



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
FACULTAD DE CIENCIAS



MAESTRÍA EN MANEJO DE ECOSISTEMAS DE ZONAS ÁRIDAS

Modelaje del nicho ecológico de los vectores de *Trypanosoma cruzi*, variables socioeconómicas y su riesgo potencial de la enfermedad de Chagas en la península de Baja California, México.

TESIS PROFESIONAL

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE

MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA:

JESÚS ARTURO BRACAMONTE TERÁN

Ensenada, Baja California

Agosto de 2018



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
FACULTAD DE CIENCIAS

MAESTRÍA EN MANEJO DE ECOSISTEMAS DE ZONAS ÁRIDAS



Modelaje del nicho ecológico de los vectores de *Trypanosoma cruzi*, variables socioeconómicas y su riesgo potencial de la enfermedad de Chagas en la península de Baja California, México.

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA:

JESÚS ARTURO BRACAMONTE TERÁN

Aprobado por:

Dr. Carlos Flores López

Dr. Rafael Bello Bedoy

Dr. Guillermo Romero Figueroa

Dra. Claudia Leyva Aguilera

DEDICATORIA

A mis padres:

Por su gran apoyo y motivación en la realización de mis sueños.

A Claudia:

Por ser parte del proceso y no solo del resultado.

“El éxito solo es dulce cuando tienes con quien compartirlo”.

AGRADECIMIENTOS

Si bien muchas personas e instituciones han contribuido directamente e indirectamente en este estudio. Me gustaría agradecer especialmente:

A la **Facultad de Ciencias** y a la **Universidad Autónoma de Baja California** por permitirme avanzar un peldaño más dentro del ámbito académico.

A **CONACYT** por su apoyo económico durante estos dos años.

Al **Dr. Carlos Alberto Flores López** y el **Dr. Guillermo Romero Figueroa** por su incansable entusiasmo y dedicación durante la dirección de esta tesis, pero sobre todo por brindarme la oportunidad de contribuir en un proyecto tan importante como este.

A la **Dra. Claudia Leyva** y el **Dr. Rafael Bello** por sus valiosos comentarios y opiniones que fueron de gran importancia para el desarrollo de este trabajo.

Al **Dr. Carlos Alberto Yáñez Arenas** que sin el curso Modelado de Nichos Ecológicos y Áreas de Distribución no hubiera tenido los elementos necesarios para la elaboración de gran parte de esta tesis.

Al **Dr. Luis E. Escobar** por los interesantes debates mantenidos acerca del uso de los modelos de nicho ecológico en la salud pública, que fueron de gran ayuda para despejar muchas de las dudas que surgieron a lo largo del trabajo.

A mis compañeros de laboratorio **Harán, Estefanía, Lynneth y Sofía**. Mis más sinceros agradecimientos por su colaboración.

CONTENIDO

FORMATO DE APROBACIÓN	2
DEDICATORIA.....	3
AGRADECIMIENTOS	4
ÍNDICE DE TABLAS	7
ÍNDICE DE FIGURAS	8
ÍNDICE DE ANEXOS	10
ÍNDICE DE APÉNDICES.....	11
RESUMEN	13
1.- INTRODUCCIÓN	14
2.- ENFERMEDADES TRANSMITADAS POR VECTORES.....	17
2.1. Construyendo conceptos: vector, hospedero e infección.....	17
2.2. Principales vectores y enfermedades que se transmiten.....	17
2.3. Su importancia en la salud pública.....	18
3. ENFERMEDAD DE CHAGAS	19
3.1. El parásito y la enfermedad	19
3.2. Vectores que transmiten la enfermedad.....	19
3.3. Factores que influyen en la transmisión	21
4. ENFERMEDAD DE CHAGAS EN MEXICO	23
4.1 Estado actual del conocimiento	23
4.2. Estudios seroepidemiológicos	24
4.3. Métodos y estrategias para el control de la enfermedad.....	24
5. ESPECIES DE TRIATOMINOS EN MÉXICO	26
5.1. Su distribución en los diferentes estados de la república	26
5.2. Especies de estudio.....	27
5.3. Prevalencia de <i>Trypanosoma cruzi</i> en <i>Dipetalogaster maximus</i>	27
6. NICHOS ECOLÓGICOS.....	28
6.1. ¿Qué es? si es que es algo un nicho.....	28
6.2. El nicho y las abundancias	29
MODELADO DE NICHOS ECOLÓGICOS.....	31
6.3. ¿Qué es y para qué sirve?	31
6.3. Insumos para la modelación de nichos ecológicos.....	32
6.4. Reducción y selección de variables ambientales.....	33

6.5. Algoritmos para la modelación de nichos ecológicos	34
6.6. Maxent y la máxima entropía	35
6.7. Validación de los modelos de nicho ecológico	35
6.8. Uso de los modelos de nicho ecológico en biogeografía de enfermedades.....	37
7. JUSTIFICACIÓN	39
8. HIPÓTESIS Y PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	40
9. OBJETIVOS.....	40
9.1. Objetivo general	40
9.2. Objetivos específicos.....	40
10. METODOLOGÍA	40
10.1. Área de estudio	40
10.2. Métodos	41
10.3. Modelación de nicho ecológico.....	41
10.4. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social.....	43
11. RESULTADOS.....	44
11.1. Modelos de nicho ecológico.....	44
11.2. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social.....	49
12. DISCUSIÓN.....	53
12.1. Modelos de nicho ecológico.....	53
12.2. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social.....	56
13. CONCLUSIONES.....	58
14. LITERATURA CITADA	59

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Se muestran los agentes causales de algunas de las enfermedades producidas por vectores más comunes, así como los reservorios animales y la distribución geográfica de los vectores.	18
Tabla 2. Algoritmos común mente utilizados en la modelación de nichos ecológicos, métodos y datos que requieren.	34
Tabla 3 Esquema de la matriz de confusión en el que las presencias y las ausencias previstas se relacionan con su estado conocido como presencia observada o ausente. Donde A es presencia verdadero, C error de omisión, B error de comisión y D ausencia verdadera.	36
Tabla 4. Número de registros de ocurrencia para cada una de las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California así como los números de ocurrencias usadas para calibrar y evaluar los modelos.	44
Tabla 5. Número de individuos de <i>Dipetalogaster maximus</i> colectados en los diferentes sitios de muestreo así como el índice y el porcentaje de infección.	¡Error! Marcador no definido.
Tabla 5. Número de individuos de <i>Dipetalogaster maximus</i> colectados en los diferentes sitios de muestreo así como el índice y el porcentaje de infección.	49

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. <i>Anopheles</i> sp. Tomado de: http://tacticalmosquitocontrol.com/malaria-mosquito/	17
Figura 2. . Muestra de sangre con <i>Trypanosoma cruzi</i> (Barrett et al., 2003)	19
Figura 3. Ciclo doméstico y salvaje de la enfermedad de Chagas (Coura & Borges-Pereira, 2010).	20
Figura 4. Especies de triatominos. <i>Triatoma sherlocki</i> (A), <i>T.brasiliensis</i> (B), <i>T.juazeirensis</i> (C), <i>T.melanica</i> D), <i>T.lenti</i> (E) (Correia et al., 2013).	20
Figura 5. Inflamación y/o ulcera denominada <i>chagoma</i> (Barrett et al., 2003).	22
Figura 6. Radiografía donde se observa de izquierda a derecha: agrandamiento del corazón, megaesófago y megacolon (Barrett et al., 2003).	22
Figura 7. Número de publicaciones sobre la Enfermedad de Chagas para cada uno de los estados de la República Mexicana a partir de 1924 hasta el 2004 (Cruz-Reyes & Pickering-López, 2006).	23
Figura 8. Vivienda en una comunidad rural. Foto Juan Renau tomada de Médicos sin fronteras.....	25
Figura 9. Uso de insecticidas para el control de los vectores de la Enfermedad de Chagas. Foto Juan Renau tomada de Médicos sin fronteras.....	25
Figura 10. <i>Triatoma gertaeckeri</i> , <i>Triatoma indictiva</i> , <i>Triatoma lecticularia</i> , <i>Triatoma neotomae</i> , <i>Triatoma protracta</i> , <i>Triatoma recurva</i> , <i>Triatoma rubida</i> , <i>Triatoma rubrofaciata</i> , <i>Triatoma sanguisuga</i> y <i>Paratriatoma hirsuta</i> . Foto de Gabriel Hamer (Curtis-Robles et al., 2015).....	26
Figura 11. <i>Dipetalogaster maximus</i> en sus diferentes estadios. Foto: Harán Peiro.	27
Figura 12. Representa el diagrama BAM por sus siglas en inglés, en donde A representa la región del mundo donde se encuentran las condiciones ambientales que permiten la sobrevivencia y reproducción de la especie (nicho fundamental) La región B representa regiones donde las condiciones biológicas (competidores, depredadores, enfermedades) son favorables. La Región M representa regiones a las que la especie tiene acceso debido a su movimiento y capacidades de colonización y la estructura de barreras y distancias, GO representa el área real de distribución de la especie, donde las condiciones abióticas y bióticas son favorables e inminentes para dispersar individuos. La IG es una zona de distribución invalorable si la estructura de M cambia (Soberon & Nakamura, 2009).	29
Figura 13. Representación gráfica de la eficacia biológica (adecuación) a lo largo de tres variables ambientales arbitrarias y en donde el punto óptimo tridimensional representa el <i>centroide del nicho ecológico</i> . Mientras más cerca, se encuentren las poblaciones del <i>centroide</i> de su nicho, mayor será su abundancia (Maguire, 1973).	30
Figura 14. Diagrama de flujo que ilustra el modelado de nichos ecológicos del virus de la septicemia hemorrágica viral. El proceso se divide en tres pasos: datos de entrada (izquierda), modelado de nicho ecológico (centro) y visualización geográfica del nicho estimado (derecha) (Escobar & Craft, 2016).	32

Figura 15. "Dominios de escala" Variables ambientales y dominios de escala Tomado de (Pearson & Dawson, 2003).	33
Figura 16. Ponderación de los valores obtenidos en los modelos de nicho ecológico en donde 0.5 representa un desempeño malo y 0.8 un buen desempeño (Lobo, Jiménez-Valverde, & Real, 2008).....	36
Figura 17. Esquema donde se muestra la partición de los datos originales en un conjunto para evaluar y otro para calibrar, además de la procedencia de los datos: misma región, región diferente, resolución y tiempo (Fofonoff & Millard, 1983). ...	37
Figura 18. Área de estudio. Los puntos en color rojo representan los sitios de muestreo.	41
Figura 19. Modelo de nicho ecológico de <i>Paratriatoma hirsuta</i> . El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.....	45
Figura 20. Modelo de nicho ecológico de <i>Triatoma protracta</i> . El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.	46
Figura 21. Modelo de nicho ecológico de <i>Triatoma rubida</i> . El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.	47
Figura 22. Modelo de nicho ecológico de <i>Dipetalogaster maximus</i> . El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.....	48
Figura 23. Grados de marginación a nivel localidad para Baja California Sur, 2010, Modificado de Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México. CONABIO, (2012).	50
Figura 24. Grados de marginación a nivel localidad para el área de idoneidad ambiental de <i>Dipetalogaster maximus</i>	51
Figura 25. Representación gráfica del centroide del nicho ecológico para <i>Dipetalogaster maximus</i>	52

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Tribus y géneros de Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) Tomado de (Schofield, C. J & Galvão, 2014).....	71
Anexo 2. Triatominos infectados (*) y no infectados con <i>T. cruzi</i> en los diferentes estados de la república mexicana.	72
Anexo 3 (Continuación). Triatominos infectados (*) y no infectados con <i>T. cruzi</i> en los diferentes estados de la república mexicana.	73

ÍNDICE DE APÉNDICES

Apéndice 1. Variables climáticas utilizadas para realizar los modelos de nicho ecológico.	74
Apéndice 2. Comandos utilizados para descargar, depuración y eliminar los duplicados de la base de datos.....	75
Apéndice 3. Comandos utilizados para la elaboración del área de estudio con base a las correcciones: hipótesis M.....	76
Apéndice 4. Comandos utilizados para el recorte de los archivos raster.....	77
Apéndice 5. Comandos utilizados para dividir la base de datos en calibración y validación.....	78
Apéndice 6. Comandos utilizados para la obtención de la Roc parcial.....	79
Apéndice 7. Correlación de las variables ambientales para <i>Triatoma rubida</i>	80
Apéndice 8. Correlación de las variables bioclimáticas para <i>Triatoma protracta</i> .	81
Apéndice 9. Correlación de las variables bioclimáticas para <i>Paratriatoma hirsuta</i>	82
Apéndice 10. Correlación de las variables ambientales para <i>Dipetalogaster maximus</i>	83
Apéndice 11. Porcentaje de contribución relativa de las variables ambientales para cada una de las especies de triatomíneos modelados. Los datos en negrita representan los dos valores más altos por cada modelo.	84

[...] la gran chinche negra de las Pampas ¡Qué disgusto se experimenta al sentir un insecto blando corretear por nuestro cuerpo! [...] si se le presenta el dedo; se lanza inmediatamente, y como se le deje, comienza a chupar...

Charles Darwin
A Naturalist's Voyage Round the World

“No hay parte de la historia natural más interesante que el estudio de la distribución geográfica de los organismos”

Alfred Russell Wallace

RESUMEN

La enfermedad de Chagas es una infección crónica y en la mayoría de los casos mortal producida por el parásito *Trypanosoma cruzi* el cual es transmitido a los seres humanos a través de insectos hematófagos (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae). Para un mejor entendimiento del riesgo de transmisión de esta enfermedad en la península de Baja California se modeló el nicho ecológico de las especies epidemiológicamente relevantes para esta región, a través del algoritmo de máxima entropía (Maxent), el cual se alimentó con variables climáticas obtenidas a partir de sensores remotos (temperatura media durante el día y la noche, precipitación etc.) posteriormente se incorporaron a los modelos resultantes los factores que según la literatura facilitan la transmisión de la enfermedad de Chagas (tipo de vivienda, grado de escolaridad), los cuales se obtuvieron a través del censo de población y vivienda del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) para las localidades en nuestra área de estudio. Los modelos de nicho ecológico reflejan las posibles distribuciones geográficas de las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California y por lo tanto la información generada de los modelos de nicho ecológico por si sola puede ser utilizada por instituciones gubernamentales para implementar campañas de prevención y control de vectores en zonas urbanas.

Los resultados obtenidos en este estudio demuestran que el uso de los modelos de nicho ecológico en combinación con ciertas variables socioeconómicas son una herramienta útil para inferir áreas de riesgo potencial de la enfermedad de Chagas en la península de Baja California, siempre y cuando se tengan los suficientes datos para representar las abundancias de las especies y los indicadores adecuados para este padecimiento.

Palabras claves: nicho ecológico, factores asociados a la transmisión, mapa de riesgo.

1.- INTRODUCCIÓN

La Tripanosomiasis Americana también conocida como El mal de Chagas es una infección crónica y en la mayoría de los casos mortal producida por el parásito *Trypanosoma cruzi* (Barrett et al., 2003; Chagas, 1909; Coura & Borges-Pereira, 2010; Coura & Dias, 2009; WHO Expert Committee, 2002), el cual es transmitido a los seres humanos a través de la picadura de insectos hematófagos (morfología que les permite alimentarse de sangre) de la subfamilia Triatominae (Barrett et al., 2003; Chagas, 1909; Coura & Borges-Pereira, 2010; Coura & Dias, 2009; WHO Expert Committee, 2002).

Este padecimiento afecta entre 30 y 60 millones de personas en América Latina y en México es una de las enfermedades parasitarias más importantes, pues se calcula que entre 1.5 y 2 millones de mexicanos se encuentran infectados con el parásito, además se estima que al año surgen 65,000 casos nuevos de los cuales la mayoría son crónicos (Manne-Goehler et al., 2014). Sin embargo, este padecimiento se caracteriza por afectar principalmente a las personas que viven en condiciones insalubres y de bajos recursos, de manera que existe un desinterés generalizado por parte de las compañías farmacéuticas en invertir esfuerzos en el desarrollo de vacunas y/o fármacos para combatir la enfermedad (Gubler, 1998; Heath, Okike, & Oeser, 2011; Hotez et al., 2012; Hunter, 2003; Schmunis & Yadon, 2010).

Por lo tanto la eliminación de los vectores a través de la limpieza de las viviendas y el uso constante de insecticidas, han sido las principales estrategias empleadas (en países sudamericanos) para prevenir y/o disminuir el riesgo de contagio. Sin embargo estas medidas aún no han sido implementadas en México, a pesar de que existen las condiciones propicias para que esta enfermedad se esté transmitiendo (Hashimoto & Schofield, 2012; Ramsey et al., 2003; Schmunis, G. A., Zicker, F., & Moncayo, 1996; Silveira & Vinhaes, 1999). Se cree, que la no implementación de estas estrategias en nuestro país se debe principalmente a la menor incidencia de la enfermedad en relación con los países latinoamericanos.

No obstante para que los programas de control sean efectivos, es necesario el conocimiento de la distribución geográfica de los organismos responsables de transmitirla, de su ciclo de vida y de sus tasas de infección principalmente. Como consecuencia han surgido nuevos campos de conocimiento como la epidemiología espacial (Malone et al., 2001; Rushton, 2003), la cual es un campo emergente que tiene como objetivo principal la identificación de áreas de riesgo potencial de infección para enfermedades transmitidas por vectores, a través de la percepción remota y la modelación de nichos ecológicos (Luis E Escobar et al., 2016; Ostfeld, Glass, & Keesing, 2005; Andrew Townsend Peterson, 2014a, 2014b; Soberon, J., & Peterson, 2005).

El modelado de nicho ecológico representan un conjunto de técnicas de análisis en las cuáles se relacionan observaciones de presencia o presencia-ausencia de una especie a un conjunto de variables ambientales para identificar sus requerimientos ecológicos y representar su distribución geográfica actual o potencial (Hirzel & Lay, 2008; A Townsend Peterson & Soberón, 2012; Pliscoff, 2011). Este campo de investigación ha tenido un crecimiento verdaderamente explosivo en las últimas décadas y se ha utilizado para abordar un amplia variedad de temas que van desde la biología de la conservación, el manejo de recursos y el cambio climático.

Esta herramienta ha sido de gran utilidad para estimar la distribución tanto a nivel local como continental de una gran variedad de especies y padecimientos. Así como también ha sido de gran ayuda en la implementación de programas de control para el manejo efectivo de los vectores y sus enfermedades (Dumonteil & Gourbière, 2004; Rogers, D. J., & Williams, 1993; Rogers & Williams, 1993; Thomson et al., 1999). En el caso de la enfermedad de Chagas se han elaborado modelos para las especies nativas de América Latina y algunas especies del sur y centro de México, sin embargo no se ha modelado el nicho ecológico de las especies epidemiológicamente relevantes para el norte del país, específicamente en la península de Baja California (Costa, Peterson, & Beard, 2002; Gorla, 2002; Peterson, A. T. Sánchez-Cordero, V., Beard, C. B., & Ramsey, 2002).

De cualquier forma, la sola presencia de los vectores en la península de Baja California representa un riesgo directo a la salud de la población, por lo que es necesario el estudio no solo de la distribución de los organismos sino también de la prevalencia del parásito en las poblaciones de las especies presentes en la región. Sin embargo existen muy pocos trabajos al respecto y de los pocos que existen, no han utilizado técnicas moleculares para la identificación del parásito de manera que sus resultados no son muy confiables.

Así mismo el riesgo de contraer la enfermedad en la península de Baja California no ha sido descrito adecuadamente, sin embargo se considera que el crecimiento de la población humana, la inmigración de personas provenientes de zonas endémicas de la enfermedad y el desarrollo turístico son factores que aumentarán la probabilidad de infección. No obstante estas ideas son aun hipótesis que se tienen que poner a prueba. Por tal motivo y con el propósito elaborar productos cartográficos que nos permitan identificar y evaluar las áreas de riesgo potencial de contraer la enfermedad de Chagas en la península de B.C, se realizó la modelación del nicho ecológico para cada una de las especies epidemiológicamente relevantes para la península de B.C además y como complemento se llevó a cabo el análisis de los componentes sociales de las comunidades muestreadas para identificar cuáles de estos componentes contribuyen de manera significativa para la transmisión de la enfermedad.

2.- ENFERMEDADES TRANSMITADAS POR VECTORES

2.1. Construyendo conceptos: vector, hospedero e infección

La relación que existe entre ciertos insectos y algunas enfermedades que afectan tanto a animales como a seres humanos, ha sido descrita desde hace muchísimo tiempo, sin embargo el concepto de “enfermedades producidas por vectores” es relativamente nuevo, pues apenas en 1898 se demostró que la malaria es transmitida por mosquitos anofelinos (Figura1) y desde entonces se ha comprobado que muchos agentes patógenos son transmitidos a los seres humanos de esta forma (Sharma, 1990; World Health Organization, 2014).



Figura 1. *Anopheles sp.* Tomado de: <http://tacticalmosquitocontrol.com/malaria-mosquito/>

2.2. Principales vectores y enfermedades que se transmiten

La mayoría de los vectores causantes de enfermedades son artrópodos, los cuales se dividen en cuatro taxones principales de microorganismos: nematodos, protozoarios, bacterias y virus (Tabla 1). Algunos de estos son parásitos verdaderos de los seres humanos es decir, que requieren forzosamente infestar al hombre para completar su ciclo de vida. Sin embargo el ser humano es huésped incidental de la mayoría de los patógenos transmitidos por vectores, por lo que pueden contribuir o no al ciclo de transmisión de forma temporal (Gubler, 2009; Ostfeld & Keesing, 2000).

Tabla 1. Agentes causales de algunas de las enfermedades producidas por vectores más comunes, así como los reservorios animales y la distribución geográfica de los vectores.

