





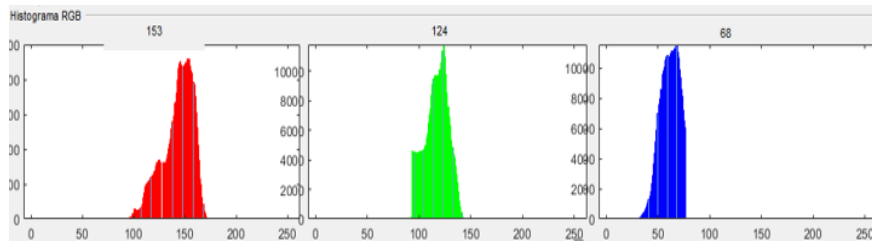




**Figura 4.** a) Imagen original capturada desde la colección, b) Imagen binarizada por el método de Otsu, c) Composición aplicada para filtrar el fondo de la imagen, preservando las características del organismo, d) Imagen filtrada que preserva únicamente los colores de las marcas del conexivo.

Con la imagen filtrada de la figura 4 d), se puede calcular el área de las marcas del conexivo contando los pixeles distintos de blanco, igualmente se calcula el histograma de color de las marcas como se ve en la figura 5, del histograma se calcula el color más alto del mapa RGB ( $R_{max}, G_{max}, B_{max}$ ), con este valor se puede calcular la distancia de color con la ecuación (3) y con estos mismos valores el color promedio de los tres canales en RGB, para las marcas del conexivo de cada organismo.

$$D_c(R_{max}, G_{max}, B_{max}) = \sqrt{(R_{max})^2 + (G_{max})^2 + (B_{max})^2} \tag{3}$$



**Figura 3.** Histograma del mapa de color RGB para las marcas de un organismo.

**Análisis de los datos.** Cada característica obtenida de las métricas de la cabeza y color siguen una distribución de datos diferente, por lo que las características son sometidas a un análisis de distribución de fiabilidad utilizando una prueba de bondad de ajuste Anderson Darling, que permite determinar qué distribución agrupa con menor índice de ajuste a los datos con un valor  $P$  mayor al nivel de significancia del 0.05, realizando las pruebas con cuatro modelos de distribución de fiabilidad comunes para examinar el ajuste de distribución (Minitab® 2017). Las funciones de densidad de probabilidad aplicadas se muestran en el cuadro 1. Los resultados del análisis con menor índice de ajuste se enlistan en el cuadro 2.

**Cuadro 1.** Modelos para las distribuciones de probabilidad aplicados, con menor índice de ajuste.

Función de densidad de probabilidad	Parámetros	Notación
$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma(x-\lambda)} \exp\left\{-\frac{[\ln(x-\lambda) - \mu]^2}{2\sigma^2}\right\}$ $x > \lambda, \sigma > 0$	Distribución Lognormal Media = $\exp(\mu + 0.5\sigma^2) + \lambda$ Varianza = $\exp(2\mu + \sigma^2)(\exp(\sigma^2) - 1)$	$\mu$ parámetro de ubicación $\sigma$ parámetro de escala $\lambda$ parámetro de valor umbral $\pi$ PI (~3.1416)
$f(x) = \frac{\exp(-\frac{x-\mu}{\sigma})}{\sigma[1 + \exp(-\frac{x-\mu}{\sigma})]^2}$ $-\infty < x < \infty, -\infty < \mu < \infty, \sigma > 0$	Distribución Logística Media = $\mu$ Varianza = $\frac{\sigma^2\pi^2}{3}$	$\mu$ parámetro de ubicación $\sigma$ parámetro de escala

