



MODELOS ALTERNATIVOS PARA DESCRIBIR VARIABLES BIOLÓGICAS CON FALTA DE NORMALIDAD Y COMPORTAMIENTO NO LINEAL. ESTUDIO DE CASO

ALTERNATIVE MODELS FOR DESCRIBING BIOLOGICAL VARIABLES WITH NON-NORMALITY AND NON-LINEAR PERFORMANCE. STUDY CASE

YANEILYS GARCÍA ÁVILA*, MAGALY HERRERA VILLAFRANCA, R. RODRÍGUEZ HERNÁNDEZ, MILDREY TORRES MARTÍNEZ, YOLAINE MEDINA MESA

Instituto de Ciencia Animal, C. Central, km 47½, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

*Email: feygarciaa@ica.edu.cu

Se examinaron modelos alternativos, que no siguen una distribución normal ni tienen un comportamiento lineal, para describir variables biológicas como es la producción de gas *in vitro*. Se realizaron dos análisis: el primero ignoró la falta de normalidad de la variable respuesta, mientras que el segundo consideró el incumplimiento de dicho supuesto. La estimación de los parámetros se realizó con el proc NLMIXED. Para la selección del modelo con mejor bondad de ajuste, se utilizaron los criterios estadísticos: CME, R²aj, AIC, BIC y significación de los parámetros. También se consideró el cumplimiento de las hipótesis de independencia y aleatoriedad de la componente residual. Las pruebas para seleccionar la distribución de probabilidad de la producción de gas *in vitro* indicaron que tiene distribución exponencial ($P > 0.05$). Se concluye que el modelo logístico con función de enlace “log” para estimar la media poblacional de la producción de gas *in vitro* no mostró resultados adecuados. Sin embargo, el modelo lineal por segmento fue el que mejor describió dicho comportamiento, al dejar ver los mejores R²aj, CME, AIC, BIC y residuos visualmente aleatorios. Además, con el modelo lineal por segmentos se obtuvieron resultados similares, sin importar la normalidad de la variable respuesta. Los resultados evidenciaron que en determinados casos se pueden utilizar procedimientos paramétricos con datos que no cumplen la normalidad. No obstante, se deben tener en cuenta las consecuencias de dichas violaciones. Se propone como alternativa un modelo lineal por segmentos para describir la producción de gas *in vitro*, cuando los datos no cumplen con la normalidad.

Palabras clave: criterios estadísticos, distribución de datos, modelo lineal por segmentos

Alternative models, which do not follow a normal distribution or have linear performance, were examined to describe biological variables such as *in vitro* gas production. Two analyses were performed: the first ignored the lack of normality of the response variable, while the second considered the non-compliance with this assumption. Parameter estimation was performed using the NLMIXED procedure. The following statistical criteria were used to select the model with the best goodness of fit: CME, R²aj, AIC, BIC, and parameter significance. The fulfillment of the hypotheses of independence and randomness of the residual component was also considered. The tests to select the probability distribution of *in vitro* gas production showed that it has an exponential distribution ($P > 0.05$). It is concluded that the logistic model with a “log” link function to estimate the population mean of *in vitro* gas production did not show adequate results. However, the segmental linear model was the one that best described this performance, revealing the best R²aj, CME, AIC, BIC and visually random residuals. Also, with the segmental linear model similar results were obtained, regardless of the normality of the response variable. The results showed that in certain cases parametric procedures can be used with data that do not fulfill with normality. However, the consequences of such violations must be taken into account. A segmental linear model is proposed as an alternative to describe *in vitro* gas production when the data do not fulfill with normality.