Patógeno	Enfermedad	Reservorio animal	Distribución geográfica	Vector
Virus				
Togaviridae	Chikungunya	Primates, humanos	África, Asia	Mosquitos
Flaviviridae	Fiebre Amarilla	Primates, humanos	África, Sudamérica	Mosquitos
Flaviviridae	Dengue	Primates, humanos	Trópicos	Mosquitos
Bacteria				
<i>Francisella tularensis</i>	Tularemia	Conejos, roedores	Norte América, Europa, Asia	Garrapatas
<i>Rickettsia conori</i>	Fiebre de Boutonneuse	Perros, roedores	Europa, África	Garrapatas
<i>Borrelia burgdorferi</i>	Enfermedad de Lyme	Roedores	Norte América, Europa	Garrapatas
Protozoa				
<i>Plasmodium</i>	Malaria	Primates, humanos	Global	Mosquitos anofelinos
<i>Trypanosoma brucei</i>	Enfermedad del Sueño	Ungulados	África	MoscaTsetse
<i>Trypanosoma cruzi</i>	Enfermedad de Chagas	Roedores, Sarigüeya, armadillos	Hemisferio oeste	Triatominos

2.3. Su importancia en la salud pública

El mal de Chagas afecta principalmente a las personas que viven en condiciones insalubres y de bajos recursos por lo que las compañías farmacéuticas tienen poco interés en invertir esfuerzos en el desarrollo de vacunas y/o fármacos para combatirlas. No obstante la movilidad humana y animal debido al transporte aéreo y el comercio (globalización), ha convertido estas enfermedades no solo en problemas de los trópicos; presentan a la comunidad mundial con posiblemente su mayor problema de salud y amenaza a la seguridad económica actual (Gubler, 1998; Heath, Okike, & Oeser, 2011; Hotez et al., 2012; Hunter, 2003; Schmunis & Yadon, 2010).

3. ENFERMEDAD DE CHAGAS

3.1. El parásito y la enfermedad

La enfermedad de Chagas es una infección crónica y en la mayoría de los casos mortal producida por el parásito *Trypanosoma cruzi* (Figura 2), el cual presenta dos ciclos de vida (Figura 3): el natural en el que se hospeda en mamíferos pequeños como roedores, mapaches, zarigüeyas o armadillos y el “domestico” donde infecta a los seres humanos a través de la picadura de insectos hematófagos (morfología que les permite alimentarse de sangre) de la subfamilia Triatominae (Barrett et al., 2003; Chagas, 1909; Coura & Borges-Pereira, 2010; Coura & Dias, 2009; WHO Expert Committee, 2002).

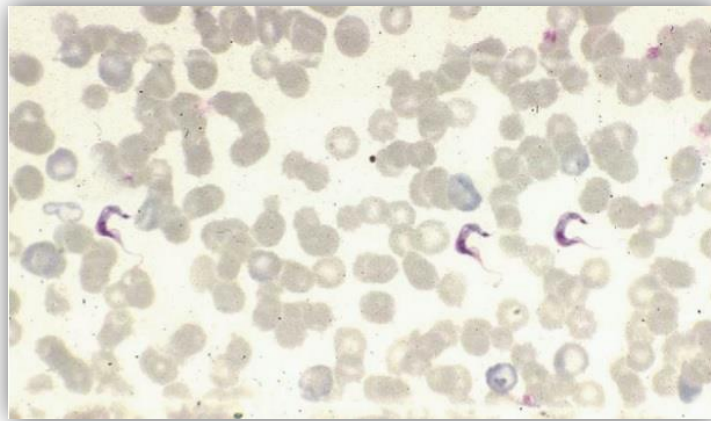


Figura 2. . Muestra de sangre con *Trypanosoma cruzi* (Barrett et al., 2003)

3.2. Vectores que transmiten la enfermedad

Los vectores domésticos de *T. cruzi* pertenecen a la familia de los Reduviidae, la cual está conformada por 5 tribus, 15 géneros y alrededor de 140 especies (Anexo 1). Estas especies (Figura 4) generalmente se distribuyen en América Latina de donde la mayoría de las especies son endémicas, aunque también habitan algunas regiones de México y Estados Unidos (Gorla & Noireau, 2010; Schofield & Galvão, 2009).

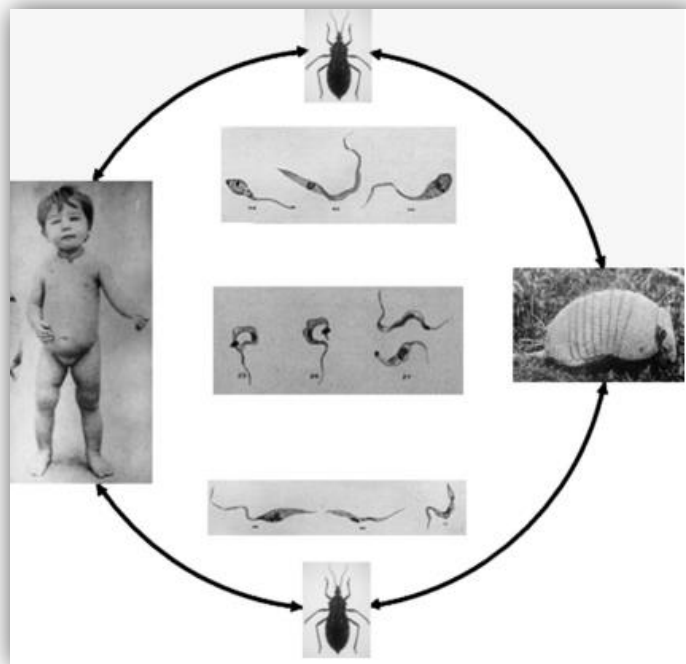


Figura 3. Ciclo doméstico y salvaje de la enfermedad de Chagas (Coura & Borges-Pereira, 2010).

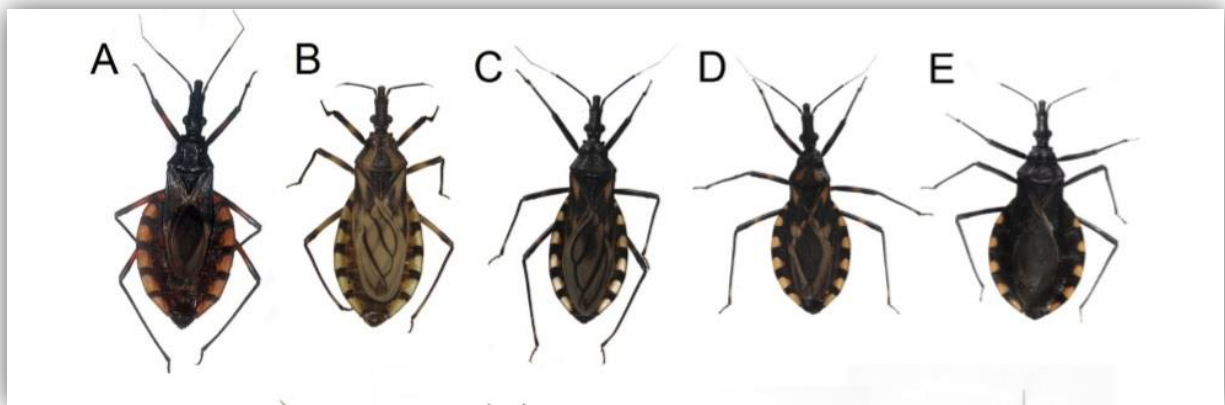


Figura 4. Especies de triatominos. *Triatoma sherlocki* (A), *T.brasiliensis* (B), *T.juazeirensis* (C), *T.melanica* (D), *T.lenti* (E) (Correia et al., 2013).

3.3. Factores que influyen en la transmisión

Aunque el parásito puede ser transmitido vectorialmente (a través de los insectos), también puede producirse la infección de diferentes maneras, como por ejemplo: de forma congénita de la madre infectada al feto (Muñoz et al., 2007; Riera et al., 2006), por transfusión sanguínea contaminadas con el parásito (Bern et al., 2008; Piron et al., 2008), con donaciones de órganos, ingestión de alimentos contaminados o de manera accidental por el personal de laboratorio que maneja muestras (Gascon, Bern, & Pinazo, 2010).

Por tal motivo dependiendo de la forma en que el parásito invade el sistema del cuerpo humano la enfermedad puede desarrollar diferentes manifestaciones clínicas, aunque la mayoría de ellas se presentan dentro de tres fases: indeterminada que puede durar de 10 a 15 años, no existen síntomas y no es posible detectar el parásito en torrente sanguíneo ya que se encuentra anidado dentro de células musculares, nerviosas y cardíacas. Posteriormente una fase aguda y crónica (WHO Expert Committee, 2002).

La fase aguda generalmente es asintomática aunque suele presentar una inflamación o ulcera denominado *chagoma* (punto de entrada o picadura) el cual tarda en sanar entre tres o cuatro semanas (Figura 5) Cuando los síntomas ocurren el paciente puede experimentar fiebre prolongada; malestar; inflamación del hígado, bazo y ganglios linfáticos. En esta fase el parásito se encuentra dentro del torrente sanguíneo por lo que puede ser detectado por métodos parasitológicos directos (Rassi Jr, Rassi, & Marin-Neto, 2010). Debido a que un alto porcentaje de las infecciones por *T. cruzi* en su fase aguda generalmente son asintomáticas, una gran proporción de las personas infectadas son diagnosticadas en la segunda fase (fase crónica): que se manifiesta como una afectación patológica del corazón, esófago, colon o una combinación (Figura 6) (Barrett et al., 2003).



Figura 5. Inflamación y/o ulcera denominada *chagoma* (Barrett et al., 2003).

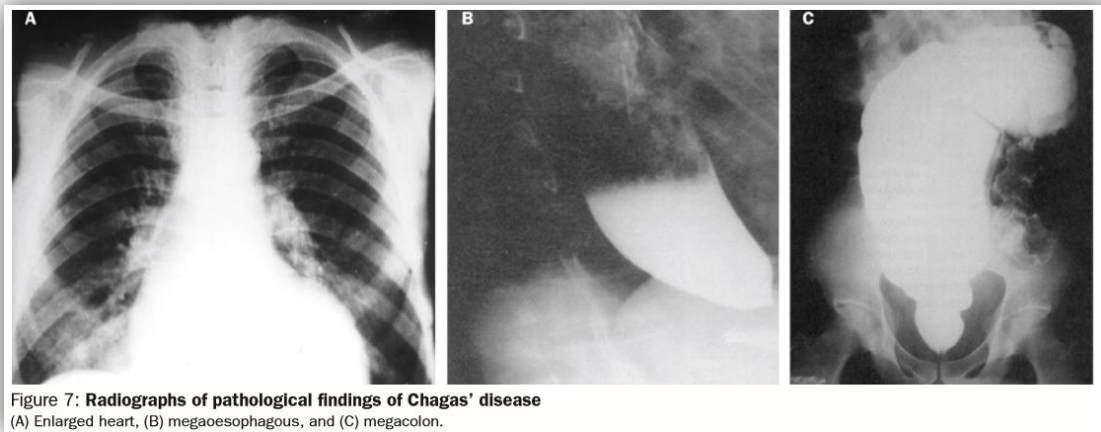


Figura 6. Radiografía donde se observa de izquierda a derecha: agrandamiento del corazón, megaesófago y megacolon (Barrett et al., 2003).

4. ENFERMEDAD DE CHAGAS EN MEXICO

4.1 Estado actual del conocimiento

Si bien, el conocimiento sobre la enfermedad de Chagas en México se encuentra muy disperso (Figura 7), existen registros que indican que los primeros casos ocurrieron en Oaxaca, Yucatán y posteriormente en los estados de Chiapas, Jalisco y Veracruz (Zavala-Velázquez, 2003) zonas que por sus condiciones biogeográficas se consideran endémicas de la enfermedad y por ende han sido las más estudiadas.

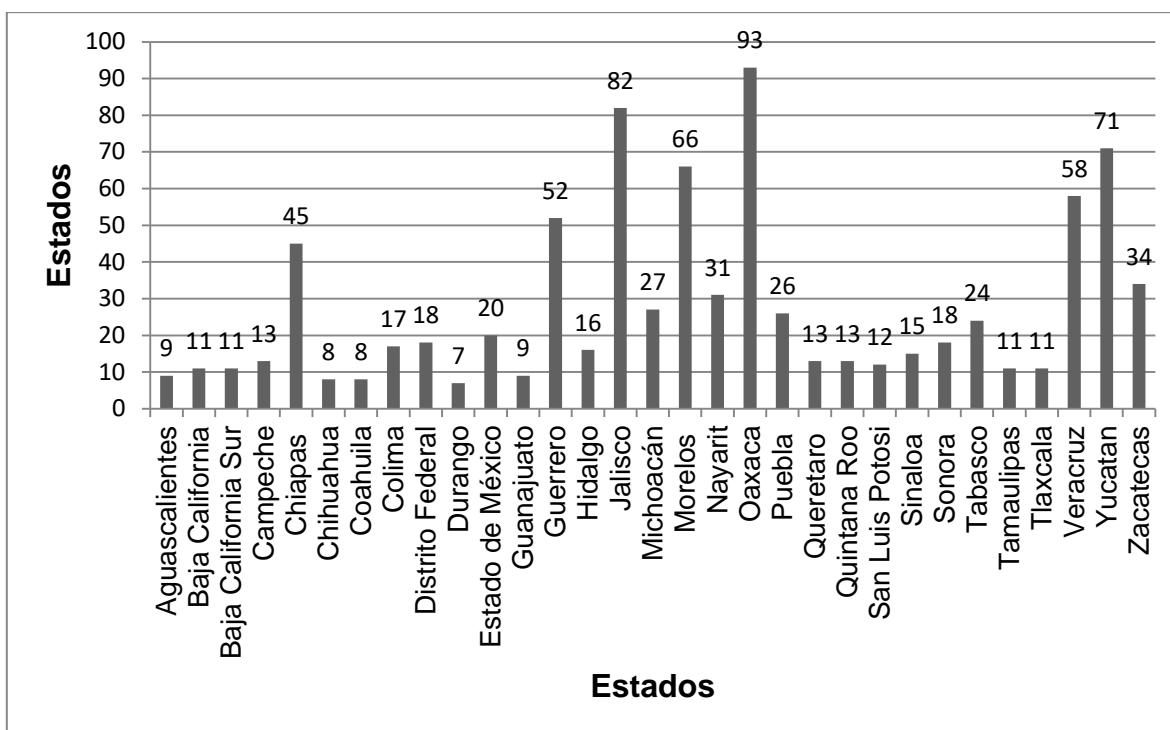


Figura 7. Número de publicaciones sobre la Enfermedad de Chagas para cada uno de los estados de la República Mexicana a partir de 1924 hasta el 2004 (Cruz-Reyes & Pickering-López, 2006).

No obstante la temática de las publicaciones de la Figura 7 se centran en el estudio de los vectores y en ensayos seroepidemiológicos de la infección, dejando de lado los métodos de control y diagnóstico de la enfermedad, por lo que se deben enfatizar los esfuerzos para el control de este padecimiento (Cruz-Reyes & Pickering-López, 2006).

4.2. Estudios seroepidemiológicos

Los estudios seroepidemiológicos que se han llevado a cabo en el territorio nacional han encontrado prevalencias en gran parte de la república, siendo los estados de Chiapas (5.0%), Oaxaca (4.5%), Hidalgo (3.2%), San Luis Potosí (2.5%), Veracruz (3.0%) y Tamaulipas (1.6%) los estados de mayor prevalencia. No obstante estos resultados no muestran la prevalencia actual de la infección y la enfermedad, pues el estudio tuvo una escasa cobertura en las áreas rurales (Guzmán Bracho et al., 1998).

Algunos otros ensayos sugieren que alrededor de 2000 habitantes cada año podrían estar en riesgo de infección con *T. cruzi* debido a las transfusiones sanguíneas (Novelo-Garza BA, Benítez-Arvizu G, Peña-Benítez A, Galván-Cervantes J, 2010). Por tal motivo se deben crear estrategias que permiten el tratamiento y disminución de los casos de infección, una de ellas es la reducción o eliminación de vectores en áreas de exposición humana, la cual ha mostrado ser eficiente (Manne-Goehler et al., 2014).

4.3. Métodos y estrategias para el control de la enfermedad

Debido a que la enfermedad de Chagas se caracteriza por afectar principalmente a las personas que viven en condiciones insalubres y de bajos recursos (Figura 8), existe un desinterés generalizado por parte de las compañías farmacéuticas en invertir esfuerzos en el desarrollo de vacunas y/o fármacos para combatir la enfermedad (Hotez et al., 2012; Schmunis & Yadon, 2010).

Por lo tanto la eliminación de los vectores a través de la limpieza de las viviendas y el uso constante de insecticidas (Figura 9), han sido las principales estrategias empleadas (en países sudamericanos) para prevenir y/o disminuir el riesgo de contagio (Hashimoto & Schofield, 2012; Ramsey et al., 2003; Schmunis., Zicker & Moncayo, 1996; Silveira & Vinhaes, 1999). Sin embargo estas medidas no han sido implementadas en México a pesar de que existen las condiciones propicias para que esta enfermedad se esté transmitiendo.



Figura 8. Vivienda en una comunidad rural. Foto Juan Renau tomada de Médicos sin fronteras.



Figura 9. Uso de insecticidas para el control de los vectores de la Enfermedad de Chagas. Foto Juan Renau tomada de Médicos sin fronteras.

Se cree, que la no implementación de las estrategias en México se debe principalmente a la menor incidencia de la enfermedad en relación con los países latinoamericanos (Dumonteil, 1999; Guzmán-Bracho, 2001). No obstante para que estos métodos tengan éxito es necesario tener un amplio conocimiento sobre la distribución geográfica de los vectores su abundancia, densidad y prevalencia del parásito.

5. ESPECIES DE TRIATOMINOS EN MÉXICO

5.1. Su distribución en los diferentes estados de la república

En la república mexicana se conocen 30 especies (Anexo 2) de las cuales al menos 20 se han encontrado infectadas con *Trypanosoma cruzi* (Goldsmith et al., 1979). De las especies infectadas con el parásito encontramos a *Triatoma dimidiata* en los estados de Yucatán, Chiapas, Guerrero y Oaxaca, *T. barberi* y *T. longipennis* en Aguascalientes, Hidalgo, Jalisco y Michoacán (Schettino, de Haro Arteaga, & Berrueta, 1988; Zárata et al., 1980).

En las regiones del noroeste del país (i.e. Chihuahua, Sonora, Sinaloa y Nayarit, aunque también al sur de los Estados Unidos en Arizona, California, Nuevo México y Texas) podemos encontrar a *Triatoma rubida*, *Triatoma recurva*, *Triatoma protracta*, *Triatoma peninsularis* y *Paratriatoma hirsuta* (Figura 10), (Lent & Wygodzinsky, 1979). *Dipetalogaster maximus* es una especie endémica de Baja California Sur (Ryckman & Ryckman, 1961).

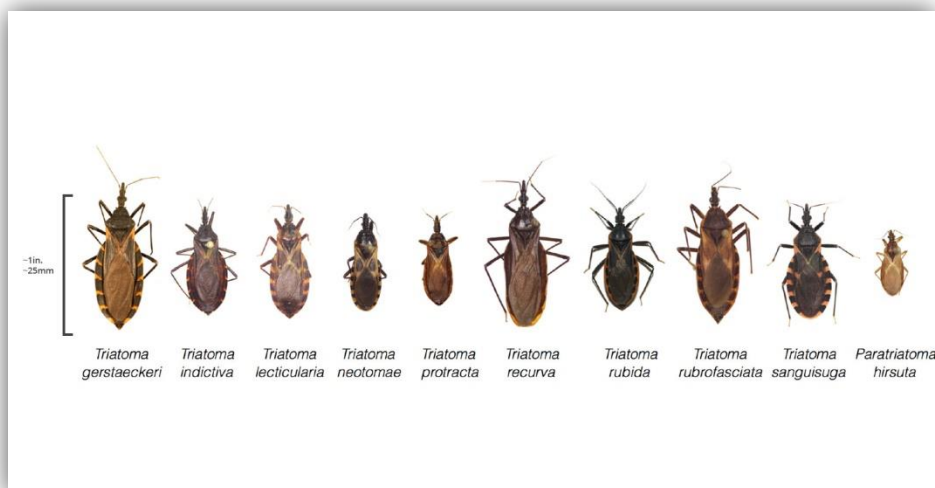


Figura 10. *Triatoma gertaeckeri*, *Triatoma indictiva*, *Triatoma lecticularia*, *Triatoma neotomae*, *Triatoma protracta*, *Triatoma recurva*, *Triatoma rubida*, *Triatoma rubrofasciata*, *Triatoma sanguisuga* y *Paratriatoma hirsuta*. Foto de Gabriel Hamer (Curtis-Robles et al., 2015).

5.2. Especies de estudio

Dipetalogaster maximus (Figura 11) presenta un ciclo de vida salvaje aunque recientemente se ha observado en un proceso de transición y adaptación a la vivienda humana. La duración media de su ciclo de vida es de 302.5 días a 25 ° C y 205.9 días a 30 ° C para los machos, mientras que para las hembras es de 302.9 días a 25 ° C y de 205.1 días a 30 ° C y que la cantidad media de sangre ingerida para completar el ciclo de vida es de 5606.9 mg a 30 ° C (Silva, 1990).

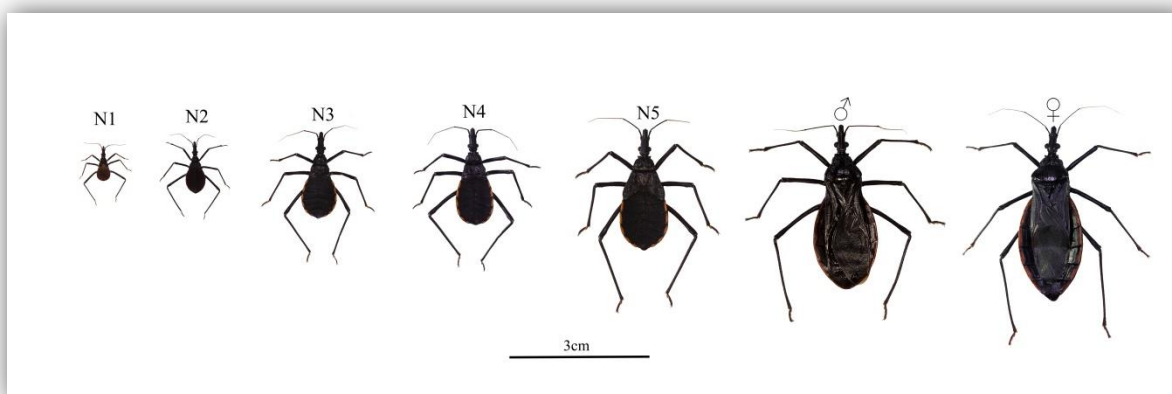


Figura 11. *Dipetalogaster maximus* en sus diferentes estadios. Foto: Harán Peiro.

