



MODELO BIOGEOGRÁFICO DE LOS MOSQUITOS CULEX SPP. (DIPTERA: CULICIDAE) EN MÉXICO

María Torres-Olave¹
Hugo Rojas-Villalobos¹
Gina Zesati²
Luis Bravo-Peña¹
Luis Alatorre-Cejudo¹

(Manuscrito recibido el 20 de abril de 2015, en versión final 22 de junio de 2015)

Resumen

La distribución de culícidos y la presencia de las arbovirosis están determinadas por temperatura, lluvia, barreras geográficas, entre otros factores que son determinantes en la distribución de *Culex*spp. y pueden influir en la transmisión de arbovirus al humano. El objetivo de este trabajo fue identificar distribución espacial potencial de *Culex*spp. El modelaje de nicho ecológico se realizó con MaxEnt, las variables bioclimáticas (WorldClim) utilizadas para dicho proceso se derivan de los valores mensuales de temperatura y precipitación con el fin de generar variables biológicamente significativas (representan tendencias anuales y factores limitantes para la distribución de las especies). La cartografía resultante puede interpretarse como áreas de idoneidad relativa, estas zonas se presentan en la costa Este de México, principalmente en los estados de Veracruz y Tabasco. Los resultados reflejan que Bio 2 (Rango de temperatura media mensual), Bio 7 (Rango anual de temperatura) y Bio 11 (Temperatura media del trimestre más frío), determinan en mayor porcentaje el área de distribución. El modelado de distribución para el *Culex*spp. es un acercamiento para identificar las zonas más vulnerables en México. Es necesario fortalecer y establecer programas multidisciplinarios para la prevención de enfermedades transmitidas por *Culex*spp.

Palabras clave: SIG, algoritmo de máxima entropía, modelaje ecológico, distribución de mosquito genero *Culex*spp

¹ Carrera en Geoinformática. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez Unidad Multidisciplinaria de la UACJ en Cuahtémoc Carretera Cuahtémoc-Anáhuac Km 6.5, S/N Ejido Cuahtémoc Anáhuac. Municipio de Cuahtémoc, Chihuahua .CP 31600.

² Carrera en Enfermería. Universidad Autónoma de Ciudad Juárez Unidad Multidisciplinaria de la UACJ en Cuahtémoc Carretera Cuahtémoc-Anáhuac Km 6.5, S/N Ejido Cuahtémoc Anáhuac. Municipio de Cuahtémoc, Chihuahua .CP 31600. e-mail: elena.torres@uacj.mx

BIOGEOGRAPHICAL MODEL FOR CULEX SPP. MOSQUITOE (DIPTERA: CULICIDAE) IN MÉXICO

Abstract

The mosquitoes distribution and the presence of arboviruses are determined by temperature, rainfall, geographic barriers, and other factors that determine the distribution of *Culex* spp. and can influence the human arboviral. The objective of this study was to identify potential spatial distribution of *Culex* spp. The ecological niche modeling was performed using MaxEnt Ecological niche modeling was performed using MaxEnt, bioclimatic variables (WorldClim) used for this process are derived from the monthly values of temperature and precipitation to generate biologically significant variables (representing annual trends and limiting factors for the distribution of species. The resulting maps can be interpreted as relative suitability areas, these areas are presented on the east coast of Mexico, mainly in the states of Veracruz and Tabasco. The results show that Bio 2 (mean monthly temperature range), Bio 7 (annual range of temperature) and Bio 11 (mean temperature of the coldest quarter), determine the highest percentage range. Distribution modeling *Culex* spp. It is an approach to identify the most vulnerable areas in Mexico. It is necessary to strengthen and establish multidisciplinary programs for the prevention of *Culex* spp transmitted diseases.

Keywords: GIS, maximum entropy algorithm, ecological modeling, species distribution

Introducción

Los virus transmitidos por artrópodos o arbovirus (del inglés, arthropod borne) pertenecen a diversas familias y géneros taxonómicos a saber: Familia Flaviviridae (Género *Flavivirus*), Familia Togaviridae (Género *Alphavirus*), Familia Bunyaviridae (Géneros *Phlebovirus* y *Bunyavirus*), Familia Reoviridae (Género *Orbivirus*) y la Familia Rhabdoviridae (Melnick, 1979). Los arbovirus pueden ser observados en un ciclo natural completo, que corresponde a la transmisión por la picadura de un vector (artrópodos hematófagos, generalmente mosquitos) desde un reservorio natural hasta un huésped, donde se multiplicará, y de este al reservorio, para completar el ciclo (Grandes, 1982). Entre estos vectores que contienen a los arbovirus, los mosquitos culícidos (Orden: Diptera, Suborden: Nematocera, Infraorden: Culicomorpha, Superfamilia: Culicoidea Familia: Culicidae, Subfamilia: Culicinae, Género: *Culex*) (Grandes, 1982) ocupan un lugar preferente debido a su hematofagia obligada, máxima adaptabilidad a múltiples ambientes en diferentes latitudes y altitudes, y una gran variabilidad de hospedadores preferentes de los que alimentarse y en los que diseminan a los arbovirus (Bueno Maríy Jiménez Peydró, 2010). La Familia Culicidae se subdivide en tres subfamilias, Toxorhynchitinae,

Culicinae y Anophelinae, en la República Mexicana la lista actual para *Culex*spp. comprende 16 especies (Espinoza-Gómez y otros., 2013). Estos son vectores de patógenos que causan enfermedades en humanos y animales; Las aves y roedores están entre los principales reservorios de estos virus (Lobigs y otros., 2004; Solomon, 2004), siendo las encefalitis y las fiebres hemorrágicas las que ejercen mayor impacto en la salud y en la economía de país (Zárate Aquino y otros., 1999).

