

Informe final* del Proyecto WQ007
Asesoría para realizar un diagnóstico inicial que sea la base para evaluar el estado del conocimiento de enfermedades epidemiológicas vinculadas directamente con la biodiversidad en México*

Responsable:	Dr. Roberto Carrasco Hernández
Institución:	Individual
Fecha de inicio:	Enero 25, 2019.
Fecha de término:	Julio 2, 2019.
Principales resultados:	Hojas de cálculo, informe final.
Forma de citar** el informe final y otros resultados:	Carrasco Hernández, R. 2019. Asesoría para realizar un diagnóstico inicial que sea la base para evaluar el estado del conocimiento de enfermedades epidemiológicas vinculadas directamente con la biodiversidad en México. Informe final SNIB-CONABIO, Proyecto No. WQ007 , Ciudad de México.
Resumen:	Compilar literatura científica e información sobre enfermedades epidemiológicas vinculadas directamente con la biodiversidad en México. Revisar a detalle al menos 50 artículos en la literatura científica sobre enfermedades epidemiológicas en México vinculadas directamente con la biodiversidad; principalmente sobre las siguientes enfermedades: chikungunya, dengue, zika, chagas, leishmaniasis, virus del oeste del Nilo, el paludismo, oncocercosis y rickettsiosis, consideradas como las principales enfermedades para el control epidemiológico por el Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades.

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.

**Enfermedades transmitidas por vector en México y su
vínculo con la biodiversidad y el estado de conservación—Una
revisión bibliográfica y consideraciones para el modelado
geográfico—**

R. Carrasco Hernández

Contenido

Prólogo breve	3
Parte I	3
Introducción	4
Objetivos	5
Revisión bibliográfica.....	6
i) Tendencias en el estudio epidemiológico de las principales enfermedades transmitidas por vector	6
ii) Vectores de las enfermedades y sus aspectos ecológicos (en relación con otras especies y factores abióticos).....	8
iii) Riesgo de transmisión al ser humano vinculado con la biodiversidad.....	11
iv) Herramientas metodológicas que se utilizan para el análisis y modelación de distribución geográfica de vectores en México y en el mundo.....	19
Conclusiones	27
Referencias citadas.....	28
Parte II	37
Localidades de presencia de <i>Aedes aegypti</i> y <i>Aedes albopictus</i>	37
Algunas capas ambientales para predecir la distribución potencial de estos vectores en el país.....	41
Discusiones	46
Conclusiones preliminares y consideraciones futuras.....	47
Referencias.....	48

Prólogo breve

El documento presente se divide en dos partes: la primera, titulada “**Estado del conocimiento de enfermedades epidemiológicas en México y su vínculo con la biodiversidad**”, es una revisión de la literatura acerca de las posibles relaciones entre las enfermedades infecciosas y el estado de conservación de la biodiversidad en los ambientes donde el ser humano se relaciona estrechamente con especies silvestres. La segunda parte, con el título “**Creación de un modelo nicho ecológico de los principales vectores del Dengue, Zika y Chikungunya (Aedes aegypti y Aedes albopictus). Consideraciones preliminares.**” presenta el estado preliminar que explora dos posibles variables geográficas para conocer la distribución potencial de dos especies principales de vectores de enfermedades.

Parte I

Estado del conocimiento de enfermedades transmitidas por vector en México y su vínculo con la biodiversidad.

R. Carrasco-Hernández

Resumen

El estudio de las enfermedades transmitidas por vector y sus relaciones con la biodiversidad y el estado de conservación de los ecosistemas representa un campo de investigación emergente, debido a los problemas de salud que dichas enfermedades ocasionan alrededor del mundo. La presente revisión bibliográfica busca reconocer los factores biológicos y ecológicos que determinan la presencia y distribución de las enfermedades transmitidas por vector más importantes en México, así como las herramientas y técnicas que permiten su estudio. La revisión bibliográfica arrojó que las principales enfermedades y vectores estudiados en México son: la enfermedad de Chagas, el Dengue,

Zika, Chikungunya, Paludismo, Virus del Oeste del Nilo y Rickettsiosis y algunas otras de importancia veterinaria como la Rabia. Por otro lado, se encontró que el estudio de la distribución geográfica de los vectores implica un análisis de sus interacciones biológicas, ambientales y con los sistemas antrópicos. El modelado predictivo de la distribución de vectores incluye variables climáticas y topográficas, pero diversas investigaciones apuntan a la necesidad de identificar el papel de otras especies hospedadoras y vectores, y de incluir en los modelos la presencia de depredadores y competidores de los propios vectores. Los trabajos realizados en este campo proponen que existe una relación entre la biodiversidad y la regulación de las enfermedades, lo cual representa un servicio ecosistémico. La perturbación antropogénica del paisaje también ha sido identificada en las investigaciones como un factor predictivo de la incidencia de las enfermedades. El reconocimiento de los factores ecológicos que determinan la presencia y distribución de las enfermedades transmitidas por vector puede ayudar a crear mejores estrategias informadas para su prevención y control.

Introducción

Las enfermedades transmitidas por vector son un problema importante para las regiones tropicales en desarrollo alrededor del mundo (World Health Organization, 2014). La transmisión de estas enfermedades al ser humano depende de la distribución y las dinámicas poblacionales de los vectores que—a su vez—se asocian con interacciones ecológicas en los ambientes locales (Messina et al. 2015). Los factores ecológicos determinantes incluyen variables climáticas y meteorológicas, del comportamiento humano y de las interacciones bióticas con otras especies de seres vivos (Barrera et al. 2011, Johnson et al. 2015, Monath 2019).

En México —de acuerdo con el Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades de la Secretaría de Salud (CENAPRECE)— 60% del territorio nacional presenta condiciones que favorecen la dispersión de enfermedades transmitidas por vectores. En estas zonas

residen más de 50 millones de personas y se localiza la mayor parte de los centros agrícolas, ganaderos y turísticos del país (CENAPRECE 2017). Es por esto que CENAPRECE mantiene un Programa de Enfermedades Transmitidas por Vectores cuyo objetivo es el control epidemiológico, con la participación de las instancias gubernamentales federales y locales, así como las organizaciones de la sociedad civil y las opiniones de expertos. Su objetivo es conducir actividades de educación, difusión, participación social y acciones para el control integral de los vectores en sitios de mayor riesgo por la concentración poblacional. Las principales enfermedades consideradas por CENAPRECE para el control epidemiológico son el Dengue, Zika, la fiebre Chikungunya, el virus del Oeste del Nilo, el Paludismo, la enfermedad de Chagas, la Leishmaniasis, intoxicaciones por picaduras de alacrán, la oncocercosis y rickettsiosis.

En el presente trabajo se propone hacer una revisión a la literatura científica sobre las principales enfermedades consideradas por CENAPRECE para el control epidemiológico y, en particular, identificar los factores de riesgo en la transmisión de las enfermedades vinculadas a la biodiversidad, así como el papel del mantenimiento de las interacciones bióticas en la regulación de los vectores de enfermedades por medio de análisis a los resultados de investigaciones realizadas en México y publicadas en revistas científicas; así como hacer una revisión de las herramientas utilizadas para el modelado y análisis de las enfermedades transmitidas por vectores.

Objetivos

Realizar una revisión en la literatura científica sobre el estado del conocimiento respecto a los siguientes temas:

- i) Conocer las tendencias en el estudio epidemiológico de las principales enfermedades transmitidas por vector en México

ii) Describir los vectores de las enfermedades y sus aspectos ecológicos (en relación con la diversidad de especies y factores abióticos o antropogénicos)

iii) Conocer como el riesgo de transmisión al ser humano se vincula con la biodiversidad, en términos del servicio de regulación de vectores de enfermedades.

iv) Determinar herramientas metodológicas que se utilizan para el análisis y modelación de vectores de enfermedades en México y en el mundo.

En la siguiente sección, “Revisión bibliográfica”, se presentarán los métodos de la búsqueda de literatura, los buscadores y palabras clave, así como un breve análisis de los resultados arrojados para cada uno de los objetivos enlistados para esta revisión.

Revisión bibliográfica

i) Tendencias en el estudio epidemiológico de las principales enfermedades transmitidas por vector

La epidemiología es una ciencia integrativa que combina estudios de prevalencia, incidencia de las enfermedades y la distribución e historia natural de los organismos que las transmiten a fin de caracterizar sus patrones de presencia, sus ciclos de transmisión y desarrollar métodos efectivos de vigilancia y control. En esta sección se presentan los resultados de una búsqueda de literatura al respecto del estudio epidemiológico en México sobre las principales enfermedades transmitidas por vectores que enlista CENAPRECE.

Método de búsqueda:

Se utilizó el buscador “Web of Science” y se realizaron búsquedas independientes para las diferentes enfermedades transmitidas por vectores de importancia para México, con las palabras

clave: TEMA: (“enfermedad” epidemiology) AND TÍTULO: (México). La búsqueda se acotó a las enfermedades infecciosas listadas por CENAPRECE (Dengue, Zika, Chikungunya, el Virus del Oeste del Nilo, Paludismo, la enfermedad de Chagas, Leishmaniasis y rickettsiosis). Cabe mencionar que las búsquedas en idioma español no arrojaban resultados en este buscador.

Principales resultados

La enfermedad de Chagas y el Dengue fueron las enfermedades para las que se encontró la mayor cantidad de artículos al respecto de su estudio epidemiológico en México (28 y 27 artículos respectivamente). El resto de las enfermedades presentan menos artículos en comparación con las dos primeras (alrededor de 5 artículos cada una); este patrón se repite a lo largo de las distintas búsquedas realizadas. Asimismo, es evidente el traslape de resultados entre Dengue, Zika y Chikungunya, puesto que comparten el mismo vector (*Aedes aegypti*). La tabla a continuación (Tabla 1) presenta el número de artículos hallados para cada una de las enfermedades.

Enfermedad	Número de artículos	Intervalo de años de publicación
Chagas	28	1999 - 2019
Dengue	27	1997 - 2018
Zika	3	2018 - 2018
Chikungunya	6	2017 - 2018
Paludismo	5	2000 - 2018
Virus del Oeste del Nilo	5	2009 - 2013
Rickettsia	4	2009 - 2019

El estudio de algunas de estas enfermedades es muy reciente, debido a que su introducción al país ocurrió en los últimos años. El más evidente es el caso de los virus de Zika y Chikungunya que aparecieron en América Latina y el Caribe en los años 2013 y 2014 respectivamente (del Carpio-Orantes 2016). De igual manera, el Virus del Oeste del Nilo se considera una enfermedad emergente en México, pues no fue sino hasta el año 2002 cuando se reportaron los primeros casos en aves y caballos, en algunos estados de la frontera norte y en la península de Yucatán (Ramos y Falcón-Lezama, 2004). Por otro lado, existen enfermedades como la Rickettsiosis que ha permanecido poco estudiada, a pesar de encontrarse por largo tiempo en el territorio nacional. Varias especies del género Rickettsia han causado numerosas epidemias registradas en la historia, como la del tifus, que causó dos millones de muertes en México el año de 1576 (Vélez et al. 2012).

ii) Vectores de las enfermedades y sus aspectos ecológicos (en relación con otras especies y factores abióticos)

Las enfermedades aquí analizadas son transmitidas por vectores. De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (WHO 2017) los vectores son animales vivos que pueden transmitir enfermedades de individuos infectados a individuos susceptibles (ya sean animales o humanos). Tanto los vectores como las enfermedades pueden ser estudiados respecto a sus “aspectos ecológicos”, es decir, las relaciones que guardan con el ambiente, el espacio físico, otras especies biológicas y los sistemas antrópicos. Comprender estas relaciones permite entender—y posiblemente predecir—los patrones epidemiológicos de las enfermedades. A continuación, se presentan los resultados de la revisión para estudios ecológicos de las enfermedades transmitidas por vector.