5.3. Prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en *Dipetalogaster maximus*

Los datos sobre la prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en especies de triatominos en México son escasos. En el caso de Baja California Sur se han realizado estudios con *Dipetalogaster maximus* en donde se documentaron tasas de infección del 10% superiores a las reportadas por (Mazzotti & Dias, 1949) (San José del Cabo 0%), (Marsden et al., 1979) (El Triunfo 5.5%) y Jiménez y Palacios 1999 (La Paz 2.9%) pero baja en comparación con otros triatominos como *Triatoma dimidiata* (49.8%) (Zeledón, 1981) *T. barberi* (70.6%) (Zárate et al., 1980) *Triatoma pallidipenis* (15.4%), y *Triatoma rubida* (55.6%) (Mazzotti & Dias, 1949). No obstante en este trabajo no se utilizaron técnicas moleculares para la identificación del parásito de manera que sus resultados con respecto a la certidumbre de la identificación a nivel de especie del parásito no es posible.

6. NICHO ECOLÓGICO

6.1. ¿Qué es? si es que es algo un nicho

Han pasado más de noventa años desde que Joseph Grinnell utilizó la palabra nicho por primera vez en sus documentos y aún seguimos discutiendo si el nicho es el papel o rol que desempeña una especie en su comunidad o la unidad de distribución más pequeña dentro de la cual, cada especie se mantiene debido a sus limitaciones instintivas y estructurales. Sin embargo para fines prácticos definiremos al nicho como un concepto abstracto en el que agrupa todas las condiciones ambientales necesarias así como los recursos para mantener una población viable de organismos (Blonder et al., 2014; Colwell & Rangel, 2009; Soberón, 2007).

No obstante dentro de este concepto se desprenden tres tipos de nicho, el fundamental, el existente y el realizado (Figura 12). El nicho fundamental es el conjunto de condiciones (requerimientos fisiológicos) que permiten que una especie sobreviva (que su tasa intrínseca de crecimiento sea positiva), en pocas palabras es la región dentro de la cual la especie puede vivir. Sin embargo las condiciones bajo las cuales las especies podrían vivir son a menudo más amplias que las condiciones en donde en realidad viven, y esto se debe frecuentemente a la movilidad de los organismos y a las interacciones con otras especies.

De tal manera que la movilidad de los organismos así como las interacciones con otras especies constituyen el nicho realizado, es decir es la parte del nicho existente (el cual está conformado por las combinaciones que existen y son favorables para la especie, incluyendo al nicho fundamental) que los organismos realmente usarían después de tomar en cuenta los efectos de los competidores y los depredadores (Soberon & Nakamura, 2009).

En suma, el concepto del nicho ecológico es, ha sido y será sin duda, parte medular de la ecología y no existe una definición errónea puesto que no hay solo una concepción correcta, ya que requiere de la suma de muchos elementos a la definición. Sin embargo, el concepto abstracto de nicho y sus tres tipos, es la base para la modelación de nichos y por lo tanto el más “aceptada” aunque tal vez no la más satisfactoria para todas las

subdisciplinas de la ecología, por lo que debe ser estudiado bajo una perspectiva holística que incluya cada una de estas disciplinas biológicas, en donde los patrones y procesos naturales podrán ser estudiados y podrán comprenderse de una manera más integral

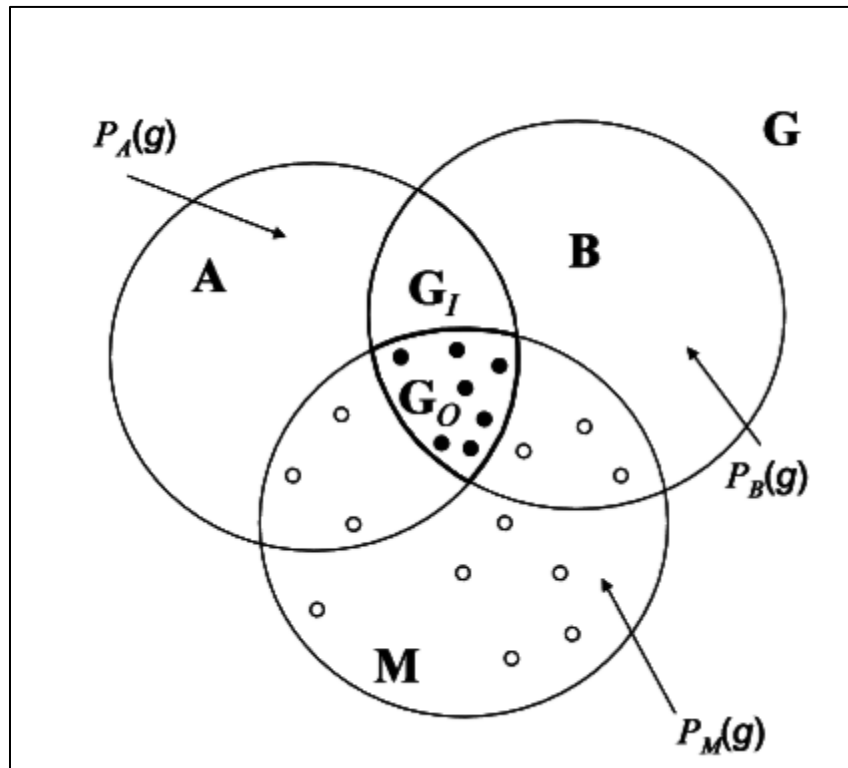


Figura 12. Representa el diagrama BAM por sus siglas en inglés, en donde A representa la región del mundo donde se encuentran las condiciones ambientales que permiten la sobrevivencia y reproducción de la especie (nicho fundamental). La región B representa regiones donde las condiciones biológicas (competidores, depredadores, enfermedades) son favorables. La Región M representa regiones a las que la especie tiene acceso debido a su movimiento y capacidades de colonización y la estructura de barreras y distancias, G_O representa el área real de distribución de la especie, donde las condiciones abióticas y bióticas son favorables e inminentes para dispersar individuos. La G_I es una zona de distribución invaluable si la estructura de M cambia (Soberon & Nakamura, 2009).

6.2. El nicho y las abundancias

El estudio de la distribución geográfica de los organismos ha fascinado a un sinnúmero de investigadores a lo largo de la historia de la humanidad, y como consecuencia han surgido numerosas teorías para explicar por qué existen especies con distribución restringida y por qué las hay de distribución amplia, o por qué algunas son raras y otras abundantes.

Una de estas teorías es la del nicho ecológico, sin embargo esta teoría por sí sola no puede informar sobre los patrones de distribución de las abundancias para las especies (Tôrres et al., 2012), por lo que se han propuesto teorías alternativas para explicar estos patrones, una de ellas es la extensión de la teoría del nicho de Maguire.

Esta teoría propone que el nicho ecológico posee una estructura interna donde las condiciones óptimas están en el centro del nicho ecológico (Figura 13), por lo tanto se espera que ocurra una mayor abundancia de organismos hacia el centro del nicho y menor en los extremos (Maguire, 1973). Esta hipótesis ha sido respaldada por una serie de estudios que muestran relaciones inversas entre la abundancia y la distancia al centro del nicho (Martínez-Meyer et al., 2013; Ureta et al., 2016; Yañez Arenas et al., 2012; C. Yañez-Arenas et al., 2014; Yañez-Arenas et al., 2014).

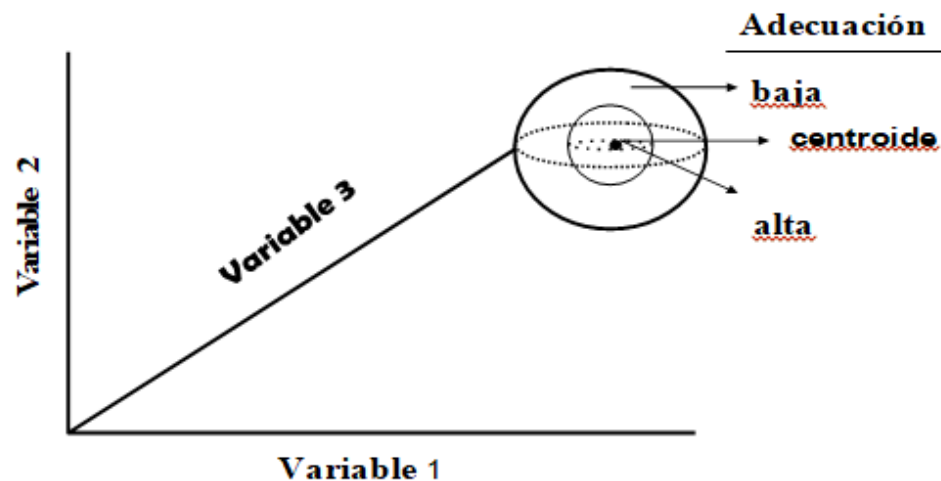


Figura 13. Representación gráfica de la eficacia biológica (adecuación) a lo largo de tres variables ambientales arbitrarias y en donde el punto óptimo tridimensional representa el *centroide del nicho ecológico*. Mientras más cerca, se encuentren las poblaciones del *centroide* de su nicho, mayor será su abundancia (Maguire, 1973).

MODELADO DE NICHOS ECOLÓGICOS

6.3. ¿Qué es y para qué sirve?

El modelado de nicho ecológico representan un conjunto de técnicas de análisis en las cuales se relacionan observaciones de presencia o presencia-ausencia de una especie a un conjunto de variables ambientales para identificar sus requerimientos ecológicos y representar su distribución geográfica actual o potencial (Hirzel & Lay, 2008; A Townsend Peterson & Soberón, 2012; Pliscoff, 2011). Este campo de investigación ha tenido un crecimiento verdaderamente explosivo en las últimas décadas y se ha utilizado para abordar un amplia variedad de temas que van desde la biología de la conservación, el manejo de recursos y el cambio climático (Lobo, Jiménez-Valverde, & Hortal, 2010).

Estos modelos son una herramienta importante para estudios en ecología, biogeografía y biología de la conservación y no debe centrarse solo en la elaboración de mapas y/o productos cartográficos, sino también a la resolución de problemas que van desde el descubrimiento de la biodiversidad, la predicción de la invasión de especies hasta el pronóstico de los efectos del cambio climático en la distribución de especies (Franklin 2009).

Recientemente estos modelos ha sido de gran utilidad para estimar la distribución tanto a nivel local como continental de una gran variedad de especies y padecimientos, así como también ha sido de gran ayuda en la implementación de programas de control para el manejo efectivo de los vectores y sus enfermedades (Dumonteil & Gourbière, 2004; Rogers, D. J., & Williams, 1993; Rogers & Williams, 1993; Thomson et al., 1999).

Claro está que para obtener resultados confiables es necesario contar con un buen marco conceptual así como un diseño experimental robusto, de lo contrario solo obtendremos inferencias incorrectas y/o incompletas (Escobar, 2016; Escobar & Peterson, 2013; Escobar & Craft, 2016). Si bien, no existe una “receta” ni tampoco una sola técnica para elaborar modelos de nicho ecológico, podemos utilizar la información de la figura 14 como un buen ejemplo de cómo debemos empezar a modelar nichos ecológicos.

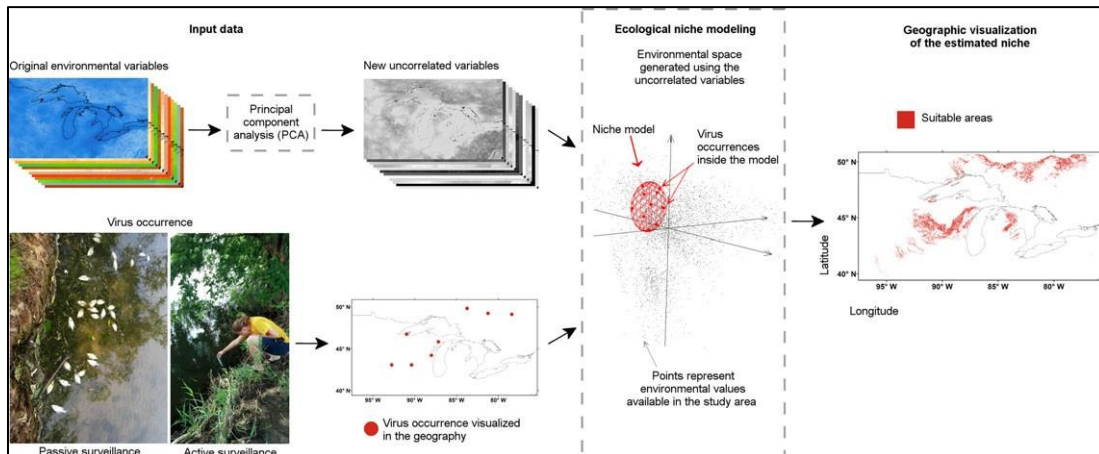


Figura 14. Diagrama de flujo que ilustra el modelado de nichos ecológicos del virus de la septicemia hemorrágica viral. El proceso se divide en tres pasos: datos de entrada (izquierda), modelado de nicho ecológico (centro) y visualización geográfica del nicho estimado (derecha) (Escobar & Craft, 2016).

6.3. Insumos para la modelación de nichos ecológicos

En la modelación de nichos ecológicos es necesario tener dos tipos de datos de entrada: 1) los puntos de ocurrencias georreferenciadas de las entidades biológicas que se pretende modelar y; 2) una serie de variables o capas ambientales, las cuales describan los requerimientos para que las especies puedan sobrevivir. Existen dos formas de obtener los registros de presencia: 1) a través de muestreos sistematizados y; 2) en consultas en bases de datos (físicas y electrónicas). Mientras que las variables ambientales las podemos obtener ya sea a partir de interpolaciones de observaciones y/o sensores remotos. La decisión de cómo se obtendrán los datos de entrada va a depender tanto de los recursos para obtenerlos como de la disponibilidad de los mismos (Hirzel & Lay, 2008).

Es evidente que para los registros de presencia (también para las variables ambientales) en caso de no contar con los recursos para realizar muestreos estos tendrán que ser obtenidos a partir de bases de datos. Sin embargo la mayoría de las bases de datos están sesgadas en el espacio debido al esfuerzo de muestreo desigual (Beck et al., 2014), lo cual no quiere decir que no se deban de usar, solo hay que tener en consideración lo anterior e incorporar en el diseño del proyecto la información sobre el tipo y calidad de los datos de entrada utilizados,

principalmente la historia natural de la especie, la correlación que pueda existir entre ellas y sobre todo que tanto contribuyen a la distribución de las ocurrencias para los modelos

6.5. Algoritmos para la modelación de nichos ecológicos

Actualmente existen muchos algoritmos para generar los modelos de nicho ecológico, algunos funcionan ya sea con envolventes ambientales (Bioclim), con estadísticos (GLMs, GAM), aprendizajes de maquina (Maxent, ANNs) o mixtos como GARP y OpenModeler (Tabla 2). No obstante, cada uno de estos algoritmos requieren de diferentes datos de entrada, como por ejemplo Maxent que necesita solo datos de presencia a diferencia de GARP que puede trabajar tanto con presencias como con ausencias, por lo tanto dependiendo de los datos con los que se trabaje se elige cual es el mejor algoritmo para modelar (Rangel & Loyola, 2012).

Tabla 2. Algoritmos común mente utilizados en la modelación de nichos ecológicos, métodos y datos que requieren.

Método	Descripción	Datos que necesita	Software
Envolvente BIOCLIM	Envolvente bioclimática simple que define la tolerancia ambiental de una especie para predictores múltiples	Presencias	BIOCLIM, OpenModeller
Estadístico GLM	Regresión paramétrica con varias funciones de respuesta como lineal, polinomial, por partes y términos de interacción.	Ausencias	BIOMOD, GLM
Aprendizaje de maquina Maxent	Establece que la distribución de probabilidad más dispersa y casi uniforme, sujeta a restricciones conocidas, es la mejor aproximación para una distribución desconocida	Presencias y/o pseudoausencias	Maxent, GARP

6.6. Maxent y la máxima entropía

La entropía es una medida de la incertidumbre o desconocimiento asociada a un proceso. Si bien, un proceso sujeto a incertidumbre carece de predictibilidad, existen procesos más inciertos o desordenados que otros y por lo tanto, maximizando la entropía (el desorden) es posible obtener la distribución de probabilidades menos sesgadas y como consecuencia los procesos menos desordenados, los cuales pueden ser procesos o patrones que se repiten y es de estos con los que podemos hacer predicciones (Baldwin, 2009).

Siguiendo este principio es como funciona Maxent para poder detectar relaciones no aleatorias entre nuestros dos conjuntos de datos (puntos de ocurrencia y capas climáticas) y poder estimar la distribución de las especies de estudio en una escala particular de análisis (Phillips, Anderson, & Schapire, 2006). Debido a que las predicciones de Maxent se basan en las densidades de probabilidad multivariadas, los valores arrojados por este algoritmo pueden ser interpretadas como un índice de idoneidad ambiental (Elith et al., 2011; Rangel & Loyola, 2012).

6.7. Validación de los modelos de nicho ecológico

El área bajo la curva característica operativa del receptor (ROC), conocida como AUC, se usa frecuentemente para estimar la capacidad predictiva de los modelos de nicho ecológico (Figura 16). Esta prueba compara las probabilidades obtenidas con un conjunto de datos de validación en una matriz de confusión de dos por dos: la fracción o sensibilidad predicha correctamente, la fracción o especificidad negativa predicha correctamente, la fracción positiva predicha falsamente (errores de comisión) y la fracción negativa falsamente predicha (errores de omisión) (Lobo, Jiménez-Valverde, & Real, 2008) (Tabla 3).

Tabla 3 Esquema de la matriz de confusión en el que las presencias y las ausencias previstas se relacionan con su estado conocido como presencia observada o ausente. Donde A es presencia verdadero, C error de omisión, B error de comisión y D ausencia verdadera.

	Observado	
	Presente	Ausente
Predicho		
Presente	A	B
Ausente	C	D

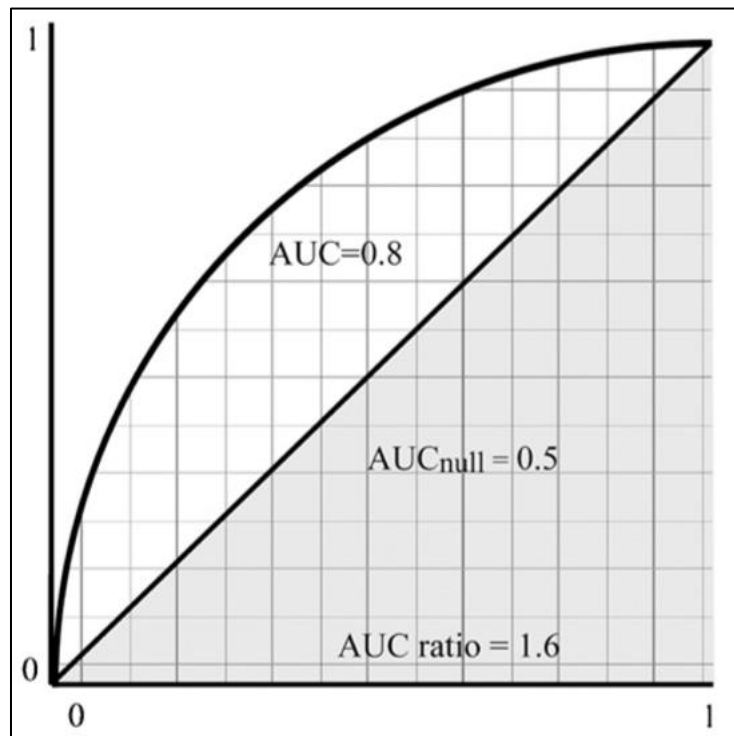


Figura 16. Ponderación de los valores obtenidos en los modelos de nicho ecológico en donde 0.5 representa un desempeño malo y 0.8 un buen desempeño (Lobo, Jiménez-Valverde, & Real, 2008).

Por lo tanto para que un modelo sea muy bueno los valores ponderados por el estadístico tendrían que estar entre 0.9 y 1, si se encuentran menores o iguales a 0.5 el modelo se considerará pésimo, es decir, que prácticamente predice presencias al azar (Swets, 2015). Para llevar a cabo este estadístico se necesita de un conjunto de datos de calibración y otro de validación (Figura 16), los datos de validación son aquellos que nunca entraron en el proceso de modelado e idealmente son independientes. Estos datos pueden ser o no de la

misma región que los datos de calibración, o de diferente tiempo y/o a una resolución distinta (Fofonoff & Millard, 1983).

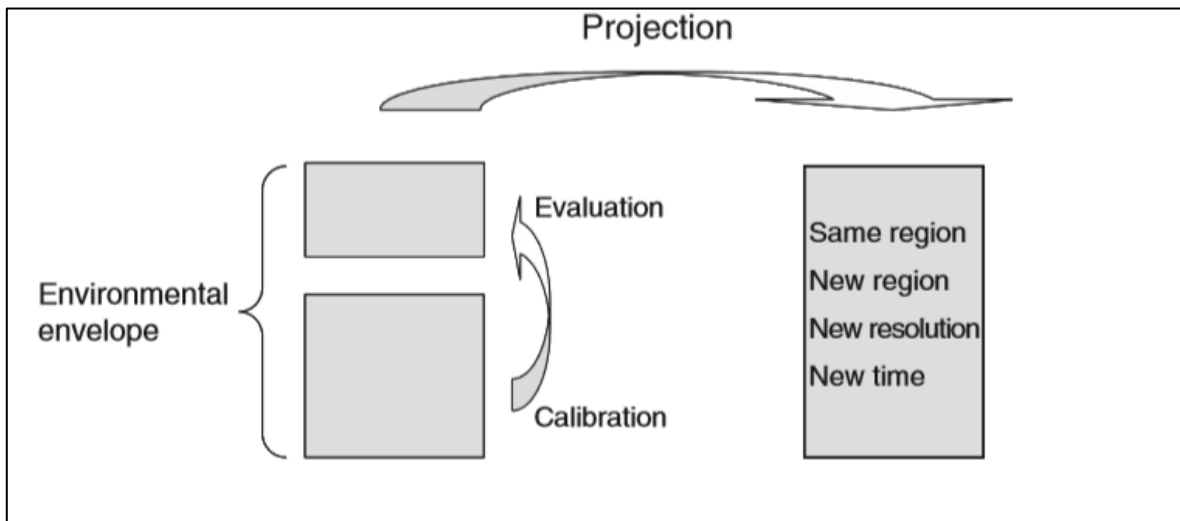


Figura 17. Esquema donde se muestra la partición de los datos originales en un conjunto para evaluar y otro para calibrar, además de la procedencia de los datos: misma región, región diferente, resolución y tiempo (Fofonoff & Millard, 1983).