Key words: data distribution, segmental linear model, statistical criteria

Recibido: 25 de noviembre de 2024

Aceptado: 22 de febrero de 2025

Conflicto de intereses: En este trabajo no existe conflicto de intereses entre los autores

Declaración de contribución de autoría CRediT: Yaneilys García Avila: Investigación, Conceptualización, Metodología, Supervisión, Redacción-borrador original. Mildrey Torres Martínez: Metodología, Supervisión, Redacción-borrador original. Magaly Herrera Villafranca: Metodología, Supervisión, Redacción-borrador original. R. Rodríguez Hernández: Redacción-borrador original. Yolaine Medina Mesa: Redacción-borrador original



Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



Introducción

En la comunidad científica se conocen los procedimientos para modelar datos lineales y no normales. Sin embargo, algunas veces, la variable en estudio puede tener un comportamiento no lineal y no distribuir de forma normal. Este caso, se ha dado con variables de crecimiento biológico, que se caracterizan por tener tres fases: 1) aceleración, 2) desaceleración y 3) lineal o asintótica (Ortega-Monsalve et al. 2021). Este comportamiento se puede describir con modelos no lineales. No obstante, otra posibilidad podría ser la utilización de regresiones lineales segmentadas, donde cada segmento se relaciona con una fase de crecimiento.

Whitlock y Schluter (2009) sugirieron tres posibles alternativas para analizar variables biológicas que no cumplen con la normalidad, pero que sí asumen aleatoriedad e independencia: 1) ignorar el incumplimiento de las premisas, 2) transformar los datos y 3) emplear métodos no paramétricos. Entre estos se encuentran los que utilizan la función de densidad de probabilidad de la distribución de los datos: los métodos de máxima verosimilitud y máxima verosimilitud restringida (Gomez-Mejia 2021). Para su aplicación se necesita de una función que enlace la media de la población con el predictor lineal de las observaciones. La función de enlace (link function) puede ser de tipo no lineal y varía en dependencia de la distribución probabilística a la que se ajuste la variable respuesta, que debe pertenecer a la familia exponencial (Mesa-Fúquen et al. 2021).

Programas como R y SAS permiten estudiar modelos con variables que no siguen una distribución normal (Hernández et al. 2021). El SAS cuenta con los procedimientos GENMOD, GLIMMIX y NLMIXED. Este último, diseñado para manejar funciones dependiente de las medias condicionales generales, ya sea que contengan un componente lineal o no. Sin embargo, lo adecuado para tratar variables no normales y no lineales es utilizar funciones de enlace que relacionen la media poblacional con los predictores no lineales (Bono et al. 2023). Pero, ¿serán útiles las funciones de enlace, utilizadas para modelar modelos lineales generalizados (MLG), en caso de que el predictor no sea lineal? ¿Será conveniente modelar datos no lineales mediante un modelo lineal segmentado que permita utilizar los procedimientos de los MLG? ¿Violar el supuesto de normalidad puede ser una opción? Estas interrogantes conducen a buscar alternativas para modelar variables biológicas no normales y no lineales mediante un estudio de caso. De ahí el objetivo del presente estudio.

Materiales y Métodos

Procedimiento experimental: Se seleccionaron datos de un experimento que se realizó en el Instituto de Ciencia Animal (ICA) en el 2018. Se utilizó la técnica de producción de PGIV, propuesta por Theodorou et al. (1994). La PGIV se midió a las

3, 6, 9, 12, 15, 18, 21, 24, 29, 48, 72, 77 y 144 h. Se utilizaron los datos de la PGIV del ensilaje, con 50 % de OM-22, 50 % de moringa y *Lactobacillus pentosus*.

Análisis estadístico: Para el análisis estadístico no paramétrico se utilizaron tres elementos propuestos por Bandera y Pérez (2018):

1. función de distribución de la variable, cada resultado de la variable dependiente “Y” se genera a partir de una distribución particular de la familia exponencial (normal, binomial, Poisson, gamma, entre otras)
2. un predictor $\eta = (X\beta)$, que puede ser lineal o no lineal, donde $X\beta$ es el predictor, una combinación lineal o no lineal de parámetros desconocidos.
3. una función de enlace g , de modo que $E(Y) = \mu = g^{-1}(\eta)$, donde:

$E(Y)$: esperanza de la variable dependiente.

μ : media de la variable dependiente.

$g^{-1}(\eta)$: inversa de la función de enlace evaluada en el predictor “lineal” o “no lineal”.