Método de búsqueda:

Se utilizó el buscador “Web of Science” y se realizaron búsquedas independientes para los vectores de cada enfermedad y su relación con la biodiversidad, utilizando las palabras clave:

TÍTULO: (“enfermedad” AND vector) AND TEMA: (ecology). Nuevamente, la búsqueda se acotó a algunas de las enfermedades infecciosas listadas por CENAPRECE (Dengue, Zika, Chikungunya, el Virus del Oeste del Nilo, Paludismo y la enfermedad de Chagas). La siguiente tabla (Tabla 2) presenta los principales vectores referidos en la literatura y algunos extractos de las relaciones ecológicas que se estudian; así mismo presenta el número de artículos que arrojó la búsqueda para cada enfermedad.

Tabla 2. Principales vectores y algunas relaciones ecológicas estudiadas en la revisión de literatura Web of Science			
Enfermedad	Vectores	Extracto de las principales interacciones ecológicas estudiadas	# de artículos
Chagas	Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) <i>Rhodnius prolixus</i> <i>Triatoma infestans</i> <i>Triatoma sordida</i> <i>T. delpontei</i> , <i>T. dimidiata</i> <i>T. vitticeps</i> // Ectoparásitos hematófagos antropofílicos	La composición de especies vectores resulta ser un mejor predictor de la enfermedad que la riqueza de especies. (Eduardo et al 2018). Las diferentes especies vectores tienen afinidades distintas por ocupar los hábitats antrópicos, p.ej.: <i>T. sordida</i> tiende a ocupar hábitats peridomésticos (principalmente corrales de gallinas), mientras que <i>T. infestans</i> tiene mayor capacidad de colonizar dormitorios humanos. (Rodríguez-Planes et al 2017). La distribución de <i>T. infestans</i> , <i>T. delpontei</i> , <i>T. dimidiata</i> , y <i>T. sordida</i> parece extenderse hacia áreas muy secas. Todas las especies de triatóminos mostraron alta tolerancia a sequía (de la Vega y Schilman, 2017)	25

Dengue, Zika y Chikungunya	Diptera: Culicidae <i>Aedes aegypti</i> , <i>Aedes albopictus</i> // Ectoparásitos hematófagos antropofílicos	<p>Los ambientes ideales para la crianza de <i>Aedes aegypti</i> son aquellos con mayor urbanización, un suministro de agua insuficiente para la población humana y con remoción ineficiente de la basura urbana (Mukhtar et al 2018).</p> <p><i>Aedes albopictus</i> oviposita preferentemente en contenedores rodeados por vegetación, mientras que <i>Aedes aegypti</i> lo hace en contenedores rodeados por una gran densidad de edificios (Kamgang et al. 2010). Además, <i>Aedes aegypti</i> ha resultado menos susceptible a la infección viral con Dengue que <i>Aedes albopictus</i> (Vazeille et al 2001)</p>	27
Paludismo	Diptera: Culicidae, Género Anopheles <i>An. gambiae</i> , <i>An. funestus</i> , <i>An. superpictus</i> <i>An. Arabiensis</i> ,	<p>La densidad de mosquitos Anopheles puede ser alta dentro de los límites de la ciudad, pero en especial cuando hay agricultura presente. Las áreas rurales típicas (con menor densidad de casas y mayor distancia de los centros urbanos) eran más adecuadas para la reproducción y colonización de las casas por mosquitos Anopheles (Dear et al 2018).</p> <p>Existen barreras ecológicas que han obstaculizado el control artificial de vectores, entre ellas están: la variación del comportamiento de los mosquitos, el desarrollo de resistencia a los insecticidas, el desarrollo de comportamientos contra los insecticidas, una alta diversidad de vectores. (Benelli y Beier 2017)</p> <p>La sucesión ecológica en fosas de construcción de edificios tiene un impacto sobre los vectores del paludismo. La presencia de juveniles de <i>Anopheles gambiae</i> se correlaciona negativamente con la presencia de "Garapitos" (Hemiptera: Notonectidae). (Kiszewski et al 2014)</p>	109

Virus del Oeste del Nilo (VON)	Diptera: Culicidae, Género <i>Culex</i> <i>quinquefasciatus</i> , <i>Culex pipiens</i>	<p>La distribución de <i>Culex quinquefasciatus</i> en las Islas Galápagos puede estar limitada por intolerancia a la sal, y, su abundancia, por las altas temperaturas. Su comportamiento de alimentación tiene potencial para actuar como un puente para la transmisión de patógenos a lo largo de múltiples taxones (Eastwood et al 2019).</p> <p>El petirrojo americano (<i>Turdus migratorius</i>) es una especie hospedera clave para la amplificación del VON. Aunque el parasitismo tiende a aumentar con la socialización, existen casos en que las infecciones por endo y ectoparásitos disminuyen con el tamaño del grupo: el número de mosquitos por ave atrapada era varios cientos de veces menor en nidos comunales de petirrojo americano que en individuos solitarios (Janousek et al 2014).</p>	29
--------------------------------	--	---	----

Como puede observarse en la Tabla 2, la presencia y abundancia de los vectores de enfermedades puede relacionarse con factores abióticos como la temperatura y la humedad, con factores bióticos como la presencia de depredadores, competidores, o bien, especies silvestres que actúan como reservorios o amplificadores¹ de las enfermedades. Finalmente, las actividades humanas y la modificación antropogénica del paisaje son factores determinantes también.

iii) Riesgo de transmisión al ser humano vinculado con la biodiversidad

La diversidad de especies que interactúan con los vectores puede servir como un control de las enfermedades que transmiten. Existen especies que pueden controlar las dinámicas poblacionales de los vectores al competir con ellos por recursos ambientales o también al actuar como depredadores. Se entiende que este control de las enfermedades es un servicio ecosistémico (i.e. un beneficio humano que se obtiene de los ecosistemas naturales, Millennium Ecosystem Assessment

¹ Un amplificador es un hospedero en donde los agentes infecciosos se multiplican rápidamente hasta niveles altos, lo cual provee una fuente importante de infección.

2005). Esta sección busca describir el estado del conocimiento respecto al control de enfermedades a través de la conservación de la biodiversidad y de las interacciones bióticas.

Una búsqueda en Web of Science arrojó 65 resultados, utilizando las palabras clave: “*disease control*” AND *biodiversity*. De acuerdo con los resultados de la búsqueda, el número de publicaciones al respecto ha incrementado en los últimos años (ver Figura 1). Esto podría indicar un creciente interés por el tema del control de enfermedades como un servicio ecosistémico.

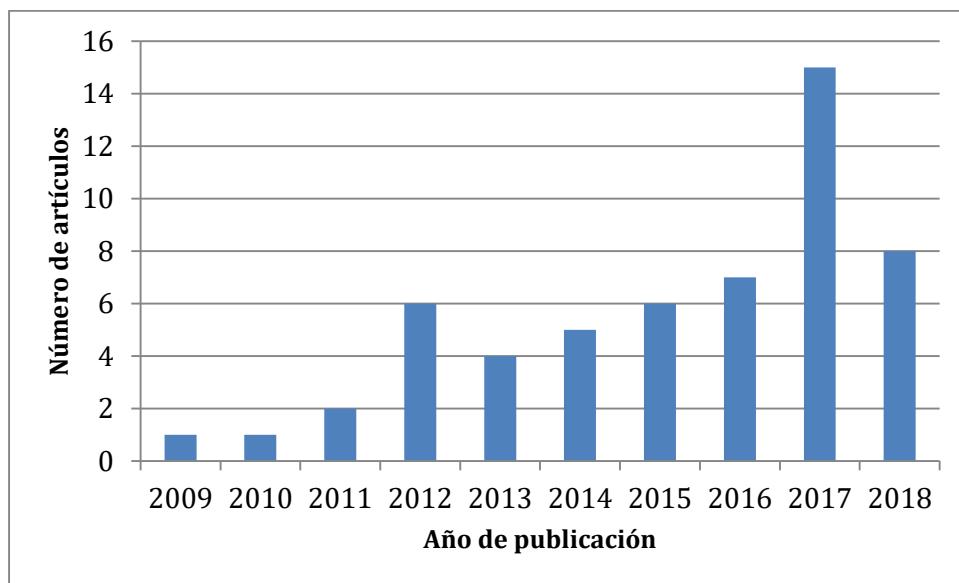


Figura 1. Número de artículos por año de publicación para documentos con las palabras clave: “*disease control*” *biodiversity* en Web of Science

Además, este interés ocurre a nivel global según se muestra en la siguiente tabla (Tabla 3), que presenta la lista de los países de publicación de los 65 documentos. Cabe destacar que México aparece en sólo uno de estos registros.

Tabla 3. Países de publicación y número de publicaciones por país entre 2009 y 2019 para documentos con las palabras clave: “*disease control*” *biodiversity* en Web of Science

USA (20)	Finland (2)	New Zealand (1)
England (12)	Germany (2)	Niger (1)
Canada (10)	India (2)	Nigeria (1)
France (9)	Iran (2)	North Ireland (1)
Scotland (8)	Argentina (1)	Peru (1)
Australia (5)	Bangladesh (1)	Poland (1)
Italy (5)	Costa Rica (1)	Portugal (1)
Netherlands (4)	Denmark (1)	Singapore (1)
Switzerland (4)	Ethiopia (1)	South Africa (1)
Brazil (3)	Indonesia (1)	Taiwan (1)
Peoples R China (3)	Israel (1)	Turkey (1)
Spain (3)	Kenya (1)	Uganda (1)
Wales (3)	México (1)	Vietnam (1)

Con el fin de conocer los mecanismos del control de enfermedades por medio de la biodiversidad, se identificaron los principales temas de estudio de los artículos hallados. Esto permitió conocer algunos mecanismos por los que la biodiversidad y la conservación de ecosistemas controlan el riesgo de transmisión de ciertas enfermedades. El artículo más citado en este respecto fue el de Wood y Lafferty (2013), en el cual se describe uno de los mecanismos más estudiados de control de enfermedades: el efecto de dilución. Otros temas relevantes surgen de este análisis, como la efectividad del control poblacional de animales silvestres que se conocen como reservorios de enfermedades. Además, otros destacan la importancia de las actividades humanas y la fragmentación de los hábitats naturales como determinantes de la transmisión de enfermedades. La Tabla 3.1 muestra el número de artículos hallado para cada uno de estos temas, posteriormente se discuten estos temas por medio de algunos ejemplos seleccionados de entre los documentos hallados. La diversidad de plantas como un control de enfermedades de interés agrícola fue un tema recurrente en esta búsqueda y es posible que dicho control se rija por mecanismos ecológicos similares a los de

las enfermedades animales/humanas. Sin embargo, estos artículos no serán discutidos aquí pues se encuentran fuera del enfoque de la presente revisión.