En México, este tipo de zoonosis está determinado por el acceso de las poblaciones a recursos que incluyen el estrato socioeconómico que determina, la calidad de la vivienda, la educación y el saneamiento, especialmente agua y alcantarillado, así como a las prácticas de higiene (Nash y otros., 2001). Debido a su preferencia alimenticia como oportunista, la resistencia a los insecticidas, su capacidad vectorial y a las altas densidades que puede llegar a alcanzar, *Culex*spp. es un factor de riesgo para las poblaciones urbanas. Sin embargo, el acceso a la información sobre estas zoonosis en lugares no endémicos es insuficiente, al no ser considerado como una situación de riesgo de salud entre la población, lo que conlleva a un sub registro de información y con ello la toma de decisiones en vigilancia médica se ve limitada en todo caso. Las encefalitis causadas por culicidos se han descrito en los individuos de todas las edades y sin distinción de sexo, niños y ancianos son más susceptibles y se asocia a problemas inmunitarios (Mora y Granados, 2007). Además, por los factores mencionados, este tipo de encefalitis puede presentar mayor severidad llevando a la muerte con una tasa de letalidad elevadas (Schmunis y Dias, 2000).

La distribución de culicidos y la presencia de las arbovirosis están determinadas por temperatura, lluvia, barreras geográficas, humedad, topografía, huéspedes, reservorios y agentes causales; estos son factores determinantes para la distribución de *Culex*spp., y pueden influir en la habilidad de los mosquitos para transmitir el arbovirus (Fernández y otros., 2013; Guhl y otros., 2007; Lira-Noriega y Peterson, 2014). El adquirir conocimiento de la ubicación espacial de dichos factores y la distribución de estos dípteros, puede ser de gran utilidad para detectar poblaciones vulnerables a enfermedades transmitidas por estos vectores.

Recientemente se han incluido los sistemas de información geográfica (SIG) en la epidemiología para vigilar y monitorear enfermedades transmitidas por vectores (Bottinelli y otros., 2002; Curto y otros., 2003; Molina, 2001); por ello el análisis geoespacial se ha convertido en una herramienta útil para el desarrollo de estrategias de intervención apropiadas. Una alternativa para identificar las variables biofísicas que permiten la presencia del grupo taxonómico es el algoritmo de Máxima Entropía conocido como MaxEnt, desarrollado por (Phillips y otros., 2004) el cual combina estadística y métodos bayesianos para estimar distribuciones de máxima entropía sujetas a restricciones dadas por la información ambiental (Phillips y otros., 2006).

La distribución geográfica de estos mosquitos es importante para el estudio de su historia natural, ecológica, genética y evolutiva, así como para obtener información necesaria para entender los diferentes factores biogeográficos e históricos de las diferentes enfermedades que transmiten.

El conocimiento de la distribución de mosquitos del género *Culex*spp. podría coadyuvar en la vigilancia de una potencial emergencia o reemergencia de enfermedades transmitidas por el vector, además de que contribuirá a expandir el panorama que se tiene de la distribución de este importante grupo de insectos en el país.

Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue identificar distribución espacial potencial de *Culex*spp.

Materiales y Métodos

Área de estudio

La República Mexicana se encuentra localizada entre las coordenadas 32° 43' y 14° 32' latitud Norte, y entre 86° 42' y 118° 43' longitud Oeste; limita al norte con los Estados Unidos de América, al sur con el océano Pacífico, al sureste con Guatemala y Belice, al oeste con el océano Pacífico y al este con el golfo de México y el mar Caribe (Figura 1). Tiene una extensión de 1,972,550 km² y comprende 5,075 islas. La división administrativa es de 31 estados y un Distrito Federal (INEGI, 2010).

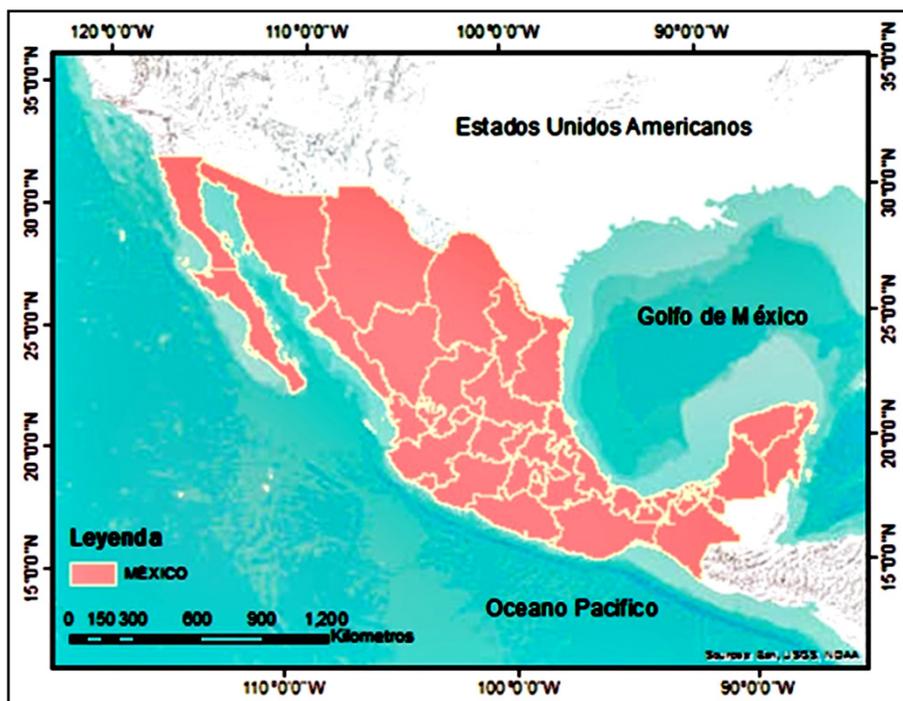


Figura 1. Localización del área de estudio

Bases de datos y procedimiento

Para la generación del área de distribución potencial de *Culex*spp. se utilizaron 77 registros de ocurrencia actuales ubicados a lo largo del territorio nacional en México; la base de datos fue obtenida del portal en línea Global BiodiversityInformationFacility, GBIF (<http://www.gbif.org/species/1497010>), se utilizó un conjunto de 22 variables biofísicas de las cuales 19 son climáticas y tres topográficas (Cuadro 1) obtenidas de Worldclim. Esta base de datos contiene datos climáticos que corresponden a capas climáticas globales con una resolución (homogenizada) de 1 Km obtenidos de la interpolación de los registros de estaciones (grids de 20 x 20 Km, formato ESRI) climáticas de 1950 al 2000 procedentes de diversas fuentes a nivel global, nacional, regional y local. Estas capas contienen las variables bioclimáticas, que se derivan de la temperatura mensual y los valores de precipitación con el fin de generar las variables más significativas biológicamente (representan tendencias anuales y factores limitantes para la distribución de las especies). (Hijmans y otros., 2005)