**Cuadro 1.** Continuación.

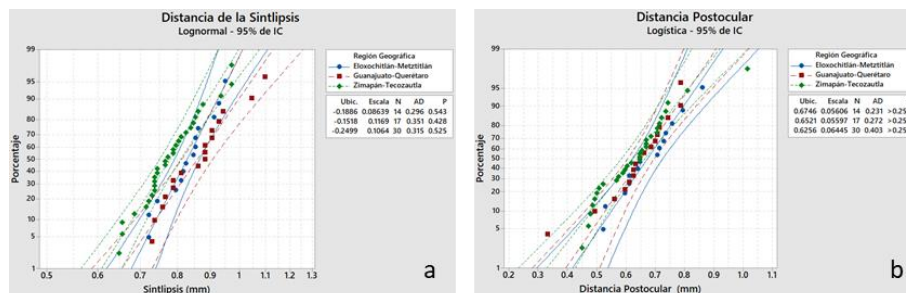
Función de densidad de probabilidad	Parámetros	Notación
$f(x) = \frac{1 \exp\left(-\frac{\ln(x-\lambda)-\mu}{\sigma}\right)}{\sigma(x-\lambda) \left[1 + \exp\left(-\frac{\ln(x-\lambda)-\mu}{\sigma}\right)\right]^2},$ $x > \lambda, \sigma > 0$	Distribución Loglogística cuando $\sigma < 1$ Media = $\exp(\mu)(\Gamma(1+\sigma)\Gamma(1-\sigma) + \lambda)$ cuando $\sigma < 1/2$ Varianza = $\exp(2\mu)(\Gamma(1+2\sigma)\Gamma(1-2\sigma) - \Gamma^2(1+\sigma)\Gamma^2(1-\sigma))$	$\mu$ parámetro de ubicación $\sigma$ parámetro de escala $\lambda$ parámetro de valor umbral $\Gamma$ función gamma exp base de logaritmo natural
$f(x) = \frac{1 \exp\left(\frac{x-\xi}{\theta}\right) \exp\left\{-\exp\left[\frac{x-\xi}{\theta}\right]\right\}}{\theta}, \theta > 0$	Distribución valor extremo pequeño Media = $\xi - v\theta$ Varianza = $\frac{\pi^2\theta^2}{6}$	$\xi$ parámetro de ubicación $\theta$ parámetro de escala $v$ constante de Euler (~0.57722) exp base de logaritmo natural

**RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Las características métricas de la distancia de la sintlipsis y postocular mostradas en la figura 6, muestran que estas dos características se combinan entre los grupos haciendo notar que las poblaciones prácticamente no tienen diferencia en estos parámetros. La métrica de la sintlipsis de la figura 6 a) para el grupo 2 se separa numéricamente del grupo 3, pero también presenta similitud numérica con los datos del grupo 1.

**Cuadro 2.** Distribuciones de probabilidad aplicadas a cada parámetro, con el menor índice de ajuste.

Evaluación de distribuciones		
Parámetro analizado	Distribución	Ajuste Anderson-Darling
Clípeo	Lognormal	0.638
Sintlipsis	Lognormal	0.542
Distancia ojos	Logística	0.490
Distancia postocular	Logística	0.486
Distancia anteocular	Logística	0.584
Área de marcas de color (conexivo)	Loglogística	0.698
Color promedio RGB	Valor extremo pequeño	1.211
Distancia de color RGB	Valor extremo pequeño	1.294



**Figura 4.** a) Distancia de sintlipsis representada por grupos, b) Distancia postocular que no demuestra separación numérica entre los organismos analizados

En la figura 7 a) la distancia del clípeo para el grupo 1 se encuentra numéricamente separada del mismo parámetro de las dos clases restantes, mientras que en la figura 7 b) la distancia de los ojos para los organismos de las clases 2 y 3, no presentan diferencia numérica significativa entre sí, pero una separación numérica discreta contra los organismos del grupo 1 en este parámetro.