Tabla 3.1 Principales temáticas de análisis en una búsqueda en Web of Science, utilizando las palabras clave: “*disease control*” AND *biodiversity* entre los años 2009 a 2018

Tema	# de artículos
Efecto de dilución: La capacidad de la diversidad de hospederos para diluir la transmisión de patógenos	46
Control artificial de reservorios silvestres	5
La estructura del hábitat como control de enfermedades	4
Interacciones entre los sistemas ecológicos y humanos	5
Biodiversidad y enfermedades en la agricultura	5

El efecto de dilución: el mecanismo que explica el control de las enfermedades

El término efecto de dilución fue acuñado por Schmidt y Ostfeld (2001) para referirse a un modelo conceptual en el que la diversidad de especies hospederas representa una barrera para la transmisión y dispersión de un parásito dado. Lo anterior se debe a que no todas las especies hospederas son igualmente competentes para actuar como sus reservorios o sus vectores (Main et al. 2018). En un ecosistema diverso en especies hospederas se reduce el número probable de contactos entre el parásito y las especies altamente competentes para completar su ciclo de vida.

Es importante mencionar que existe un debate en los círculos académicos respecto al concepto del efecto de dilución. Incluso se ha acuñado el concepto contrario: “efecto de amplificación”; que se refiere a una mayor prevalencia de las enfermedades con un aumento en la biodiversidad. Más adelante se presentarán los resultados de una revisión que abunda en este tema.

Control artificial de reservorios silvestres

Entre los documentos hallados sobresalió el de Harrison et al 2010, en el cual se describe la efectividad de una práctica común: el sacrificio de reservorios silvestres para el control de

enfermedades (“culling” en inglés). Los autores estudiaron un sistema particular de la trasmisión de la enfermedad de Louping (endémica d Gran Bretaña) a los urogallos rojos domésticos, cuyo reservorio son las liebres de montaña. Los autores concluyen que este método de control, aunque común, no es necesariamente efectivo y que además puede tener consecuencias inesperadas en el funcionamiento de los ecosistemas naturales, como cambios poblacionales y comportamentales en especies hospederas alternativas.

Fragmentación del hábitat como factor de riesgo en la transmisión de enfermedades

Los efectos de la perturbación a la estructura del hábitat también fueron estudiados por Vaz et al. (2007); en un estudio empírico en el que se comparó la prevalencia de *Trypanosoma cruzi* (el agente patógeno de la enfermedad de Chagas). Los autores compararon un hábitat forestal continuo contra uno fragmentado. En el hábitat fragmentado se encontró que los mamíferos poseían una mayor seroprevalencia contra del patógeno que en el hábitat continuo. De acuerdo con sus conclusiones, existen tres factores que parecen modular la infección de *T. cruzi* en mamíferos pequeños y silvestres: (i) la fragmentación del hábitat, (ii) la pérdida de biodiversidad y (iii) el incremento en la abundancia de marsupiales en las comunidades de mamíferos.

La interacción entre los sistemas ecológicos y socioeconómicos humanos

El artículo de Garchitorena et al (2017) presenta un enfoque acerca de los mecanismos que facilitan la trasmisión de enfermedades de vida silvestre a humanos. Los autores argumentan que, en el caso de las enfermedades infecciosas tropicales, la mayoría de los patógenos cumplen parte de su ciclo de vida fuera del cuerpo humano y son transmitidos mediante vías ambientales (comida y agua contaminada, picaduras de mosquitos, etc.). Sin embargo, estos eventos ocurren en sistemas “naturales-humanos acoplados”, es decir, en sistemas donde el ser humano interactúa cercanamente con las posibles fuentes o reservorios silvestres de infección. Los autores sugieren que el

entendimiento de estas interacciones puede servir como una estrategia complementaria para el éxito de las estrategias de control mediante el uso de vacunas y medicamentos.

Estos estudios en general permiten afirmar que mantener la variedad de especies puede reducir la densidad de reservorios, vectores y patógenos y por lo tanto las actividades para conservar la biodiversidad podrían representar una estrategia para el control de enfermedades infecciosas. Si bien existen especies silvestres que actúan como reservorios y pueden "amplificar" las probabilidades de transmisión de enfermedades, es posible generar un control natural de estas especies a través de la conservación de interacciones bióticas por la presencia de competidores o depredadores naturales. Por último, son las actividades humanas en cercanía con los ambientes silvestres los que finalmente determinan el riesgo de transmisión, conocer y regular las dinámicas de estas interacciones será la mejor estrategia de prevención.

Revisión sobre las evidencias del efecto de dilución

Puesto que el efecto de dilución es un tema controversial, se llevó a cabo un análisis más detallado de la literatura. Para esta búsqueda se utilizó Google Scholar y las palabras clave "dilution effect" AND "disease vector"**

Hallamos estudios que evidenciaron el efecto de dilución propuesto por Schmid y Ostfeld (2001). Acotamos la búsqueda a los últimos 5 años y encontramos un total de 114 artículos que incluyeran las frases clave "dilution effect" y "disease vector". Entre estos, tan sólo 7 artículos contenían ambas frases y discutían el efecto de dilución. La siguiente tabla (Tabla 4) muestra un extracto de estos 5 artículos y sus conclusiones respecto a la relación entre la biodiversidad y las enfermedades a través del efecto de dilución. La siguiente tabla muestra la conclusión que cada estudio arrojó sobre la relación biodiversidad/enfermedad, así como la evidencia que mostraron.

Tabla 4. Evidencias publicadas respecto al efecto de dilución de la biodiversidad en el control de enfermedades

Autor Año	Tipo de estudio (Vector)	Conclusión sobre la relación biodiversidad-enfermedad	Evidencia
Zargar et al. 2015	Revisión (varias enfermedades y vectores)	Ambigua	13 estudios relación negativa y 5 estudios con relación positiva
Zolnik et al 2015	Empírico (garrapatas, enfermedad de Lyme)	La evidencia no apoya el efecto de dilución	Análisis de regresión entre abundancia e índices de fragmentación no presentó diferencias significativas
Lou et al. 2017	Revisión (garrapatas, enfermedad de Lyme)	Ambigua	Cita ambas posibilidades
Linske et al 2018	Empírico (garrapatas, enfermedad de Lyme)	Negativa	Una menor infección del hospedero se correlaciona con una mayor riqueza de especies hospederas y con mayor abundancia de encuentros.
Orozco et al 2016	Empírico, (<i>Trypanosoma cruzi</i> en mamíferos hospederos)	Negativa en general pero ambigua al analizar los grupos taxonómicos por separado.	La prevalencia de <i>Trypanosoma cruzi</i> al considerar todas las especies hospederas fue significativamente menor en el área conservada (11.1%) que en el área perturbada (22.1%), pero fue heterogénea al comparar grupos: La prevalencia de la infección en las zarigüellas <i>Didelphus albiventris</i> y <i>Thylamys pusilla</i> fue significativamente menor en el área conservada, mientras que la infección en roedores sigmodontinos fue tres veces más alta en el área conservada.

Levi et al 2016	Empírico, (garrapatas en hospederos vertebrados, enfermedad de Lyme)	-Negativa en sistemas ricos en especies no competentes -Positiva en sistemas ricos en especies competentes	Los principales hospederos de amplificación de la enfermedad de Lyme fueron los ratones de patas blancas, las ardillas listadas orientales, las musarañas de cola corta y las musarañas enmascaradas; quienes amplificaron considerablemente la densidad de las ninfas de garrapata infectadas. Las ardillas grises y las zarigüeyas de Virginia fueron hospederos de dilución importantes; remover estas dos especies incrementó el número máximo de larvas en los hospederos de amplificación en un 57%. Los mapaches y las aves fueron hospederos de dilución menores bajo ciertas circunstancias.
Cohen et al 2016	Modelos de distribución de especies (especies hospederas de Virus del Oeste del Nilo (VON), Borrelia burgdorferi y Batrachochytrium dendrobatidis)	La riqueza de hospederos fue un predictor estadísticamente significativo de la prevalecia (pero no menciona si la relación fue positiva o negativa)	Se halló una correlación significativa de los predictores con la prevalencia, usando modelos lineales generalizados, utilizando la riqueza de especies hospederas como factores predictivos.
Péneau et al 2016.	Empírico. (Triatominos, <i>Trypanosoma</i> <i>cruzi</i>)	“No monotónica”. Niveles medios de diversidad de triatominos se asocian con menos riesgo de infección por T. Cruzi	Conteos directos de prevalencia respecto a diversidad de hospederos.

La mayoría de los estudios sobre el efecto de dilución se han enfocado en la enfermedad de Lyme transmitida por garrapatas. Esto ocurre porque, en la literatura, la enfermedad de Lyme se proponía como el modelo ideal para el efecto de dilución pues las garrapatas son vectores casi inmóviles que dependen mucho de la probabilidad de contacto y la densidad de vertebrados hospederos. Los estudios del efecto de dilución para otras enfermedades son escasos y esto representa un área de oportunidad de investigación.

Los diferentes artículos hallados (Tabla 4) aportan evidencias a favor y en contra (*i.e.* falta de evidencia o evidencia contraria al efecto de dilución). La ambigüedad que presentan los diferentes estudios puede relacionarse con el patrón que detecta Levi et al 2016 (Tabla 4), en donde los efectos de dilución o amplificación de las enfermedades dependen de la composición de especies con diferentes grados de competencia para completar el ciclo de vida del parásito. De manera que la composición de especies puede ser un factor más importante que la riqueza de especies para predecir la presencia de un vector o enfermedad.

iv) Herramientas metodológicas que se utilizan para el análisis y modelación de distribución geográfica de vectores en México y en el mundo.

El objetivo final de la epidemiología es el de desarrollar campañas de vigilancia y control, basándose en el conocimiento de la historia natural y la distribución de las enfermedades. Las herramientas para predecir la distribución de vectores pueden ayudar a los expertos en salud y a los responsables políticos en la toma de decisiones respecto a la comunicación y prevención de riesgos, así como a las medidas de control (Quine et al., 2011). La modelación de la distribución y prevalencia de vectores además permite proyectar la posible presencia de enfermedades considerando diferentes escenarios presentes y futuros. En la actualidad es posible realizar este tipo de análisis gracias a la disponibilidad de datos geográficos e imágenes satelitales a escala global, en plataformas web de gobiernos internacionales (e.g. the United States Geological Survey, USGS, o la NASA) o nacionales. A continuación, se presentan los resultados de una búsqueda de literatura respecto a las herramientas de modelado de distribución de vectores.

Utilizando las palabras clave “modelling disease vector distribution” en el buscador Google Scholar a fin de conocer las técnicas generales de modelado. Tras acotar a los resultados de los últimos 5 años, la búsqueda arrojó 14,600 resultados; sin embargo, tan solo se tomaron en cuenta los resultados más relevantes, de acuerdo con la clasificación de relevancia del buscador. A continuación,

se presenta una tabla que resume algunas de las técnicas más relevantes del modelado de la distribución de vectores de enfermedades.

Tabla 5. Extracto de artículos que modelan la distribución de vectores y enfermedades. Se muestran las principales técnicas de modelado.