La tabla 1 muestra las ecuaciones utilizadas para ajustar los datos experimentales. Se utilizaron los modelos logístico y lineal, por ser de los más usados en la esfera agropecuaria (García Ávila et al. 2022). Se realizaron dos análisis: el primero ignoró la falta de normalidad de la variable PGIV, mientras que el otro consideró el incumplimiento de este supuesto.

Teniendo en cuenta el comportamiento de la PGIV en el tiempo, se consideró que un punto de quiebre fue equivalente a un punto de inflexión. Cuando una curva tiene un punto de inflexión, es porque cambió su concavidad. La PGIV es el punto donde se transitó de una fase a otra. Para determinar estos puntos de inflexión se utilizó el programa ProGas v1.1 (García et al. 2022).

Los análisis estadísticos se realizaron principalmente con el SAS 9.3 (2013). El procedimiento (PROC) UNIVARIATE se utilizó para seleccionar la distribución de probabilidad más acertada para los datos. Con dicho procedimiento se evaluaron las distribuciones normal, exponencial y Weibull. Para la elección de la distribución, se utilizaron las pruebas de bondad de ajuste Cramer-von Mises y Anderson-Darling (Zetina-Moguel et al. 2018). La estimación de los parámetros en los modelos generalizados se realizó con el PROC NLMIXED. Este utiliza técnicas de estimación por verosimilitud. Se aplicó la función de enlace “log” porque es la que más se emplea con distribuciones exponenciales (Bandera y Pérez 2018). La presencia de independencia o autocorrelación se contrastó con la prueba de Durbin-Watson (DW), según Roza (2017). La no paramétrica de Rachas para los residuos se realizó con el programa estadístico IBM-SPSS, versión 22. Esta prueba permitió contrastar la hipótesis de un ordenamiento aleatorio versus una alternativa de tendencia.

Tabla 1. Modelos matemáticos utilizados para describir la cinética de PGIV

Modelos	Ecuación matemática
Logístico Schofield <i>et al.</i> (1994)	$PGIV(t) = \frac{b}{1 + e^{(2 - 4c(t-L))}}$
Lineal por segmentos	$PGIV(\text{para } t \leq T_1) = V_1t + F_1; \text{ (Fase1)}$ $PGIV(\text{para } T_1 < t \leq T_2) = V_2t + F_2; \text{ (Fase2)}$ $PGIV(\text{para } t > T_2) = b; \text{ (Fase3)}$

PGIV: producción de gas *in vitro* en el tiempo t (mL g⁻¹MO incubada), c: tasa de PGIV (h⁻¹), t: tiempo de fermentación (h), L: fase Lag (h), b: asíntota cuando t → ∞ (ml g⁻¹MO incubada), t₁, t₂ puntos críticos que marcan el comienzo de la segunda y tercera fase de PGIV, respectivamente. V₁ y V₂ velocidades promedio de la primera y segunda fase; F₁ y F₂: PGIV aproximada a inicio de la primera y segunda fase.

La selección del modelo con mejor ajuste se realizó en función del cuadrado medio del error (CME), el coeficiente de determinación ajustado (R²aj), los criterios de información de Akaike y Bayesiano (AIC y BIC, respectivamente) (Montoya y Quiroz 2021) y la significación de los parámetros. Modelos con menores valores CME, AIC y BIC se consideraron de mejor ajuste a diferencia del R²aj, donde se prefieren los valores más altos. También se consideró el cumplimiento de las hipótesis de independencia y aleatoriedad de la componente residual.

Resultados y Discusión

Al evaluar los datos de PGIV con las pruebas Cramer-von Mises y Anderson-Darling, se observó que los datos se pueden distribuir de forma exponencial (tabla 2). Autores como Zetina-Moguel *et al.* (2018) utilizaron las pruebas de bondad de ajuste Kolmogorov-Smirnov, Cramer-von Mises y Anderson Darling. Además, los criterios de información AIC y BIC para seleccionar la mejor distribución que seguían sus datos. Finalmente, consideraron que uno de los mejores criterios de selección es la prueba de Anderson Darling. En este estudio, las dos pruebas tuvieron resultados similares.