ID	VARIABLE AMBIENTAL
BIO 1	Temperatura media anual
BIO 2	Rango de temperatura media mensual
BIO 3	Isotermalidad (P2/P7) (*100)
BIO 4	Estacionalidad de la temperatura
BIO 5	Temperatura máxima del mes más cálido
BIO 6	Temperatura mínima del mes más frío
BIO 7	Rango anual de temperatura (P5-P6)
BIO 8	Temperatura media del trimestre más húmedo
BIO 9	Temperatura media del trimestre más cálido
BIO 10	Temperatura media del trimestre más seco
BIO 11	Temperatura media del trimestre más frío
BIO 12	Precipitación anual
BIO 13	Precipitación del mes más húmedo
BIO 14	Precipitación del mes más seco
BIO 15	Estacionalidad de la precipitación
BIO 16	Precipitación del trimestre más húmedo
BIO 17	Precipitación del trimestre más seco
BIO 18	Precipitación del trimestre más cálido
BIO 19	Precipitación del trimestre más frío
DEM	Modelo Digital de Elevación del Terreno
ASP	Dirección de la pendiente (Grados)
SLOPE	Tasa de cambio máximo de la altura
USOS	Usos de suelo y cubiertas vegetales

Cuadro 1. Variables bioclimáticas utilizadas para la realización de modelos potenciales de distribución (Hijmans y otros., 2005).

Distribución potencial

Se decidió el algoritmo de MaxEnt debido a que su aplicación en trabajos previos ha dado buenos resultados (Anderson y otros., 2006; Phillips y otros., 2006) inclusive con pocos datos (Bartel, 2008), lo cual resulta ser en este caso. Normalmente en MaxEnt los datos se dividen en dos conjuntos, uno para la generación del modelo y otro para su validación (Navarro y otros., 2007; Peterson y otros., 2006; Sánchez-Cordero y otros., 2005). Sin embargo, con pequeños tamaños de muestra este procedimiento no es aplicable ya que se pierde información importante dentro de los datos que se establecen como de validación (Pearson y otros., 2007). Para solucionar este problema, se generaron 20 réplicas por especie aplicando la técnica de replicación bootstrapping. De esta manera se realizan particiones aleatorias de los datos en cada replicación y cada modelo se valida con un porcentaje definido por el usuario (en este caso es del 50%). En el bootstrapping el muestreo es con reemplazo, lo que significa que los registros de presencia se pueden utilizar más de una vez en el conjunto de datos de validación para cada réplica (Phillips y Dudík, 2008).

En un primer paso fue necesario depurar la base de datos con registros de ocurrencia. Cada punto registra la información de su ubicación: latitud y longitud en grados decimales. La preparación de las variables ambientales consistió en establecer el tipo de formato ASCII (ya que MaxEnt solo reconoce este formato) y ajustar cada variable al área de estudio.

Para la modelación de nicho ecológico se utilizó MaxEnt 3.3.3k, desarrollado por (Phillips y otros., 2004) y se integraron los parámetros anteriores y variables climáticas para realizar 20 réplicas del modelado.

Las variables biofísicas en este caso son de tipo continuo. A fin de estimar cuales son las variables más importantes en el modelo, se realizó una prueba Jackknife. Se optó por la salida logística para obtener valores más fácilmente entendibles como probabilidad donde los valores fluctúan entre 0 y 1, 0 indica incompatibilidad o ausencia de la especie y 1 muestra idoneidad o probabilidad de que la especie este presente (Phillips y Dudík, 2008).

El proceso de evaluación se ejecutó bajo los parámetros establecidos por Phillips y colaboradores (Phillips y otros., 2006), este proceso se realizó a través de la curva Operativa Característica del Receptor (ROC por sus siglas en inglés) calculando el área bajo la curva AUC (AUC, por sus siglas en inglés) (Fielding y Bell, 1997), que se obtiene comparando la proporción de falsos y verdaderos positivos, es decir, desplegando en dos ejes X e Y, la proporción de falsos positivos (1-especificidad) y en el eje Y la proporción de positivos verdaderos (sensibilidad) (Phillips y otros., 2006). La precisión del modelo es mayor cuando la proporción de positivos verdaderos es mayor a la de positivos falsos, lo cual se expresa en una curva que mientras mayor sea su precisión, más se acercará a la esquina izquierda del gráfico, generando un área de curva mayor; el AUC con valor de 0.5 indica que el modelo no tiene poder predictivo, 1 significa una discriminación o un modelo perfecto, y los valores por debajo de 0.5 indican una relación mucho menor que la esperada al azar (Guisan y otros., 2006).

Posteriormente de las 20 réplicas generadas, se seleccionaron las tres cartografías resultantes de MaxEnt con mayor porcentaje de área bajo la curva para incorporarlos en el software ArcGis en su versión 10.2 de ESRI. Mediante álgebra de mapas, se calculó el promedio de dicha selección para obtener un mapa consenso y así definir las áreas potencialmente idóneas de la especie. Después, se realizó una reclasificación de los valores en función del umbral establecido por MaxEnt: 10 percentil (que indica la probabilidad de que el 10% de los puntos de presencia pueden caer fuera del área de predicción del área de distribución potencial) (Pearson y otros., 2007). Aquellas probabilidades por debajo de 0.251 son transformadas a 0 y se interpreta como ausencia de los mosquitos, las mayores al umbral son transformadas a 1 y representan presencia de la especie.