Autor// # de citas	Objetivo	Técnica	Observaciones
Hartemink et al 2015 // 33 citas	Identificación de hábitats adecuados para los vectores y hospederos del virus de la lengua azul que afecta a rumiantes en Europa del norte y mediterránea.	Identificación de funciones ecológicas (e.g. alimentación, oviposición, anidación, etc.) y la distribución geográfica de los recursos para cada una. Esto mediante un proceso deductivo y no inductivo. Es decir, una aproximación teórico- mecanística contraria a la aproximación empírica- estadística. Para finalmente modelar las posibles áreas de sobreposición de vectores y hospederos.	Este método no depende directamente de georreferencias de las especies vectores u hospederas, pero sí de la literatura respecto a su ecología
Shearer et al. 2018 // 25 citas	Estimar la distribución actual de la fiebre amarilla en África y Sudamérica y su dispersión potencial a fin de generar información para las estrategias de control y prevención.	Modelo de árbol de regresión por proceso puntual de Poisson, del número de casos en humanos (entre 1970 y 2016) como función de variables ambientales y biológicas (uso de suelo, humedad, elevación, adecuabilidad del hábitat para <i>Aedes aegypti</i> , distribución potencial de primates no humanos), además cobertura de vacunación y el riesgo relativo predicho por la variabilidad espacial de los casos	Los árboles de regresión son herramientas empíricas que permiten subdividir el espacio hiperdimensional de los factores predictivos; a fin de crear una clasificación politérmica (árbol) no lineal de las subdivisiones. Esta herramienta permite identificar variables relevantes para la predicción de casos y sus resultados podrían extrapolarse para predecir la distribución potencial de los casos.

Carvalho et al 2015 // 37 citas	Definir el nicho climático de <i>Lutzomyia flaviscutellata</i> (vector de la Leishmaniasis) en Sudamérica; y explorar proyecciones a futuro bajo diferentes escenarios de cambio climático.	Modelado de nicho ecológico a partir de puntos de presencia del vector compilados de la literatura, colecciones de museos y departamentos de salud de Brasil. Así mismo, se utilizaron seis capas geográficas con variables bioclimáticas. El modelado se realizó utilizando seis distintos algoritmos de modelado de nicho ecológico. (BIOCLIM, DOMAIN, MaxEnt, GARP, regresión logística y Random Forest).	El modelado de nicho ecológico se refiere al algoritmo computacional de extrapolación geográfica del hábitat adecuado para una especie, a partir de las condiciones ambientales halladas en registros empíricos de presencia.
------------------------------------	---	--	---

Hartemink y colaboradores (2015), critican los modelos epidemiológicos clásicos (basados exclusivamente en los casos de la enfermedad) por no incluir la dimensión espacial ni las dimensiones ecológicas que determinan la presencia de una enfermedad. La literatura que aquí se presenta, sin embargo, se ha enfocado ampliamente en introducir estos factores ecológicos. Una vez identificados los factores más relevantes y su relación matemática con la presencia de la enfermedad, es posible extraer la distribución potencial de las especies involucradas (vectores y hospederos).

La identificación de las variables ecológicas relevantes se hace a través de diferentes métodos deductivos e inductivos y utilizando diferentes algoritmos que permiten reconocer patrones de la distribución de los datos (patrones lineales, no-lineales, etc). En particular, el término “modelado de nicho ecológico” aparece frecuentemente en las búsquedas. Además del trabajo de Carvalho et al (2015) de la tabla 6, aparece en Tjaden et al. 2017, Malone et al. 2019 y McIntyre et al 2017. El modelado de nicho ecológico se refiere específicamente a un método inductivo (empírico-estadístico) que busca los valores ambientales (usualmente climáticos y fisiográficos) adecuados para una especie basándose en puntos geográficos de presencia conocida. Existen diversos algoritmos con distintas reglas de identificación de patrones en los datos multivariados y se han

desarrollado diferentes programas para realizar los análisis de manera automática (como los que se muestran en la tabla 6: MaxEnt, GARP, DOMAIN, etc.). El uso de estas herramientas se ha extendido en las últimas décadas ‘para resolver problemas concretos como la planificación de la conservación de especies o, en nuestro caso, el conocimiento de la distribución de vectores de enfermedades.

En la siguiente sección nos enfocaremos en la literatura del modelado de nicho ecológico de vectores que se ha realizado en México. Para esto la búsqueda se acotó a la técnica de modelado de nicho ecológico para las mismas enfermedades con las palabras clave: TÍTULO: (Mexico) AND TEMA: (“niche model” AND enfermedad (e.g.. Dengue)). A continuación, se presenta un resumen de los resultados de estas búsquedas y una breve discusión de hallazgos teóricos y conceptuales hallados, que servirán de base para generar e interpretar modelos de nicho ecológico

En conjunto, para todas las enfermedades, se encontró un total de 13 artículos que modelan el nicho ecológico de algún vector en el territorio nacional, entre los años 2002 y 2018. El siguiente gráfico (Figura 1) muestra la frecuencia de cada enfermedad listada en las publicaciones encontradas. Por su parte la Figura 2 muestra el número acumulado de artículos por enfermedad a lo largo de los años.

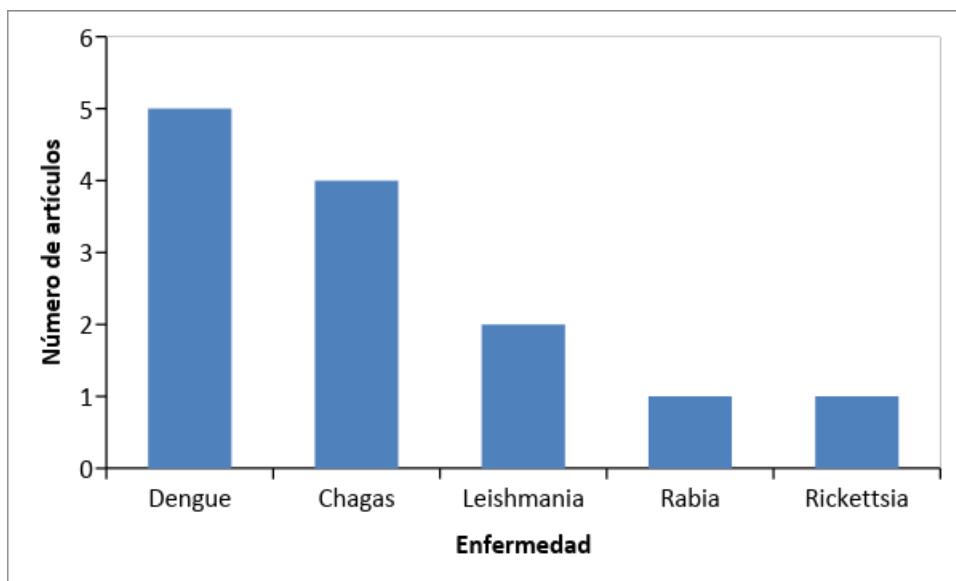


Figura 1. Frecuencia de artículos publicados por enfermedad, para el modelado de nicho ecológico de vectores transmisores en México. Resultados de búsqueda en Google Scholar . Feb 2019.

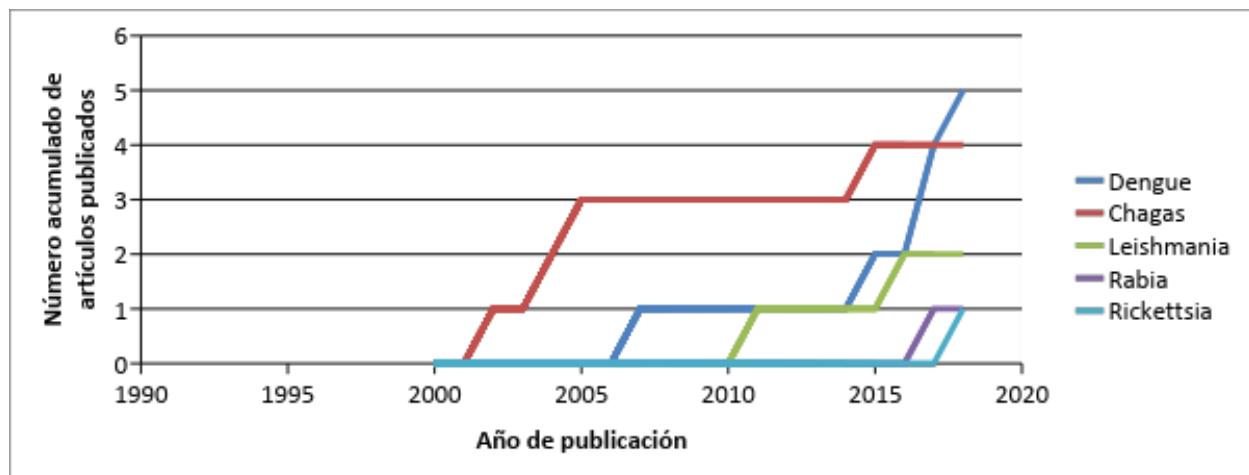


Figura 2. Número acumulado de artículos publicados por año de publicación, para el modelado de nicho ecológico de vectores transmisores en México. Resultados de búsqueda en Google Scholar. Feb 2019.

En la figura 2 se puede observar que Dengue y Chagas son las enfermedades mayormente estudiadas en lo que respecta al modelado del nicho de sus vectores en México. En el caso de Dengue, los mosquitos vectores *Aedes albopictus* y *A. aegypti* también transmiten Zika y Chikungunya y se les ha estudiado también por el interés en dichas enfermedades. De hecho, en la Fig. 2 se puede observar como el interés por el modelado de los vectores del Dengue incrementó a partir del año 2013, año de la emergencia del virus de Chikungunya en el Caribe, y continúa en incremento tras la emergencia del Virus de Zika en 2015 en América del Sur. Los estudios de mosquitos vectores también llegan a incluir otras especies transmisoras de arbovirus (p. ej. Virus del Oeste del Nilo), principalmente mosquitos del género *Culex*. Por su parte, la enfermedad de Chagas ha recibido atención constante desde principios de la década del 2000 (Figura 2), siendo la enfermedad “pionera” en los estudios de distribución de vectores en México. Los vectores de la enfermedad de Chagas se extienden a la

subfamilia Triatominae (Reduviidae: Hemiptera). De manera interesante, entre los estudios hallados existe uno (Townsend 2002) que modela el nicho de especies de roedores (*Neotoma* spp.) como potenciales reservorios de *Trypanosoma cruzi* (el agente etiológico de la enfermedad). Este estudio además analizó la interacción geográfica entre los vectores y reservorios.

Cabe resaltar que en la última década (a partir del 2010, ver Fig. 2) existe un creciente interés por modelar otras enfermedades y sus vectores (i.e. Leishmaniasis, Rabia y Rickettsiosis). La leishmaniasis es transmitida a los humanos a través de moscas del género *Lutzomyia* (Diptera: Psychodidae). Aunque en México solamente se ha demostrado la transmisión por parte de la especie *Lutzomyia olmeca olmeca*, uno de los estudios hallados (González et al. 2011) reporta que la distribución de *L. olmeca olmeca* no coincide con toda la distribución de los casos de Leishmaniasis en humanos; sugiriendo que *L. cruciata* y *L. shannoni* también pueden jugar un papel como vectores. En el caso particular de la rabia, existen varios ciclos de transmisión que usualmente involucran a especies de carnívoros domésticos; no obstante en la revisión de la literatura a partir del modelado de nicho se encontró que principalmente se estudia al murciélagos vampiro (*Desmodus rotundus*). *D. rotundus* transmite la rabia principalmente de manera enzooótica (dentro de su misma especie) pero llega a transmitirla también al ganado vacuno. En México existen pocos casos de mordedura de murciélagos vampiro a humano, sin embargo, se sabe que en Brasil existen casos de contagio de Rabia por mordedura de *D. rotundus* (Mayen 2003). Finalmente, la Rickettsia es una enfermedad emergente transmitida principalmente por garrapatas (*Rhipicephalus* spp), piojos (*Pediculus* spp) y pulgas (*Xenopsylla* spp); y existen casos de infección en animales domésticos y humanos (Parola et al. 1999).

