en el rendimiento y planificar un manejo agrícola no uniforme para hacer más eficiente el uso de los recursos naturales y económicos que sustentan la producción agrícola. En los últimos años, la oferta de productos satelitales ha crecido, es posible encontrar imágenes multiespectrales como así también imágenes de radar de apertura sintética (SAR), a una escala espacial que posibilita su uso en contexto de Agricultura de Precisión (AP). A partir de esta información es posible derivar indicadores dinámicos del estado del cultivo, sin embargo, información relacionada a SAR no está ampliamente difundida en AP. Se analizaron dos lotes agrícolas con cultivo de maíz. Para cada lote se registraron seis fechas relacionadas a labores de siembra, cosecha y estadios fenológicos del cultivo (V6, V10, V14, R1). Para cada fecha se zonificó el lote agrícola con información de bandas e índices derivados de imágenes ópticas, de radar y combinando ambas fuentes. La zonificación se realizó mediante el método KM-sPC. Además de las zonas delimitadas, se realizó un clúster consenso mediante el método de la mayoría. Para cada zona delimitada se la comparó utilizando índices relacionados a reducción de la varianza y pseudo-F. Se observó que las zonas delimitadas a partir de información de sensores ópticos disminuyeron la varianza entre zonas en mayor proporción tanto en zonas delimitadas con imágenes de radar y zonas delimitadas con ambas fuentes de información.

Palabras clave: SAR, SENTINEL, MULTIVARIADO

Área: Multivariados

ANÁLISIS COMPARATIVO DE ALTERNATIVAS PARA EL TRATAMIENTOS DE BASES DE DATOS CON VARIABLES MIXTAS CON FINES DE CARACTERIZACIÓN

Morelli, C.¹; Curti, R.²; Ferrer, M.³; Bramardi, S.¹

¹Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Economía, Departamento de Estadística, Neuquén, Argentina.

²Universidad Nacional de Salta, Laboratorio de Investigaciones Botánicas, Salta, Argentina

³Estación Experimental Agropecuaria INTA Pergamino, Argentina

candelariamorelli@gmail.com

Los métodos clásicos del análisis multivariado, generalmente, abordan en forma separada el tratamiento de variables cuantitativas y cualitativas. En muchas situaciones interesa analizarlas en forma simultánea (tablas de variables mixtas). Se pueden seguir dos caminos alternos: (i) buscar una medida de distancia y/o similitud que permita cuantificar la asociación entre individuos en función de todas las variables estudiadas y luego sobre ella aplicar algún método de ordenación o clasificación apropiado, o (ii) asumir que son variables de diversa naturaleza y que requieren medidas de similitud y técnicas de agrupamiento diferentes, y recurrir a un método que permita armonizar, consensuar o ‘promediar’ las configuraciones así halladas. Encuadrado en (i) se trabajó con la Discretización de Escofier y el Coeficiente de Similitud de Gower y en (ii) se recurrió al Análisis Factorial Múltiple (AFM). A fines de comparar las técnicas se analizaron tres bases de datos de diferentes estructuras y balanceos de cantidades de variables cualitativas y cuantitativas. Se usó como medida de concordancia la correlación entre matrices de distancias de individuos obtenidas en el plano principal resultante de aplicar cada técnica. La correlación entre configuraciones osciló entre 0,63 y 0,99 (todas altamente significativas), conformándose agrupamientos similares entre AFM y discretización de Escofier. Posteriores estudios de simulación permitirán generalizar conclusiones.

Palabras clave: Discretización de Escofier, Coeficiente de similitud de Gower, Análisis Factorial Múltiple, quinoa, maíz

ESTUDIO COMPARATIVO ENTRE AFM Y MAPEO ASOCIATIVO PARA IDENTIFICAR RELACIONES ENTRE CARACTERES FENOTÍPICOS CUANTITATIVOS Y MARCADORES MOLECULARES

Lac Prugent, V.P.¹; Costa Tartara, S.²; Curti, R.³; Bramardi, S.¹

¹Universidad Nacional de Comahue, Facultad de Ciencias Económicas, Departamento Estadística.
Neuquén, Argentina.

²Universidad Nacional de Luján. Departamento de Tecnología y Ciencias básicas

³Universidad Nacional de Salta. Sede regional Sur Metán. Cátedra de Estadística y Diseño Experimental.
Neuquén, Argentina.

lacprugentvero@gmail.com

Uno de los objetivos de los bancos de germoplasma, en la búsqueda del mejoramiento genético de las especies vegetales, es establecer relaciones entre la caracterización agronómica-morfológica (fenotipo) del conjunto de accesiones conservadas, con la caracterización molecular (genotipo). En este trabajo se dispuso de una base de 25 accesiones de quínoa de la región del Noroeste de Argentina a las que se les midió 23 atributos cuantitativos y se determinaron 313 variables moleculares de 22 loci SSR. El objetivo del trabajo fue comparar, la técnica de Análisis Factorial Múltiple (AFM) y mapeo asociativo para identificar relaciones entre caracteres cuantitativos y marcadores moleculares. A partir del AFM se representó la relación entre ambas caracterizaciones encontrándose una estructura común. A partir de los resultados del biplot se determinaron 13 gradientes de las variables cuantitativas y estos se asociaron a los marcadores moleculares por cercanía. Por otro lado, para cada una de las variables cuantitativas se aplicó un modelo de mapeo asociativo sin corrección por estructura genética (NAIVE) y se compararon las asociaciones encontradas con una y otra metodología. Se observaron resultados diferentes en ambas técnicas aplicadas. Sólo en 4 gradientes de AFM, hubo coincidencia de algún marcador detectado por el mapeo asociativo. Repetir el estudio con otras bases de datos de diferente dimensión y estructura permitirá ampliar conclusiones.

Palabras clave: Análisis Multivariado, Banco de Germoplasma, Quinoa, Modelo SCE.

COMPARACIÓN DE TÉCNICAS MULTIVARIADA DE ORDENAMIENTO DE VARIEDADES EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES

Villafañe, M.L.¹; Fiore, J. M.^{1,2}; Sandrinelli, R.³; Martinez, M. J.³; Prieto, G.⁴; Bruno, C.^{1,2}

¹Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Estadística y Biometría (FCA-UNC). Córdoba, Argentina.

²Grupo de Estadística Vinculado. Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UFyMA-INTA-CONICET). Córdoba, Argentina.

³Estación Experimental Agrícola INTA Manfredi, Córdoba, Argentina.

⁴Estación Experimental Agrícola INTA Arroyo Seco, Santa Fe, Argentina.

maria.luciana.villafane@mi.unc.edu.ar

La importancia de la producción de legumbres secas radica en su alta participación en la alimentación mundial. Conocer el comportamiento de las variedades (G) a través de los ambientes (E) permite mejorar el proceso productivo. El efecto de la interacción G×E impacta no solo en el rendimiento, sino también en la sanidad y la calidad de las cosechas. El objetivo de este trabajo es comparar dos técnicas de análisis multivariado de ordenamiento de G para estudiar el efecto de la interacción G×E. La base de datos utilizada proviene de ensayos comparativos de rendimientos de INTA. Cada ensayo fue realizado en un diseño completamente aleatorizado con 2 repeticiones. La base de datos está desbalanceada porque no todos los G fueron evaluadas en todos los años. A partir de esta base de datos, se conformó una nueva base de datos balanceada seleccionando todos los G que fueron evaluados en todas las localidades durante todos los años. La combinación de localidad-año fue considerada como E. Con los datos balanceados se estudió el efecto de la interacción G×E con un ACP sobre la matriz de residuos de un modelo de efecto fijos (AMMI) y con un Análisis Factorial (AF). También se realizó un estudio de estabilidad de los G. El AF explicó el 92% de la variabilidad G×E con los dos primeros ejes factoriales mientras que el AMMI el 85%. Sin embargo, no se identificaron diferencias en el ordenamiento de los G entre ambas técnicas. En matrices con mayor número de filas que variables observamos que FA posee mayor capacidad de captar la variabilidad en el primer y segundo factor que el ACP.