Para efectuar el ajuste del modelo lineal por segmentos, se procedió al cálculo de los puntos de inflexión. Con el programa ProGas v1.1 se determinó que la fase de aceleración de PGIV se desarrolló durante las primeras 18 h (t₁=18 h), momento en que se alcanzó la velocidad de máxima PGIV. Pasado este tiempo (t>18 h), comenzó la fase de desaceleración, que duró hasta las 48 h (t₂=48 h) para dar comienzo a la fase lineal o asíntótica, en la cual se estabilizó la PGIV.

En la tabla 3 se muestran los resultados, luego de modelar los datos considerando distribución normal y exponencial con enlace “log”. La fermentación de la PGIV arrojó un valor asíntótico de PGIV, que osciló entre 121.03 y 139.06 mL.g⁻¹MOinc. En los modelos que asumieron que la PGIV fue normal, todos los parámetros resultaron significativos (P<0.05). Sin embargo, cuando se consideró que la PGIV tuvo una distribución exponencial, la fase Lag (L) y la velocidad media de desaceleración (V₂) no fueron significativos (P>0.05). El ajuste no paramétrico dificultó la identificación de las fases Lag y la desaceleración.

Los datos experimentales mostraron que a las tres horas de incubación existía poca PGIV, con valores inferiores a los 2 mL.g⁻¹MOinc, lo que indicó la existencia de una fase de latencia o retraso, donde los microorganismos colonizan o hidratan el sustrato. Además, después de las 18 h, todos los modelos estimaron velocidad de desaceleración V₂<1.58 mL.g⁻¹MOinc/h. Autores como Solís *et al.* (2023) encontraron que la fase Lag de mezclas integrales de camote fue de 2.5 a tres horas, mientras que a partir de las 12 h comenzó la fase de desaceleración.

La evaluación del modelo logístico evidenció problemas de independencia residual en ambos análisis (tabla 3). La autocorrelación, sobre todo si se trata de datos longitudinales, se podría deber a que en el modelo no se han incluido variables que realmente afectan o que no se ha escogido el modelo adecuado (Gómez y Agüero 2020). El incumplimiento del supuesto de independencia de los errores es una limitación que puede conducir a estimaciones sesgadas (Pérez Pelea 2018).

Tabla 2. Pruebas de bondad de ajuste para seleccionar la distribución de probabilidad que mejor describe la variable PGIV

Función de distribución de probabilidad para la PGIV	Test de Cramer-von Mises (valor de P)	Test de Anderson-Darling (valor de P)
Normal	P=0.024	P=0.006
Exponencial	P=0.056	P=0.050
Weibull	P<0.010	P<0.010

Tabla 3. Modelación de los datos obtenidos del experimento donde se evaluó el valor nutritivo del ensilaje con 50 % de OM-22, 50 % de moringa y *Lactobacillus pentosus*

Modelo	Parámetros	R ² aj %	CME	AIC	BIC	DW	Rachas	Valor P
Logístico (Distribución Normal)	b= 133.11±2.24, P<0.0001 c=0.04±0.003, P<0.0001 L=9.37±0.78, P<0.0001	92.8	54.38	275	281	1.2		0.004
Lineal por segmentos t ₁ =18 t ₂ =48 (Distribución Normal)	V ₁ =3.2±0.23, P<0.0001 V ₂ =1.58±0.14, P<0.0001 F ₁ =-14.0±2.74, P<0.0001 F ₂ =40.72±4.53, P<0.0001 b=139.06±5.92, P<0.0001	98.9	32.06	250	260	1.7		0.37
Logístico (Distribución Exponencial y función de enlace log)	b=121.03±1.29, P<0.0001 c= 1.05±0.01, P=0.0029 L=1.7±20.01, P=0.8601	86.4	73.79	377	389	0.62		0.0005
Lineal por segmentos t ₁ =18 t ₂ =48 (Distribución Exponencial)	V ₁ =1.26±1.05, P<0.0001 V ₂ =1.02±1.03, P=0.54 F ₁ =1.00±1.79, P=0.99 F ₂ =51.84±2.46, P<0.0001 b=139.04±1.39, P<0.0001	98.8	42.09	372	380	1.5		0.0981