Entre los objetivos de esta revisión también está el de conocer las fuentes de información y herramientas utilizadas por los modeladores de nicho en México. La siguiente tabla muestra para cada estudio las fuentes de información geográfica, el software de modelado y las variables ambientales utilizadas.

Tabla 6. Relación del proceso de modelado para estudios de nicho ecológico de vectores de enfermedades en México

Enfermedad/vector /Reservorio	Autor Año	Fuente de Inf. Geográfica	Software	Variables ambientales
<i>Aedes spp., Culex spp.</i>	Baak-Baak et al/ 2017	Colectas en campo	MaxEnt	9 capas bioclimáticas (UAEMEX) 4 capas topográficas (USGS)
<i>Aedes albopictus</i>	Yañez-Arenas et al/2017	CAIM INDRE	PCAs/ MaxEnt	Capas climáticas BioclimasNeotropicales.org Caps topográficas (NASA) NDVI (NASA)
<i>Aedes aegypti</i>	Candelario-Mejía et al 2015	“Base de datos” no especificada	MaxEnt	Capas bioclimáticas sin especificar el origen
<i>Aedes aegypti</i>	Estrada-Contreras et al 2017	Colectas de campo y datos de Autoridades de Salud de Veracruz	MaxLike	Superficies climáticas en alta resolución de Cuervo-Robayo (2016) , disponibles en el geoportal de CONABIO Escenarios de cambio climático del INECC (2015-2039 y 2075-2099), CONABIO. (Cuervo-Robayo. 2016)
Triatominos (vectores) <i>Neotoma spp</i> (reservorios)	Peterson et al. 2002	Programas de control estatales de Morelos y San Luis Potosí Atlas de Mamíferos CONABIO	GARP	Capas topográficas de USGS.Hydro 1k Capas Climáticas de Intergovernmental Panel on Climate Change
Triatominos	López Cárdenas Et al 2005	CONABIO, INEGI y Ejemplares colectados por habitantes de localidades en Guanajuato	GARP	Capas topográficas de USGS.Hydro 1k NDVI AVHR
<i>Triatoma dimidiata</i>	Dumontel y Gourbiere2004	Datos de campo	ANCOVA.Logistic regression	Variables climáticas CDC-NOAA
4 especies de Diptera: Psychodidae	Pech-May et al 2016	Colectas de campo	GARP	9 Capas bioclimáticas Cuervo-Robayo 2013 4 capas topográficas EROSC
<i>Desmodus rotundus</i> Casos de rabia bovina	Zarza et al 2017	InBIO, MHN, CONABIO, GBIF SENASICA	MaxEnt	20 variables bioclimáticas WorldClim Elevación INEGI
<i>Rhipicephalus spp.</i>	Alcala-Canto 2018	Metaanálisis de publicaciones y SENASICA	MaxEnt	19 capas bioclimáticas CCAFS y WorldClim

En la Tabla 6 se pueden observar varias tendencias en el proceso de modelado de nicho. En cuanto a la obtención de datos geográficos se puede apreciar una heterogeneidad de las fuentes, incluyendo algunas autoridades en temas de biodiversidad y salud como InBIO e INDRE. En el presente trabajo pretendemos hacer uso de la base de datos SNIB de CONABIO, en la cual actualmente se reúnen datos de muchas colecciones nacionales como CAIM del INdrex (que aparece en la tabla 1), de InBIO y otras más como la ENCB del Politécnico. Respecto al software de modelado, el software MaxEnt se ha convertido en un estándar en los últimos años. Finalmente, en cuanto a las variables utilizadas existe un conjunto muy constante compuesto por variables bioclimáticas y topográficas, con la aparición eventual de índices de vegetación (NDVI). En el caso de las variables inconstantes a lo largo del tiempo (como los índices de vegetación) debe tomarse en cuenta la temporalidad de los registros. Por ejemplo, en el estudio de Yañez-Arenas (2017), los índices de vegetación corresponden a tres períodos de análisis: 2002–2006, 2002–2011, and 2002–2016, limitándose el análisis a los registros de *A. aegypti* correspondientes a dichos años. Estas asociaciones pueden ayudar a determinar los efectos del cambio de uso de suelo, pero es imprescindible que los registros de presencia coincidan con los tiempos de medida de este tipo de variables ambientales.

Finalmente, entre la literatura de modelado de nicho en México (Tabla 6), se utilizan variables climáticas y topográficas como predictores; pero no hallamos artículos mexicanos que exploren el papel de las variables biológicas o antropogénicas (i.e. distribución de actores ecológicos como hospederos, competidores o depredadores y/o la distribución de actividades humanas y sus efectos). En cambio, en la literatura internacional revisada, existen trabajos como el de Cohen et al 2016 (Tabla 4) que agrega la riqueza de hospederos potenciales como un factor predictivo en un modelo de nicho ecológico. De manera similar, el trabajo de Kiszevski et al (2014) menciona la importancia de reconocer los estados de sucesión ecológica y la presencia de depredadores de los vectores. Así mismo, el modelo inductivo de Hartemink et al (2015) (Tabla 5) evalúa la distribución potencial del hospedero y el vector para finalmente determinar las áreas de sobreposición de ambos. Por otro lado,

otros estudios (Zolnik et al 2015, Tabla 4) utilizan patrones de perturbación humana (e.g. la fragmentación del paisaje) como indicadores de la biodiversidad. La introducción de capas de información biológica y antropogénica puede permitir crear modelos más precisos de la distribución de los vectores y es por lo tanto recomendable para la creación de modelos predictivos en México.

Conclusiones

El estudio de las enfermedades transmitidas por vectores representa un campo de investigación creciente alrededor del mundo, debido a la emergencia y reemergencia de ciertas enfermedades infecciosas que han causado alertas internacionales. En México, las principales enfermedades y vectores estudiados son: la enfermedad de Chagas y el Dengue, mientras que otras como Zika, Chikungunya, Paludismo, Virus del Oeste del Nilo y Rickettsiosis reciben menos atención en la literatura mexicana.

Alrededor del mundo, el estudio de la distribución geográfica de los vectores involucra el reconocimiento de sus interacciones ecológicas, tanto bióticas como abióticas, así como con los sistemas antrópicos.

El modelado predictivo de la distribución geográfica se presenta en la literatura como una herramienta útil para la toma de decisiones en la prevención y control de enfermedades. El modelado incluye generalmente variables climáticas y topográficas del paisaje, pero existen trabajos que también identifican el papel de distintas especies hospederas y vectores, así como otras interacciones ecológicas (e.g. depredadores). Estos trabajos resaltan la estrecha relación entre la biodiversidad y la presencia de enfermedades como un servicio ecosistémico. La perturbación antropogénica del paisaje y las actividades humanas que llevan a la pérdida de biodiversidad (como el control poblacional artificial) pueden también representar factores predictivos de enfermedades.

Reconocer los factores fisiográficos, biológicos y antropogénicos que determinan la presencia y distribución de las enfermedades transmitidas por vector ayudará a crear mejores estrategias informadas para la prevención y control de enfermedades.

Referencias citadas

Alcala-Canto, Y., Figueroa-Castillo, J. A., Ibarra-Velarde, F., Vera-Montenegro, Y., Cervantes-Valencia, M. E., Salem, A. Z., & Cuéllar-Ordaz, J. A. (2018). Development of the first georeferenced map of *Rhipicephalus* (*Boophilus*) spp. in Mexico from 1970 to date and prediction of its spatial distribution. *Geospatial health*, 13(1).

Baak-Baak, C. M., Moo-Llanes, D. A., Cigarroa-Toledo, N., Puerto, F. I., Machain-Williams, C., Reyes-Solis, G., ... & Garcia-Rejon, J. E. (2017). Ecological niche model for predicting distribution of disease-vector mosquitoes in yucatán state, México. *Journal of medical entomology*, 54(4), 854-861.

Benelli, G., & Beier, J. C. (2017). Current vector control challenges in the fight against malaria. *Acta Tropica*, 174, 91-96.

Candelario-Mejia, G., Rodríguez-Rivas, A., Muñoz-Urias, A., Ibarra-Montoya, J. L., Chavéz-Lopez, C., Mosso-González, C., ... & Ramirez-Garcia, S. A. (2015). Mixed ecological study in Mexico of the distribution of *Aedes aegypti*. Public policy implications. *Revista Médica MD*, 6(1), 13-19.

Carvalho, B.M., Rangel, E.F., Ready, P.D. and Vale, M.M. (2015). Ecological niche modelling predicts southward expansion of *Lutzomyia* (*Nyssomyia*) *flaviscutellata* (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae), vector of *Leishmania* (*Leishmania*) *amazonensis* in South America, under climate change. *PLoS One*, 10(11), p.e0143282.

CENAPRECE . 2017. 1^a Jornada Nacional de lucha contra el Dengue, Zika y Chikungunya. Secretaría de Salud. Gobierno de México. Revisado: 16/01/2019. Dirección web: http://www.cenaprece.salud.gob.mx/programas/interior/vectores/descargas/pdf/1a_JornadaNacionalDengueZikaChik17.pdf

Cohen, J. M., Civitello, D. J., Brace, A. J., Feichtinger, E. M., Ortega, C. N., Richardson, J. C., ... & Rohr, J. R. (2016). Spatial scale modulates the strength of ecological processes driving disease distributions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(24), E3359-E3364.

Cuervo-Robayo, A. (2016). Superficies climáticas en alta resolución: periodo base 1961–2000. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad e Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, MéxicoIn press.

De la Vega, G.J., & Schilman, P. E. (2017). Using eco-physiological traits to understand the realized niche: the role of desiccation tolerance in Chagas disease vectors. *Oecologia*, 185(4), 607-618.

Dear, N. F., Kadangwe, C., Mzilahowa, T., Bauleni, A., Mathanga, D. P., Duster, C., ... & Wilson, M. L. (2018). Household-level and surrounding peri-domestic environmental characteristics associated with malaria vectors *Anopheles arabiensis* and *Anopheles funestus* along an urban–rural continuum in Blantyre, Malawi. *Malaria journal*, 17(1), 229.

Del Carpio-Orantes, L. (2016). Arbovirus emergentes en México: Chikunguña y Zika. *Revista Médica del Instituto Mexicano del Seguro Social*, 54(3), pp.278-279.

Dumonteil, E., & Gourbiere, S. (2004). Predicting *Triatoma dimidiata* abundance and infection rate: a risk map for natural transmission of Chagas disease in the Yucatan peninsula of Mexico. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 70(5), 514-519.

Eastwood, G., Cunningham, A. A., Kramer, L. D., & Goodman, S. J. (2019). The vector ecology of introduced *Culex quinquefasciatus* populations, and implications for future risk of West Nile virus emergence in the Galápagos archipelago. *Medical and veterinary entomology*, 33(1), 44-55.