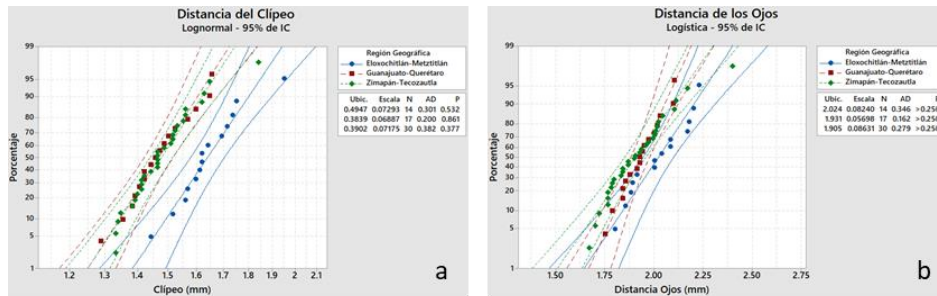


Figura 7. a) Distancia del clípeo y b) Distancia de los ojos

En la figura 8 a) se puede notar que la distancia anteocular tiene una distribución similar a la descrita para la de la figura 7 a), los organismos del grupo 1 muestran una evidente separación numérica a diferencia de los grupos restantes. En la figura 8 b), se puede apreciar que el área de las marcas de color del conexivo es mayor entre organismos del grupo 1 y cada grupo de organismos parece mantener una distribución constante en este parámetro, lo que permite visualizar una separación numérica entre grupos considerando dicho parámetro.

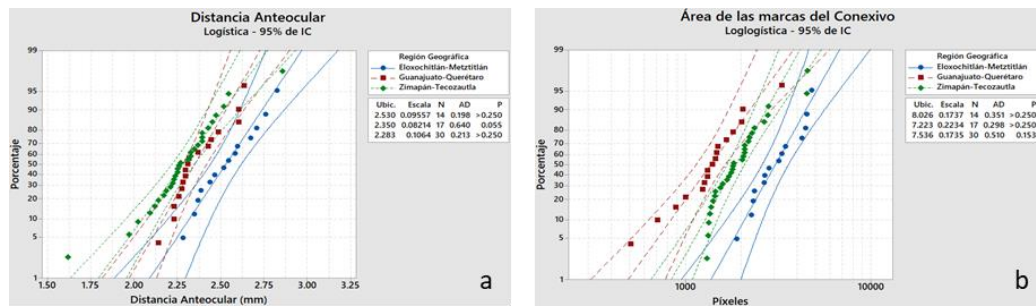


Figura 5. a) Gráfica de la distribución de la distancia anteocular, b) Separación de grupos mediante el área de las marcas de color en el conexivo

El análisis de color mostrado en las gráficas de la figura 9 a) muestran diferencias numéricas en el promedio del mapa de color de las marcas del conexivo para los tres grupos, igualmente sucede al analizar la distancia de color del mismo mapa en la figura 9 b), lo que indica que existe relación entre el color de dichas marcas respecto de cada región geográfica de colecta en las poblaciones estudiadas de *T. mexicana*.

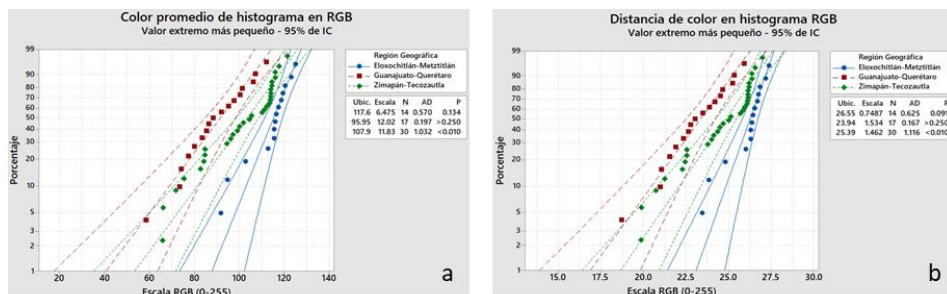


Figura 9. a) Análisis de distribución para el mapa de color de las marcas del conexivo, b) análisis de distribución sobre la distancia de color para las marcas del conexivo