6.8. Uso de los modelos de nicho ecológico en biogeografía de enfermedades

Con respecto a la biogeografía de enfermedades la modelación de nichos ecológicos ha sido una herramienta poderosa para entender la ecología de ciertos padecimientos, y en algunos casos ha logrado explicar de manera exitosa porque es que ocurren con más frecuencia en ciertos lugares y durante un determinado tiempo (Peterson et al., 2005), lo cual es sumamente importante si se quiere anticipar epidemias y/o brotes de diferentes enfermedades (Escobar & Craft, 2016; Frieden, 2013). Claro está que para obtener resultados confiables es necesario contar con un buen marco conceptual así como un diseño experimental robusto, de lo contrario solo obtendremos inferencias incorrectas y/o incompletas (Escobar, 2016; Escobar & Peterson, 2013; Escobar & Craft, 2016).

Sin embargo no todos los padecimientos se pueden anticipar debido a la naturaleza de la enfermedad (incapacidad de distinguir entre los síntomas, falta de conocimiento de la misma, etc.) un claro ejemplo es la enfermedad de Chagas. No obstante a los a los mapas generados de los modelos de nicho ecológico se pueden incorporar datos sobre los factores que facilitan la transmisión de la enfermedad dentro de una población (Anderson, 2017).

Estos factores ya sean acerca de la vulnerabilidad social, cultural y/o económica en los modelos de nicho ecológico ha tenido influencias muy positivas, ya que la mayoría de las predicciones hechas con esta información han sido más realistas y detalladas con respecto a los modelos donde no se incorporaron estos datos (Samy et al., 2014). No obstante, no existe una forma específica para incorporar los factores asociados a la transmisión de enfermedades, ni tampoco existe una base de datos en la que se describan los factores que facilitan la transmisión de una enfermedad en particular, por lo que mucha de la información adicional que se pretenda incorporar a los modelos va a depender en gran medida del conocimiento que se tenga sobre el padecimiento con el que se está trabajando.

En el caso de la enfermedad de Chagas se cree que el tipo de vivienda específicamente los techos de palma así como el suelo de tierra son los factores que facilitan la presencia del vector y como consecuencia se aumenta la probabilidad de adquirir la enfermedad. . No obstante estas ideas son aun hipótesis que se tienen que poner a prueba, de ahí la importancia de este trabajo.

7. JUSTIFICACIÓN

Si bien el nicho ecológico para las especies de triatomíneos se ha modelado previamente en varios estados de la república mexicana: Guanajuato, Puebla (Sandoval-Ruiz, Zumaquero-Rios & Rojas-Soto, 2008), Veracruz (Sandoval-Ruiz et al., 2012), Aguascalientes, Chiapas, Guerrero, Jalisco, Michoacán y Oaxaca (Benítez-Alva, 2012), la mayoría de estos trabajos no han utilizado un conjunto de datos de ocurrencia representativos (rango completo de distribución de las especies), por lo que no pueden ser utilizados para representar el nicho fundamental de las especies.

Así mismo no se ha analizado la distancia al centroide del nicho de las especies, ni mucho menos se ha explorado la relación que tienen ciertas variables socioeconómicas con respecto a la transmisión de la enfermedad, por lo que creemos que incluir ciertas variables socioeconómicas a los modelos resultantes, en combinación con los enfoques basados en las distancias al centroide del nicho puede ser otra opción importante para representar el potencial epidémico de este y otros padecimientos.

En el caso de la península de Baja California el riesgo de contraer la enfermedad de Chagas no ha sido descrito adecuadamente, sin embargo se considera que el crecimiento de la población humana, la inmigración de personas provenientes de zonas endémicas de la enfermedad y el desarrollo turístico son factores que aumentarán la probabilidad de infección. No obstante estas ideas son aun hipótesis que se tienen que poner a prueba, de ahí la importancia de este trabajo.

8. HIPÓTESIS Y PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

Las localidades con mayor grado de marginación social serán las que estén más cercanas al centroide del nicho ecológico de las especies a través de sus rangos geográficos. Además responderemos a los siguientes cuestionamientos: ¿Dónde se distribuyen las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California? y ¿Cuáles son las que requieren mayor atención según su cercanía con respecto al ser humano?

9. OBJETIVOS

9.1. Objetivo general

Evaluar el uso de los modelos de nicho ecológico de los vectores de *Trypanosoma cruzi* en combinación con variables socioeconómicas como una herramienta útil para inferir áreas de riesgo potencial de la enfermedad de Chagas en la península de Baja California.

9.2. Objetivos específicos

- Modelar el nicho ecológico para *Triatoma rubida*, *T. protractra*, *Paratriatoma hirsuta* y *Dipetalogaster maximus*.
- Calcular la distancia al centoride del nicho para *D. maximus*
Analizar la relación entre el índice de marginación social y la distancia al centoride del nicho para *D. maximus*.

10. METODOLOGÍA

10.1. Área de estudio

La península de Baja California se localiza en el extremo norte del país al oeste el Océano

Pacífico, al este el Golfo de California aproximadamente desde los 32.70° de latitud Norte en el extremo septentrional, hasta los 22.86° en el extremo meridional; su longitud máxima de 1300 km de largo, 80 km de ancho en su lado más estrecho y 221 km en su lado más extenso Wiggins, 1980). Además presenta una singularidad biológica y ecológica la cual se puede describir a través de las ecorregiones descritas por González-Abraham et al 2010 (Anexo 4). La vegetación dominante en el extremo norte de la península es el: matorral costero, el chaparral californiano y ciertos bosques de coníferas que se encuentran sobre las elevaciones más altas de las de las sierras San Pedro Mártir y Juárez; (Delgadillo 1997). Mientras que la Región del Cabo abarca prácticamente todo el extremo sur y se extiende hacia el norte en una franja que corresponde a la región montañosa denominada Sierra La Giganta. No obstante los muestreos que se llevaron a cabo fueron al extremo sur de la península (Figura 17).

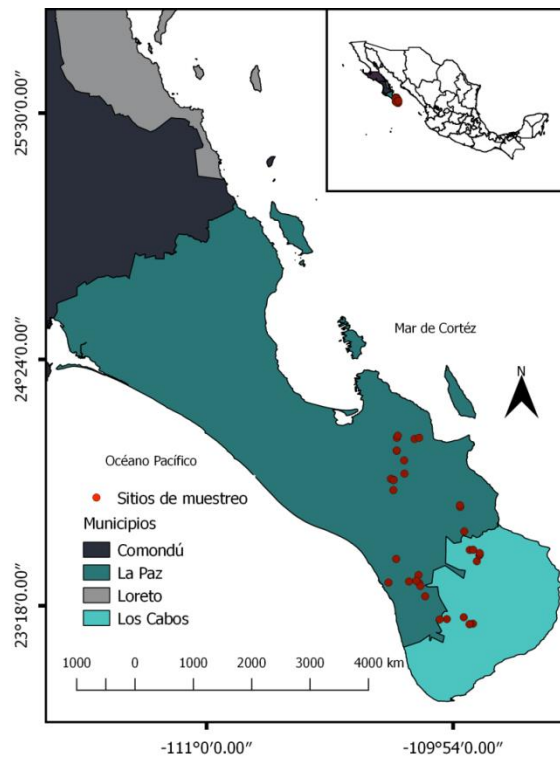


Figura 18. Área de estudio. Los puntos en color rojo representan los sitios de muestreo.

10.2. Métodos

10.3. Modelación de nicho ecológico

Puntos de ocurrencia: Para estimar la distribución geográfica primero se obtuvieron los datos de ocurrencia de las diferentes especies de triatomíneos en la península de Baja California. Para esto se realizó una búsqueda en diferentes bases de datos electrónicos como Global Biodiversity Information (<https://www.gbif.org>) (Ramsey et al., 2015), además de la revisión bibliográfica y los muestreos que se llevaron a cabo a través de la península. Las revisiones bibliográficas se llevaron a cabo del 12 al 30 de junio del 2017 en la unidad académica de ciencia y tecnología de la UNAM en Mérida, Yucatán, mientras que los muestreos se realizaron durante el mes de agosto en los sitios previamente seleccionados dentro de región del Cabo Baja California Sur

Variables ambientales: para calibrar los modelos se utilizaron imágenes de teledetección y precipitación derivadas de estaciones climáticas las cuales se descargaron de Global Environmental Layers (<http://worldgrids.org/doku.php>). Los datos de este servidor se generaron a partir del espectrorradiómetro de imágenes de resolución moderada (MODIS) y los sensores de la misión topográfica de radar de lanzadera (SRTM), capturando patrones de superficie terrestre temperatura (LST), humedad del suelo en forma de índice de humedad topográfica que captura patrones de geomorfología y fisiografía (Escobar et al., 2017).

Depuración de los puntos de ocurrencia: La información fue comparada y posteriormente depurada para eliminar las columnas innecesarias y los elementos duplicados, para contar solo con los registros verdaderos y las siguientes columnas: especie, longitud y latitud (en formato grados decimales). El archivo generado fue guardado como una tabla en Excel en formato CVS (archivo separado por comas) para cada una de las especies.

Reducción y selección de variables ambientales: Se utilizó en análisis de correlación de Pearson para identificar cuáles de las variables ambientales estaban correlacionadas entre sí y evitar el uso de información redundante en nuestros modelos (Escobar et al., 2014). Una vez identificada la correlación se procedió a realizar en análisis Jackknife para seleccionar las variables que se usaron en los modelos. Se utilizó el Software libre R para el procesamiento y análisis de los datos siguiendo los comandos descritos en el Apéndice 2.

Para cada una de las especies modeladas se realizaron 1000 iteraciones con el software MaxEnt versión 3.3.3.k usando las características cuadráticas para explicar la distribución de las presencias. El formato de salida que se utilizó fue logístico con umbral de 5% y el tipo de archivo ASC. Para cada una de las especies modeladas se realizó una partición aleatoria de los datos de presencia de donde se seleccionaron 70% de estos para para calibrar el modelo y el 30% restante para su evaluación (Araújo et al., 2005).

Una vez que se generaron los modelos se exportaron al programa gratuito QGIS 2.8.6 para su visualización. Cada uno de los modelos generados se reclasificó en cinco clases de acuerdo a los valores obtenidos por el algoritmo. Estos valores representan la favorabilidad ambiental de las especies, es decir que tan probable es que se encuentren en un sitio específico dadas las condiciones ambientales que se utilizaron para el modelo. Las clases fueron las siguientes y se representaron con un código de color: muy alta, alta, baja, muy baja.

10.4. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social

Se descargó el índice de marginación social de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) a través del portal de geoinformación (<http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/>). El centroide del nicho ecológico fue calculado con base en la media aritmética de cada una de las variables y de acuerdo a la concepción de Maguire. El cálculo de la distancia al centroide de cada punto poblacional fue efectuado mediante la distancia euclidiana (Yañez-Arenas et al., 2014). Una vez que se obtuvo la distancia al centroide del nicho de la especie y las variables socioeconómicas se realizó un análisis de correlación de Pearson entre este valor de distancia con respecto al índice de marginación social. Todos los cálculos y procedimientos fueron realizados con el software R.

11. RESULTADOS

11.1. Modelos de nicho ecológico

Se encontraron un total de 393 ocurrencias (un vez que se depuraron las bases de datos) para las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California las cuales se describen en la Tabla 4. Se utilizaron 18 variables climáticas y meteorológicas (Apéndice 1) para cada una de las especies, las cuales fueron reducidas con base a la distribución geográfica conocida para cada una de las especies.

Tabla 4. Número de registros de ocurrencia para cada una de las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California así como los números de ocurrencias usadas para calibrar y evaluar los modelos.

Especie	Ocurrencias	Calibración	Evaluación
<i>Triatoma rubida</i>	121	85	36
<i>Triatoma protracta</i>	176	123	53
<i>Paratriatoma hirsuta</i>	56	39	17
<i>Dipetalogaster maximus</i>	40	28	12

Los resultados del análisis de correlación de Pearson y del análisis Jackknife se encuentran en los apéndices 7-11. Los modelos desarrollados para cada una de las especies corresponden de manera adecuada con la distribución geográfica conocida y así como las preferencias ambientales de dichas entidades biológicas para cada una de las especies modeladas. Los resultados del análisis ROC para *P.hirsuta* (Figura 18) *T. protracta* (Figura 19), *T. rubida* (Figura 20) y *D. maximus* (Figura 21) fueron 0.713, 0.848, 0.779 y 0.720 respectivamente.

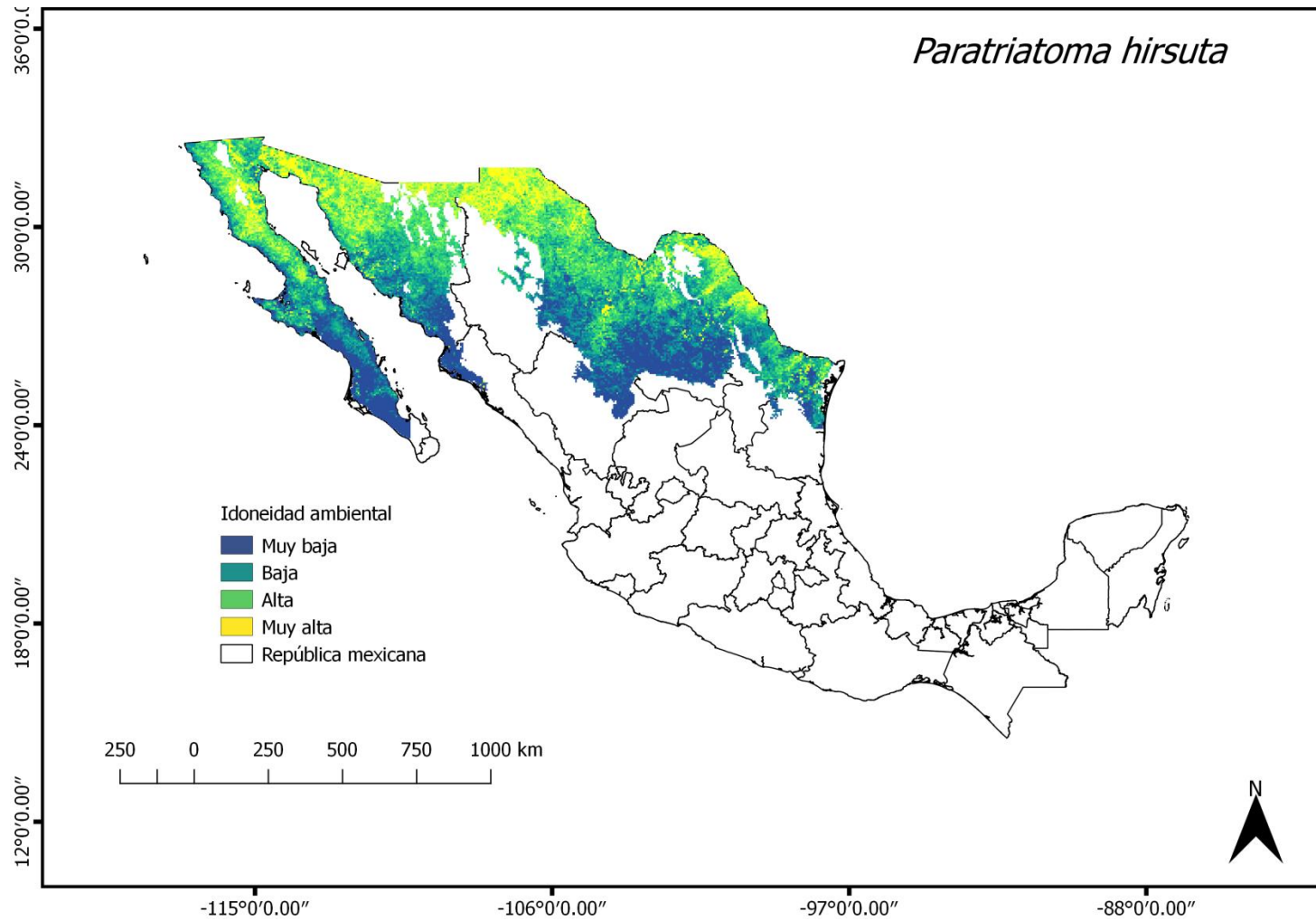


Figura 19. Modelo de nicho ecológico de *Paratriatoma hirsuta*. El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.

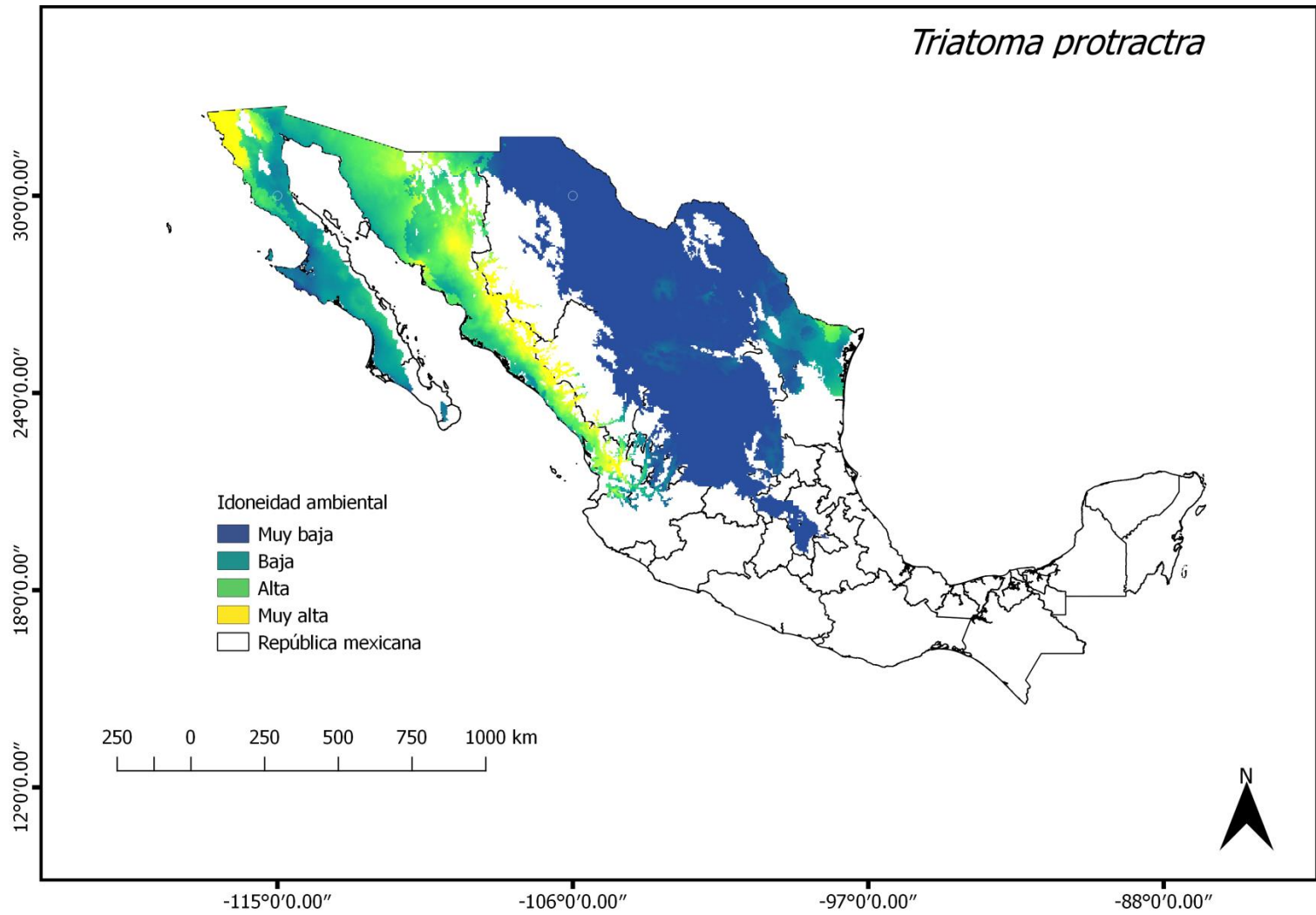


Figura 20. Modelo de nicho ecológico de *Triatoma protracta*. El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.