Toda la información finalmente fue expresada en un SIG donde los valores de probabilidad obtenidos se deben interpretar como idoneidad relativa.

Resultados y discusión

Los modelos fueron altamente predictivos de la distribución de *Culex*spp. sobre la base de subconjuntos aleatorios. Los resultados del AUC y el porcentaje de contribución más alto al modelo de tres variables por replica (Cuadro 2) muestran la importancia sostenida de las variables: rango de temperatura media mensual (bio_2), tasa de cambio máximo de la altura (slope_mex), precipitación anual (bio_12), rango anual de temperatura (bio_7), temperatura media del trimestre más frío (bio_11) y precipitación del trimestre más húmedo (bio_16); lo que indica que la habilidad del modelo para clasificar las presencias fue buena y se pueden considerar aceptables y más precisos que un modelo obtenido al azar. Esto concuerda con lo reportado por (Fielding y Bell, 1997; Lobo y otros., 2008).

En cuanto a la cartografía resultante, se obtuvo mediante las réplicas (3, 17 y 18) con AUC mayor a 0.95 (Cuadro 2).

Replica	AUC	Variable	Porcentaje de contribución de la variable al modelo
3	0,9653	bio_2	44,7
		slope_mex	8,1
		bio_12	7,7
17	0,9583	bio_2	34,9
		bio_7	13,8
		slope_mex	8,7
18	0,9637	bio_2	27,6
		bio_11	23,2
		bio_16	23,4

Cuadro 2. Resultados de AUC y porcentajes más altos de contribución al modelo de tres variables por replica.

La cartografía resultante del modelado en MaxEnt (Figura 2) puede interpretarse como áreas de idoneidad relativa que va de moderada a alta, principalmente, en los estados de Veracruz y Tabasco, por lo que el *Culex*spp., tiene mayor probabilidad de existir en esos lugares debido a la disposición de las condiciones ambientales. Aun así, el mosquito común puede ocurrir en toda la altiplanicie mexicana central, abarcando algunos estados del norte del país y selvas bajas del sur. Por lo que, la información producida durante este estudio es oportuna y relevante ya que puede ayudar, al sector salud, en la planificación de estrategias de control de vectores y previsualizar áreas de riesgo desconocidas, así como para identificar sitios de mayor prioridad para prevención de enfermedades transmitidas por culicidos.

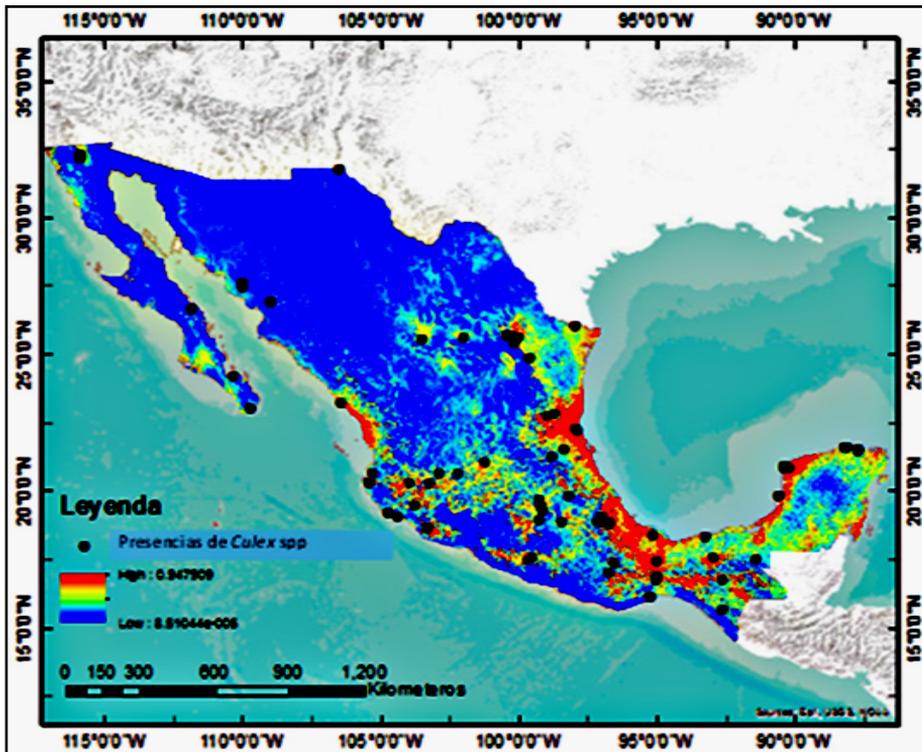


Figura 2. Los lugares con más idoneidad de nicho del género *Culex*spp, se colorea de rojo y anaranjado

En el mapa de ausencia-presencia se define mejor la distribución potencial de *Culex*spp. (Figura 3). Como se muestra en la cartografía, la probabilidad de ocurrencia está casi restringida a la costa del Golfo de México; esto comprende el 36% del territorio nacional.

Los resultados indican que hacia el noroeste no existen envolventes biofísicos que permitan el desarrollo de la especie, sin embargo, se ha reportado su presencia (Mora y Granados, 2007) en climas áridos cercanos a los ríos, por lo que la presencia de la especie en localidades como Ciudad Juárez, Chihuahua, cerca del río Bravo es común a pesar de que las condiciones ambientales no favorecen la presencia de los mosquitos.

Lo anteriormente mencionado evidencia la capacidad de adaptación a diferentes ambientes por parte del mosquito y, por otro lado, el subregistro de presencias de los vectores en un ambiente más amplio, ya que se han hecho estudios de tipo epidemiológico espacial que confirman la presencia de este díptero, al menos en Ciudad Juárez.