En este caso, la prueba de Rachas para la aleatoriedad arrojó que los residuos fueron aleatorios, lo que se contradijo con el gráfico de los residuos (figura 1), el cual mostró tendencia y falta de aleatoriedad. La correlación de los residuos con el modelo logístico no paramétrico se puede deber a que la función de enlace “log” no fue la adecuada. Es necesario buscar nuevas funciones de enlace para cuando los predictores no sean lineales. Sin embargo, poco se habla en la literatura, porque no se encontró información publicada sobre funciones de enlace para el caso de modelos no lineales.

En la misma tabla se muestran problemas de independencia residual. Gómez y Agüero (2020) plantean que, cuando se trata de datos longitudinales, la autocorrelación podría estar dada a que en el modelo no se han incluido variables que realmente afectan o que no se ha seleccionado el modelo adecuado. Pérez Pelea (2018) refiere que el incumplimiento del supuesto de independencia de los errores es una limitación que puede conducir a estimaciones sesgadas.

La prueba de Racha mostró la aleatoriedad de los residuos con valores de probabilidad por encima de 0.05. Sin embargo, los resultados de la figura 1 contradijeron dicha prueba al mostrar tendencia y falta de aleatoriedad. Los resultados obtenidos con el modelo logístico no paramétrico pudieran estar dados porque la función de enlace “log” propuesta no fue la adecuada. Se hace necesario buscar nuevas funciones de enlace para cuando los predictores no sean lineales. Cabe señalar que en la literatura científica se informa poco acerca de otras funciones de enlace que se relacionan con diferentes

distribuciones. En la revisión que se realizó no se encontró información sobre funciones de enlace para el caso de modelos no lineales.

Cuando se ignoró la normalidad y la función de enlace “log” para datos con distribución exponencial, los resultados fueron similares (tabla 3). Sin embargo, con los modelos lineales por segmentos, los R²aj fueron mayores y menores los CME. La prueba de DW no presentó problemas en el cumplimiento del supuesto de independencia residual para estos modelos. Además, los modelos por segmentos arrojaron residuos favorables con una nube de puntos aleatorios y sin patrón (figura 1). La prueba de Rachas rechazó la hipótesis de un comportamiento aleatorio para los residuos. Vale la pena señalar que, la prueba de Rachas de Wald y Wolfowitz (1940) tiene en cuenta la cantidad de rachas y el largo de cada una, ignorando que las rachas se pueden concentrar en intervalos específicos de la muestra, como ocurrió con el modelo logístico ajustado en este estudio (figura 1). En este caso, se supuso que perdió potencia.

El modelo lineal por segmentos es una opción que permite conocer la velocidad media de la fase 1 y 2 de PGIV. Además, con él se puede estimar la fase Lag, igualando a cero la ecuación de la primera etapa: $0 = V_1t + F_1$; donde $Lag = F_1/V_1$. Las ecuaciones lineales también estiman la PGIV con la que se inicia la segunda fase. Conocer la relación entre V_1/V_2 es útil para los investigadores porque comprenden mejor el comportamiento del sustrato en estudio. Mediante la ecuación de la fase 3 se puede conocer la PGIV asintótica.