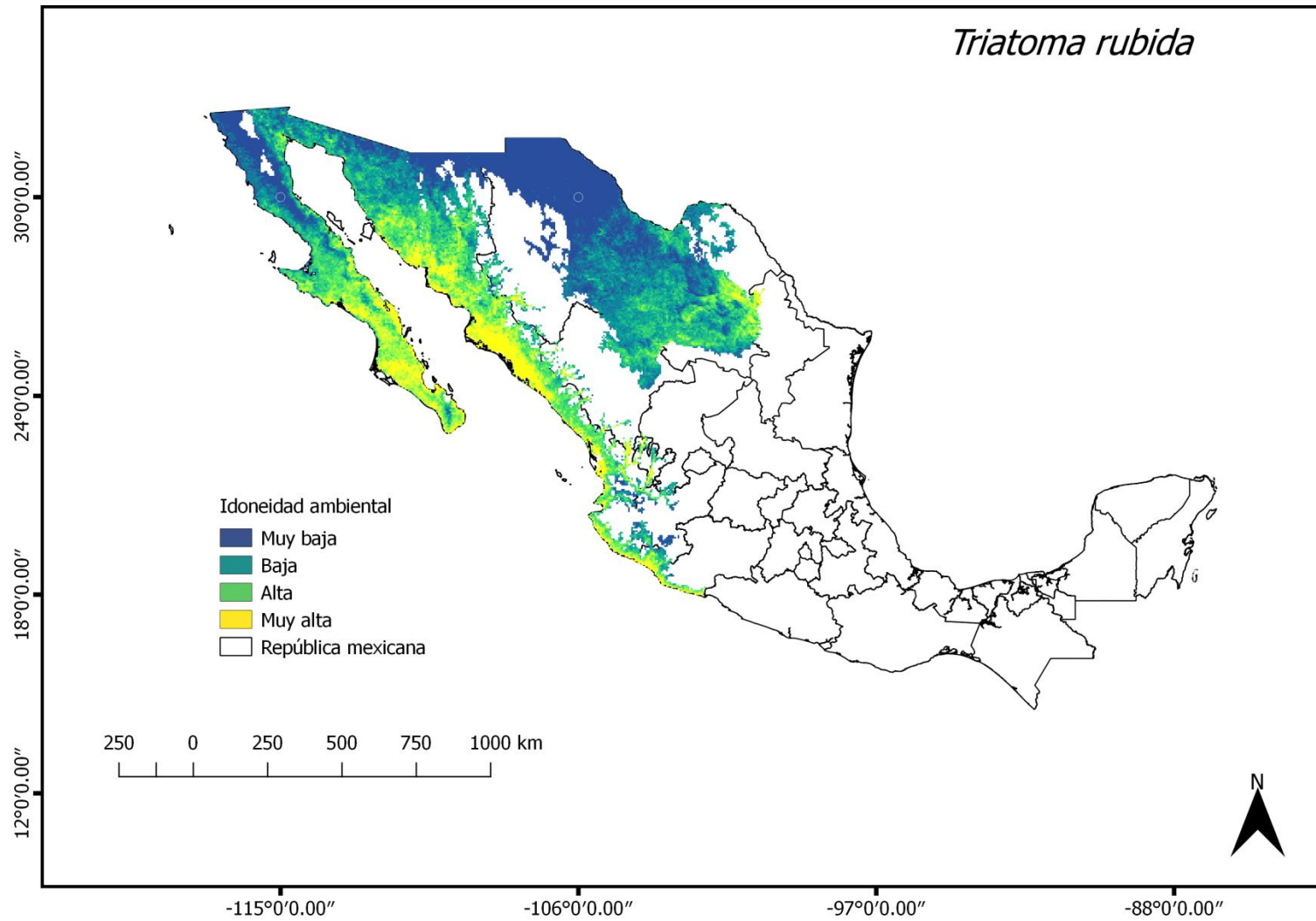


Figura 21 Modelo de nicho ecológico de *Triatoma rubida*. El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.

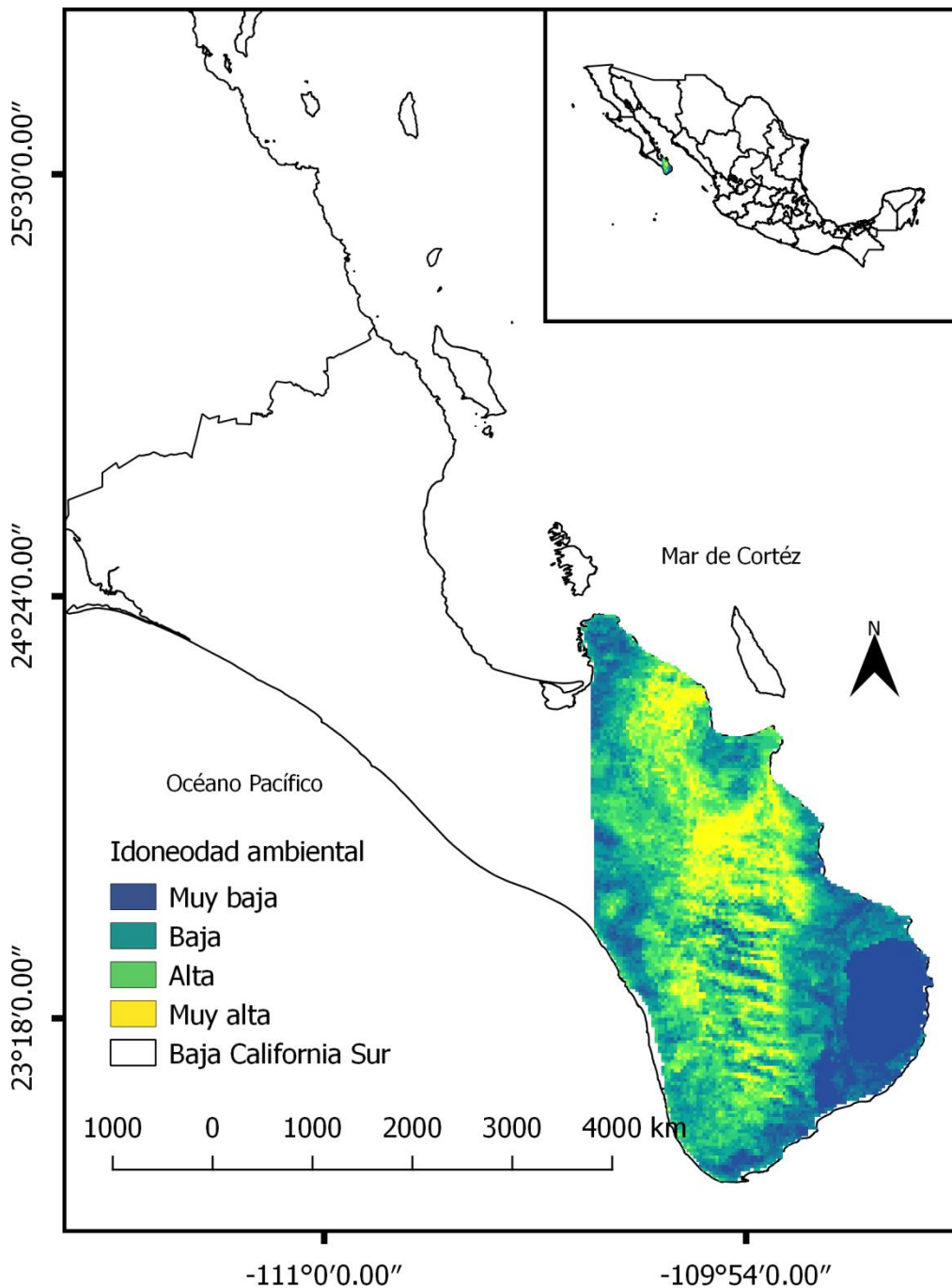


Figura 22. Modelo de nicho ecológico de *Dipetalogaster maximus*. El índice de idoneidad de Maxent indica las áreas muy alta (amarillo) y baja (azul) idoneidad ambiental para la ocurrencia potencial.

11.2. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social

Se encontró un total de 596 (Figura 23) localidades distribuidas en Baja California Sur de las cuales 266 están dentro de nuestra área de estudio. Con base al índice de marginación de CONABIO, 62 de estas localidades se encuentran dentro del área idónea de distribución para *Dipetalogaster maximus* (Figura 24) de las cuales 34 se clasifican con un grado alto de marginación y 20 con un grado muy alto (Tabla 5). El centroide del nicho para *Dipetalogaster maximus* se presenta en la figura 25, donde se observa que la mayor parte de la región del cabo se encuentra cerca del centro del nicho para esta especie, sin embargo con base al coeficiente de correlación de Pearson (-0.0121) se encontró una relación negativa inversa entre el índice de marginación social y la distancia al centroide del nicho así como para la abundancia de la especie.

Tabla 5. Número de individuos de *Dipetalogaster maximus* colectados en los diferentes sitios de muestreo así como el índice y el porcentaje de infección.

Municipio	Localidad	Población	Índice de marginación	Grado de marginación
La Paz	San Bartolo	395	-1.0235	Medio
Los Cabos	La Cieneguita	17	2.13458	Muy alto
La Paz	La Matanza	124	1.9656	Muy alto
La Paz	Santa Gertrudis	41	1.09056	Muy alto
La Paz	La Piedrita	24	0.72818	Muy alto
La Paz	Los Caballeros	23	1.04999	Muy alto
La Paz	El Coro	31	0.87323	Muy alto
La Paz	El Corral Falso	42	1.23919	Muy alto
La Paz	Los Correderos	15	0.84785	Muy alto
La Paz	Santo Domingo	11	1.12177	Muy alto
La Paz	Texcalama	20	0.86756	Muy alto

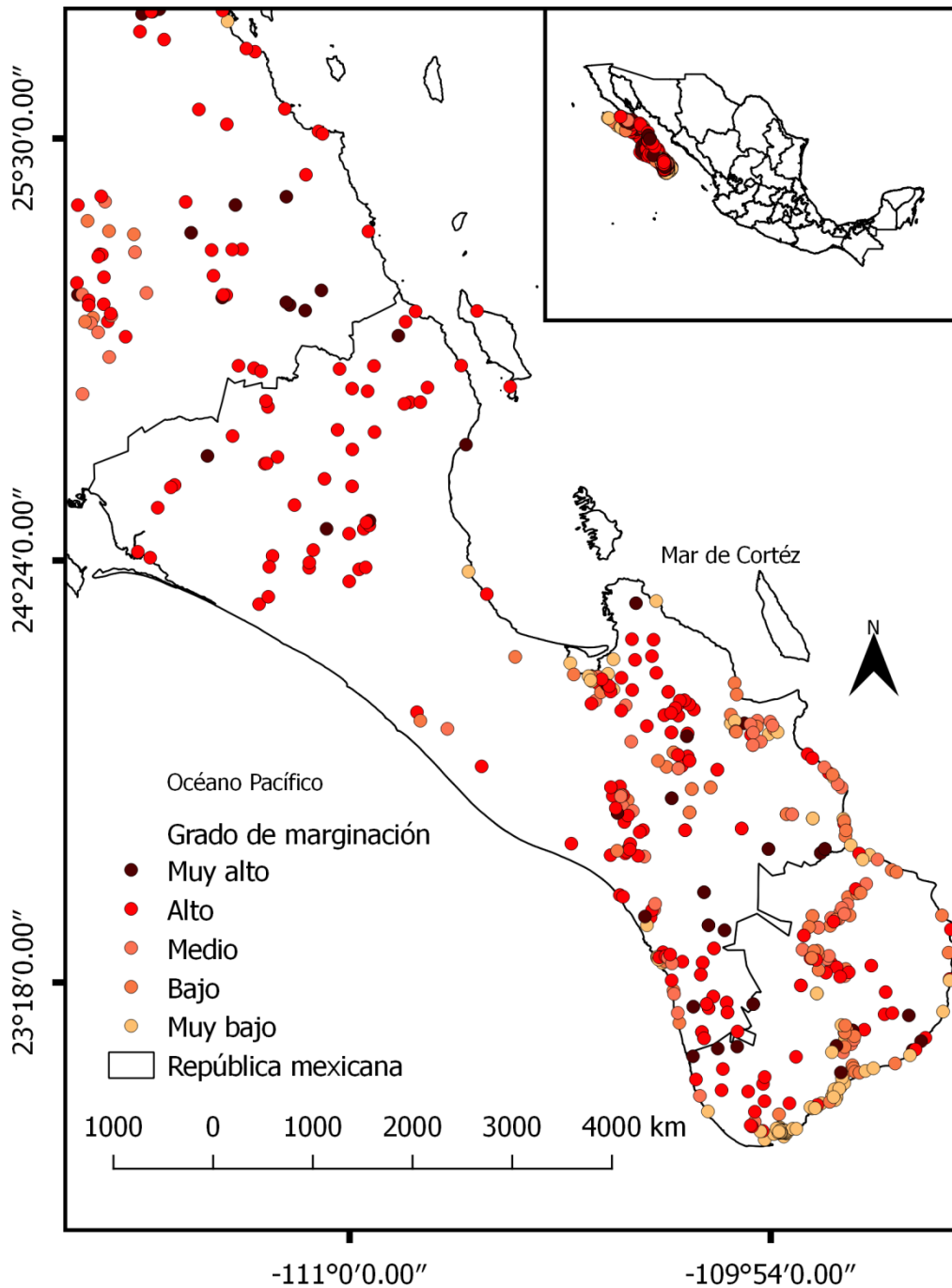


Figura 23. Grados de marginación a nivel localidad para Baja California Sur, 2010, Modificado de Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México. CONABIO, (2012).

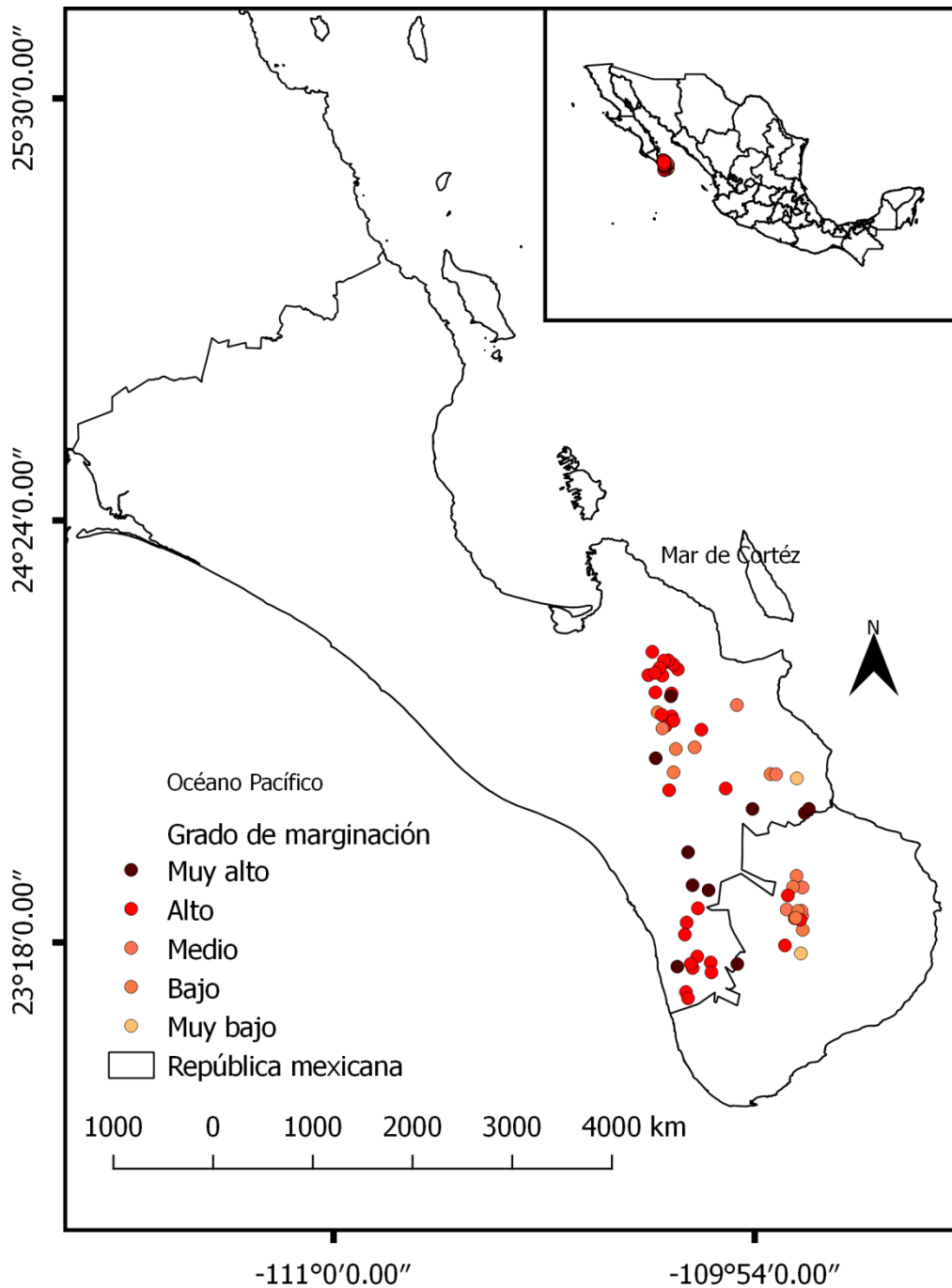


Figura 24. Grados de marginación a nivel localidad para el área de idoneidad ambiental de *Dipetalogaster maximus*.

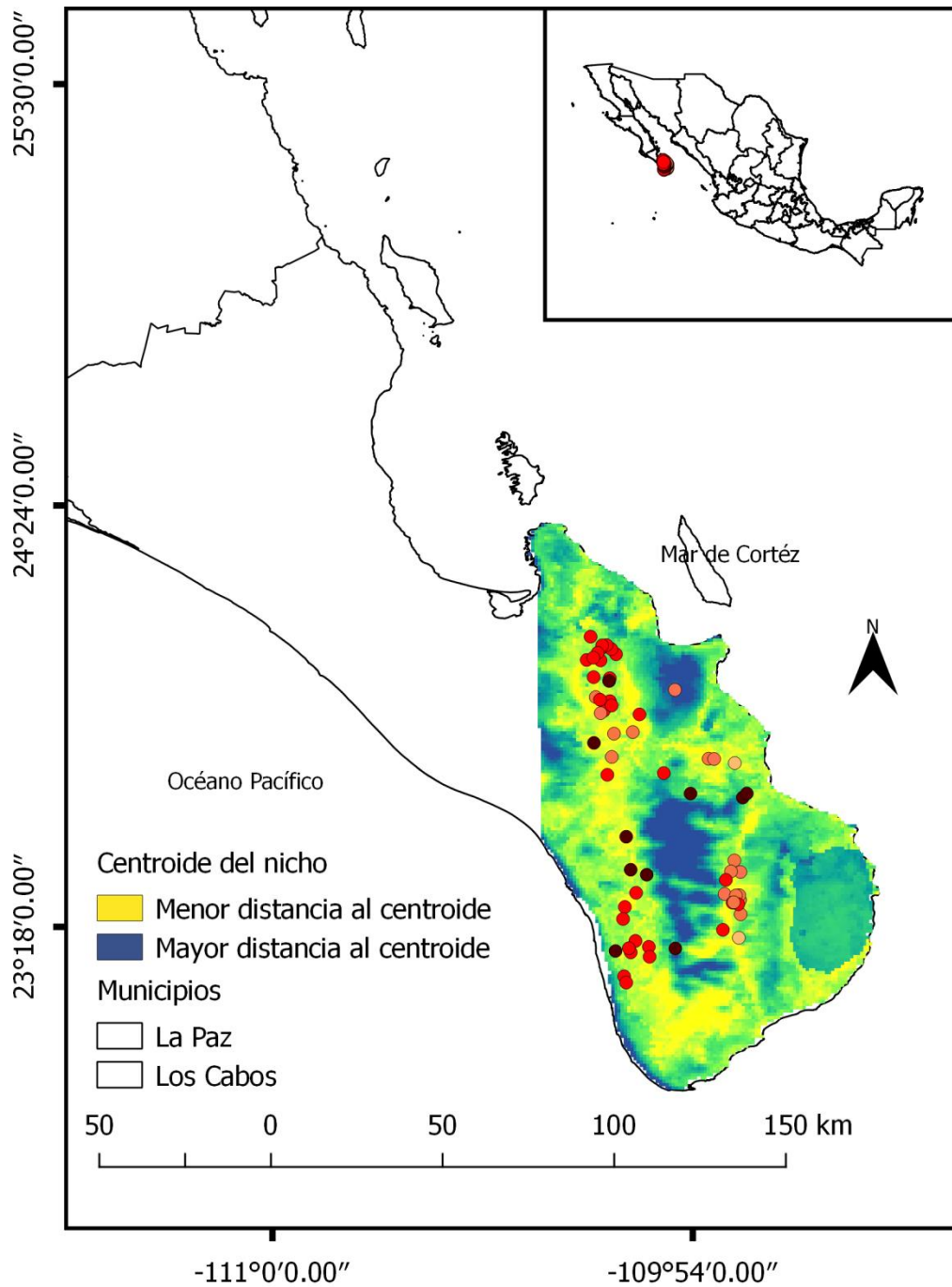


Figura 25. Representación gráfica del centroide del nicho ecológico para *Dipetalogaster maximus*.

12. DISCUSIÓN

12.1. Modelos de nicho ecológico

El nicho ecológico para las especies de triatominos se ha modelado previamente en varios estados de la república mexicana: Guanajuato, Puebla (Sandoval-Ruiz, Zumaquero-Rios & Rojas-Soto, 2008), Veracruz (Sandoval-Ruiz et al., 2012), Aguascalientes, Chiapas, Guerrero, Jalisco, Michoacán y Oaxaca (Benítez-Alva, 2012). Sin embargo la mayoría de estos trabajos no utilizaron conjuntos de datos de ocurrencia representativos (rango completo de distribución de las especies).

Específicamente para *T. barberi*, *T. dimidiata* y *T. gerstaeckeri* se utilizó a las divisiones políticas como área de estudio para elaborar el modelo de nicho ecológico (Sandoval-Ruiz., Zumaquero-Rios & Rojas-Soto, 2008; Sandoval-Ruiz et al., 2012) lo cual no representa el rango completo de distribución de estas especie. En cambio en este trabajo se utilizó todo el rango de distribución para *Triatoma rubida*, *T. protracta*, *Paratriatoma hirsuta* y *Dipetalogaster maximus* de manera que los modelos que se generaron en este trabajo son más representativos en comparación con los estudios mencionados anteriormente.

Por lo tanto los modelos elaborados en este estudio pueden ser utilizados por diferentes instituciones gubernamentales para el control y manejo efectivo de los vectores causantes de la enfermedad de Chagas en México, ya que reflejan las posibles distribuciones geográficas de las especies epidemiológicamente relevantes para el noroeste del país, principalmente para la península de Baja California. Lo cual consideramos de suma importancia pues los programas de enfermedades transmitidas por vectores en México actualmente se centran casi exclusivamente en el dengue (Ramsey et al., 2015).

Con respecto al método de elaboración de los modelos de nicho ecológico, la mayoría de los autores en sus manuscritos no explican la decisión de usar o no algún algoritmo en particular (de hecho suelen utilizar el de ejecución más sencilla), ni tampoco porque se utilizaron determinado conjunto de variables ambientales para calibrar los modelos (Wilson et al., 2012). Además para evaluar la utilidad de los mismos se basan únicamente en estadísticos como el área bajo la curva, el cual ha sido muy cuestionado por su incapacidad

de diferenciar entre buenas y malas predicciones (Peterson, 2014). Como consecuencia la evaluación y validación de sus resultados carece de significado biológico y estadístico.

Para este trabajo utilizamos Maxent para elaborar los modelos de nicho ecológico ya que los mapas derivados de este algoritmo son en forma de valores continuos, lo que es útil para el análisis cualitativo y facilita su interpretación (Merow, Smith, & Silander, 2013). Además las predicciones de Maxent se basan en probabilidades multivariadas con base al área de estudio, por lo que los valores continuos representan la similitud o idoneidad ambiental con respecto a los datos de ocurrencia, de manera que los resultados de este algoritmo se pueden utilizar como un índice de idoneidad ambiental (Escobar et al., 2017) en este caso para los vectores de la enfermedad de Chagas.