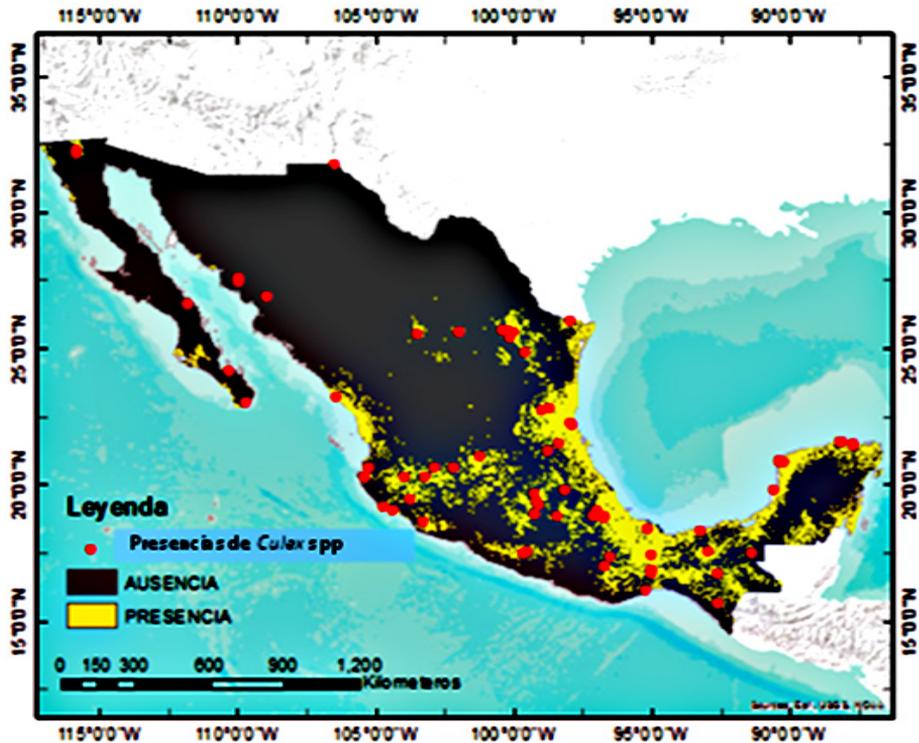


Figura 3. Mapa de distribución de mosquitos del género *Culex*spp.

Dentro de los estadísticos de prueba que arroja MaxEnt se encuentra la prueba de Navaja (Jackknife), que expresa el valor de AUC resultante al ejecutar el modelo, omitiendo cada envolvente ambiental y el resultado al utilizar esa misma variable (Figura 4); estas contribuciones, deben entenderse como las variables que influyen en mayor medida a llegar a una buena separación entre las zonas idóneas e inadecuadas lo que concuerda con lo reportado por Peterson y otros. (1999).

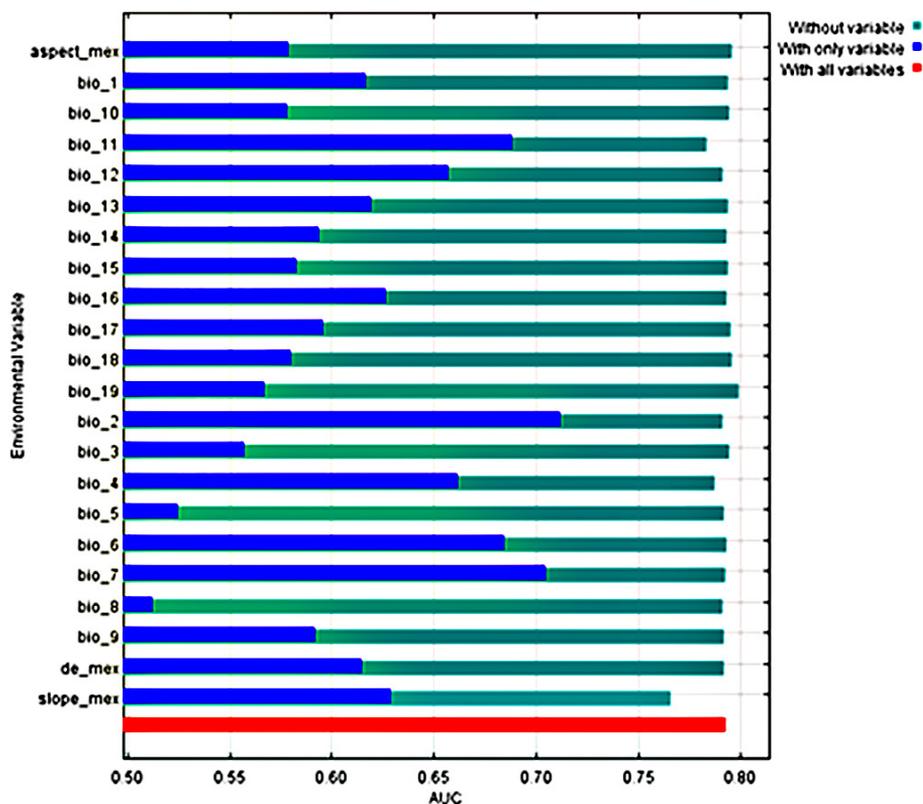


Figura 4. Se muestra la ganancia que genera cada variable en tres diferentes escenarios; corriendo el modelo con una sola variable (azul), con todas las variables menos una (verde) y con todas las variables (rojo). Esto refleja cuanto información útil contiene cada variable. Eje X: Ganancia, Eje Y: Variable. Barras verdes: Sin la variable, Barras azules: Solo con la variable, Barras rojas: Todas las variables.

Los resultados reflejan que Bio 2 (rango de temperatura media mensual), Bio 7 (rango anual de temperatura) y Bio 11 (Temperatura media del trimestre más frío) (Figuras 5, 6 y 7) son las más importantes, es decir, determinan en mayor porcentaje el área de distribución, que coincide con lo reportado por Marquetti-Fernandez, (Marquetti Fernandez, 2008), donde indica que ciertas temperaturas limitan el crecimiento de larvas en algunos culícidos, y es un factor fundamental en la distribución de la especie, pues influye en la supervivencia del adulto. Aunado a esto otros autores (Quintero y Navarro, 2009) mencionan que tanto la distribución geográfica como la amplitud de nicho de los criaderos que ocupan las larvas y pupas de culícidos pueden estar determinados por una variabilidad genética poblacional y sus cambios en pequeñas escalas temporales y grandes escalas espaciales producto

de factores ecológicos intrínsecos a la localidad donde se encuentran (Del Ventura, 2008; Hudson y otros., 1992; Navarro y otros., 2007).