Palabras clave: Interacción genotipo-ambiente, Análisis de Componentes Principales, Análisis Factorial, Índices de estabilidad.

ANÁLISIS DE CONGLOMERADOS CON RESTRICCIÓN ESPACIAL PARA CARACTERIZAR LAS CONDICIONES DE VIDA DE LOS HOGARES DE VILLA MARÍA

Videla, M.E.^{1,3}; Ribero, V.¹; Oviedo, J.¹; Lucarelli, D.^{1,2}; Gill, M.^{1,2}; Salvatierra, P.^{1,3}

¹Centro Estadístico Local y Regional de la Municipalidad de Villa María. Córdoba, Argentina.

²Municipalidad de Villa María. Córdoba, Argentina.

³Universidad Nacional de Villa María. Córdoba, Argentina.

salvatierrapaolaluciana@gmail.com

Las condiciones de vida dependen de múltiples variables de tipo sociodemográficas, económicas, culturales, entre otras. Conocer la distribución territorial de estos factores determinantes de las condiciones de vida de los ciudadanos, facilita la planificación de políticas públicas específicas. El objetivo de este trabajo fue agrupar a los hogares de Villa María, teniendo en cuenta su distribución territorial, respecto a sus condiciones de vida a partir de 20 variables entre las que se destacan: cantidad de ocupados, desocupados e inactivos del hogar, cantidad de necesidades básicas insatisfechas, nivel de instrucción de los individuos del hogar, características, calidad y tenencia de la vivienda. Los datos fueron provistos por el Centro Estadístico de la ciudad y las unidades de análisis fueron los hogares que pertenecen a la muestra de la ETH (Encuesta Trimestral de Hogares), programa que recopila datos a nivel local cada tres meses y de manera georreferenciada. Para identificar agrupamientos, se aplicó el método fuzzy k-means con restricción espacial para $k=2$ a $k=6$ grupos y se utilizaron tres índices de sección de número de grupos: coeficiente de partición, índice de entropía de la clasificación y el índice de Xie-Beni. Para caracterizar los conglomerados obtenidos, se aplicó una técnica de reducción de dimensionalidad. Aplicar técnicas multivariadas y de estadística espacial, permitió identificar patrones espaciales de los hogares de la ciudad con características particulares que determinan las condiciones de vida de los individuos.

Palabras clave: Condiciones de vida, hogares, conglomerados, patrones espaciales.

TRATAMIENTO DE UNA BASE DE DATOS INCOMPLETA PARA EL ANÁLISIS DEL CONTENIDO DE SILICIO EN SUELOS DEL SUDESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Natal, M.N.¹; Patat, M. L.¹; Chaparro, M. A. E.^{1,2}; Borrelli, N.³

¹Centro Marplatense de Investigaciones Matemáticas- Universidad Nacional de Mar del Plata (CEMIM-UNMDP)

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

³Instituto de Geología de Costas y del Cuaternario (IGCyC, FCEyN-UNMDP), Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC.CONICET-UNMDP)

mnatal@mdp.edu.ar

El presente análisis surge a partir del estudio sobre el ciclo biogeoquímico del silicio realizado por un grupo de investigadores biólogos de nuestra facultad, UNMDP. El silicio es considerado un elemento esencial para el desarrollo de algunas plantas y para el mantenimiento de propiedades físicas de los suelos. Este elemento forma parte de componentes inorgánicos y biogénicos que poseen distintas tasas de degradación de acuerdo a su génesis y estructura interna. Los biólogos analizaron el rol de dichos componentes como posibles fuentes de silicio en suelos del sudeste bonaerense, mediante ensayos de degradación en condiciones diferentes de pH. Se obtuvo una base de datos de 456 observaciones. La variable cuantitativa explicada es el contenido de silicio medida mediante ICP y como variables explicativas: tipo de muestra (vegetación, diatomita, cenizas, suelos), tipo de vegetación (gramíneas, acacias, eucalipto, celtis), fracción del suelo (silice amorfa, pesada), tiempo (6 u 12 meses) y pH con 4 categorías. El objetivo del trabajo es analizar el contenido de sílice utilizando metodología estadística paramétrica y no paramétrica. Entre otros resultados, se encontraron diferencias estadísticamente significativas del contenido de silicio con respecto a tiempo, pH y tipo de muestra; mientras que la distribución de silicio no varió entre dos determinados tipos de vegetación. Un problema en la base de datos es la aparición de un 25% de valores faltantes, por lo cual otro objetivo del presente trabajo es aplicar y comparar diferentes metodologías estadísticas (métodos de imputación) para su tratamiento.

Palabras clave: imputación, datos faltantes, silicio

CONCORDANCIA EN LA CLASIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE QUÍNOA SEGÚN SU RESPUESTA A LA TEMPERATURA

Curti, R.^{1,2}; Sühring, S.¹

¹Universidad Nacional de Salta, Facultad de Ciencias Naturales, Cátedra de Estadística y Diseño Experimental.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

ssuhring@gmail.com

La selección de genotipos tolerantes a altas temperaturas (AT) requiere una clasificación de su respuesta a este factor. Se determinó que el modelo de regresión de 3 tramos con meseta resultó mejor para describir la respuesta en 191 genotipos de quínoa. Con base en los parámetros del modelo se hicieron dos clasificaciones. En la primera se evaluó si los parámetros β_1 (velocidad de desarrollo), G y H (inicio y fin de llenado de grano) mostraban diferencias entre los tratamientos de AT y control (CT) en cada genotipo, usando esos resultados se establecieron 4 categorías: estables (= β_1 , G y H), acelerados en CT ($> \beta_1$ en CT, = G y H), acelerados en AT ($> \beta_1$ en AT, = G y H) y cruzada ($\neq \beta_1$, G y H). En la segunda se usaron los scores del eje 1 (explicado en 53% por β_1 , G y α) y del eje 2 (explicado en 32% por β_2 y H) del ACP realizado sobre los parámetros, comparándolos entre AT y CT para cada genotipo y definiendo las mismas categorías según el criterio: estables (=signo de scores en ambos ejes), acelerados en CT o AT (scores positivo para CT o para AT en ambos ejes o en uno de ellos respectivamente, =signo en el otro eje) y cruzada (scores con signos opuestos para cada eje, pero no coincidentes). Para evaluar la concordancia entre las clasificaciones se usó la prueba chi cuadrado y los coeficientes Kappa y Cramer. Ambas clasificaciones permitieron categorizar las respuestas genotípicas. Aunque hubo concordancia, la basada en los scores del ACP no permitió clasificar correctamente los genotipos con respuesta cruzada o con respuesta acelerada en AT. Esto podría deberse a que en la primera clasificación no se considera β_2 .

Palabras clave: componentes principales, chi cuadrado, velocidad de desarrollo, estabilidad de genotipos, modelo de regresión no lineal.