Así mismo el conjunto de variables ambientales que se utilizaron para este trabajo se eligieron con base a la historia natural de la especie, la correlación y contribución de cada una de estas al modelo, además de la opinión de cada uno de los integrantes de este trabajo. Sin embargo la decisión de emplear las variables provenientes de sensores remotos y no de estaciones meteorológicas a pesar de que estas últimas son las más utilizadas y las más fáciles de interpretar (Hijmans et al., 2005), fue debido a que la información proveniente de estaciones meteorológicas específicamente Worldclim ha mostrado no ser la adecuada para modelar nichos ecológicos.

Esto no quiere decir que la información de Worldclim se mala o que ya no sea funcional, solo hay que tener en cuenta que la información proveniente de este servidor son en su mayoría datos a partir de interpolaciones (obtención de nuevos puntos partiendo del conocimiento de un conjunto discreto de puntos) y se ha demostrado en estudios recientes que ciertas variables (BIO8, BIO9, BIO18, BIO19) aportan información redundante a los modelos de nicho ecológico (Escobar et al., 2014) y en comparación con los modelos elaborados a partir de sensores remotos tienen un menor desempeño (van Doninck et al., 2014).

Por otra parte el criterio de selección de los datos para la calibración y evaluación de los modelos en el cual nos basamos fue propuesto por Araújo et al en 2005 el cual sugiere utilizar el 70% de los datos para calibrar y el 30% para evaluar. Sin embargo la manera en la que se escogieron los datos para cubrir estas cantidades fue de manera aleatoria, ya que es la forma más apropiada para predecir la presencia de un organismo dentro del rango de su distribución conocida. En cambio si se quisiera anticipar la distribución de un organismo en otra región fuera de su rango de distribución conocida tendríamos que utilizar métodos de partición estructurados geográficamente y no de manera aleatoria.

Si bien la calibración y evaluación de los modelos de nicho ecológico es una parte crucial de proceso, los parámetros para evaluar el desempeño aún están en desarrollo y dada la naturaleza de este trabajo no nos enfocamos en explorar todos las diferentes algoritmos para modelar, ni tampoco todas estrategias de validación, por lo que sugerimos realizar estudios comparativos de los diferentes algoritmos disponibles para modelar así como probar diferentes estadísticos para verificar el desempeño de los modelos resultantes.

Finalmente en este estudio se aplicó la teoría y los métodos adecuados de ecología y sistemas de la información geográfica para mapear el posible riesgo de transmisión de la enfermedad de Chagas, ya que para esto se utilizaron los registros de presencia de los vectores de la enfermedad y no las densidades de ocurrencias para este padecimiento como comúnmente se hace en la mayoría de los trabajos para otras especies, debido a que en estudios recientes se ha demostrado que tal estimación puede no anticipar adecuadamente el riesgo en áreas desatendidas o por falta de vigilancia (Lash et al., 2012) o puede asumir un alto riesgo en áreas sobremuestreadas (Simarro et al., 2012).

Sin embargo es igualmente importante modelar el nicho ecológico del patógeno de la enfermedad ya que con este enfoque se pueden lograr predicciones más precisas y biológicamente realistas (Peterson, 2006), por lo que se obtendría como resultado aquellas áreas en donde el patógeno podría ser más abundante y genéticamente diverso en función de las condiciones ambientales adecuadas (Escobar et al., 2016).

12.2. Cálculo del centroide del nicho ecológico y la relación con el índice de marginación social

Los resultados generados en este estudio no concuerdan con el modelo propuesto por Maguire sobre la estructura interna del nicho, ya que se encontró una relación negativa entre la abundancia y la distancia al centroide del nicho ecológico para *Dipetalogaster maximus*. Muchos factores pueden estar implicados en este resultado, (Microclima, etología, interacciones bióticas, limitaciones de dispersión etc.) Sin embargo el bajo número de registros utilizados para realizar este análisis puede ser la causa principal por la que se obtuvieron estos resultados. Por lo que sugerimos aumentar el número de registros para que el análisis sea significativo.

Con respecto a las limitaciones de dispersión, sabemos que la diversidad de huéspedes es un factor importantes que influyen la distribución geográfica del vector así como en el riesgo de transmisión de la enfermedad (Oda, Solari, & Botto-Mahan, 2014). Si bien para algunas especies de triatomíneos la diversidad de huéspedes está muy bien documentada para el caso particular de *Dipetalogaster maximus* aún quedan muchas interrogantes acerca de la especificidad del huésped, solo se sabe que probablemente la principal fuente de infección para esta especie sea *Neotoma* sp, pero se desconoce la prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en sus poblaciones, por lo que se recomienda analizar a detalle esta interacción para complementar los resultados de este trabajo.

En lo referente al comportamiento estudios para otras especies de triatomíneos, han demostrado que los individuos en los primeros estadios de vida suelen permanecer en el nido o madriguera del hospedero mientras que los adultos se dispersan en busca de nuevos huéspedes (Guerenstein & Lazzari, 2009; Yong, Mubayi, & Kribs, 2015). Lo que apoya la hipótesis de que la irritabilidad del huésped juega un papel muy importante en la dispersión de los vectores, lo cual tiene implicaciones importantes en la ecología de la enfermedad, ya que si hay una cantidad tolerable de triatomíneos el huésped no se moverá y cada uno de los individuos vectores podrá alimentarse lo suficiente para sobrevivir, madurar y reproducirse; en caso contrario, los triatomíneos se dispersarán en busca de un nuevo hospedero y como

consecuencia dispersando la enfermedad a otros sitios (C. Schofield, 1982; C. J. Schofield, Williams, & Marshall, 1986).

Por otra parte no se encontró una relación significativa entre la distancia al centroide del nicho con respecto al índice de marginación social. Esta falta de relación es el resultado de diversos factores como las limitaciones de dispersión, las interacciones bióticas así como los patrones de distribución de las especies estudiadas. Sin embargo no se descarta que las condiciones insalubres bajo las cuales se desarrollan muchas poblaciones no estén asociadas a este padecimiento ya que el índice de marginación social con el que se elaboró este trabajo no cubre en su totalidad los factores asociadas a esta enfermedad.

Se han encontrado resultados similares en otros estudios para otros grupos biológicos, por ejemplo Yañes Arenas et al. 2014, no encontraron relaciones significativas entre la distancia al centroide del nicho y la incidencia de mordedura de serpiente, y sugieren que la reducción de poblaciones de serpientes en áreas pobladas humanas así como los cambios en la condición humana y de ocupación pueden ser la causa de que no exista una relación significativa entre estos dos factores.

Además encontraron correlación positiva entre la incidencia de mordedura de serpiente y la marginación de los municipios en su área de estudio lo que apoya la hipótesis de que los indicadores socioeconómicos de pobreza se correlacionan con la mortalidad inducida por mordedura de serpiente (Harrison et al., 2009). Este hallazgo puede deberse a la escala de análisis de su estudio, la densidad de las poblaciones humanas con la que fue elaborado el análisis, así como la abundancia de las serpientes.

En nuestro caso no podemos asumir que la modificación del hábitat sea la causa por la que no encontramos una relación con el índice de marginación social, pues sabemos que esta especie está adaptada a desarrollarse de manera doméstica con las poblaciones humanas, más bien la relación negativa que encontramos aquí es resultado del mismo índice de marginación utilizado para realizar el análisis, por lo que sugerimos revisar a detalle los elementos con los que fue construido este índice y de ser posible construir uno específico para esta enfermedad.

13. CONCLUSIONES Los modelos de nicho ecológico reflejan las posibles distribuciones geográficas de las especies epidemiológicamente relevantes para la península de Baja California y por lo tanto la información generada de los modelos de nicho ecológico por sí sola puede ser utilizada por instituciones gubernamentales para implementar campañas de prevención y control de vectores en zonas urbanas.

Se encontró una relación negativa entre la abundancia y distancia al centroide del nicho para *Dipetalogaster maximus* producto tal vez del bajo número de registros utilizados para realizar este análisis así como el microclima, las interacciones bióticas, las limitaciones de dispersión entre otros factores, y como consecuencia sugerimos realizar más muestreos en diferentes estaciones durante un periodo de tiempo significativo.

La relación entre el índice de marginación social y la distancia al centroide del nicho es baja, consecuencia de los elementos con los que este índice fue elaborado. Por lo que la construcción de un índice de vulnerabilidad social específico para esta especie podría tener una mejor capacidad para caracterizar las áreas de riesgo potencial a diferencia del índice de marginación social que se usó en este trabajo.,

Los resultados obtenidos en este estudio demuestran que el uso de los modelos de nicho ecológico en combinación con ciertas variables socioeconómicas son una herramienta útil para inferir áreas de riesgo potencial de la enfermedad de Chagas en la península de Baja California, siempre y cuando se tengan los suficientes datos para representar las abundancias de las especies y los indicadores adecuados para este padecimiento.

14. LITERATURA CITADA

- Anderson, R. P. (2013). A framework for using niche models to estimate impacts of climate change on species distributions. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1297(1), 8–28. <https://doi.org/10.1111/nyas.12264>
- Anderson, R. P. (2017). When and how should biotic interactions be considered in models of species niches and distributions? *Journal of Biogeography*, 44(1), 8–17. <https://doi.org/10.1111/jbi.12825>
- Araújo, M. B., Pearson, R. G., Thuiller, W., & Erhard, M. (2005). Validation of species-climate impact models under climate change. *Global Change Biology*, 11(9), 1504–1513. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2005.01000.x>
- Baldwin, R. A. (2009). Use of Maximum Entropy Modeling in Wildlife Research, 854–866. <https://doi.org/10.3390/e11040854>
- Barrett, M. P., Burchmore, R. J. S., Stich, A., Lazzari, J. O., Frasc, A. C., Cazzulo, J. J., & Krishna, S. (2003). The trypanosomiasis. *Lancet (London, England)*, 362(9394), 1469–80. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(03\)14694-6](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(03)14694-6)
- Beck, J., Böller, M., Erhardt, A., & Schwanghart, W. (2014). Spatial bias in the GBIF database and its effect on modeling species' geographic distributions. *Ecological Informatics*, 19, 10–15. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2013.11.002>
- Benítez-Alva. (2012). Distribution of triatomines (Heteroptera: Reduviidae) associated with human habitation and potential risk areas in six states of the Mexican Republic. *Biocyt*, 5(17), 327–340.
- Bern, C., Montgomery, S. P., Katz, L., Caglioti, S., & Stramer, S. L. (2008). Chagas disease and the US blood supply. *Current opinion in infectious diseases*, 21(5), 476–482. <https://doi.org/10.1097/QCO.0b013e32830ef5b6>
- Blonder, B., Lamanna, C., Violle, C., & Enquist, B. J. (2014). The n-dimensional hypervolume. *Global Ecology and Biogeography*, 23(5), 595–609.
- Chagas, C. (1909). Nova tripanozomiasis humana. Estudos s^obre a morfologia e o ciclo evolutivo de *Schizotrypanum cruzi* n. gen., n. sp. agente etiol^ogico de nova entidade morbida do homem. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 1(1), 159–218.
- Colwell, R. K., & Rangel, T. F. (2009). Hutchinson's duality: the once and future niche.

- Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(2), 19651–19658.
- Correia, N., Almeida, C. E., Lima-neiva, V., Gumiel, M., Dornak, L. L., Lima, M. M., ... Costa, J. (2013). Cross-mating experiments detect reproductive compatibility between *Triatoma sherlocki* and other members of the *Triatoma brasiliensis* species complex. *Acta Tropica*, 128(1), 161–167. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2013.06.019>
- Costa, J., Peterson, A. T., & Beard, C. B. E. N. (2002). Ecologic niche modeling and differentiation of populations of *Triatoma brasiliensis* neiva, 1911, the most important Chagas' disease vector in northeastern Brazil (hemiptera, reduviidae, triatominae). *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 67(5), 516–520.
- Coura, J. R., & Borges-Pereira, J. (2010). Chagas disease: 100 years after its discovery. A systemic review. *Acta Tropica*, 115(1–2), 5–13. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2010.03.008>
- Coura, J. R., & Dias, J. C. P. (2009). Epidemiology, control and surveillance of Chagas disease: 100 years after its discovery. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 104(i), 31–40. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000900006>
- Cruz-Reyes, A., & Pickering-López, J. M. (2006). Chagas disease in Mexico: An analysis of geographical distribution during the past 76 years - A review. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 101(4), 345–354. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762006000400001>
- Curtis-Robles, R., Wozniak, E. J., Auckland, L. D., & Hamer, G. L. (2015). Combining Public Health Education and Disease Ecology Research : Using Citizen Science to Assess Chagas Disease Entomological Risk in Texas. *PLoS neglected tropical diseases*, 9(12), 1–12. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004235>
- Dumonteil, E. (1999). Update on Chagas ' disease in Mexico. *Salud pública de México*, 41(4).
- Dumonteil, E., & Gourbière, S. (2004). Predicting *Triatoma dimidiata* abundance and infection rate: A risk map for natural transmission of Chagas disease in the Yucatán Peninsula of Mexico. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 70(5), 514–519.
- Elith, J., Phillips, S. J., Hastie, T., & Dudı, M. (2011). A statistical explanation of MaxEnt for, 43–57. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x>

- Escobar, L. E. (2016). Modelos de nicho ecológico en salud pública: cinco preguntas cruciales. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 33(4), 344–5. Recuperado a partir de <http://www.fondoeditorial.cmp.org.pe/revistas/index.php/AMP/article/viewFile/237/184>
- Escobar, L. E., & Craft, M. E. (2016). Advances and limitations of disease biogeography using ecological niche modeling. *Frontiers in Microbiology*, 7(AUG). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01174>
- Escobar, L. E., Kurath, G., Escobar-Dodero, J., Craft, M. E., & Phelps, N. B. D. (2017). Potential distribution of the viral haemorrhagic septicaemia virus in the Great Lakes region. *Journal of Fish Diseases*, 40(1), 11–28. <https://doi.org/10.1111/jfd.12490>
- Escobar, L. E., Lira-Noriega, A., Medina-Vogel, G., & Townsend Peterson, A. (2014). Potential for spread of the white-nose fungus (*Pseudogymnoascus destructans*) in the Americas: Use of Maxent and NicheA to assure strict model transference. *Geospatial Health*, 9(1), 221–229. <https://doi.org/10.4081/gh.2014.19>
- Escobar, L. E., & Peterson, A. T. (2013). Spatial epidemiology of bat-borne rabies in Colombia. *Pan American Journal of Public Health*, 34(2), 135–136.
- Escobar, L. E., Peterson, A. T., Escobar, L. E., Peterson, A. T., Pape, M., Favi, M., ... Restif, O. (2016). Ecological approaches in veterinary epidemiology: mapping the risk of bat-borne rabies using vegetation indices and night-time light satellite imagery. *Veterinary research*, 46(1), 92. <https://doi.org/10.1186/s13567-015-0235-7>
- Fofonoff, N. P., & Millard, R. C. (1983). Algorithms for computation of fundamental properties of seawater. *UNESCO Technical papers in marine science*, 44(9), 53. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2005.001000.x>
- Frieden, T. R. (2013). Government's role in protecting health and safety. *New England Journal of Medicine*, 363(1), 1–3. <https://doi.org/10.1056/NEJMp1002530>
- Gascon, J., Bern, C., & Pinazo, M.-J. (2010). Chagas disease in Spain, the United States and other non-endemic countries. *Acta Tropica*, 115(1), 22–27. JOUR. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.07.019>
- Goldsmith, R. S., Zárate, R. J., Zárate, L. G., Kagan, I., & Jacobson, L. B., Morales, G. (1979). Estudios epidemiológicos en Oaxaca. *Bol Of Sanit Panam*, 87.

- Gorla, D., & Noireau, F. (2010). Geographic Distribution of Triatominae Vectors in America. En *Trypanosomiasis Chagas Disease (Second Edition)* (pp. 197–221). <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384876-5.00009-5>
- Gorla, D. E. (2002). Variables ambientales registradas por sensores remotos como indicadores de la distribución geográfica de *Triatoma infestans* (Heteroptera: Reduviidae). *Ecología austral*, 12(2), 117–127.
- Gubler, D. J. (1998). Resurgent Vector-Borne Diseases as a Global Health Problem. *Emerging infectious diseases*, 4(3), 442–450.
- Gubler, D. J. (2009). Vector-borne diseases. *Revue scientifique et technique*, 28(2), 583–588.
- Guerenstein, P. G., & Lazzari, C. R. (2009). Acta Tropica Host-seeking: How triatomines acquire and make use of information to find blood, 110, 148–158. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2008.09.019>
- Guzmán Bracho, C., García García, L., Floriani Verdugo, J., Guerrero Martínez, S., Torres Cosme, M., Ramírez Melgar, C., & Velasco Castrejón, O. (1998). Riesgo de transmisión de *Trypanosoma cruzi* por transfusión de sangre en México. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 1(2), 94–99.
- Guzmán-Bracho, C. (2001). Epidemiology of Chagas disease in Mexico: an update. *TRENDS in Parasitology*, 17(8), 86–90.
- Harrison, R. A., Hargreaves, A., Wagstaff, S. C., Faragher, B., & Lalloo, D. G. (2009). Snake envenoming: A disease of poverty. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 3(12). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000569>
- Hashimoto, K., & Schofield, C. J. (2012). Elimination of *Rhodnius prolixus* in Central America. *Parasites & vectors*, 5(1), 1–10.
- Heath, P. T., Okike, I. O., & Oeser, C. (2011). Hot Topics in Infection and Immunity in Children VIII. *Infection and Immunity*, 719(May), 11–24. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-0204-6>
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., & Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25(15), 1965–1978. <https://doi.org/10.1002/joc.1276>
- Hirzel, A. H., & Lay, G. Le. (2008). Habitat suitability modelling and niche theory, 1372–

1381. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2008.01524.x>
- Hotez, P. J., Dumonteil, E., Woc-Colburn, L., Serpa, J. A., Bezek, S., Edwards, M. S., ... Bottazzi, M. E. (2012). Chagas disease: “The new HIV/AIDS of the Americas”. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 6(5), 4–7. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001498>
- Hunter, P. R. (2003). Climate change and waterborne and vector-borne disease, 37–46.
- Lash, R. R., Carroll, D. S., Hughes, C. M., Nakazawa, Y., Karem, K., Damon, I. K., & Peterson, A. T. (2012). Effects of georeferencing effort on mapping monkeypox case distributions and transmission risk. *International Journal of Health Geographics*, 11, 1–12. <https://doi.org/10.1186/1476-072X-11-23>
- Lent, H., & Wygodzinsky, P. (1979). Revision of the Triatominae (Hemiptera, Reduviidae), and their significance as vectors of Chagas’ disease, 163.
- Lobo, J. M., Jiménez-Valverde, A., & Hortal, J. (2010). The uncertain nature of absences and their importance in species distribution modelling. *Ecography*, 33(1), 103–114. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2009.06039.x>
- Lobo, J. M., Jiménez-Valverde, A., & Real, R. (2008). AUC : a misleading measure of the performance of predictive distribution models, 145–151. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00358.x>
- Maguire, B. (1973). Niche Response Structure and the Analytical Potentials of Its Relationship to the Habitat. *The American Naturalist*, 107(954), 213–246. <https://doi.org/10.1086/282827>
- Malone, J. B., Bergquist, N. R., Huh, O. K., Bavia, M. E., & Bernardi, M. (2001). A global network for the control of snail-borne disease using satellite surveillance and geographic information systems. *Acta Tropica*, 79(1), 7–12.
- Manne-Goehler, J., Ramsey, J. M., Salgado, M. O., Wirtz, V. J., & Reich, M. R. (2014). Short Report : Increasing Access to Treatment for Chagas Disease : The Case of Morelos , Mexico. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 91(6), 1125–1127. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.14-0357>
- Marsden, P. D., Cuba, C. C., Alvarenga, N. J., & Barreto, A. C. (1979). Report on a field collection of *Dipetalogaster maximus* (Hemiptera; Triatominae) (Uhler, 1894). *Revista do Instituto de Medicina Tropical de Sao Paulo*, 21(4), 202–206. JOUR.
- Martínez-Meyer, E., Díaz-Porras, D., Peterson, A. T., & Yáñez-Arenas, C. (2013).