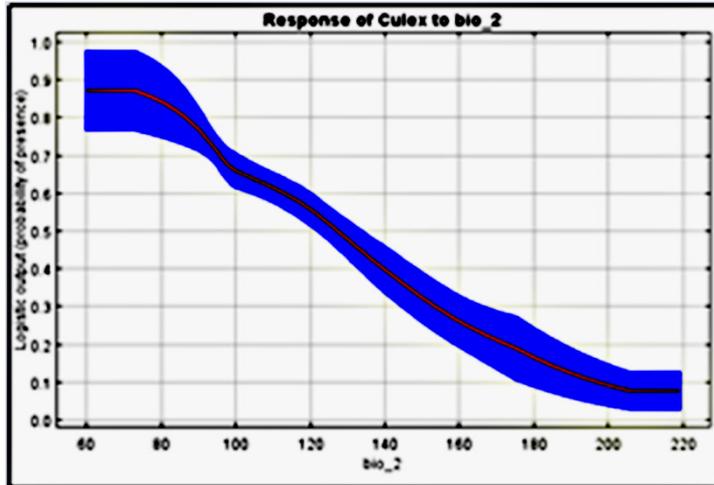


Figura 5. Contribución marginal del rango de temperatura media mensual al modelo (obviando el resto de variables). Esta curva muestra como la probabilidad de ocurrencia (eje Y) se comporta con respecto al rango de temperatura media mensual (eje X).

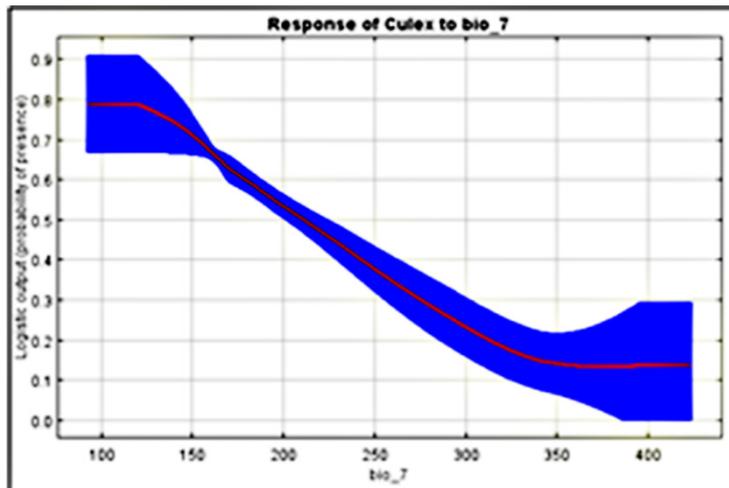


Figura 6. Contribución marginal del rango de anual de temperatura al modelo (obviando el resto de variables). Esta curva muestra como la probabilidad de ocurrencia (eje Y) se comporta con respecto al rango de anual de temperatura (eje X).

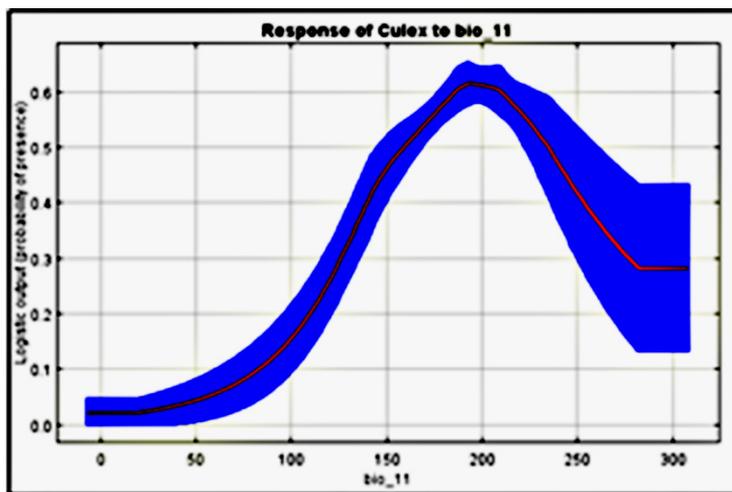


Figura 7. Contribución marginal de la temperatura media del trimestre más frío al modelo (obviando el resto de variables). Esta curva muestra como la probabilidad de ocurrencia (eje Y).

MaxEnt ha demostrado ser una herramienta robusta para modelar sólo con datos de presencia, haciendo predicciones incluso con escasos números de presencia, mejorando el desempeño de numerosas técnicas tradicionales. Actualmente el modelado con MaxEnt se extiende a numerosos grupos taxonómicos, distintas áreas geográficas y diversos objetivos específicos. Cuando el número de observaciones es escaso (Ortega-Huerta y Peterson, 2008; Peterson y otros., 2006; Wisz y otros., 2008), como ocurre para este estudio, las representaciones geográficas generadas mediante esta técnica debe considerarse hipótesis provisional cuya fiabilidad sólo podrá evaluarse a medida que se obtengan nuevas ocurrencias en campo y en los registros de salud.

Conclusiones

De las 22 variables ambientales, tres predicen el modelo de distribución potencial del género *Culex*spp. (rango de temperatura media mensual rango de anual de temperatura la temperatura media del trimestre más frío).

Mediante la modelación de nicho ecológico con máxima entropía se generó la cartografía de distribución espacial potencial para dípteros *Culex*spp., así como la identificación de las variables ambientales que influyen en la existencia de este género de mosquitos en México, y se establecieron los rangos de idoneidad para las variables más importantes que determinan la ocurrencia de estos agentes de distribución de enfermedades. Estas herramientas deben tomarse en cuenta y trascender la investigación básica y pasar a formar parte de los programas de gobierno encargados del control de enfermedades de transmisión vectorial.