## CONCLUSIONES

Con los resultados aquí presentados, se han podido establecer patrones cuantitativos de identificación que respaldan una variación cromática y morfométrica clara entre las poblaciones de *T. mexicana*, particularmente para los organismos colectados en los municipios colindantes de Eloxochitlán y Metztlán en el estado de Hidalgo, México. Sin embargo, aunque numéricamente se han podido establecer diferencias cuantitativas de distribución probabilística, basadas en los parámetros analizados en los organismos de *T. mexicana* provenientes de diferentes regiones geográficas de México, estos resultados no son concluyentes debido a que el tamaño de la muestra es de apenas 61 ejemplares.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores del presente trabajo agradecen al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT, México) por su apoyo para la realización de esta investigación a través de la beca nacional número: 638283. Igualmente, a Brianna Morin de Peace Corps, Washington DC, por su apoyo en la revisión del idioma inglés.

## LITERATURA CITADA

- de la Rúa, N. M., Bustamante, D. M., Menes, M., Stevens, L., Monroy, C., Kilpatrick, Kilpatrick, C.W., Rizzo, D., Klotz, S.A., Schmidt, J., Axen, H.J and Dorn, P. L. 2014. Towards a phylogenetic approach to the composition of species complexes in the North and Central American *Triatoma*, vectors of Chagas disease. *Infection, Genetics and Evolution*, 24, 157–166.
- Galvão, C., R.U. Carcavallo, D. Rocha da Silva, and J. Jurberg. 2003. A checklist of the current valid species of the subfamily Triatiominae Jeannel, 1919 (Hemiptera: Reduviidae) and their geographical distribution, with nomenclatural and taxonomic notes. *Zootaxa*, 202, 1-36.
- Lent, H., and Wygodzinsky, P. (1979). Revision of the Triatiominae (Hemiptera, Reduviidae), and their significance as vectors of Chagas disease. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 163, 123–520.
- Martínez-Ibarra A., Salazar-Schettino P., Solorio-Cibrián M., Cabrera- Bravo M., Novelo-López M., Vences M., Montes-Ochoa Y., Nogueira-Torres B. (2008). Influence of temperature and humidity on the biology of *Triatoma mexicana* (Hemiptera: Reduviidae: Triatiominae) under laboratory conditions. *Mem Inst Oswaldo Cruz*, 103, 719-723.
- Minitab® (2017). Introducción a Minitab. [www.minitab.com](http://www.minitab.com) Fecha de consulta: 10-III-2019.
- Monroy, C., Pinto, N., Dujardin, J. P., Bustamante, D. M., Guhl, F., Rojas, G., Menes, M. 2009. Metric Variation Among Geographic Populations of the Chagas Vector *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae: Triatiominae) and Related Species. *Journal of Medical Entomology*, 41(3), 296–301.
- Nobuyuki, O. (1979). A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 9(1), 62–66.
- Rivas N., M. E. Sánchez-Espíndola, A.D. Camacho, E. Ramírez-Moreno, A. Rocha-Gómez and R. Alejandro-Aguilar. 2014. Morphology and morphometry of the scutellum of six species in the genus *Meccus* (Hemiptera: Triatiominae). *J. Vector Ecol*, 39, 14-20.
- Rivas, N., Sánchez-Cordero, V., Camacho, A. D., Córdoba-Aguilar, A., and Alejandro-Aguilar, R. (2017). Morphological and morphometric analysis of scutella of six species and two subspecies of *Triatoma* (Hemiptera: Reduviidae) in Mexico. *Journal of Vector Ecology*, 42(2), 308–318.
- Zhang, X., & Yang, F. (2004). Manual del Usuario Cámara Digital. *RCLimDex (1.0) Manual Del Usuario*, 1–22.