Área: Modelación estadística datos normales

MODELOS MIXTOS PARA EL ESTUDIO DE FACTORES DE ASOCIACIÓN A LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE PROTEÍNAS DEL MICROAMBIENTE TUMORAL ADIPOSO

González Garello, T.¹; Pagnotta, P.^{2,3}; Fletcher, S.²; Dreszman, R.⁴; Crosbie, M. L.⁵; Santiso, N.⁵;
Ursino, A.⁵; Frascarolli, C.⁵; Amato, A.⁵; Calvo, J. C.^{2,3}; Toneatto, J.²

¹Universidad de Buenos Aires (UBA)-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEN), Grupo de Bioestadística Aplicada, CABA, Argentina

²CONICET y Técnicas, Instituto de Biología y Medicina Experimental, CABA, Argentina

³UBA, FCEN, Departamento de Química Biológica, CABA, Argentina

⁴Clinica de Microcirugia, CABA, Argentina

⁵Complejo Medico Policial Churruca-Visca, CABA, Argentina

tomas21.gg@gmail.com

El cáncer de mama es la causa más común de muerte por cáncer en mujeres a nivel mundial. El estudio de la enfermedad se realiza principalmente caracterizando factores asociados a la aparición y progreso de la enfermedad. Sin embargo, son poco comunes los estudios que evalúen eventos de asociación a través de un enfoque multinivel. El objetivo de este trabajo es estudiar la expresión de dos proteínas (plin1 y FABP4) en el microambiente adiposo en función de la cercanía al tumor, evaluando a la vez en un único modelo la asociación con predictoras a nivel tisular y a nivel de individuo. Como variable respuesta, contamos con datos de expresión de plin1 y FABP4, provenientes de tejido cercano y lejano al tumor de 29 pacientes con cáncer de mama. Las variables predictoras son la cercanía al tumor (cercana/lejana), la clasificación de origen (3 niveles) y la clasificación hormonal (2 niveles) del tumor, y la edad, el índice de masa corporal (IMC) (3 niveles) y el estado menopáusico de la paciente (2 niveles). Al haber dos datos por paciente, ajustamos un modelo mixto de regresión múltiple y realizamos comparaciones a posteriori cuando fue necesario. La expresión de ambas plin1 y FABP4 varió significativamente respecto al tipo de tumor según su origen, en donde los niveles “ductal invasivo” y “ductolobulillar” difirieron (p valor < 0,05). En el caso de plin1, resultó significativa la interacción entre la cercanía al tumor y el IMC, en donde la expresión varió según la cercanía al tumor sólo en pacientes con sobrepeso, habiendo mayor expresión en el nivel lejano (p valor < 0,05)

Palabras clave: Diseño de Parcela Dividida, Marcadores Tumorales, Regresión Múltiple, Cáncer de mama.

COMPARACIÓN DE MODELOS ESTADÍSTICOS EN GWAS CON DIFERENTES VARIABILIDADES ENTRE AMBIENTES

Bortolotto, E.B.¹; Bruno, C.^{2,3}

¹Doctorado en Estadística. Facultad de Ciencias Económicas y Estadística. Universidad Nacional de Rosario (UNR), Rosario, Argentina.

²Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Argentina. Ing. Agr. Félix Aldo Marrone 746. Ciudad Universitaria, Córdoba, Argentina.

³Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA - CONICET), Córdoba, Argentina.

bortolotto.eugenia@gmail.com

Para evaluar el comportamiento de los modelos de mapeo asociativo (AM) frente a la detección de falsos positivos en casos donde existe heteroscedasticidad entre ambientes (A) se simuló una base de datos con el paquete xbreed de R. La simulación emuló un genoma vegetal de ocho cromosomas, 10 mil marcadores SNP y dos mil loci de caracteres cuantitativos (QTL) posicionados aleatoriamente. Además, se simuló un carácter fenotípico en dos ambientes (A1 y A2) con tres repeticiones, considerando un término de error aleatorio con distribución normal, media cero y tres niveles de heterogeneidad de variancias. En primer lugar, $\sigma^2 = 0.25$ en ambos A; luego $\sigma_{A1}^2 = 0.25$ y $\sigma_{A2}^2 = 2.25$ en A1 y A2, respectivamente; y finalmente $\sigma_{A1}^2 = 0.25$ y $\sigma_{A2}^2 = 12.25$. Para modelar la heterocedasticidad se ajustaron Modelos Lineales Mixtos (MLM) considerando el A como efecto fijo y el Genotipo (G) y la interacción (A×G) como aleatorios. A su vez, diferentes estructuras de variancia fueron evaluadas a través del criterio de información Akaike (AIC). Se estimaron los BLUPs (Best Linear Unbiased Predictors). Se compararon siete modelos AM: modelo lineal general con PCA (Principle Component Analysis), MLM con PCA+K (Matriz de parentesco), MLM-comprimido, MLM-comprimido enriquecido, acuerdo de MLM bajo una relación progresivamente exclusiva (SUPER), Multiple loci MLM, y unificación de probabilidad circulante de modelo fijo y aleatorio (FarmCPU). Se examinaron gráficos de cuantiles. Los modelos MLM-PCAK, CMLM y ECMLM fueron los que arrojaron menos falsos positivos en los distintos escenarios simulados.

Palabras clave: marcadores moleculares, interacción genotipo por ambiente, heterocedasticidad.

MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA A BACTERIOSIS EN MAÍZ

Ruiz, M.^{1,2}; Rossi, E.A.^{1,2}; Bonamico, N. C.^{1,2}; Balzarini, M.^{3,4}

¹Universidad Nacional de Río Cuarto, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Cátedra de Mejoramiento Genético. Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

²Instituto de investigaciones agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

³Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Estadística y biometría. Córdoba, Argentina.

⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (INTA-CONICET). Córdoba, Argentina.

mruiz@ayv.unrc.edu.ar

La selección genómica (SG) considera que los loci que codifican la expresión de caracteres cuantitativos están ligados con un marcador molecular. La SG permite predecir la performance de un genotipo (GEBV) para los caracteres ligados. La eficiencia de la SG puede evaluarse mediante la correlación entre los fenotipos observados y la predicción de su GEBV. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos modelos estadísticos de predicción de GEBV respecto a la reacción de genotipos de maíz frente a una bacteriosis emergente en el Sur de Córdoba. Se evaluó la severidad promedio de parcela en una población de 200 líneas de maíz de germoplasma exótico evaluada en ensayos a campo en cinco ambientes. Para la evaluación fenotípica se usó un diseño p-rep con un 25% de los genotipos repetidos en cada ambiente. La información genotípica consistió en 27952 SNP distribuidos en los 10 cromosomas de maíz. Para obtener las predicciones de GEBV, se usaron los modelos RR-BLUP y BayesB que fueron comparados mediante la eficiencia de la SG derivada de un esquema de validación cruzada. En RR-BLUP los marcadores se consideran como efectos aleatorios y cada marcador contribuye con un efecto aditivo igual a la varianza genética promedio por marcador. En BayesB, el método asume una distribución a priori de los efectos de cada marcador. Con ambos modelos se obtuvo una adecuada predicción de la estimación para identificar los genotipos más resistentes. El germoplasma evaluado es una valiosa fuente de resistencia para el mejoramiento genético tendiente a disminuir los daños por bacteriosis en maíz.

Palabras clave: RR-BLUP, BayesB, GEBV.

ORDENAMIENTO DE GENOTIPOS EN GRÁFICOS BILOT A PARTIR DE BASES DE DATOS INCOMPLETAS

Bruno, C.^{1,2}; Balzarini, M.^{1,2}

¹Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Argentina. Ing. Agr. Félix Aldo Marrone 746. Ciudad Universitaria, Córdoba, Argentina.