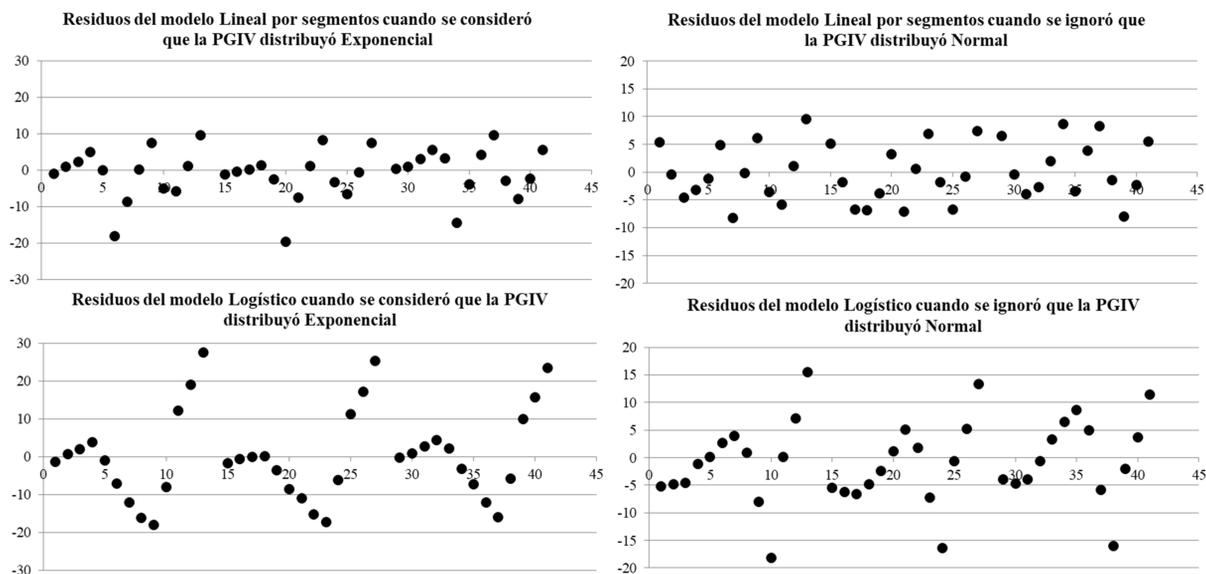


Figura 1. Residuos de los modelos cuando se evaluó la PGIV del ensilaje con 50 % de OM-22, 50 % de moringa y *Lactobacillus pentosus* y se violó o no el supuesto de la normalidad

En la **figura 2** se evidenció el comportamiento de los modelos ajustados bajo los enfoques paramétricos y no paramétricos. Se observó que la PGIV máxima estimada por ambos modelos lineales fue de 140 mL.g⁻¹MOInc a las 80 h aproximadamente. El modelo lineal por segmentos describió mejor la PGIV del ensilaje con 50 % de OM-22, 50 % de moringa y *Lactobacillus pentosus*. Es incorrecto asumir que los datos son normales, cuando las pruebas estadísticas indican lo contrario. Según **Pérez Pelea (2018)**, una desviación significativa de las premisas puede incrementar seriamente las posibilidades del investigador de cometer error tipo I o tipo II, en dependencia de la naturaleza del análisis, lo que implica resultados inexactos e interpretaciones incorrectas en las pruebas estadísticas (**Zhou Kimbeng 2010**). Como no existen instrucciones definitivas de cómo actuar en cada caso, se debe hacer un estudio de la variable antes de realizar cualquier prueba. Cuando las distribuciones están muy distantes de la normalidad, tienen valores atípicos, o las distribuciones de los grupos a comparar son muy diferentes y tienen varianzas muy heterogéneas, no se debe ignorar el incumplimiento de las premisas. En estos casos, se debe utilizar una vía alternativa como transformar la escala de la variable, emplear un método no paramétrico de simulación o un modelo lineal generalizado.

Conclusiones

Se concluye que el modelo Logístico con función de enlace “log” para estimar la media poblacional de la PGIV no mostró resultados adecuados. Sin embargo, el modelo lineal por segmento fue el que mejor describió dicho comportamiento, mostrando los mejores R²aj, CME,

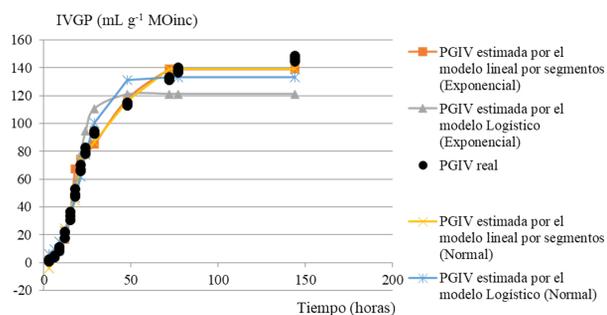


Figura 2. Contraste entre la PGIV real y la estimada por los modelos cuando se evaluó la PGIV del ensilaje con 50 % de OM-22, 50 % de moringa y *Lactobacillus pentosus*