Eduardo, A.A., Santos L. A.B.O. , Rebouças, M. C., & Martinez, P. A. (2018). Patterns of vector species richness and species composition as drivers of Chagas disease occurrence in Brazil. *International journal of environmental health research*, 28(6), 590-598.

Estrada-Contreras, I., Sandoval-Ruiz, C. A., Mendoza-Palmero, F. S., Ibáñez-Bernal, S., Equihua, M., & Benítez, G. (2017). Data documenting the potential distribution of *Aedes aegypti* in the center of Veracruz, Mexico. *Data in brief*, 10, 432-437.

Garchitorena, A., Sokolow, S. H., Roche, B., Ngonghala, C. N., Jocque, M., Lund, A., ... & Andrews, J. R. (2017). Disease ecology, health and the environment: a framework to account for ecological and socio-economic drivers in the control of neglected tropical diseases. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 372(1722), 20160128.

Harrison, A., Newey, S., Gilbert, L., Haydon, D. T., & Thirgood, S. (2010). Culling wildlife hosts to control disease: mountain hares, red grouse and louping ill virus. *Journal of Applied Ecology*, 47(4), 926-930.

Hartemink, N., Vanwambeke, S.O., Purse, B.V., Gilbert, M. and Van Dyck, H. (2015). Towards a resource-based habitat approach for spatial modelling of vector-borne disease risks. *Biological Reviews*, 90(4), pp.1151-1162.

Janousek, W. M., Marra, P. P., & Kilpatrick, A. M. (2014). Avian roosting behavior influences vector-host interactions for West Nile virus hosts. *Parasites & vectors*, 7(1), 399.

Johnson, P.T., Ostfeld, R.S. and Keesing, F. (2015). Frontiers in research on biodiversity and disease. *Ecology letters*, 18(10), pp.1119-1133.

Kamgang, B., Happi, J. Y., Boisier, P., Njiokou, F., HERVÉ, J. P., Simard, F., & Paupy, C. (2010). Geographic and ecological distribution of the dengue and chikungunya virus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in three major Cameroonian towns. *Medical and veterinary entomology*, 24(2), 132-141.

Kiszewski, A. E., Teffera, Z., Wondafrash, M., Ravesi, M., & Pollack, R. J. (2014). Ecological succession and its impact on malaria vectors and their predators in borrow pits in western Ethiopia. *Journal of Vector Ecology*, 39(2), 414-423.

Levi, T., Keesing, F., Holt, R. D., Barfield, M., & Ostfeld, R. S. (2016). Quantifying dilution and amplification in a community of hosts for tick-borne pathogens. *Ecological applications*, 26(2), 484-498.

Linske, M. A., Williams, S. C., Stafford III, K. C., & Ortega, I. M. (2018). *Ixodes scapularis* (Acari: Ixodidae) Reservoir Host Diversity and Abundance Impacts on Dilution of *Borrelia burgdorferi* (Spirochaetales: Spirochaetaceae) in Residential and Woodland Habitats in Connecticut, United States. *Journal of medical entomology*, 55(3), 681-690.

López-Cárdenas, J., Bravo, F. E. G., Schettino, P. M. S., Solorzano, J. C. G., Barba, E. R., Mendez, J. M., ... & Ramsey, J. M. (2005). Fine-scale predictions of distributions of Chagas disease vectors in the state of Guanajuato, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 42(6), 1068-1081.

Lou, Y. & Wu, J. (2017). Modeling Lyme disease transmission. *Infectious Disease Modelling*, 2(2), 229-243.

Main, B. J., Nicholson, J., Winokur, O. C., Steiner, C., Riemersma, K. K., Stuart, J., ... & Coffey, L. L. (2018). Vector competence of *Aedes aegypti*, *Culex tarsalis*, and *Culex quinquefasciatus* from California for Zika virus. *PLoS neglected tropical diseases*, 12(6), e0006524.

Malone, J.B., Bergquist, R., Martins, M. and Luvall, J.C. (2019). Use of geospatial surveillance and response systems for vector-borne diseases in the elimination phase. *Tropical medicine and infectious disease*, 4(1), p.15.

Mayen, F. (2003). Haematophagous bats in Brazil, their role in rabies transmission, impact on public health, livestock industry and alternatives to an indiscriminate reduction of bat population. *Journal of Veterinary Medicine, Series B*, 50(10), pp.469-472.

McIntyre, S., Rangel, E.F., Ready, P.D. and Carvalho, B.M. (2017). Species-specific ecological niche modelling predicts different range contractions for *Lutzomyia intermedia* and a related vector of *Leishmania braziliensis* following climate change in South America. *Parasites & vectors*, 10(1), p.157.

Messina, J.P., Brady, O.J., Pigott, D.M., Golding, N., Kraemer, M.U., Scott, T.W., Wint, G.W., Smith, D.L. and Hay, S.I. (2015). The many projected futures of dengue. *Nature Reviews Microbiology*, 13(4), p.230. Barrera, R., Amador, M. & MacKay, A. J. Population dynamics of *Aedes aegypti* and dengue as influenced by weather and human behavior in San Juan, Puerto Rico. *PLoS Negl Trop Dis* 5, e1378 (2011).

Millennium Ecosystem Assessment. (2005). *Ecosystems and human well-being: A framework for assessment*. Island Press, Washington, D.C.

Monath, T.P. (2019). *The arboviruses: epidemiology and ecology* (Vol. 2). CRC Press.

Mukhtar, M.U., Han, Q., Liao, C., Haq, F., Arslan, A. and Bhatti, A. (2018). Seasonal distribution and container preference ratio of the dengue fever vector (*Aedes aegypti*, Diptera: Culicidae) in Rawalpindi, Pakistan. *Journal of medical entomology*, 55(4), pp.1011-1015.

Orozco, M. M., Enriquez, G. F., Cardinal, M. V., Piccinali, R. V., & Gürtler, R. E. (2016). A comparative study of *Trypanosoma cruzi* infection in sylvatic mammals from a protected and a disturbed area in the Argentine Chaco. *Acta tropica*, 155, 34-42.

Parola, P., Vestris, G., Martinez, D., Brochier, B., Roux, V.E.R.O.N.I.Q.U.E. and Raoult, D. (1999). Tick-borne rickettiosis in Guadeloupe, the French West Indies: isolation of *Rickettsia africae* from *Amblyomma variegatum* ticks and serosurvey in humans, cattle, and goats. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 60(6), pp.888-893.

Pech-May, A., Peraza-Herrera, G., Moo-Llanes, D. A., Escobedo-Ortegón, J., Berzunza-Cruz, M., Becker-Fauser, I., ... & Rebollar-Téllez, E. A. (2016). Assessing the importance of four sandfly species (Diptera: Psychodidae) as vectors of *Leishmania mexicana* in Campeche, Mexico. *Medical and veterinary entomology*, 30(3), 310-320.

Péneau, J., Nguyen, A., Flores-Ferrer, A., Blanchet, D. and Gourbière, S. (2016). Amazonian Triatomine biodiversity and the transmission of Chagas disease in French Guiana: in medio stat sanitas. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(2), p.e0004427

Peterson, A. T., Sánchez-Cordero, V., Beard, C. B., & Ramsey, J. M. (2002). Ecologic niche modeling and potential reservoirs for Chagas disease, Mexico. *Emerging infectious diseases*, 8(7), 662.

Quine, C. P., Barnett, J., Dobson, A. D. M., Marcu, A., Marzano, M., Moseley, D., O'Brien, L., Randolph, S. E., Taylor, J. L. & Uzzell, D. (2011). Frameworks for risk communication and disease management:

the case of Lyme disease and countryside users. *Philosophical Transactions of the Royal Society, B: Biological Sciences* 366, 2010–2022.

Ramos, C. y Falcón-Lezama, J. A. (2004). La fiebre del Nilo occidental: una enfermedad emergente en México. *Salud pública Méx* [online], vol.46, n.5 [citado 2019-03-20], pp.488-490.

Redding, D.W., Moses, L.M., Cunningham, A.A., Wood, J. and Jones, K.E. (2016). Environmental-mechanistic modelling of the impact of global change on human zoonotic disease emergence: a case study of Lassa fever. *Methods in Ecology and Evolution*, 7(6), pp.646-655.

Rodríguez-Planes, L. I., Gaspe, M. S., Enriquez, G. F., & Gürtler, R. E. (2017). Habitat-specific occupancy and a metapopulation model of *Triatoma sordida* (Hemiptera: Reduviidae), a secondary vector of Chagas disease, in northeastern Argentina. *Journal of medical entomology*, 55(2), 370-381.

Schmidt, K. A., & Ostfeld, R. S. (2001). Biodiversity and the dilution effect in disease ecology. *Ecology*, 82(3), 609-619.

Shearer, F.M., Longbottom, J., Browne, A.J., Pigott, D.M., Brady, O.J., Kraemer, M.U., Marinho, F., Yactayo, S., de Araújo, V.E., da Nóbrega, A.A. and Fullman, N. (2018). Existing and potential infection risk zones of yellow fever worldwide: a modelling analysis. *The Lancet Global Health*, 6(3), pp.e270-e278.

Tjaden, N.B., Suk, J.E., Fischer, D., Thomas, S.M., Beierkuhnlein, C. and Semenza, J.C. (2017). Modelling the effects of global climate change on Chikungunya transmission in the 21 st century. *Scientific reports*, 7(1), p.3813.

Vaz, V.C., D'Andrea, P.S. and Jansen, A.M. (2007). Effects of habitat fragmentation on wild mammal infection by *Trypanosoma cruzi*. *Parasitology*, 134(12), pp.1785-1793.

Vazeille, M., Mousson, L., Rakatoarivony, I., Villeret, R., Rodhain, F., Duchemin, J. B., & Failloux, A. B. (2001). Population genetic structure and competence as a vector for dengue type 2 virus of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* from Madagascar. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 65(5), 491-497.

Vélez, J.C.Q., Hidalgo, M. and González, J.D.R. (2012). Rickettsiosis, una enfermedad letal emergente y re-emergente en Colombia. *Universitas Scientiarum*, 17(1), pp.82-99.

Wood, C. L., & Lafferty, K. D. (2013). Biodiversity and disease: a synthesis of ecological perspectives on Lyme disease transmission. *Trends in ecology & evolution*, 28(4), 239-247.

World Health Organization, WHO (2014) A global brief on vector-borne diseases. Available at: http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/111008/1/WHO_DCO_WHD_2014.1_eng.pdf. (Accessed: 20/11/2015).

World Health Organization, WHO (2017). Vector-borne diseases. Recuperado el 11-Feb-2019, de World Health Organization Sitio web: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>

Yañez-Arenas, C., Rioja-Nieto, R., Martín, G. A., Dzul-Manzanilla, F., Chiappa-Carrara, X., Buenfil-Ávila, A., ... & Ordoñez-Álvarez, J. (2017). Characterizing environmental suitability of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Mexico based on regional and global niche models. *Journal of medical entomology*, 55(1), 69-77.

Zargar, U. R., Chishti, M. Z., Ahmad, F., & Rather, M. I. (2015). Does alteration in biodiversity really affect disease outcome?—A debate is brewing. *Saudi journal of biological sciences*, 22(1), 14-18.