El conocimiento de los procesos biogeográficos de mosquitos vectores, es un insumo de gran importancia para el desarrollo, planificación y optimización de acciones de prevención y control para estas especies y para los patógenos que transmiten.

El modelado de ocurrencia potencial para el género *Culex*spp. es un acercamiento para identificar las zonas vulnerables en el país.

La generación del modelo tiene como limitante que el resultado es de estimación de la idoneidad, es decir, existe la probabilidad de que en las zonas aptas para la existencia del mosquito no se presente ningún registro y, por el contrario, los casos donde no existe presencia del mosquito, pueden existir ocurrencias por cambios climáticos globales entre otros factores no considerados en el proceso de modelación.

Los resultados de AUC son excelentes, por lo que las probabilidades de que el modelo se acerque a la realidad son muy altas.

Se debe dar mayor atención a las variables que resultaron más importantes para la generación del modelo, pues estas son indicadores de la presencia del mosquito, y esto permite elaborar estrategias de control y saneamiento para evitar epidemias en el país, los resultados permiten identificar específicamente a que rango de temperatura se presenta el mosquito, por lo que las medidas de mitigación pueden ser puntuales y aumentar la efectividad de los resultados en beneficio de la población.

Es indispensable mencionar que existen variables como las rutas de aves que son reservorios de mosquitos ya que algunas especies de aves son huéspedes naturales y se consideran como huéspedes amplificantes del virus que es mantenido en la naturaleza en un ciclo de transmisión de mosquito–ave–mosquito que involucra a algunas especies del género del mosquito *Culex*spp. que de incluirse en el modelo mejorará sustancialmente el conocimiento de áreas potenciales para la distribución de los culícidos así como vías de comunicación. Además cabe mencionar que las bases de datos generadas en la modelación se pueden actualizar con información como las variaciones temporales, sitios endémicos, resistencia a insecticidas, etc.

Se sugiere que este tipo de investigaciones sean consideradas como información base que nutrirá el sistema de vigilancia epidemiológica en el país, con énfasis en los estados de la república, donde el mapa de idoneidad tenga los valores más altos o bien donde se presentan subregistros de presencia de estos vectores.

Bibliografía

- ANDERSON, R., DUDÍK, M., FERRIER, S., GUISAN, A., J HIJMANS, R., HUETTMANN, F., R LEATHWICK, J., LEHMANN, A., LI, J. y G LOHMANN, L. (2006). *Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data*. *Ecography*, 29(2), 129-151.
- BARTEL, R. A. (2008). Effects of disturbance on habitat dynamics of a rare species. Ph.D. thesis, North Carolina State University. <http://search.proquest.com/docview/304541270?accountid=151132>.
- BOTTINELLI, O. R., MARDER, G., ULÓN, S. N., RAMÍREZ, L. y SARIO, H. R. (2002). *Estratificación de áreas de riesgo-dengue en la ciudad de Corrientes mediante el uso de los (SIG) Sistemas de Información Geográfico*. UNNE. Corrientes.. <http://www.unne.edu.ar/cyt/2002/04-Veterinarias/V-062.pdf>.
- BUENO MARÍ, R. y JIMÉNEZ PEYDRÓ, R. (2010). Situación actual en España y eco-epidemiología de las arbovirosis transmitidas por mosquitos culicidos (Diptera: Culicidae). *Revista Española de Salud Pública*, 84(3). 255-269. Ministerio de Sanidad, Servicios sociales e Igualdad, Madrid.
- CURTO, S. I., CARBAJO, A. E. y BOFFI, R. (2003). Aplicación de Sistemas de Información Geográfica en Epidemiología: caso de estudio: malaria en la Argentina (1902–2000). *GAEA, Sociedad Argentina de Estudios Geográficos*, 1(10), 239-248. Buenos Aires.
- DEL VENTURA, F. (2008). *Patrones de distribución, análisis geoespacial y determinación de áreas de endemismo de los mosquitos (Diptera: Culicidae) de Venezuela*. Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela <http://saber.ucv.ve/jspui/handle/123456789/9018>.
- ESPIÑOZA-GÓMEZ, F., IGNACIO ARREDONDO-JIMÉNEZ, J., MALDONADO-RODRÍGUEZ, A., PÉREZ-RENTERÍA, C., NEWTON-SÁNCHEZ, Ó. A., CHÁVEZ-FLORES, E. y GÓMEZ-IBARRA, E. (2013). Distribución geográfica de mosquitos adultos (Diptera: Culicidae) en áreas selváticas de Colima, México. *Revista mexicana de Biodiversidad*, 84(2), 685-689. México
- FERNÁNDEZ, M. D. C. M., SAINT JEAN, Y., CALLABA, C. A. F., BROCHE, R. G. y LEYVA, M. (2013). Contribución al conocimiento de la distribución y aspectos biológicos de algunas especies de mosquitos en Haití. In *Anales de biología*. 55-63. Facultad de Biología. <http://dx.doi.org/10.6018/analesbio.0.35.9>.
- FIELDING, A. H. y BELL, J. F. (1997). A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental Conservation* 24(01), 38-49
- GRANDES, A. E. (1982). *Taxonomía y biología de los mosquitos del área salamantina (Diptera, Culicidae)*. CSIC-CSIC Press. Universidad de Salamanca, España, 437pp.
- GUHL, F., AGUILERA, G., PINTO, N. y VERGARA, D. (2007). Actualización de la distribución geográfica y ecoepidemiología de la fauna de triatominos (Reduviidae: Triatominae) en Colombia. *Biomédica*, 27, 143-162.