AIC, BIC y residuos visualmente aleatorios. Además, con el modelo lineal por segmentos, se obtuvieron resultados similares sin importar la normalidad de la variable respuesta. Los resultados evidenciaron que en determinados casos se pueden utilizar procedimientos paramétricos con datos que no cumplen la normalidad. No obstante, se deben tener en cuenta las consecuencias de dichas violaciones. Se propone como alternativa un modelo lineal por segmentos para describir la PGIV, cuando los datos no cumplen con la normalidad.

Referencias

Bandera, E. & Pérez, L. 2018. Los modelos lineales generalizados mixtos. Su aplicación en el mejoramiento de plantas. *Cultivos tropicales*, 39(1): 127-133, ISSN: 1819-4087. <https://ediciones.in-ca.edu.co/index.php/ediciones/article/view/1437/2302>.

- Bono, R., Alarcón, R., Arnau, J., García-Castro, F.J. & Blanca, M.J. 2023. Robustez de los Modelos Lineales Mixtos Generalizados para diseños Split-Plot con datos binarios. *Anales de Psicología*, 39(2): 332-343. ISSN: 1695-2294. <https://doi.org/10.6018/analesps.527421>.
- García, Y., Torres, M. & Rodríguez, R. 2022. ProGas v1.1: Programa para el pre-procesamiento y análisis de datos de producción de gas *in vitro* de alimentos para rumiantes. Nota técnica. *Cuban Journal of Agricultural Science*, 56(2): 105-109, ISSN: 2079-3480. <https://www.cjas-science.com/index.php/CJAS/article/view/1050/>.
- García Avila, Y., Herrera Villafranca, M., Rodríguez Hernández, R., & Ontivero Vasallo, Y. 2022. Evaluación de modelos no lineales y no lineales mixtos para describir la cinética de producción de gas *in vitro* de alimentos para rumiantes. *Cuban Journal of Agricultural Science*, 56(1): 1-9, ISSN: 2079-3480. <https://www.cjas-science.com/index.php/CJAS/article/view/1040/>.
- Gómez, M.A. & Agüero, Y. 2020. Ajuste de modelos mixtos no lineales para la descripción de curvas de lactación bovina bajo pastoreo en El Mantaro, Junín, Perú. *Revista Investigaciones Veterinarias del Perú*, 31(4): 19027, ISSN: 1609-9117. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v31i4.19027>.
- Gomez-Mejia, A. 2021. Modelo de máxima verosimilitud. *Libre Empresa*, 17(2): 121-138, ISSN: 1657-2815. <https://doi.org/10.18041/1657-2815/libreempres.2020v17n2.8027>.
- Hernández, A.Á., García-Munguía, C.A., García-Munguía, A.M., Valencia-Posadas, M., Ruiz, J.H. & Velázquez-Madrazo, P.A. 2021. Tipificación y caracterización del sistema de producción del cerdo criollo de la Región Centro, México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 8(2): 37, ISSN: 2007-901X. <https://doi.org/10.19136/era.a8n3.2777>.
- Ortega-Monsalve, M., Velásquez-Henao, A.M., Ortiz-Acevedo, A., Galeano-Vasco, L.F. & Medina-Sierra, M. 2021. Ajuste a un modelo matemático, comparación de las curvas de crecimiento y características morfológicas de cuatro *Urochloas* de una colección *in vivo* establecida en Antioquia, Colombia. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 32(5): 1-7, ISSN: 1609-9117. <https://doi.org/10.15381/rivep.v32i5.19678>.
- Mesa-Fúquen, E., Hernández, J.S. & Camperos, J.E. 2021. Uso de modelos lineales generalizados en el conteo de *Leptopharsagibbicarina* (Hemiptera: Tingidae) en palma de aceite. *Revista Colombiana de Entomología*, 47(1): 2-5, ISSN: 2665-4385. <https://doi.org/10.25100/so-colen.v47i1.7661>.