²Grupo de Estadística vinculado. Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA - CONICET), Córdoba, Argentina.

cebruno@agro.unc.edu.ar

Los modelos AMMI son usados para explorar la interacción genotipo×ambiente (GE) en ensayos multiambientales con bases de datos completas. Estos modelos permiten ordenar los genotipos (G) acorde a su comportamiento a través de los ambientes (E) en un plano factorial óptimo construido con las dos primeras componentes principales extraídas de una matriz de residuos estimados con un modelo aditivo de efectos fijos (AMMI-biplot). Una alternativa es considerar el efecto de GE como aleatorio en un modelo lineal mixto (MLM) con matriz de varianza-covarianza del tipo *factor analytic* (FA). En este trabajo presentamos un FA-biplot construido desde los valores de G derivados de un MLM-FA. El objetivo del presente trabajo es evaluar el consenso entre el ordenamiento de G obtenidos desde un AMMI-biplot bajo bases de datos completas respecto a un FA-biplot obtenido bajo niveles crecientes de incompletitud de G. Los ordenamientos de los G fueron evaluados durante tres años en la Red de ensayos comparativos de rendimiento de trigo en argentina (RET-INASE). Para cada conjunto de datos, el grado de G faltantes varió entre 5 al 50%, eliminando, en el último año, el G de menor rendimiento de todos los E. El consenso de la ordenación de G fue evaluada por un Análisis de Procrustes Generalizado. El ordenamiento de los G resultante obtenido por FA-biplot, después de remover los otros G, mostró un alto consenso con el AMMI-biplot. El FA-biplot, obtenido desde MLM con efecto aleatorio de GE y matriz de covarianza FA permitió un ordenamiento robusto bajo bases de datos con valores faltantes.

Palabras clave: interacción genotipo por ambiente, datos desbalanceados, análisis factorial, modelos lineales mixtos.

MODELOS LINEALES MIXTOS MULTICARACTER Y MULTIAMBIENTAL EN LA SELECCIÓN DE VARIEDADES DE TRIGO

Conde, M. B.¹; Bruno, C.^{2,3}; Vanzetti, L.^{1,4}; Magnano, L.⁵

¹INTA EEA Marcos Juárez

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría. Córdoba, Argentina.

³Grupo de Estadística y Biometría Vinculado. Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA). INTA. CONICET.

⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

⁵INTA EEA Oliveros

[Mail de contacto: conde.maria@inta.gob.ar](mailto:conde.maria@inta.gob.ar)

El trigo es el tercer cultivo de mayor importancia económica en Argentina y se observa que la ganancia genética, especialmente en rendimiento, de los nuevos cultivares ha mostrado signos de estancamiento. Debido a que muchos de los caracteres de interés agronómico están correlacionados, la selección de genotipos basada en un solo carácter puede ser sesgada. Además, si las variedades han sido evaluadas en múltiples ambientes el efecto de la interacción genotipo×ambiente es de relevancia y debe ser incluida. El objetivo de este trabajo es ordenar variedades de trigo en cuanto a su desempeño a través de múltiples caracteres de adaptación y componentes de rendimiento evaluadas en ensayos comparativos de rendimiento. Se utilizó una colección de 102 variedades comerciales de trigo pan que incluye genotipos liberados desde 1934 hasta 2010. Los experimentos de campo se llevaron a cabo durante 6 años (2011-2016) en la Estación Experimental INTA Marcos Juárez. La colección se evaluó para caracteres de adaptación del cultivo: fecha de espigazón y altura de la planta, y caracteres de componente de rendimiento: Índice de fertilidad de espiga, número de granos por espiga y pesos de mil granos. Se analizaron los datos con modelos lineales mixtos y se obtuvieron las mejores predicciones lineales insesgadas (BLUPs) del comportamiento de las variedades en modelos de un carácter y multicaracter. Se compararon los modelos, mostrando ventajas el modelo multicaracter, el cuál aporta al programa de mejoramiento la posibilidad de seleccionar genotipos por diversas cualidades simultáneamente.

Palabras clave: BLUPs, interacción genotipo×ambiente, modelación estadística, correlación, ensayos comparativos de rendimiento

COMPARACIÓN DE ESTRATEGIAS DE MODELACIÓN TEMPORAL EN ENSAYOS DE ESPACIAMIENTO DE LARGO PLAZO EN EUCALYPTUS PARA MEJORAR EFICIENCIA EXPERIMENTAL

*Siri, P.¹; Bruno, C.²; Balzarini, M.²; Benitez, V.³; Posse, J. P.⁴; Hirigoyen, A.⁵; Fedrigo, J. K.;
Gonzalez, P.¹*

¹Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Departamento de Estadística Biometría y Computación.

²Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Cátedra de Estadística y Biometría. Córdoba, Argentina.

³PDU Agroforestal, Casa de la Universidad de Cerro Largo, UdelaR, Bañados de Medina, Uruguay.
²Centro Universitario de Tacuarembó, UdelaR.

⁴Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) Tacuarembó. Ruta 5 Km 386, Uruguay.

⁵Asesor independiente.

paulina.sirip@gmail.com

El creciente desarrollo y expansión de los sistemas forestales en Uruguay se encuentra frente a una fuerte demanda de recursos. Estudiar el efecto de diferentes marcos de plantación y su relación con el material genético resulta clave para mejorar la performance de dichos sistemas. El objetivo de este trabajo fue comparar diferentes estrategias de análisis para un ensayo de evaluación de densidades y materiales genéticos en Eucalyptus de 19 años de antigüedad evaluados anualmente. En particular, se espera evaluar estrategias de modelación temporal (CS y AR(1)) en el contexto de modelos mixtos, trabajando a nivel de parcela y árbol. Se compararon diferentes estructuras de varianzas y covarianzas, siendo la mejor estrategia seleccionada en función de AIC y el error estándar de las medias. El diseño experimental fue de bloques completos al azar, evaluando 14 tratamientos en dos grupos: baja densidad, evaluando su interacción con dos materiales genéticos en un diseño de parcelas divididas; y alta densidad, evaluado en árboles provenientes de semillas. Las variables evaluadas fueron DAP y volumen individual. Los resultados indican que al estimar las correlaciones por parcela se subestima la correlación entre los datos y que cambian las varianzas de las estimaciones. El uso de información individual muestra mejorar en la performance de los modelos en términos de AIC, a la vez que aumentó la potencia de la prueba y se pudieron detectar más diferencias entre las medias de tratamientos. En particular, AR(1) mostró superioridad sobre CS. Fue posible identificar tratamientos superiores en términos de productividad, siendo este un insumo relevante para el diseño de nuevas plantaciones a nivel local.

Palabras clave: Forestación, diseño experimental, variabilidad temporal.