- Ecological niche structure and rangewide abundance patterns of species. *Biology Letters*, 9(1). <https://doi.org/10.1098/rsbl.2012.0637>
- Mazzotti, L., & Dias, E. (1949). Resumen de los datos publicados sobre la enfermedad de Chagas en México. *Revista de la Sociedad Mexicana de Historia*, 10(1–4), 103–111.
- Merow, C., Smith, M. J., & Silander, J. A. (2013). A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: What it does, and why inputs and settings matter. *Ecography*, 36(10), 1058–1069. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2013.07872.x>
- Muñoz, J., Portús, M., Corachan, M., Fumadó, V., & Gascón, J. (2007). Congenital Trypanosoma cruzi infection in a non-endemic area. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 101(11), 1161–1162. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2007.06.011>
- Novelo-Garza BA, Benítez-Arvizu G, Peña-Benítez A, Galván-Cervantes J, M.-R. A. (2010). Detection of Trypanosoma cruzi in blood donors. *Rev Med Inst Mex Seguro Soc.*, 48(2), 139–44.
- Oda, E., Solari, A., & Botto-Mahan, C. (2014). Effects of mammal host diversity and density on the infection level of Trypanosoma cruzi in sylvatic kissing bugs. *Medical and Veterinary Entomology*, 28(4), 384–390. <https://doi.org/10.1111/mve.12064>
- Ostfeld, R. S., Glass, G. E., & Keesing, F. (2005). Spatial epidemiology : an emerging (or re-emerging) discipline, 20(6). <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.03.009>
- Ostfeld, R. S., & Keesing, F. (2000). The function of biodiversity in the ecology of vector-borne zoonotic diseases. *Canadian Journal of Zoology*, 78(12), 2061–2078.
- Pearson, R. G., & Dawson, T. P. (2003). Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: Are bioclimate envelope models useful? *Global Ecology and Biogeography*, 12(5), 361–371. <https://doi.org/10.1046/j.1466-822X.2003.00042.x>
- 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), 662–667. <https://doi.org/10.3201/eid0807.010454>
- Peterson, A. T. (2006). Ecologic Niche Modeling and Spatial Patterns of Disease Transmission. *Emerging Infectious Diseases*, 12(12), 1822–1826.
- Peterson, A. T. (2014a). Biogeography of diseases : A framework for analysis
Biogeography of diseases : a framework for analysis. *Naturwissenschaften*, 95(6),

- 483–491. <https://doi.org/10.1007/s00114-008-0352-5>
- Peterson, A. T. (2014b). Ecological niche modelling and understanding the geography of disease transmission. *Vet Ital*, *43*(3), 393–400.
- Peterson, A. T. (2014). *Mapping Disease Transmission Risk: Enriching Models Using Biology and Ecology*.
- Peterson, A. T., Martínez-Campos, C., Nakazawa, Y., & Martínez-Meyer, E. (2005). Time-specific ecological niche modeling predicts spatial dynamics of vector insects and human dengue cases. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, *99*(9), 647–655. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2005.02.004>
- Peterson, A. T., & Soberón, J. (2012). Species Distribution Modeling and Ecological Niche Modeling : Getting the Concepts Right, *10*(December), 102–107.
- Phillips, S. J., Anderson, R. P., & Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions, *190*, 231–259.
<https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>
- Piron, M., Vergés, M., Muñoz, J., Casamitjana, N., Sanz, S., Maymó, R. M., ... Sauleda, S. (2008). Seroprevalence of Trypanosoma cruzi infection in at-risk blood donors in Catalonia (Spain). *Transfusion*, *48*(9), 1862–1868. <https://doi.org/10.1111/j.1537-2995.2008.01789.x>
- Plissock, P. (2011). Modelación de la distribución de especies y ecosistemas en el tiempo y en el espacio : una revisión de las nuevas herramientas y enfoques disponibles 1, *79*, 61–79.
- Ramsey, J. M., Peterson, A. T., Carmona-Castro, O., Moo-Llanes, D. A., Nakazawa, Y., Butrick, M., ..., & Ibarra-Cerdeña, C. N. (2015). Atlas of Mexican Triatominae (Reduviidae: Hemiptera) and vector transmission of Chagas disease. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, *110*(3), 339–352. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140404>
- Ramsey, J. M., Schofield, C. J., Jm, R., Cj, S., Jm, R., & Cj, S. (2003). Control of Chagas disease vectors, *45*(2), 123–128.
- Rangel, T. F., & Loyola, R. D. (2012). Labeling Ecological Niche Models, *10*(December), 119–126.
- Rassi Jr, A., Rassi, A., & Marin-Neto, J. A. (2010). Chagas disease. *The Lancet*, *375*(9723), 1388–1402. JOUR. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(10\)60061-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(10)60061-X)

- Riera, C., Guarro, A., El Kassab, H., Jorba, J. M., Castro, M., Angrill, R., ... Portús, M. (2006). Congenital transmission of *Trypanosoma cruzi* in Europe (Spain): A case report. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 75(6), 1078–1081.
- Rogers, D. J., & Williams, B. G. (1993). Monitoring trypanosomiasis in space and time. *Parasitology*, 106(S1), S77–S92. <https://doi.org/10.1038/351739a0>
- Rogers, D. J., & Williams, B. G. (1993). Monitoring trypanosomiasis in space and time. *Parasitology*, 106(S1), 77–92.
- Rushton, G. (2003). Public health, GIS, and spatial analytic tools. *Annual review of public health*, 24(1), 43–56. <https://doi.org/10.1146/annurev.publhealth.24.012902.140843>
- Ryckman, R. E., & Ryckman, A. E. (1961). Baja California Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) and their Hosts (Rodentia: Cricetidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 54, 142–143. Recuperado a partir de <http://www.ingentaconnect.com/content/esa/aesa/1961/00000054/00000001/art00026>
- Samy, A. M., van de Sande, W. W. J., Fahal, A. H., & Peterson, A. T. (2014). Mapping the Potential Risk of Mycetoma Infection in Sudan and South Sudan Using Ecological Niche Modeling. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(10), e3250. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003250>
- Sandoval-Ruiz, C. A., Zumaquero-Rios, J. L., & Rojas-Soto, O. R. (2008). Predicting geographic and ecological distributions of triatomine species in the southern Mexican state of Puebla using ecological niche modeling. *Journal of medical entomology*, 45(3), 540–6. [https://doi.org/10.1603/0022-2585\(2008\)45\[540:PGAEDO\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0022-2585(2008)45[540:PGAEDO]2.0.CO;2)
- Sandoval-Ruiz, C. A., Cervantes-Peredo, Mendoza-Palmero, F. D., & Ibáñez-Bernal, S. (2012). The Triatominae (Hemiptera: Heteroptera: Reduviidae) of Veracruz, Mexico: geographic distribution, taxonomic redescriptions and a key. *Zootaxa*, (3487), 1–23.
- Schettino, P. S., de Haro Arteaga, I., & Berrueta, T. U. (1988). Chagas Disease in Mexico. *Parasitology Today*, 4(12), 348–352.
- Schmunis, G. A., Zicker, F., & Moncayo, A. (1996). Interruption of Chagas' disease transmission through vector elimination, 348, 1996.
- Schmunis, G. A., & Yadon, Z. E. (2010). Chagas disease: A Latin American health problem becoming a world health problem. *Acta Tropica*, 115(1–2), 14–21. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.11.003>

- Schofield, C. J., & Galvão, C. (2009). Classification , evolution , and species groups within the Triatominae. *Acta tropica*, *110*((2-3)), 88–100.
<https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.01.010>
- Schofield, C. J & Galvão, C. (2014). Classification , evolution , and species groups within the Triatominae . *Acta Trop* 110 : 88-100.
<https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.01.010>
- Schofield, C. (1982). The role of blood intake in density regulation of populations of *Triatoma infestans* (Klug)(Hemiptera: Reduviidae). *Bulletin of Entomological Research*, *72*(4), 617–629. Recuperado a partir de
http://journals.cambridge.org/abstract_S0007485300008646
- Schofield, C. J., Williams, N. G., & Marshall, T. F. (1986). Density-dependent perception of triatomine bug bites. *Annals of tropical medicine and parasitology*, *80*(3), 351–358.
<https://doi.org/10.1080/00034983.1986.11812028>
- Sharma, S. (1990). Vector-borne diseases. En *Progress in Drug Research/Fortschritte der Arzneimittelforschung/Progrès des recherches pharmaceutiques* (pp. 365–485).
- Silva, I. G. da. (1990). The influence of temperature on the biology of triatomines. XIII. *Dipetalogaster maximus* (Uhler, 1984) (Hemiptera, Reduviidae). *Anais da Sociedade Entomológica do Brasil*, *19*(1), 111–119. JOUR.
- Silveira, A. C., & Vinhaes, M. C. (1999). Elimination of Vector-borne Transmission of Chagas Disease, *94*, 405–411.
- Simarro, P. P., Cecchi, G., Franco, J. R., Paone, M., Diarra, A., Ruiz-Postigo, J. A., ... Jannin, J. G. (2012). Estimating and Mapping the Population at Risk of Sleeping Sickness. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, *6*(10).
<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001859>
- Soberon, J., & Peterson, A. T. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*, *2*, 1–10.
- Soberón, J. (2007). Grinnellian and Eltonian niches and geographic distributions of species. *Ecology letters*, *10*(12), 1115–1123.
- Soberon, J., & Nakamura, M. (2009). Niches and distributional areas: Concepts, methods, and assumptions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *106*(Supplement 2), 19644–19650.

- Swets, J. A. (2015). Measuring the Accuracy of Diagnostic Systems, *240*(4857), 1285–1293.
- Thomson, M. C., Connor, S. J., Alessandro, U. D., Rowlingson, B., Diggle, P., Cresswell, M., & Greenwood, B. (1999). Predicting malaria infection in Gambian children from satellite data and bed net use surveys: the importance of spatial correlation in the interpretation of results. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, *61*(1), 2–8.
- Tôrres, N. M., De Marco, P., Santos, T., Silveira, L., de Almeida Jácomo, A. T., & Diniz-Filho, J. A. F. (2012). Can species distribution modelling provide estimates of population densities? A case study with jaguars in the Neotropics. *Diversity and Distributions*, *18*(6), 615–627. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2012.00892.x>
- Ureta, C., Martínez-Meyer, E., González, E. J., & Álvarez-Buylla, E. R. (2016). Finding potential high-yield areas for Mexican maize under current and climate change conditions. *Journal of Agricultural Science*, *154*(5), 782–794. <https://doi.org/10.1017/S0021859615000842>
- van Doninck, J., De Baets, B., Peters, J., Hendrickx, G., Ducheyne, E., & Verhoest, N. E. C. (2014). Modelling the spatial distribution of *Culicoides imicola*: Climatic versus remote sensing data. *Remote Sensing*, *6*(7), 6604–6619. <https://doi.org/10.3390/rs6076604>
- WHO Expert Committee. (2002). Control of Chagas disease. *World Health Organization - Technical Report Series*, (905), 1–99. [https://doi.org/10.1016/S0065-308X\(05\)61004-4](https://doi.org/10.1016/S0065-308X(05)61004-4)
- Willis, K. J., & Whittaker, R. J. (2002). Species diversity - Scale matters. *Science*. <https://doi.org/10.1126/science.1067335>
- Wilson, G., Aruliah, D. A., Brown, C. T., Hong, N. P. C., Davis, M., Guy, R. T., ... Wilson, P. (2012). Best Practices for Scientific Computing. *Science*, *340*(May). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001745>
- World Health Organization. (2014). *Vector-borne diseases*.
- Yañez Arenas, C., Martínez Meyer, E., Mandujano, S., & Rojas Soto, O. (2012). Modelling geographic patterns of population density of the white-tailed deer in central Mexico by implementing ecological niche theory. *Oikos*, *121*(12), 2081–2089.

<https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2012.20350.x>

- Yañez-Arenas, C., Guevara, R., Martínez-Meyer, E., & Mandujano, S., & Lobo, J. M. (2014). Predicting species' abundances from occurrence data: effects of sample size and bias. *Ecological Modelling*, 294. <https://doi.org/10.1109/TDEI.2009.5211872>
- Yañez-Arenas, C., Peterson, A. T., Mokondoko, P., Rojas-Soto, O., & Martínez-Meyer, E. (2014). The use of ecological niche modeling to infer potential risk areas of snakebite in the Mexican State of Veracruz. *PLoS ONE*, 9(6).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0100957>
- Yong, K. E., Mubayi, A., & Kribs, C. M. (2015). Agent-based mathematical modeling as a tool for estimating *T. cruzi* vector-host contact rates, 1–21.
- Zárate, L. G., Zárate, R. J., Tempelis, C. H., & Goldsmith, R. S. (1980). The Biology and Behavior of *Triatoma Barberi* (Hemiptera: Reduviidae) in Mexico: I. Blood meal sources and infection with *Trypanosoma cruzi*. *Journal of medical entomology*, 17(2), 103–116.
- Zavala-Velázquez, J. E. (2003). La enfermedad de Chagas en el Estado de Yucatán, México. (1940-2002). *Medicina*, 14(498), 35–43.
- Zeledón, R. (1981). El *Triatoma dimidiata* (La treille, 1811): y su relación con la enfermedad de chagas.

Anexo 1. Ecorregiones de la península de Baja California propuesto por Ezcurra et al 2010.

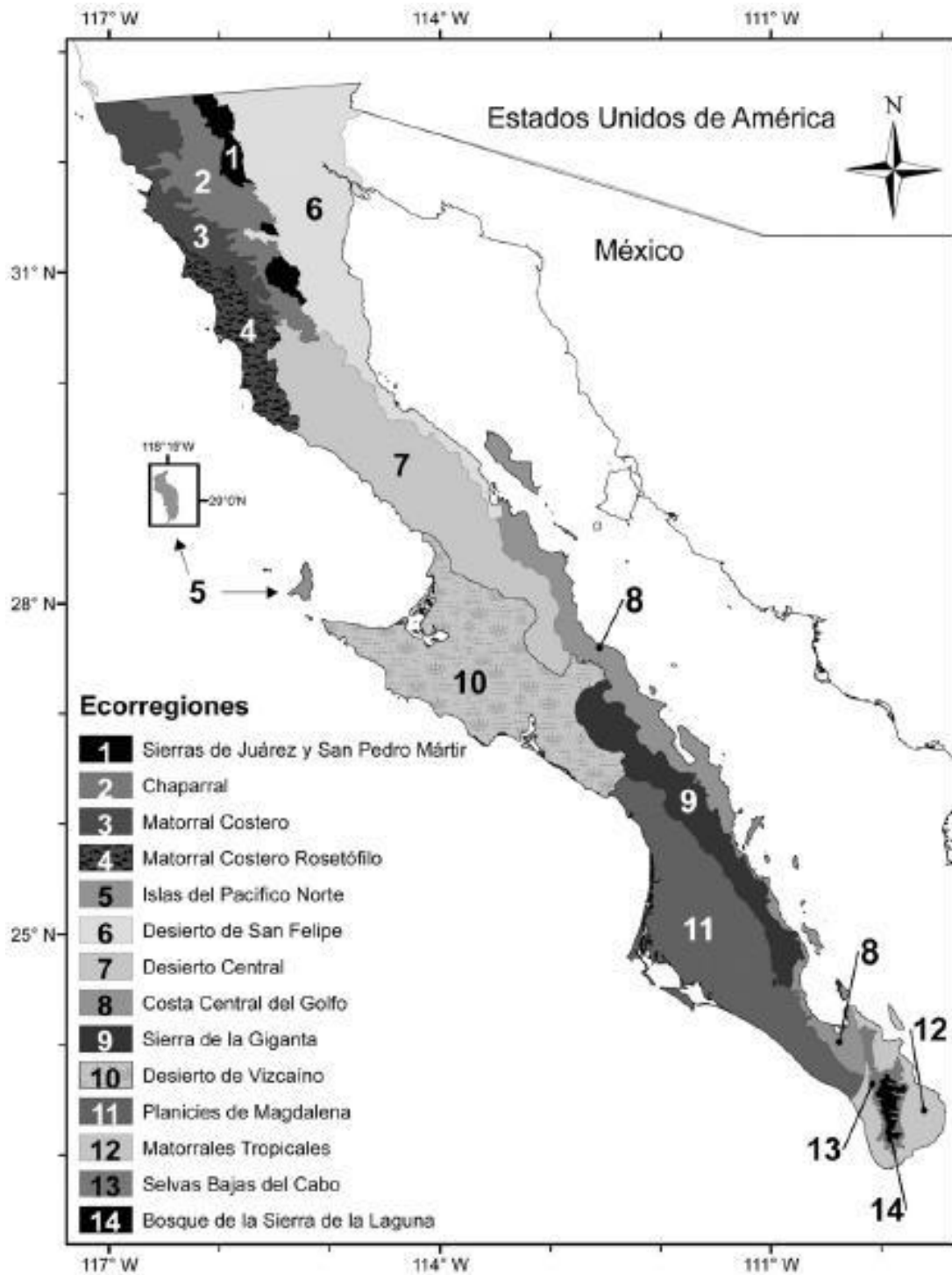


Figura 3. Propuesta sintética de ecorregiones de la península de Baja California.

Anexo 2. Tribus y géneros de Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) Tomado de (Schofield, C. J & Galvão, 2014).

Tribu	Género	Número de especies
Alberproseniini	<i>Alberprosenia</i>	2
Bolboderini	<i>Belminus</i>	8
	<i>Bolbodera</i>	1
	<i>Microtriatoma</i>	2
	<i>Parabelminus</i>	2
Cavernicolini	<i>Cavernicola</i>	2
Rhodniini	<i>Psammolestes</i>	3
	<i>Rhodnius</i>	16
Triatomini	<i>Dipetalogaster</i>	1
	<i>Eratyrus</i>	2
	<i>Hermanlenticia</i>	1
	<i>Panstrongylus</i>	13
	<i>Paratriatoma</i>	1
	<i>Triatoma</i>	80
Total		134

Anexo 3. Triatominos infectados (*) y no infectados con *T. cruzi* en los diferentes estados de la república mexicana.

Estados	Especies
Aguascalientes	<i>Triatoma phyllosoma</i> *; <i>T. longipennis</i> *
Baja California	<i>Paratriatoma hirsuta</i> ; <i>T. protracta</i> ; <i>T. rubida</i>
Baja California Sur	<i>Dipetalogaster maximus</i> ; <i>P. hirsuta</i> ; <i>T. peninsularis</i> *; <i>T. protracta</i> ; <i>T. rubida</i> *
Campeche	<i>Triatoma dimidiata</i> *
Chiapas	<i>Eratyrus cuspidatus</i> ; <i>Pastrongylus rufotuberculatus</i> ; <i>Rhodnius prolixus</i> *; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. longipennis</i>
Chihuahua	<i>T. gerstaeckeri</i> ; <i>T. indictiva</i> ; <i>T. longipennis</i> ; <i>T. protracta</i> ; <i>T. recurva</i> ; <i>T. rubida</i> ; <i>T. sanguisuga</i>
Coahuila	<i>T. gerstaeckeri</i> *; <i>T. protracta</i> *
Colima	<i>T. barberi</i> ; <i>T. bolivari</i> ; <i>T. brailovskyi</i> ; <i>T. longipennis</i> ; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. picturata</i>
Distrito Federal	<i>T. barberi</i> ; <i>T. pallidipennis</i>
Durango	<i>T. phyllosoma</i> ; <i>T. protracta</i> *
Estado de México	<i>T. incrassata</i> ; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. sanguisuga</i>
Guanajuato	<i>T. barberi</i> ; <i>T. dimidiata</i> ; <i>T. longipennis</i> ; <i>T. mexicana</i> *; <i>T. pallidipennis</i>
Guerrero	<i>T. barberi</i> *; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. mazzotti</i> *; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. phyllosoma</i> *; <i>T. recurva</i> *; <i>T. rubida</i>
Hidalgo	<i>T. barberi</i> *; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. gerstaeckeri</i> ; <i>T. mexicana</i> *
Jalisco	<i>T. barberi</i> *; <i>T. bolivari</i> ; <i>T. brailovskyi</i> ; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. longipennis</i> *; <i>T. mazzottii</i> *; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. phyllosoma</i> *; <i>T. picturata</i> *; <i>T. recurva</i>

Anexo 4 (Continuación). Triatominos infectados (*) y no infectados con *T. cruzi* en los diferentes estados de la república mexicana.

Estados	Especies
Michoacán	<i>T. barberi</i> *; <i>T. mazzottii</i> *; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. recurva</i> T,
Morelos	<i>T. barberi</i> *; <i>T. pallidipennis</i> *
Nayarit	<i>T. bolivari</i> ; <i>T. brailovskyi</i> ; <i>T. dimidiata</i> ; <i>T. longipennis</i> *; <i>T. mazzottii</i> *; <i>T. phyllosoma</i> *; <i>T. picturata</i> *; <i>T. recurva</i> ; <i>T. rubida</i> *
Nuevo León	<i>T. gerstaeckeri</i> *; <i>T. lecticularia</i> *; <i>T. neotomae</i> *; <i>T. protracta</i> *
Oaxaca	<i>R. prolixus</i> *; <i>T. barberi</i> *; <i>T. bolivari</i> ; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. gerstaeckeri</i> *; <i>T. longipennis</i> *; <i>T. mazzottii</i> *; <i>T. nitida</i> ; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. phyllosoma</i> *; <i>T. picturata</i> *
Puebla	<i>T. barberi</i> ; <i>T. bassolsae</i> *; <i>T. dimidiata</i> ; <i>T. pallidipennis</i> *
Queretaro	<i>T. barberi</i> *; <i>T. mexicana</i>
Quintana Roo	<i>T. dimidiata</i> *; <i>T. hegneri</i> *
San Luis Potosi	<i>T. dimidiata</i> *; <i>T. gerstaeckeri</i> ; <i>T. mexicana</i> ; <i>T. pallidipennis</i> *; <i>T. protracta</i>
Sinaloa	<i>T. indictiva</i> ; <i>T. longipennis</i> ; <i>T. phyllosoma</i> ; <i>T. protracta</i> *; <i>T. recurva</i> *; <i>T. rubida</i> *; <i>T. sanguisuga</i> ; <i>T. sinaloensis</i> *
Sonora	<i>P. hirsuta</i> ; <i>T. incrassata</i> ; <i>T. longipennis</i> *; <i>T. protracta</i> ; <i>T. recurva</i> *; <i>T. rubida</i> *; <i>T. sinaloensis</i> *
Tabasco	<i>T. dimidiata</i> *
Tamaulipas	<i>T. gerstaeckeri</i> *; <i>T. neotomae</i> ; <i>T. protracta</i> *
Tlaxcala	<i>T. barberi</i> *
Veracruz	<i>Belminus costaricensis</i> ; <i>E. cuspidatus</i> ; <i>P. rufotuberculatus</i> ; <i>T. barberi</i> ; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. gerstaeckeri</i> ; <i>T. pallidipennis</i>
Yucatan	<i>E. cuspidatus</i> ; <i>T. dimidiata</i> *; <i>T. longipennis</i> ; <i>T. nitida</i> * T.
Zacatecas	<i>T. longipennis</i> *; <i>T. pallidipennis</i> ; <i>T. phyllosoma</i> *; <i>T. protracta</i>

Apéndice 1. Variables climáticas utilizadas para realizar los modelos de nicho ecológico.