- Montoya, E.A.F. & Quiroz, A.B. 2021. Un Enfoque Bayesiano en Modelos Heterocedásticos de Series de Tiempo y su Aplicación en la Volatilidad de Activos Financieros. *Pesquimat*, 24(2): 1-12, ISSN: 1609-8439. <https://doi.org/10.15381/pesquimat.v24i2.21152>.
- Pérez Pelea, L. 2018. ¿Cómo proceder ante el incumplimiento de las premisas de los métodos paramétricos? o ¿cómo trabajar con variables biológicas no normales? *Revista del Jardín Botánico Nacional*, 39: 1-12, ISSN: 2410-5546. <https://www.researchgate.net/publication/327752027>.
- Rozo, A.J. 2017. La educación secundaria y sus dos dimensiones. Efectos del barrio y del colegio sobre los resultados saber 11. *Revista de Economía del Rosario*, 20(1): 33-69, ISSN: 2145-454X. <http://dx.doi.org/10.12804/revistas.urosario.edu.co/economia/a.6148>.
- SAS Institute Inc. 2013. SAS/IML 9.3 User's Guide. SAS Institute Inc., Cary, NC. URL <http://www.sas.com/>
- Schofield, P., Pitt, R.E. & Pell, A.N. 1994. Kinetics of fiber digestion from *in vitro* gas production. *Journal of Animal Science*, 72(11): 2980-2991, ISSN: 1525-3163. <https://doi.org/10.2527/1994.72112980x>.
- Solís, C., Ruiloba, M.H., Rodríguez, R. & Marrero, Y. 2023. Dinámica de la fermentación ruminal *in vitro* de la mezcla integral de camote (*Ipomoea batata*, L.) presecada y ensilada. *Revista Investigaciones Agropecuarias*, 5(2): 88-96, ISSN: 2644-3856. https://revistas.up.ac.pa/index.php/investigaciones_agropecuarias/article/view/3899.
- Theodorou, M.K., Williams, B.A., Dhanoa, M.S., McAllan, A.B. & France, J. 1994. A simple gas production method using a pressure transducer to determine the fermentation kinetics of ruminant feeds. *Animal Feed Science and Technology*, 48: 185-197, ISSN: 0377-8401. <https://doi.org/10.1016/0377-8401>.
- Wald, A. & Wolfowitz, J. 1940. On a Test Whether Two Samples are from the Same Population. *The Annals of Mathematical Statistics*, 11(2): 147-162, ISSN: 0003-4851. <http://dx.doi.org/10.1214/aoms/1177731909>.
- Wang, T., He, P., Ahn, K.W., Wang, X., Ghosh, S. & Laud, P. 2015. A re-formulation of generalized linear mixed models to fit family data in genetic association studies. *Frontiers in Genetics*, 6: 120, ISSN: 1664-8021. <http://dx.doi.org/10.3389/fgene.2015.00120>.
- Whitlock, M.C. & Schluter, D. 2009. *The Analysis of Biological Data*. Roberts and Company Publishers, Greenwood Village, Colorado, USA.
- Zetina-Moguel, C.E., Sánchez y Pinto, I., González-Herrera, R., Osorio-Rodríguez, J.H., Barceló- Quintal, I.D. & Méndez-Novelo, R.I. 2018. Modelación estocástica del nivel freático en pozos de la ciudad de Mérida, Yucatán, México. *Ingeniería*, 22(2): 25-35, ISSN: 1665-529X. <https://www.redalyc.org/journal/467/46758579003/html/>.
- Zhou, M.M. & Kimbeng, C.A. 2010. Multivariate repeated measures: A statistical approach for analyzing data derived from sugarcane breeding variety trials. *Proceeding of the South African Sugar Technologists' Association*, 83: 92-105, ISSN: 0370-1816. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/pdf/10.5555/20113349222>.