Área: Modelación estadística datos no normales

ASOCIACIÓN ENTRE CLIMA Y ACTIVIDAD FÍSICA, Y EL ROL MODULADOR DEL NIVEL SOCIOECONÓMICO EN ADULTOS DE ARGENTINA

Rozenblit, V.¹; De Roia, G.²; Lobo, P.²; Pérez, A.¹

¹Universidad Nacional de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Grupo de Bioestadística Aplicada, Argentina

²Universidad de Flores, Laboratorio de Estudios en Actividad Física (LEAF), Buenos Aires, Argentina

valentin.rozenblit@gmail.com

La insuficiente actividad física (IAF) es el cuarto factor de riesgo de morbimortalidad por enfermedades no transmisibles. La reducción de la prevalencia de IAF es un desafío mundial mediado por barreras y facilitadores a la práctica de actividad física (AF). Se sabe que diversos factores como el nivel socioeconómico (NSE) inciden sobre la realización de AF, pero menos es conocido sobre la relación con el clima. Estudiamos la relación entre AF baja y variables climáticas según NSE. Se trabajó con la Encuesta Nacional de Factores de Riesgo 2018, conformada por una muestra con cobertura nacional de 29224 individuos mayores de 18 años. Se implementaron regresiones logísticas para analizar la relación entre AF baja, variables climáticas a escala provincial (temperatura media anual (TMA) y precipitación media anual (PMA)) y NSE a escala individual (quintil de ingresos), controlando por sexo y edad. Se encontró interacción entre quintil de ingresos y TMA ($p < 0.001$). A mayor TMA, mayor proporción de personas con baja AF, siendo más fuerte esta asociación a menores ingresos. La asociación con PMA fue inversa, sin cambios según NSE. Se concluye que las desigualdades en ciertas variables climáticas amplifican las desigualdades en conductas saludables, sugiriendo la necesidad de oportunidades de AF que no se vean afectadas por el clima

Palabras clave: Regresión Logística, Modelos Lineales Generalizados, Insuficiente Actividad Física, Factores Climáticos, Datos Públicos

MODELOS DE PREDICCIÓN PARA ESTIMAR LA INCIDENCIA DE PREECLAMPSIA Y ECLAMPSIA A PARTIR DE UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA

Bartolelli, G.^{1,2}; Cuesta, C.¹; Abalos, E.³

¹IITAE, Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, Universidad Nacional de Rosario

²Centro Rosarino de Estudios Perinatales

³Maternidad Martín, Secretaría de Salud Pública, Rosario

gino.bartolelli@fcecon.unr.edu.ar

Entre los años 2019 y 2020 se llevó a cabo una Revisión Sistemática (RS) con el fin de cuantificar la incidencia de algunas enfermedades relacionadas a desórdenes hipertensivos del embarazo (entre ellas, preeclampsia y eclampsia). En el análisis de la información proveniente de la RS se incluyeron 176 artículos que brindaban información sobre 50.390.920 mujeres de 71 países. Siendo el objetivo realizar estimaciones a nivel global y regional (AFRO, AMRO, EMRO, EURO, SEARO, WPRO), se propuso predecir las incidencias en los países no incluidos en la RS para luego, en función de esos resultados, estimar las incidencias en cada región. Las predicciones a nivel país se obtuvieron a partir de dos metodologías: regresión logística (RL) y *random forest* (RF). En ambos casos se consideraron como variables explicativas indicadores macroeconómicos, características poblacionales y variables relacionadas a la salud general y materna del país. Para comparar los procedimientos de predicción se calculó la correlación entre valores observados y predichos, las estadísticas PRESS, Deviance y Chi-cuadrado. En este trabajo se presenta la comparación entre RL y RF en función de estas estadísticas y las ventajas y desventajas de cada una de ellas. Las incidencias regionales y la global, junto a sus intervalos de incertidumbre, se obtuvieron a través de un procedimiento *bootstrap*. Finalmente, las estimaciones basadas en modelos se compararon con las obtenidas en forma “cruda” (usando un metanálisis de la información extraída de la RS ponderando por el inverso de la variancia en cada estudio).

Palabras clave: modelos de predicción, meta-análisis de incidencias, estimaciones globales.

ESTUDIO DEL USO DE SUSTANCIAS INOCUAS CON CAPACIDAD FUNGICIDA Y/O INDUCCION DE DEFENSA EN PERAS, MEDIANTE ANALISIS DE CORRESPONDENCIA Y MODELO LOGIT

Haique, A. K.¹; Rubio, N.¹; Basso, C.²

¹Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Economía y Administración, Departamento de Estadística. Neuquén, Argentina.

²Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Ciencias Agrarias, Neuquén, Argentina.

anahaique@gmail.com

En el marco del Proyecto “Enfermedades emergentes de importancia económica en frutales de pepita en los valles de Río Negro y Neuquén”, se realizaron experiencias de aplicación de sustancias inocuas para control de hongos y/o inducción de defensa en peras. Se identificó como variable de respuesta, el Estado de la fruta en dos categorías: Podredumbre y Sano y como variable regresora Tratamiento en sus cuatro niveles: Control, Biofrut500, Biofrut100 y Timorex; el primero desinfectante orgánico y el segundo fungicida natural. En el análisis exploratorio se realizó un test de independencia en donde el Estado de la fruta resultó significativamente dependiente del Tratamiento. Luego se procedió al análisis de correspondencia que concluyó que las tres estrategias tendrían similar efecto en el estado de la fruta, aunque se destaca que el Estado Sano se asocia principalmente a Timorex. El modelo logit se planteó tomando como variable de respuesta Proporción de Podridos por bin y regresora Tratamiento. Las pendientes resultaron negativas salvo para la categoría Control. De la interpretación de dichas pendientes se pudo informar que las chances de observar podredumbre disminuyen un 20,2% si se emplea Biofrut500, un 28,5% para Biofrut100 y un 30,5% si se emplea el tratamiento Timorex.

Palabras clave: análisis de correspondencia simple, modelo logit, control de hongos.

ANÁLISIS DE SUPERVIVENCIA EN EL SOFTWARE INFOSTAT: MODELO DE COX PARA EVENTOS RECURRENTE

Tablada, E.M.; Di Rienzo, J. A.; Morales, C. D.

Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuaria, Universidad Nacional de Córdoba

m.tablada@agro.unc.edu.ar

El estudio del tiempo hasta la ocurrencia de un resultado (muerte, falla, desempleo, reincidencia) se refiere como análisis de sobrevivencia (o supervivencia) y tiene amplio campo de aplicación (medicina, agronomía, industria, etc.). El modelo de regresión de Cox se usa para estudiar los efectos de variables explicativas sobre los riesgos de ocurrencia del evento. Este modelo asume que los tiempos hasta el evento son independientes entre individuos diferentes y que todos los individuos están en riesgo hasta que sucede el evento. Pero, esto no puede sostenerse cuando el evento puede presentarse más de una vez en un mismo individuo; es decir, cuando se trata de eventos recurrentes. El modelo de Cox para el tiempo al primer evento no considerará eventos subsiguientes y tampoco los tiempos entre ocurrencias. Para aplicar Cox a eventos cuyos tiempos de ocurrencia pueden estar correlacionados, los tiempos se registran mediante intervalos de riesgo de modo que las recurrencias no dependan de las ocurrencias previas. Cada intervalo es tratado como correspondiente a individuos diferentes. Continuando el desarrollo de aplicaciones para epidemiología hemos incorporado, en el módulo Supervivencia de InfoStat, el ajuste del modelo de Cox para eventos recurrentes, para intervalos de riesgo con tiempo inicial y tiempo final respecto al inicio del seguimiento. El usuario dispone de datos de prueba y documentación con conceptos y ejemplos. Se reportan las estimaciones de los coeficientes de regresión y de los cocientes de riesgos. La incorporación aporta a una oferta competitiva del software.

Palabras clave: tiempo de falla, repetición del evento, modelo de riesgos proporcionales, programa estadístico.

Área: Modelos bayesianos

DEPREDACIÓN POST DISPERSIVA COMO FILTRO BIÓTICO EN LA COMUNIDAD DEL BOSQUE ANDINO PATAGÓNICO

Campagna, M. S.¹; Barberá, I.¹; Morales, J. M.²; Morán-López T.^{1,3}

¹Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente – CONICET – Universidad Nacional del Comahue, Quintral 1250, Bariloche, 8400, Argentina.

²School of Biodiversity, One Health and Veterinary Medicine, University of Glasgow, University Avenue, Glasgow, G12 8QQ, Reino Unido.