TDMMOD3 Mean value the 8-day MODIS day-time LST time series data

TDSMOD3 Standard deviation of the 8-day MODIS day-time LST time series data

TDLMOD3 Minimum value of the 8-day MODIS day-time LST time series data

TDHMOD3 Maximum value of the 8-day MODIS day-time LST time series data

TNMMOD3 Mean value the 8-day MODIS night-time LST time series data

TNSMOD3 Standard deviation of the 8-day MODIS night-time LST time series data

TNLMOD3 Minimum value of the 8-day MODIS night-time LST time series data

TNHMOD3 Maximum value of the 8-day MODIS night-time LST time series data

TX1MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Dec/Jan

TX2MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Feb/Mar

TX3MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Apr/May

TX4MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Jun/Jul

TX5MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Aug/Sep

TX6MOD3 Mean value of the 8-day MODIS day-time LST time series data for Oct/Nov

PX1WCL3 Long-term precipitation for period Nov/Dec/Jan based on WorldClim.org data

PX2WCL3 Long-term precipitation for period Feb/Mar/Apr based on WorldClim.org data

PX3WCL3 Long-term precipitation for period May/Jun/Jul based on WorldClim.org data

PX4WCL3 Long-term precipitation for period Aug/Sep/Oct based on WorldClim.org data

Apéndice 2. Comandos utilizados para descargar, depuración y eliminar los duplicados de la base de datos

```
# Importar presencias ejemplo Triatoma rubida base GBIF:
triatoma_rubida_GBIF <- occ_data(scientificName = "Triatoma rubida")
# Aplicar función para obtener la lista de columnas:
sapply(triatoma_rubida_GBIF, names)
# Convertir a data frame, eliminar filas sin datos e indizar las columnas de las coordenadas:
triatoma_rubida_coords <- as.data.frame(na.omit(triatoma_rubida_GBIF$data[
,
c("decimalLongitude", "decimalLatitude")]))
# Para ver las primeras filas de la base
head(triatoma_rubida_coords)
# Ver cuantas filas me quedaron
nrow(triatoma_rubida_coords)
# Mapear las presencias:
if (!require(maptools)) install.packages("maptools")
data(wrld_simpl) # cargar un mapa simple del mundo
# Graficarlo:
plot(wrld_simpl, fill=TRUE, col="gray", axes=TRUE)
# Agregar los puntos de presencia de la especie:
points(triatoma_rubida_coords, col = "red")
# Mapear solo el area que contiene nuestras presencias:
plot(wrld_simpl,fill=TRUE, col="gray",
      xlim = range(triatoma_rubida_coords[, "decimalLongitude"], na.rm = T),
      ylim = range(triatoma_rubida_coords[, "decimalLatitude"], na.rm = T)
, axes=TRUE)
points(triatoma_rubida_coords, col = "red", cex = 0.5)
title(expression(italic("Triatoma rubida")))
# Convertir los registros de lista a objeto espacial (puntos)
if (!require(sp)) install.packages("sp")
triatoma_protracta_junta <- SpatialPoints(triatoma_protracta_junta)
# Eliminar duplicados
triatoma_protracta_junta <- remove.duplicates(triatoma_protracta_junta)
# Convertir a data frame normal
triatoma_protracta_junta<- as.data.frame(triatoma_protracta_junta)
# Agregar la columna de la especie
triatoma_protracta_junta["Especie"]<-NA
triatoma_protracta_junta$Especie <- 'Triatoma protracta'
triatoma_protracta_junta <- triatoma_protracta_junta[c("Especie", "decimalLongitude",
"decimalLatitude")]
nrow(triatoma_protracta_junta)
# Escribir la base en el directorio que quiera guardarlo
setwd(choose.dir())
```

Apéndice 3. Comandos utilizados para la elaboración del área de estudio con base a las correcciones: hipótesis M

```
# Abrir los registros de presencia completos
triatoma_protracta_junta <- read.csv(file.choose())
# instalar el paquete 'rgdal'
if (!require(rgdal)) install.packages("rgdal")
# Cargar el shapefile de ecorregiones del mundo de la WWF
wwf <- readOGR("C:/Users/aarturoo/Documents/01 Escuela/Maestría en Manejo de
Ecosistemas de Zonas Áridas/Tesis Maestria/02 Documentos elaborados/05 Modelos de
nicho ecológico/Shapes", "wwf_terr_ecos")
plot(wwf, axes=TRUE)
# Indizar las columnas de las coordenadas
triatoma_protracta_junta <- triatoma_protracta_junta[c(2,3)]
# Convertir la matriz a puntos espaciales
triatoma_protracta_junta <- SpatialPoints(triatoma_protracta_junta)
# Aregra los puntos al mapa
points(triatoma_protracta_junta, col="red")
# Establecer e sistema de referencia
CRS.new<-CRS("+proj=longlat +datum=WGS84 +no_defs +ellps=WGS84
+towgs84=0,0,0") # este es el que tiene el shape de WWF
# Asignar ese sistema a los puntos
proj4string(triatoma_protracta_junta)<-CRS.new
# Hacer un subset de el shape de WWF con base en la intersección de los puntos de
presencia
wwf_subset <- wwf[triatoma_protracta_junta, ]
# Hacer mapa del recorte y los puntos
plot(wwf_subset, axes=TRUE)
points(triatoma_protracta_junta, col="red")
# Establcer directorio de trabajo
setwd(choose.dir())
# Guarda el shape de M
writeOGR(wwf_subset, ".", "hip_M", driver="ESRI Shapefile")
```

Apéndice 4. Comandos utilizados para el recorte de los archivos raster

```
if (!require(maptools)) install.packages("maptools")
CropRaster<-function(filelist=NA,ShapeFile=NA)
{
  if(is.na(filelist)){
    filelist = choose.files(caption="Select ASCII files to crop: ")
  }
  if(is.na(ShapeFile)){
    ShapeFile = file.choose("Select shape file: ")
  }
  ext1 = readline("Enter Suffix to output file name: ")
  Shp1 = readShapePoly(ShapeFile)
  for (i in 1:length(filelist))
  {
    r1 = raster(filelist[i])
    cr1 = crop(r1,Shp1)
    cr2 = mask(cr1,Shp1)
    ### For file with extension.
    FileName = paste(substr(filelist[i],1,nchar(filelist[i])-
4),ext1,substr(filelist[i],nchar(filelist[i])-3,nchar(filelist[i])),sep="")
    ### For files without extension
    writeRaster(cr2,FileName, "ascii")
    plot(cr2)
    print(i)
  }
}
```

Apéndice 5. Comandos utilizados para dividir la base de datos en calibración y validación

```
# busco la base de registros que quiero dividir  
occ <- read.csv(file.choose())  
# divido las observaciones en dos conjuntos con base en un valor que  
yo decida (valor es una proporción)  
samp <- sample(nrow(occ), round(0.7 * nrow(occ)))  
# genero la base de registros de calibración  
r_cali <- occ[samp,]  
# genero la base de registros de evaluación  
# ruta para guardar la base de calibración  
setwd(choose.dir())  
write.csv(r_cali, "80_t_rubida.csv", row.names=F)  
# ruta para guardar la base de evaluación  
setwd(choose.dir())  
write.csv(r_eval, "20_t_rubida.csv", row.names=F)
```

Apéndice 6. Comandos utilizados para la obtención de la Roc parcial

```
if (!require(devtools))install.packages("devtools")
if (!require(sqldf))install.packages("sqldf")
if (!require(raster))install.packages("raster")
if (!require(RSQLite))install.packages("RSQLite")
if (!require(maptools))install.packages("maptools")
if (!require(fields))install.packages("fields")
```

```
install_github("ENMGadgets", "narayanibarve")
```

```
require(devtools)
require(ENMGadgets)
```

```
setwd(choose.dir())
```

```
PartialROC()
```

Apéndice 7. Correlación de las variables ambientales para *Triatoma rubida*.

variables	PX1	PX2	PX3	PX4	TDH	TDL	TDM	TDS	TNH	TNL	TNM	TNS	TX1	TX2	TX3	TX4	TX5	TX6
PX1	1.00	0.90	0.18	0.12	-0.31	-0.31	-0.61	0.02	-0.37	-0.06	-0.31	-0.16	-0.40	-0.53	-0.39	-0.32	-0.36	-0.60
PX2	0.90	1.00	-0.07	-0.19	-0.14	-0.56	-0.54	0.31	-0.32	-0.36	-0.54	0.13	-0.64	-0.69	-0.38	-0.03	-0.08	-0.72
PX3	0.18	-0.07	1.00	0.91	-0.17	0.23	-0.28	-0.30	-0.27	0.35	0.20	-0.47	0.23	0.25	0.09	-0.56	-0.71	-0.07
PX4	0.12	-0.19	0.91	1.00	-0.31	0.46	-0.26	-0.52	-0.30	0.51	0.34	-0.59	0.43	0.31	-0.01	-0.68	-0.73	0.12
TDH	-0.31	-0.14	-0.17	-0.31	1.00	-0.35	0.74	0.77	0.51	-0.60	-0.28	0.73	-0.20	0.31	0.79	0.83	0.68	0.25
TDL	-0.31	-0.56	0.23	0.46	-0.35	1.00	0.22	-0.81	-0.19	0.79	0.59	-0.71	0.96	0.68	0.07	-0.48	-0.35	0.70
TDM	-0.61	-0.54	-0.28	-0.26	0.74	0.22	1.00	0.30	0.51	-0.13	0.13	0.38	0.37	0.71	0.82	0.69	0.67	0.73
TDS	0.02	0.31	-0.30	-0.52	0.77	-0.81	0.30	1.00	0.40	-0.83	-0.53	0.87	-0.73	-0.27	0.41	0.82	0.66	-0.33
TNH	-0.37	-0.32	-0.27	-0.30	0.51	-0.19	0.51	0.40	1.00	-0.10	0.41	0.56	-0.12	0.15	0.45	0.54	0.50	0.27
TNL	-0.06	-0.36	0.35	0.51	-0.60	0.79	-0.13	-0.83	-0.10	1.00	0.82	-0.83	0.74	0.38	-0.15	-0.67	-0.56	0.37
TNM	-0.31	-0.54	0.20	0.34	-0.28	0.59	0.13	-0.53	0.41	0.82	1.00	-0.45	0.59	0.43	0.10	-0.33	-0.26	0.46
TNS	-0.16	0.13	-0.47	-0.59	0.73	-0.71	0.38	0.87	0.56	-0.83	-0.45	1.00	-0.63	-0.24	0.32	0.84	0.77	-0.13
TX1	-0.40	-0.64	0.23	0.43	-0.20	0.96	0.37	-0.73	-0.12	0.74	0.59	-0.63	1.00	0.81	0.24	-0.37	-0.26	0.79
TX2	-0.53	-0.69	0.25	0.31	0.31	0.68	0.71	-0.27	0.15	0.38	0.43	-0.24	0.81	1.00	0.72	0.06	0.01	0.79
TX3	-0.39	-0.38	0.09	-0.01	0.79	0.07	0.82	0.41	0.45	-0.15	0.10	0.32	0.24	0.72	1.00	0.58	0.38	0.48
TX4	-0.32	-0.03	-0.56	-0.68	0.83	-0.48	0.69	0.82	0.54	-0.67	-0.33	0.84	-0.37	0.06	0.58	1.00	0.91	0.11
TX5	-0.36	-0.08	-0.71	-0.73	0.68	-0.35	0.67	0.66	0.50	-0.56	-0.26	0.77	-0.26	0.01	0.38	0.91	1.00	0.24
TX6	-0.60	-0.72	-0.07	0.12	0.25	0.70	0.73	-0.33	0.27	0.37	0.46	-0.13	0.79	0.79	0.48	0.11	0.24	1.00

Apéndice 8. Correlación de las variables bioclimáticas para *Triatoma protracta*.

Variab les	PX1	PX2	PX3	PX4	TDH	TDL	TDM	TDS	TNH	TNL	TNM	TNS	TX1	TX2	TX3	TX4	TX5	TX6
PX1	1.00	0.98	-0.22	-0.22	-0.75	-0.28	-0.76	-0.37	-0.62	-0.01	-0.40	-0.48	-0.36	-0.68	-0.81	-0.70	-0.58	-0.64
PX2	0.98	1.00	-0.23	-0.27	-0.73	-0.30	-0.73	-0.32	-0.62	-0.03	-0.41	-0.45	-0.37	-0.70	-0.81	-0.66	-0.52	-0.64
PX3	-0.22	-0.23	1.00	0.90	0.15	0.05	0.11	-0.08	0.27	-0.01	0.29	0.13	0.08	0.26	0.11	-0.07	-0.25	0.08
PX4	-0.22	-0.27	0.90	1.00	0.11	0.16	0.12	-0.19	0.30	0.12	0.38	0.05	0.19	0.31	0.13	-0.12	-0.28	0.18
TDH	-0.75	-0.73	0.15	0.11	1.00	0.15	0.85	0.67	0.70	-0.16	0.33	0.72	0.26	0.63	0.89	0.94	0.86	0.66
TDL	-0.28	-0.30	0.05	0.16	0.15	1.00	0.60	-0.58	0.44	0.84	0.80	-0.39	0.95	0.77	0.43	0.09	0.15	0.78
TDM	-0.76	-0.73	0.11	0.12	0.85	0.60	1.00	0.24	0.77	0.30	0.66	0.36	0.70	0.91	0.94	0.81	0.77	0.92
TDS	-0.37	-0.32	-0.08	-0.19	0.67	-0.58	0.24	1.00	0.22	-0.74	-0.35	0.86	-0.50	-0.10	0.39	0.72	0.65	-0.06
TNH	-0.62	-0.62	0.27	0.30	0.70	0.44	0.77	0.22	1.00	0.27	0.78	0.53	0.50	0.72	0.72	0.65	0.58	0.71
TNL	-0.01	-0.03	-0.01	0.12	-0.16	0.84	0.30	-0.74	0.27	1.00	0.75	-0.62	0.82	0.52	0.12	-0.20	-0.11	0.52
TNM	-0.40	-0.41	0.29	0.38	0.33	0.80	0.66	-0.35	0.78	0.75	1.00	-0.06	0.82	0.80	0.52	0.25	0.25	0.77
TNS	-0.48	-0.45	0.13	0.05	0.72	-0.39	0.36	0.86	0.53	-0.62	-0.06	1.00	-0.33	0.10	0.49	0.74	0.62	0.11
TX1	-0.36	-0.37	0.08	0.19	0.26	0.95	0.70	-0.50	0.50	0.82	0.82	-0.33	1.00	0.84	0.53	0.19	0.25	0.86
TX2	-0.68	-0.70	0.26	0.31	0.63	0.77	0.91	-0.10	0.72	0.52	0.80	0.10	0.84	1.00	0.85	0.54	0.47	0.92
TX3	-0.81	-0.81	0.11	0.13	0.89	0.43	0.94	0.39	0.72	0.12	0.52	0.49	0.53	0.85	1.00	0.86	0.76	0.81
TX4	-0.70	-0.66	-0.07	-0.12	0.94	0.09	0.81	0.72	0.65	-0.20	0.25	0.74	0.19	0.54	0.86	1.00	0.94	0.60
TX5	-0.58	-0.52	-0.25	-0.28	0.86	0.15	0.77	0.65	0.58	-0.11	0.25	0.62	0.25	0.47	0.76	0.94	1.00	0.61
TX6	-0.64	-0.64	0.08	0.18	0.66	0.78	0.92	-0.06	0.71	0.52	0.77	0.11	0.86	0.92	0.81	0.60	0.61	1.00

Apéndice 9. Correlación de las variables bioclimáticas para *Paratriatoma hirsuta*.

Variables	PX1	PX2	PX3	PX4	TDH	TDL	TDM	TDS	TNH	TNL	TNM	TNS	TX1	TX2	TX3	TX4	TX5	TX6
PX1	1.00	0.96	0.24	0.16	-0.77	-0.33	-0.75	-0.28	-0.30	-0.03	-0.18	-0.22	-0.46	-0.72	-0.80	-0.74	-0.59	-0.68
PX2	0.96	1.00	0.36	0.24	-0.77	-0.34	-0.74	-0.32	-0.24	-0.03	-0.10	-0.18	-0.45	-0.72	-0.84	-0.77	-0.60	-0.67
PX3	0.24	0.36	1.00	0.95	-0.28	-0.08	-0.23	-0.41	0.17	0.07	0.30	0.05	-0.06	-0.09	-0.35	-0.53	-0.62	-0.23
PX4	0.16	0.24	0.95	1.00	-0.17	-0.01	-0.14	-0.37	0.19	0.13	0.34	-0.01	0.00	0.02	-0.23	-0.44	-0.60	-0.14
TDH	-0.77	-0.77	-0.28	-0.17	1.00	0.43	0.89	0.43	0.47	0.17	0.31	0.26	0.56	0.79	0.92	0.93	0.81	0.80
TDL	-0.33	-0.34	-0.08	-0.01	0.43	1.00	0.73	-0.54	0.62	0.82	0.77	-0.40	0.93	0.75	0.59	0.37	0.39	0.81
TDM	-0.75	-0.74	-0.23	-0.14	0.89	0.73	1.00	0.04	0.64	0.48	0.58	0.04	0.84	0.95	0.94	0.84	0.76	0.96
TDS	-0.28	-0.32	-0.41	-0.37	0.43	-0.54	0.04	1.00	-0.24	-0.65	-0.54	0.61	-0.45	-0.13	0.24	0.52	0.46	-0.10
TNH	-0.30	-0.24	0.17	0.19	0.47	0.62	0.64	-0.24	1.00	0.62	0.89	0.23	0.65	0.65	0.52	0.40	0.37	0.64
TNL	-0.03	-0.03	0.07	0.13	0.17	0.82	0.48	-0.65	0.62	1.00	0.84	-0.57	0.79	0.54	0.31	0.07	0.12	0.62
TNM	-0.18	-0.10	0.30	0.34	0.31	0.77	0.58	-0.54	0.89	0.84	1.00	-0.14	0.77	0.64	0.40	0.18	0.19	0.64
TNS	-0.22	-0.18	0.05	-0.01	0.26	-0.40	0.04	0.61	0.23	-0.57	-0.14	1.00	-0.34	-0.02	0.15	0.33	0.24	-0.13
TX1	-0.46	-0.45	-0.06	0.00	0.56	0.93	0.84	-0.45	0.65	0.79	0.77	-0.34	1.00	0.89	0.71	0.47	0.47	0.91
TX2	-0.72	-0.72	-0.09	0.02	0.79	0.75	0.95	-0.13	0.65	0.54	0.64	-0.02	0.89	1.00	0.90	0.70	0.59	0.94
TX3	-0.80	-0.84	-0.35	-0.23	0.92	0.59	0.94	0.24	0.52	0.31	0.40	0.15	0.71	0.90	1.00	0.91	0.79	0.90
TX4	-0.74	-0.77	-0.53	-0.44	0.93	0.37	0.84	0.52	0.40	0.07	0.18	0.33	0.47	0.70	0.91	1.00	0.93	0.76
TX5	-0.59	-0.60	-0.62	-0.60	0.81	0.39	0.76	0.46	0.37	0.12	0.19	0.24	0.47	0.59	0.79	0.93	1.00	0.71
TX6	-0.68	-0.67	-0.23	-0.14	0.80	0.81	0.96	-0.10	0.64	0.62	0.64	-0.13	0.91	0.94	0.90	0.76	0.71	1.00

Apéndice 10. Correlación de las variables ambientales para *Dipetalogaster maximus*.

Variab les	PX1	PX2	TDH	TDM	TDS	TNH	TNL	TNM	TNS	TX1	TX2	TX3	TX4	TX5	TX6
PX1	1.00	0.48	0.24	-0.14	0.52	-0.58	-0.46	-0.34	-0.21	-0.23	-0.01	0.12	0.11	-0.22	-0.19
PX2	0.48	1.00	0.24	0.42	-0.03	-0.78	-0.55	-0.73	-0.14	0.54	0.52	0.23	0.10	0.40	0.49
TDH	0.24	0.24	1.00	0.76	0.58	-0.25	-0.40	-0.52	0.44	0.41	0.76	0.94	0.84	0.65	0.58
TDM	-0.14	0.42	0.76	1.00	0.06	-0.24	-0.38	-0.61	0.40	0.83	0.93	0.78	0.65	0.92	0.92
TDS	0.52	-0.03	0.58	0.06	1.00	-0.07	-0.31	-0.06	0.19	-0.35	0.09	0.54	0.55	-0.06	-0.17
TNH	-0.58	-0.78	-0.25	-0.24	-0.07	1.00	0.59	0.83	0.27	-0.36	-0.40	-0.20	-0.03	-0.19	-0.30
TNL	-0.46	-0.55	-0.40	-0.38	-0.31	0.59	1.00	0.68	-0.41	-0.21	-0.46	-0.38	-0.26	-0.37	-0.38
TNM	-0.34	-0.73	-0.52	-0.61	-0.06	0.83	0.68	1.00	-0.13	-0.61	-0.72	-0.48	-0.22	-0.56	-0.65
TNS	-0.21	-0.14	0.44	0.40	0.19	0.27	-0.41	-0.13	1.00	0.12	0.33	0.44	0.36	0.52	0.35
TX1	-0.23	0.54	0.41	0.83	-0.35	-0.36	-0.21	-0.61	0.12	1.00	0.84	0.44	0.28	0.84	0.94
TX2	-0.01	0.52	0.76	0.93	0.09	-0.40	-0.46	-0.72	0.33	0.84	1.00	0.79	0.62	0.87	0.91
TX3	0.12	0.23	0.94	0.78	0.54	-0.20	-0.38	-0.48	0.44	0.44	0.79	1.00	0.86	0.68	0.59
TX4	0.11	0.10	0.84	0.65	0.55	-0.03	-0.26	-0.22	0.36	0.28	0.62	0.86	1.00	0.55	0.42
TX5	-0.22	0.40	0.65	0.92	-0.06	-0.19	-0.37	-0.56	0.52	0.84	0.87	0.68	0.55	1.00	0.94
TX6	-0.19	0.49	0.58	0.92	-0.17	-0.30	-0.38	-0.65	0.35	0.94	0.91	0.59	0.42	0.94	1.00

Apéndice 11. Porcentaje de contribución relativa de las variables ambientales para cada una de las especies de triatominos modelados. Los datos en negrita representan los dos valores más altos por cada modelo.

Variable	<i>T. rubida</i>	<i>T. protractra</i>	<i>P. hirsuta</i>	<i>D. maximus</i>
PX1	0	3.8	0.6	22
PX2	0	1.8	0	13.9
PX3	4.3	22.6	2.2	0
PX4	0.2	0.9	0	0
TDH	0	2.3	11.6	3.4
TDL	29.7	2.3	13.3	0
TDM	0.7	0.4	0	0
TDS	4.2	3.3	14.5	1.6
TNH	5.7	0	0	6.6
TNL	0.2	29.5	52.7	2.7
TNM	31.7	0	0	0
TNS	2.2	20.3	4.3	0
TX1	10.2	0.1	0	35.7
TX2	0	8.7	0	0
TX3	0.7	0.3	0.3	4.6
TX4	1.7	0.1	0	3.3
TX5	1.6	3.5	0.5	1.4
TX6	7.6	0.1	0	4.8