Zarza, H., Martínez-Meyer, E., Suzán, G., & Ceballos, G. (2017). Geographic distribution of *Desmodus rotundus* in Mexico under current and future climate change scenarios: Implications for bovine paralytic rabies infection. *Veterinaria México*, 4(3), 1-16.

Zolnik, C. P., Falco, R. C., Kolokotronis, S. O., & Daniels, T. J. (2015). No observed effect of landscape fragmentation on pathogen infection prevalence in blacklegged ticks (*Ixodes scapularis*) in the Northeastern United States. *PLoS One*, 10(10), e0139473.

Zolnik, C. P., Falco, R. C., Kolokotronis, S. O., & Daniels, T. J. (2015). No observed effect of landscape fragmentation on pathogen infection prevalence in blacklegged ticks (*Ixodes scapularis*) in the Northeastern United States. *PLoS One*, 10(10), e0139473.

Parte II

Creación de un modelo nicho ecológico de los principales vectores del Dengue, Zika y Chikungunya (*Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*). Consideraciones preliminares.

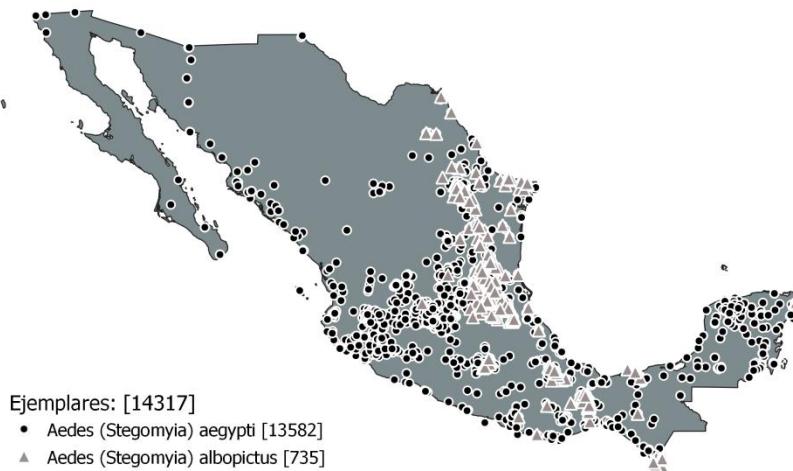
Por R. Carrasco-Hernández

Los modelos de nicho ecológico requieren dos fuentes de datos de entrada: i) las localidades georreferenciadas de presencia de la especie a modelar y ii) capas de información ambiental continua (i.e. imágenes “raster”) de la región geográfica en la cual se proyectará el modelo. El resultado final de estos modelos es una imagen del área geográfica donde cada pixel representa la adecuación local para sostener a la especie, en función del nicho ecológico modelado para la misma. Por su parte, el nicho ecológico de la especie se modela a partir de un análisis de los valores ambientales que se encuentran en las localidades de presencia de la especie. Éste es usualmente un análisis multivariado y se pueden utilizar varios algoritmos como modelos de regresión, análisis de componentes principales y algoritmos genéticos; pero el método más comúnmente utilizado en modelos de nicho ecológico es el de máxima entropía propuesto por Phillips et al. (2004). En este documento de consideraciones preliminares se describirán los datos de entrada del modelo, es decir, las fuentes de datos a utilizar como localidades de presencia y algunas capas de valores ambientales, que posiblemente ayuden a predecir la distribución potencial de estos vectores en el país.

Localidades de presencia de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*

El Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB) de la Comisión Nacional para el conocimiento y uso de la biodiversidad (Conabio) permite el acceso público a la información digital de ejemplares de colecciones biológicas. Esta base de datos permite realizar búsquedas de ejemplares por categoría taxonómica, estatus de riesgo y conservación, por país, año de colecta y también permite filtrar la búsqueda para que muestre sólo a los ejemplares georreferidos.

Para este trabajo se realizó una búsqueda de ejemplares georreferidos del género *Aedes* (Díptera: Culicidae) en México, lo cual arrojó un total de 18,581 ejemplares presentes en los 31 estados del país. Sin embargo, para nuestros objetivos, tan sólo utilizaremos las georreferencias de dos especies reconocidas como los principales transmisores de enfermedades virales como Dengue, Zika y Chikungunya, los mosquitos *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*. El mapa 1, a continuación, muestra las localidades obtenidas para ambas especies en el territorio nacional a través de la búsqueda en SNIB.



Mapa 1. Localidades georreferenciadas para dos especies de mosquitos vectores de enfermedades virales (*Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*). Los datos se obtuvieron del sistema SNIB <http://www.snib.mx>

De acuerdo con los resultados arrojados por la búsqueda, ambas especies se consideran invasoras en el país; para *Aedes aegypti* se obtuvieron 13,582 ejemplares georreferidos desde el año 1971 y hasta el 2013 y, para *Aedes albopictus*, 735 ejemplares desde 1990 hasta 2014. Se puede observar que los registros de *Aedes aegypti* son más abundantes en la región subtropical del país y que su distribución más septentrional se limita a las zonas costeras. También es posible apreciar “corredores” en la distribución de *Aedes aegypti* que conectan las dos costas del país. Es posible que estos corredores queden delimitados por umbrales de elevación al atravesar las cadenas montañosas, volcánicas y macizos del centro del país; puesto que se ha reportado un límite

elevacional de alrededor de 2000 msnm para la distribución de esta *Aedes aegypti* (Lozano-Fuentes et al. 2012).

Por su parte, *Aedes albopictus* parece tener una menor expansión en el territorio nacional y parece ocupar elevaciones medias en la zona de barlovento de la Sierra Madre Occidental; sin ocupar las costas como *Aedes aegypti*. De acuerdo con Ibáñez y Gómez (1995), *Aedes albopictus* fue introducida al continente Americano a través del estado de Texas, E.E.U.U. en 1985. Para *Aedes aegypti* los autores no reportan una fecha de introducción al continente, pero mencionan campañas de control de esta especie desde el año 1901. Es posible que la más reciente introducción de *Aedes albopictus* al continente explique su menor distribución en el territorio nacional. También debido a esta reciente introducción de *Aedes albopictus*, nos preguntamos si sería posible ilustrar su expansión por el país con base en los resultados de nuestra búsqueda. La siguiente serie de imágenes (Figura 1) muestra la distribución de los ejemplares de *Aedes albopictus* en diferentes intervalos de años de colecta.



Figura 1

Distribución de los ejemplares en el SNIB para *Aedes albopictus* en México a lo largo de diferentes años de colecta, desde 1990 al 2014. El color de los marcadores varía en escala de grises (de blanco a negro) al pasar de los años.

En la Figura 1 es posible notar que los primeros ejemplares del SNIB para *Aedes albopictus* en México (de 1990 a 1994) se registran en las fronteras del país. Los primeros registros de la frontera norte colindantes con el estado de Texas, E.E.U.U., coinciden con la introducción continental de esta especie a través del estado de Texas (Ibáñez y Gómez, 1995). Sin embargo, también se observan registros tempranos en el extremo sur del país, en la frontera con Guatemala. Posteriormente, hasta el año 2008, se observa una expansión leve del territorio que cubren los ejemplares, aún cercanos a las fronteras. Entre los años 2008 al 2011 se observa la mayor expansión de los ejemplares, hacia el interior del territorio, que después permanece relativamente estable de 2011 al 2014. La explicación para esta expansión es compleja y podría incluir un mayor interés por la especie o, incluso, la introducción de nuevas tecnologías portátiles de georreferenciación que facilitan este tipo de registros. Sin embargo, tampoco descartamos que estas imágenes (Fig. 1) puedan ilustrar parcialmente la expansión natural de *Aedes albopictus* en México.

Algunas capas ambientales para predecir la distribución potencial de estos vectores en el país.

Como se dijo anteriormente la elevación puede ser un factor predictivo de la distribución de ambas especies de mosquito. El siguiente mapa (Mapa 2) muestra una capa de elevaciones del territorio nacional. Esta información se descargó desde el sitio del Servicio Geológico Estadounidense (<https://earthexplorer.usgs.gov/>).



Mapa 2 – Elevaciones del territorio nacional, extraído del conjunto de datos GTOPO30 del USGS (1996), imágenes: GT30W100N40 y GT30W140N40. GTOPO30 es un modelo digital de elevaciones globales con una malla horizontal de 30 arco-segundos (i.e. píxeles de aproximadamente 1 kilómetro cuadrado).

Si sobreponemos la distribución de las especies de mosquitos sobre este mapa de elevaciones, será posible analizar las preferencias de cada especie en cuanto a la elevación sobre el nivel del mar. La Figura 2 muestra esta sobreposición.

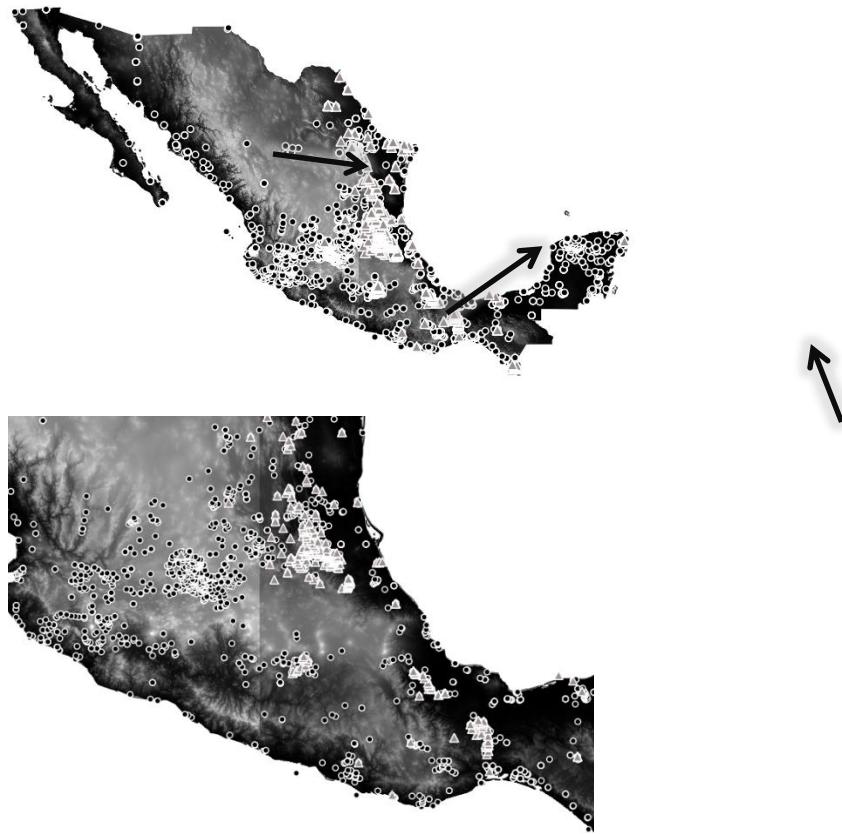


Figura 2 – Izquierda – Sobreposición de la distribución de *Aedes aegypti* (círculos negros) y *Aedes albopictus* (triángulos grises) en un mapa de elevaciones del territorio nacional. Derecha – Acercamiento a detalle que muestra la parte central del país. Las flechas A, B y C señalan corredores de bajas elevaciones que rodean macizos montañosos. A) Norte del Eje Volcánico Transversal (EVT). B) Sur del EVT. C) Istmo de Tehuantepec (véanse registros en Anexo).