³Departamento de Biología de Organismos y Sistemas (BOS)—Universidad de Oviedo y Unidad, Mixta de Investigación en Biodiversidad (CSIC-Uo-PA), Asturias, España.

sofiacampagna@comahue-conicet.gob.ar

La depredación post dispersiva de semillas es un filtro a la naturalización de plantas exóticas. Las decisiones de forrajeo de los granívoros pueden verse afectadas por el tamaño de las semillas y su abundancia relativa en el paisaje. A su vez, esto está modulado por la estructura de la vegetación. Evaluamos el efecto de estas variables sobre las tasas de depredación de especies de plantas nativas y exóticas. Realizamos un experimento de cafetería, con semillas de siete especies de plantas, ofreciendo de a cuatro especies en plots pareados, con y sin cobertura vegetal. Por ser un experimento sin reposición, asumimos una distribución hipergeométrica de Wallenius para el número de semillas consumidas de cada especie. Modelamos la probabilidad de selección de cada especie de planta en función del tamaño de su semilla, su abundancia y de la cobertura vegetal utilizando un enlace logit multinomial. Incluimos un término cuadrático para el tamaño e interacciones entre cobertura vegetal y las demás covariables. Ajustamos el modelo con enfoque bayesiano. El tamaño mostró un efecto cuadrático, sugiriendo que las especies más consumidas son aquellas de tamaños intermedios, mientras que aquellas con semillas pequeñas o grandes tendrían más probabilidad de pasar el filtro. No encontramos efecto de la abundancia lo que indica que las especies invasoras con baja presión de propágulos no tienen una ventaja con respecto a las nativas. Respecto a la cobertura, si bien la depredación fue menor en zonas abiertas, los patrones de selección fueron coherentes independientemente de la cobertura.

Palabras clave: distribución hipergeométrica, granivoría, experimento de cafetería, tamaño de semilla, inferencia bayesiana.

PATRONES ESPACIALES DE LA DOBLE CARGA DE MALNUTRICIÓN A NIVEL INDIVIDUAL EN LA POBLACIÓN INFANTIL EN ARGENTINA

Flaibani, N.^{1,2}; Pérez, A. A.¹; Cueto, G.^{1,2}

¹Grupo Bioestadística Aplicada. Departamento de Ecología, Genética y Evolución. Instituto de Cálculo. Universidad de Buenos Aires

²Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Universidad de Buenos Aires. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.

n.flaiiba@hotmail.com

La malnutrición constituye un grave problema para la salud humana, siendo más crítica en edades tempranas. La doble carga de malnutrición (DCM) se define como la co-ocurrencia de desnutrición y exceso de peso entendida en diferentes niveles (individuo, familia y población). El objetivo del trabajo fue estudiar la variación de la prevalencia de la DCM a nivel individual, definida como la prevalencia conjunta de baja talla para la edad y sobrepeso, en menores de 5 años con cobertura exclusiva del sistema de salud público del país, beneficiarios del Programa Sumar, en el año 2019. Se aplicaron modelos geoespaciales con métodos de estimación bayesianos empleando una distribución binomial para prevalencia de la DCM, incluyendo como covariables la edad promedio y la proporción de varones. Los modelos fueron realizados con la librería INLA del entorno R y se realizaron estudios de sensibilidad para determinar la robustez de los resultados. A nivel nacional, se estimó una proporción de DCM de 1,91% (Intervalo de credibilidad 1,81-2,16%), la cual se asoció positivamente con la edad promedio de los infantes del departamento y presentó una marcada estructura espacial que, según el método de Besag-York-Mollie, representa el 61,09% de variación aleatoria de la DCM. Las zonas con mayores prevalencias (4% en promedio) fueron Neuquén, norte de Córdoba, sur de Santiago del Estero, y norte y sur de Buenos Aires. Este estudio permitió identificar las zonas más afectadas para este emergente problema nutricional, constituyendo el primer registro para el país.

Palabras claves: doble carga de malnutrición, INLA, modelos espaciales

ANÁLISIS DEL CONSUMO DE FRUTAS Y VERDURAS A ESCALA PROVINCIAL EN ARGENTINA MEDIANTE EL AJUSTE DE MODELOS BAYESIANOS CON ESTRUCTURA ESPACIAL

Safarian, M. J.¹; Cueto, G.^{1,2}; Pérez, A.¹; Bruveris, A. P.³; Fernández, M. S.^{1,2}

¹Grupo de Bioestadística Aplicada, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina (GBA, FCEyN-UBA).

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas de Argentina, Argentina (CONICET).

³Facultad de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad Nacional del Comahue.

safarianjazmin@gmail.com

Una alimentación inadecuada constituye un factor de riesgo para enfermedades no transmisibles, las cuales son la principal causa de mortalidad en Argentina. A partir del análisis de datos de la Encuesta Nacional de Factores de Riesgo (ENFR) 2018, se estima que solo el 22% de la población adulta alcanza el consumo recomendado por la OMS de al menos 400g diarios de frutas y verduras. El objetivo de este trabajo es analizar la variación espacial del consumo de frutas y verduras en adultos de Argentina, a escala provincial. Se trabajó con datos de la ENFR 2018, conformada por 29.224 individuos mayores de 18 años de 26 aglomerados urbanos del país. Se ajustaron modelos para la proporción de individuos que cumplen la recomendación de la OMS por provincia (pCAFV) utilizando métodos de estimación bayesianos usando “Integrated Nested Laplace Approximations”, con distribución Binomial. Se incluyó a la edad promedio y la proporción de varones (ambas centradas) de cada provincia como variables de control y la cercanía espacial se incorporó a partir de una matriz de adyacencia entre provincias. El modelo con el componente espacial propuesto por Besag-York-Mollie fue el que presentó el mejor ajuste (Δ DIC=393 con respecto al modelo sin componente espacial). La pCAFV en Argentina presenta una fuerte estructura espacial (98% de la varianza aleatoria), siendo la región sur la de mayor consumo y la noroeste la de menor. Estos resultados aportan evidencia de que los determinantes de CAFV están estructurados espacialmente.

Palabras clave: Consumo de Frutas y Verduras, Modelos geoespaciales, INLA.

MODELACIÓN CONJUNTA DE LA RELACIÓN CLIMA Y ENFERMEDAD EN CULTIVOS AFECTADOS POR UN MISMO PATÓGENO

Suarez, F.¹; Gómez Montenegro, B.^{1,3}; Paccioretti, P.²; Giannini Kurina, F.¹; Torrico, A. K.^{1,3};
Giménez Pecci, M. P.^{1,3}; Giolitti, F.^{1,3}; Alemandri, V.^{1,3}; Balzarini, M.^{1,2}

¹Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA-INTA-CONICET), Av. 11 se septiembre 4755, C.P. 5020, Córdoba, Argentina.

²Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Instituto de Patología Vegetal (INTA-IPAVE).

suarezfranco@agro.unc.edu.ar

La convergencia de cultivos susceptibles a una misma virosis en una región y año puede resultar informativa sobre la relación clima-presencia del virus. El objetivo fue modelar la relación de variables climáticas con la presencia de Wheat Streak Mosaic Virus (WSMV) y High Plains Wheat Mosaic Virus (HPWMoV) en cultivos de maíz (Mz) y trigo (Tg). Se usó información de cada virus proveniente de muestras de estos cultivos entre los años 2006-2022. Para cada virus se generó un registro georreferenciado de presencia/ausencia según año, localidad de muestreo, y usando la plataforma ERA5 117 variables biometeorológicas. Se identificó la importancia de cada variable climática para cada patosistema con el algoritmo boruta y la selección de variables stepwise. La distribución de la presencia de estos virus se modeló con una regresión bayesiana de efectos mixtos y estructura espacial conjunta de las muestras sobre Tg y Mz. Los resultados indicaron, para ambos virus, que la modelación conjunta permitió aumentar la capacidad predictiva de la presencia de uno o ambos virus en relación al clima, respecto a la obtenida en modelos marginales con las mismas regresoras. Las variables biometeorológicas que favorecieron la presencia de virus a través de los años fueron precipitaciones bajas en enero y marzo para WSMV en Tg. Precipitaciones altas en agosto y velocidades del viento bajas en septiembre para WSMV en Mz. Para HPWMoV las variables fueron, precipitaciones elevadas en enero y temperaturas bajas en junio para Tg y en Mz precipitaciones altas en enero y temperatura de punto de rocío altas en mayo.