- GUISAN, A., BROENNIMANN, O., ENGLER, R., VUST, M., YOCCOZ, N. G., LEHMANN, A. y ZIMMERMANN, N. E. (2006). Using niche-based models to improve the sampling of rare species. *Conservation Biology*, 20(2), 501-511.
- HIJMANS, R. J., CAMERON, S. E., PARRA, J. L., JONES, P. G. y JARVIS, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25(15), 1965-1978.
- HUDSON, R. R., BOOS, D. D. y KAPLAN, N. L. (1992). A statistical test for detecting geographic subdivision. *Molecular Biology and Evolution*, 9(1), 138-151.
- INEGI. (2010). Territorio, Población y economía de México, vol. 2014. <http://www.inegi.org.mx/>. Consultado: 10/01/2015
- LIRA-NORIEGA, A. y PETERSON, A. T. (2014). Range-wide ecological niche comparisons of parasite, hosts and dispersers in a vector-borne plant parasite system. *Journal of Biogeography*, 41(9), 1664-1673.
- LOBIGS, M., MULLBACHER, A. y LEE, E. (2004). Evidence that a mechanism for efficient flavivirus budding upregulates MHC class I. *Immunology and Cell Biology*, 82(2), 184-188.
- LOBO, J. M., JIMÉNEZ-VALVERDE, A. y REAL, R. (2008). AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. *Global Ecology and Biogeography*, 17(2), 145-151.
- MARQUETTI FERNÁNDEZ, M.C. (2008) Aspectos bioecológicos de importancia para el control de *Aedes aegypti* y otros culicidos en el ecosistema urbano. La Habana: Ed. Universitaria; 2008. <http://tesis.repo.b.sld.cu/49/1/9789591607546.pdf>
- MELNICK, J. L. (1979). Taxonomía de los virus, 19751. *Boletín de la Oficina Sanitaria Panamericana*, 86(1), 40-45.
- MOLINA, I. (2001). Los sistemas de información geográfica en epidemiología. *Revista salud pública y nutrición*, 2(2), 30pp
- MORA, C. y GRANADOS, O. (2007). Distribución geoespacial del mosquito *Culex quinquefasciatus* (diptera: culicidae) principal vector del Virus del oeste del Nilo, en la zona urbana de ciudad Juárez, Chihuahua, México. *RESPYN* 8 (2). 1-13
- NASH, D., MOSTASHARI, F., FINE, A., MILLER, J., O'LEARY, D., MURRAY, K., HUANG, A., ROSENBERG, A., GREENBERG, A., SHERMAN, M., WONG, S., CAMPBELL, G. L., ROEHRIG, J. T., GUBLER, D. J., SHIEH, W.-J., ZAKI, S., SMITH, P. y LAYTON, M. (2001). The Outbreak of West Nile Virus Infection in the New York City Area in 1999.. *New England Journal of Medicine*, 344(24), 1807-1814.
- NAVARRO, J.C., LIRIA, J., PINANGO, H. y BARRERA, R. (2007). Biogeographic area relationships in Venezuela: A Parsimony analysis of Culicidae-Phytotelmata distribution in National Parks. *ZOOTAXA* 1547(1547):1-19.
- ORTEGA-HUERTA, M. A. y PETERSON, A. T. (2008). Modeling ecological niches and predicting geographic distributions: a test of six presence-only methods. *Revista mexicana de Biodiversidad*, 79(1), 205-216. I
- PEARSON, R. G., RAXWORTHY, C. J., NAKAMURA, M. y TOWNSEND PETERSON, A. (2007). ORIGINAL ARTICLE: Predicting species distributions

- from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography*, 34(1), 102-117.
- PETERSON, A. T., SANCHEZ-CORDERO, V., MARTÍNEZ-MEYER, E. y NAVARRO-SIGÜENZA, A. G. (2006). Tracking population extirpations via melding ecological niche modeling with land-cover information. *Ecological modelling*, 195(3), 229-236.
- PHILLIPS, S. J., ANDERSON, R. P. y SCHAPIRE, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190(3-4), 231-259.
- PHILLIPS, S. J. y DUDÍK, M. (2008). Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*, 31(2), 161-175.
- PHILLIPS, S. J., DUDÍK, M. y SCHAPIRE, R. E. (2004). A maximum entropy approach to species distribution modeling. In Proceedings of the 21 Int. Conference on Machine learning, pp. 83. ACM. [doi.10.1145/1015330.1015412](https://doi.org/10.1145/1015330.1015412).
- QUINTERO, L. y NAVARRO, J.-C. (2009). Filogenia intraespecífica y variabilidad genética de *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) con los genes mitocondriales ND5 y COI [Intraspecific phylogeny and genetic variability of *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) with ND5 and COI mitochondrial genes]. *Bol Mal Salud Amb*, 52.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V., ILLOLDI-RANGEL, P., LINAJE, M., SARKAR, S. y PETERSON, A. T. (2005). Deforestation and extant distributions of Mexican endemic mammals. *Biological Conservation*, 126(4), 465-473.
- SCHMUNIS, G. A. y DIAS, J. C. P. (2000). La reforma del sector salud, descentralización, prevención y control de enfermedades transmitidas por vectores. Health system, decentralization, and control of vector-borne diseases. *Cad. Saúde Pública*, 16(Sup 2), 117-123.
- SOLOMON, T. (2004). Flavivirus Encephalitis. *New England Journal of Medicine*, 351(4), 370-378.
- WISZ, M. S., HIJMANS, R. J., LI, J., PETERSON, A. T., GRAHAM, C. H., GUIBAN, A. y GROUP, N. P. S. D. W. (2008). Effects of sample size on the performance of species distribution models. *Diversity and Distributions*, 14(5), 763-773.
- ZÁRATE AQUINO, M. L., MORILLA GONZÁLEZ, A., BATALLA CAMPERO, D., HERNÁNDEZ, J. B., CAUHEPE, M., DONOSO, J., RIEGER, E., VILLAMIZAR, C., WHITE, K. y KISS, A. G. (1999). *Encefalitis equinas por arbovirus*. IICA, México, DF (México). Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, México, DF (México). 337pp.