En la imagen derecha de la Figura 2 es posible apreciar los corredores de elevaciones bajas por donde la distribución de *Aedes aegypti* conecta las costas del Pacífico y del Golfo de México. Al parecer, la distribución de esta especie ha logrado “rodear” macizos montañosos importantes como el eje Volcánico Transversal y la Sierra Madre de Chiapas a través de elevaciones bajas creando de esta manera corredores de distribución continua entre las dos costas del país. Obsérvese que, para *Aedes albopictus*, el istmo de Tehuantepec (flecha C) es también un corredor de costa a costa.

Además de los límites impuestos por la elevación, la literatura reporta diferencias entre ambas especies respecto a su preferencia por ambientes antrópicos. *Aedes aegypti* usualmente se reporta como una especie “antropofílica” y urbana que suele ocasionar picaduras en lugares cerrados (p.ej. dentro de las casas), mientras que *Aedes albopictus* se considera una especie que prefiere las áreas forestadas y sus picaduras ocurren principalmente en lugares abiertos (Thavara et al. 2001; Chouin-Carneiro et al. 2016). En este trabajo proponemos el uso de mapas de población humana como un posible predictor de la presencia de estas especies.

El conjunto de datos “Localidades de la República Mexicana, 2010” (INEGI, 2010) se obtuvo del Portal de Geoinformación del SNIB (<http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/>) . Este es un mapa de información “vectorial”, es decir, una base de datos asociada a puntos geográficos específicos; en este caso para 192,245 localidades con datos de población total en toda la República Mexicana. Sin embargo, para los modelos de nicho ecológico, es necesario transformar esta información a una imagen raster de información geográfica continua. Para esto se utilizaron algunas herramientas del programa QGIS; la capa vectorial con datos de población total por localidad se transformó en una capa raster con pixeles de alrededor de 1 Km cuadrado con datos únicamente en los pixeles que coinciden con una localidad georeferida. Posteriormente se utilizó la herramienta “Fill nodata” de la caja de herramientas GDAL , esta permite asignar valores continuos a todos los pixeles de la imagen, en función de los valores más cercanos (se estableció un radio de cien pixeles para buscar valores cercanos). El siguiente mapa (Mapa 3) muestra la imagen raster interpolada de población en la República Mexicana.



Mapa 3 – Población humana en la República Mexicana, 2010, resolución aproximada de 1 km cuadrado.

Datos interpolados a partir del conjunto de datos vectoriales “Localidades de la República Mexicana, 2010” (INEGI, 2010) obtenidos desde Portal de Geoinformación del SNIB (<http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/>)

Igualmente se pueden sobreponer los datos de distribución de las especies vectores, sin embargo en este caso no fue posible detectar patrones generales a simple vista. Los Sistemas de Información Geográfica—como QGIS—permiten extraer el conjunto de valores numéricos que coinciden con las localidades de las especies de interés. A continuación se presentan los conjuntos de valores de elevación y población extraídos para las localidades de presencia de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* en los años de registro 2009-2011; a fin de hacerlos coincidir cercanamente con la temporalidad del censo poblacional (i.e. 2010). Los siguientes histogramas (Figura 2) muestran la distribución de los valores ambientales (elevación y población humana) hallados en las localidades de presencia de las dos especies vectores.

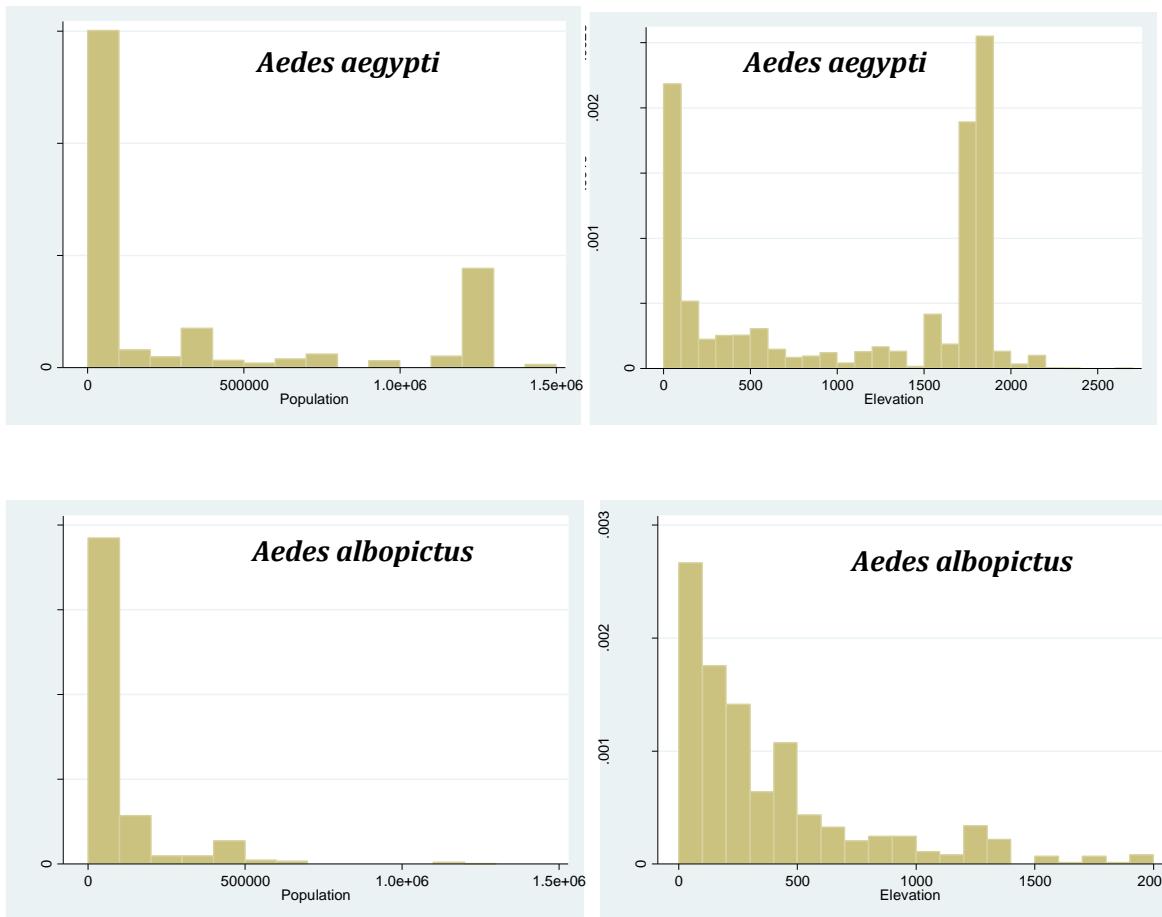


Figura 2 Histogramas de distribución de valores ambientales (población humana (izquierda) y elevación (derecha)) para localidades de presencia de las especies *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*, los valores fueron extraídos de los Mapas 2 y 3. Histogramas creados con Stata 13.0.

Discusiones

Las diferencias de preferencia entre ambas especies son muy claras, con *Aedes aegypti* presentando distribuciones bimodales con abundancia en sitios altamente poblados por seres humanos (con más de 1 millón de habitantes) o con muy poca población humana. De igual manera,

aegypti presenta alta distribución en altitudes cercanas a cero (correspondientes con las costas) pero también una afinidad aparente a altitudes cercanas a los 2000 msnm. Por su parte *Aedes albopictus* tan solo se distribuye en zonas con poca población humana (menor a los 500,000 habitantes) y, aunque favorece las altitudes bajas, su curva de distribución hacia las elevaciones cercanas a 0 no es tan pronunciada como para *Aedes aegypti*, lo que indica que favorece también las elevaciones medias.

El comportamiento bimodal de *Aedes aegypti* en ambos factores ambientales es notable y creemos que podría relacionarse con un proceso de exclusión competitiva; donde *Aedes albopictus* es el competidor aventajado y excluye a *Aedes aegypti*, el cual tiende a distribuirse hacia los extremos de su nicho ideal. Juliano (2010), tras un metaanálisis de la literatura, concluye que existe una exclusión competitiva de *Aedes albopictus* sobre *Aedes aegypti*.

Conclusiones preliminares y consideraciones futuras

Con estas dos capas ambientales (elevación y población humana) sería posible extraer una distribución potencial de ambas especies a todo el territorio nacional. Sin embargo, muchos de los algoritmos convencionales (incluido el Máxima Entropía) asumen una distribución normal de los histogramas ambientales que presentamos (Fig 2). Hará falta modelar la distribución potencial de *Aedes aegypti*, a partir de un algoritmo que permita considerar sus preferencias ambientales bimodales. Hasta este punto, en las consideraciones preliminares, contamos con puntos de presencia y dos capas ambientales. Los objetivos pendientes son hallar un algoritmo adecuado no paramétrico para modelar el nicho ecológico de *Aedes albopictus*. Es también de nuestro interés incluir alguna variable ambiental relacionada con índices de biodiversidad y/o conservación; para finalmente crear una proyección de la distribución potencial de estas dos especies de mosquitos transmisores de enfermedades.

Referencias citadas

- Chouin-Carneiro, T., Vega-Rua, A., Vazeille, M., Yebakima, A., Girod, R., Goindin, D., Dupont-Rouzeyrol, M., Lourenço-de-Oliveira, R. and Failloux, A.B., 2016. Differential susceptibilities of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* from the Americas to Zika virus. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(3), p.e0004543.
- Ibáñez, S. and Gómez, H., 1995. Los vectores del dengue en México: una revisión crítica. *Salud Pública de México*, 37(Su1), pp.53-63.
- INEGI. 2010. 'Localidades de la República Mexicana, 2010', escala: 1:1. Obtenido de Principales resultados por localidad (ITER). Censo de Población y Vivienda 2010. Editado por Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D.F.
- Juliano, S.A., 2010. Coexistence, exclusion, or neutrality? A meta-analysis of competition between *Aedes albopictus* and resident mosquitoes. *Israel Journal of Ecology and Evolution*, 56(3-4), pp.325-351.
- Lozano-Fuentes, S., Hayden, M.H., Welsh-Rodriguez, C., Ochoa-Martinez, C., Tapia-Santos, B., Kobylinski, K.C., Uejio, C.K., Zielinski-Gutierrez, E., Delle Monache, L., Monaghan, A.J. and Steinhoff, D.F., 2012. The dengue virus mosquito vector *Aedes aegypti* at high elevation in Mexico. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 87(5), pp.902-909.
- Phillips, S.J., Dudík, M. and Schapire, R.E., 2004, July. A maximum entropy approach to species distribution modeling. In *Proceedings of the twenty-first international conference on Machine learning* (p. 83). ACM.
- Thavara, U., Tawatsin, A., Chansang, C., Kong-ngamsuk, W., Paosriwong, S., Boon-Long, J., Rongsriyam, Y. and Komalamisra, N., 2001. Larval occurrence, oviposition behavior and biting activity of potential mosquito vectors of dengue on Samui Island, Thailand. *Journal of Vector Ecology*, 26, pp.172-180.

USGS. 1996. GTOPO30. Entity ID:GT30W100N40 Acquisition Date:01-DEC-96 Coordinates:15,-80,

<https://earthexplorer.usgs.gov/>

USGS. 1996. GTOPO30. Entity ID:GT30W140N40 Acquisition Date:01-DEC-96 Coordinates:15,-120.

<https://earthexplorer.usgs.gov/>