Palabras clave: Virosis en cereales, Variables biometeorológicas, R-INLA.

Área: Modelos no lineales y suavizados

MODELOS DE REGRESIÓN PARA PARAMETRIZAR EL DESARROLLO FENOLÓGICO DE QUÍNOA EN ALTA TEMPERATURA

Alonso, F.¹; Sühling, S.²; Fonteñez, S.³; Bramardi, S.⁴; Zhang H.⁵; Bertero, H.D.^{1,6}; Curti, R.^{2,6}

¹Universidad de Buenos Aires, Facultad de Agronomía, Departamento de Producción Vegetal/Cátedra de Producción Vegetal. Argentina.

²Universidad Nacional de Salta, Facultad de Ciencias Naturales, Cátedra de Estadística y Diseño Experimental. Argentina.

³Universidad Nacional de Salta, Facultad de Ciencias de la Salud, Cátedra de Bioestadística. Argentina.

⁴Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Economía, Departamento de Estadística, Argentina.

⁵Plant Stress Center, Chinese Academy of Sciences (CAS), China.

⁶Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

rcurti@agro.uba.ar

La temperatura determina el fitness biológico de un organismo ya que controla el tiempo de los eventos de su desarrollo (fenología). Se ajustaron modelos lineales y no lineales segmentados con distinta complejidad para capturar la respuesta fenológica a la temperatura (alta, AT y control, CT) de 272 genotipos de quínoa. Se analizó el número de días a cada evento registrado en un experimento en arreglo factorial con 3 bloques. Para seleccionar el modelo con mejor ajuste y más parsimonioso para la mayoría de los tratamientos se utilizaron 3 criterios de información. Primero se ordenaron los modelos según el ECMP. Cuando hubo empate se usó el AIC y por último el BIC para decidir. Los modelos segmentados tuvieron mejor ajuste, en particular el de tres tramos con meseta capturó las respuestas en $\approx 70\%$ de los tratamientos. Los parámetros de ese modelo permitieron diferenciar y categorizar la respuesta fenológica resultando que el 63% de los genotipos fueron estables, el 19% presentó aceleración en CT, el 11% aceleración en AT y el 7% tuvo una respuesta cruzada (aceleración primero en CT y luego en AT o viceversa). La amplitud de respuestas mostrada por estos genotipos revela que existe variabilidad genética que puede ser utilizada en el desarrollo de nuevas variedades de quínoa tolerantes a temperaturas elevadas explotando la plasticidad fenotípica de los procesos de desarrollo. Los modelos de regresión resultaron útiles para parametrizar y categorizar la respuesta fenológica a la alta temperatura pudiendo ser usados por los mejoradores en el desarrollo de cultivos tolerantes.

Palabras clave: cambio climático, criterios de información, cultivos subutilizados, plasticidad fenotípica, regresión no lineal.

MODELIZACIÓN DE CRECIMIENTO DE FRUTOS DE NARANJA VALENCIA LATE CON MODELOS NO LINEALES MIXTOS

Mendoza, M. E.; Bóbeda, G. R. R.; Giménez, L.

Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento Matemática/ Cátedra
Cálculo Estadístico y Biometría. Corrientes, Argentina.

mat.mendoza2812@gmail.com

Los frutos cítricos se caracterizan por tener un comportamiento sigmoideo en forma de S, y se ve afectado por condiciones ambientales y manejos culturales en los huertos generando fuentes de variabilidad estocástica. El estudio consistió en seleccionar el modelo que describa el crecimiento de frutos de naranja considerando los niveles temporada, huerto y árbol. Se registraron datos del diámetro ecuatorial (mm) de frutos en 2 huertos comerciales de naranja 'Valencia late' (*Citrus sinensis* L. Osbeck) durante 2 temporadas, desde los 61 hasta los 360 días después de la plena floración en la provincia Entre Ríos, Argentina. El modelo no-lineal para describir el crecimiento de fruto de Valencia Late, fue el logístico. Los modelos no lineales mixtos se ajustaron considerando los efectos fijos α_1 , β_2 , γ_3 y los efectos aleatorios a_1 , b_2 y g_3 ; a nivel huerto, temporada y árbol, con el método REML y los efectos aleatorios de la covarianza: diagonal, con el software InfoStat, 2022; utilizando los criterios de selección AIC y BIC en la comparación de los modelos. Para el factor huerto, el modelo que presento mejor ajuste fue considerando los parámetros aleatorios (a_1 y g_3), a_1 : relacionado con la asíntota superior y g_3 : relacionado la tasa de crecimiento. A nivel temporada y árbol se seleccionó aquel cuyos parámetros son todos aleatorios (a_1 , b_2 y g_3) por presentar los menores valores de AIC y BIC. Por lo tanto, se podría definir un modelo no lineal mixto contemplando parámetros fijos y/o aleatorios en función de la variabilidad a distintos niveles.

Palabras clave: modelo logístico, efectos fijos y aleatorios, criterios de selección, cítricos.

TABLAS DE PREDICCIÓN DE TAMAÑOS COMERCIALES Y PESOS EN FRUTOS DE TANGOR 'MURCOTT' EN LA PROVINCIA DE CORRIENTES, ARGENTINA.

Bóbeda, G. R. R.¹; Bramardi, S.²

¹Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Matemática, Cátedra Cálculo Estadístico y Biometría. Corrientes, Argentina.

²Departamento de Estadística. Universidad Nacional de Comahue. Buenos Aires 1400. Neuquén, Argentina. CITAAC (Centro de Investigaciones en Toxicología Ambiental y Agrobiotecnología del Comahue) CONICET-UNCo.

griseldabobeda@gmail.com

El conocimiento anticipado de los tamaños de los frutos a producir constituye una herramienta útil para programar la cosecha y la comercialización. El objetivo del presente trabajo fue elaborar una tabla de crecimiento de frutos que permita pronosticar anticipadamente los tamaños comerciales y conocer las distribuciones de tamaño de frutos expresadas en unidades de peso. Se recolectaron datos de diámetro ecuatorial (mm), desde los 80 a 350 DDPF y el peso (g) de frutos al momento de cosecha, en 8 huertos comerciales durante 5 temporadas en la provincia de Corrientes, Argentina. Los frutos fueron agrupados en rangos de tamaños comerciales, establecidos por las normas de comercialización de la Unión Europea, según su tamaño en fecha de cosecha. A cada grupo se ajustó un modelo no-lineal logístico en su 5ta reparametrización, donde la variable independiente son los DDPF y la dependiente el diámetro. Mediante el modelo potencial se describió la relación entre los diámetros y los pesos de los frutos. Por lo tanto, se ha desarrollado tablas de crecimiento que expresan el diámetro ecuatorial a lo largo de los días después de la plena floración. Al expresar el tamaño en unidades de peso, mediante el modelo potencial, se establecieron los rangos de pesos para cada tamaño comercial y se transformaron los diámetros en pesos, considerando el número de frutos para cajas de 10 y 15 kg, que son los envases utilizados en los empaques de Argentina, con el fin que sea una herramienta útil para productores en sus futuras planificaciones de manejos culturales y comercialización de la fruta.

Palabras clave: modelo logístico, distribución de tamaños de frutos, modelo potencial, comercialización.

Área: Series temporales

ANÁLISIS DE PRECIOS DE CARNE EN EL MERCADO PATAGÓNICO UTILIZANDO SERIES DE TIEMPO CON R Y PYTHON

Haique, A. K.¹; Malaespina, M. L.²; Rubio, N.¹; Gimenez, N. G.¹

1Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Economía y Administración, Departamento de Estadística. Neuquén, Argentina.

2Universidad Nacional del Comahue, Facultad de Ciencias Agrarias, Neuquén, Argentina.

anahaique@gmail.com

R es una suite informática muy utilizada en el ámbito académico y de investigación para el análisis de datos y en series de tiempo. Otros lenguajes como Python son más utilizados en ámbitos de desarrollo informático y ha surgido fuertemente en disciplinas como machine learning, por poseer una sintaxis más simple, ágil y por ser uno de los lenguajes más rápidos (después de C++). Por tal motivo, se prevé que a futuro desplace paulatinamente a R. En los últimos años se han desarrollado módulos estadísticos como Statsmodels que proporciona funciones para la estimación de una gran cantidad de modelos, realización de pruebas estadísticas y exploración de datos estadísticos. En este trabajo se realiza una aplicación para la exploración de datos tipo serie de tiempo. En particular, se dispone de datos mensuales del precio nominal de los bovinos en la región Patagónica, con inicio en abril de 2014 y última observación abril del 2022. El precio tomado es publicado en el Informe de precios de carne y ganado de la Patagonia, publicado por el INTA y corresponde al kilo/gancho, denominación que recibe el rendimiento de carne a la faena, que recibe el criador. El análisis realizado ha permitido detectar estacionalidades, mostrando valores por encima de la tendencia en los meses de verano y comienzo de la primavera y valores por debajo de la tendencia en los meses de la estación invernal. El análisis visual del remanente de la serie, que se calcula restando los componentes de tendencia y estacionalidad de los valores observados, no muestra un patrón regular, lo que permitiría decir que no se presenta multiestacionalidad y, por otra parte, no se observan comportamientos anormales que sean indicio de la presencia de outliers. Las herramientas presentadas resultan de implementación sencilla y adecuadas para el tratamiento de las variables que se observan a lo largo del tiempo, como el precio promedio de la carne bovina. Y aportan la base para decisiones futuras respecto a qué supuestos, transformaciones y modelos serán necesarios probar.

Palabras clave: statsmodels, serie de tiempo, análisis exploratorio.

Índice por Autor

A

Abalos, E.	50
Abbate, P. E.	28
Alemandri, V.	57
Alonso, F.	59
Amato, A.	11, 42

B

Balzarini, M.	23, 25, 28, 33, 44, 45, 47, 57
Banzaf, G.	17
Baraibar, V.	6
Barberá, I.	54
Bartolelli, G.	50
Basso, C.	51
Benitez, V.	<i>Véase</i>
Bernaschini, M.E.	10
Berra, S.	10
Bertero, H.D.	59
Bertolotto, P. I.	9
Bóbeda, G. R. R.	17, 60, 61
Boca, T.	5, 14, 25
Bonadies, M. E.	27
Bonamico, N. C.	28, 44
Borrelli, N.	39
Bortolotto, E.B.	43
Bozzalla, A. E.	30
Bramardi, S.	35, 36, 59, 61
Bruno, C.	25, 37, 43, 45, 46, 47
Bruveris, A. P.	56
Burcez, N.G.	30

C

Calcagno, M de L.	27
Calvimonte, H.	6
Calvo, J. C.	11, 42
Campagna, M. S.	54
Carbonetti, M. E.	20
Carbonetti, M. J.	20
Cendoya M. G.	15

Ch

Chaparro, M. A. E.	8, 15, 39
-------------------------	-----------

C

Cipriotti, P. A.	14
-----------------------	----

Conde, M. B.	46
Costa Tartara, S.	36
Crosbie, M. L.	11, 42
Cuesta, C.	50
Cueto, G.	7, 55, 56
Curti, R.	35, 36, 40, 59

D

De Roia, G.	49
del Brio, D.	22, 32
Del Duca, S. A.	27
Di Rienzo, J. A.	52
Dramis, A.	7
Dreszman, R.	11, 42

F

Fedrigo, J. K.	47
Fernández, D. E.	22, 32
Fernández, M. S.	7, 56
Ferrer, M.	35
Ferreyra, A.	6
Fiore, J. M.	37
Firpo, C. A.	8
Flaibani, N.	55
Fletcher, S.	11, 42
Fonteñez, S.	59
Frangi, S.	6
Frascarolli, C.	11, 42

G

García Seleme, F. A.	19, 20
Giannini Kurina, F.	25, <i>Véase</i>
Gill, M.	38
Giménez Pecci, M. P.	57
Giménez, L.	17, 60
Gimenez, N. G.	18, 63
Giolitti, F.	57
Gómez Montenegro, B.	57
González Garelo, T.	11, 42
Gonzalez, P.	47
González-Montoro, A. M.	9

H

Haique, A. K.	18, 51, 63
Hirigoyen, A.	47

J		Retamar, A.	20
Juaneda Allende, M.	6	Ribero, V.	38
L		Rodríguez Azcona, R. I.	17
Lac Prugent, V.P.	36	Rodríguez Nuñez, M.	23
LI		Rodríguez, A.	6
Llarena, A.	17	Romero, F.	6
L		Rossi, E. A.	28, 44
Lobo, P.	49	Rozenblit, V.	49
López Colomba, E.	19	Rubio, N.	18, 51, 63
Lucarelli, D.	38	Ruiz Diaz, P.	6
M		Ruiz, M.	44
Magnano, L.	46	S	
Malaespina, M. L.	18, 63	Safarian, M. J.	56
Mansu, P.	6	Salvalaggio, A.	15
Martinez, M. J.	37	Salvatierra, P.	38
Mendoza, M. E.	60	Sandrinelli, R.	37
Mójica, C.J.	28	Santiso, N.	11, 42
Molinari, D.	8, 15	Scavuzzo, M.	33
Morales, C. D.	52	Seleme, M. L.	20
Morales, J. M.	54	Sembaj, A.	9
Morán-López T.	54	Siri, P.	47
Morelli, C.	35	Srmekar, M.	6
Moreno, S. E.	20	Suarez, F.	57
Muchiut, J.	6	Sührling, S.	25, 40, 59
N		T	
Natal, M.N.	39	Tabares, S.	9
Nores, M. L.	9	Tablada, E.M.	52
Nuñez, P.	7	Tassile, V.	22, 32
O		Toneatto, J.	11, 42
Oviedo, J.	38	Torrico, A. K.	57
P		Turjanski, P.	7
Paccioretti, P.	25, 33, 57	U	
Pagnotta, P.	11, 42	Ursino, A.	11, 42
Patat, M. L.	39	Usin, M. M.	9
Pérez, A.	7, 25, 49, 56	V	
Pérez, A. A.	55	Vanín, M.	5
Posse, J. P.	47	Vanzetti, L.	46
Prieto, G.	37	Videla, M.E.	38
R		Villafañe, M.L.	37
Reeb, P. D.	22, 32	Z	
		Zhang H.	59

ISBN 978-631-90133-0-6



9 786319 013306