

Hacia un Modelo del Nicho Ecológico del Zancudo del Dengue en Costa Rica

César Garita, Armando Arce

Instituto Tecnológico de Costa Rica, Escuela de Ingeniería en Computación,
Cartago, Costa Rica, apartado postal 159-7050

cesar@itcr.ac.cr, arce@ic-itcr.ac.cr

Erick Hernández

Instituto Tecnológico de Costa Rica, Escuela de Biología,
Cartago, Costa Rica, apartado postal 159-7050

ehernandez@itcr.ac.cr

Abstract

This on-going work aims at the analysis and prediction of the geographic distribution of the dengue mosquito (*Aedes aegypti*) in Costa Rica in order to better support monitoring and control actions for this species. This work focuses on the study of ecological niches of the mosquito using specific observations according to temporal and spatial variables. Required ecological niche modeling and distribution prediction tasks are carried out using the GARP (Genetic Algorithm for Rule-set Prediction) algorithm, which performs evolutive search on a rule space that represents different dimensions of the ecological niche. This project is being developed in the context of the UNESCO Chair of Biodiversity Informatics hosted by ITCR (Costa Rican Institute of Technology) and INBio (National Biodiversity Institute).

Keywords: ecological niche modelling, dengue mosquito, GARP, prediction of geographical distribution.

Resumen

Este trabajo preliminar pretende analizar y predecir la distribución geográfica del zancudo vector del dengue (*Aedes aegypti*) en Costa Rica con el fin de apoyar labores de monitoreo y control de esta especie. Esta iniciativa se orienta hacia el estudio de nichos ecológicos de la especie en cuestión utilizando observaciones “específicas” en cuanto a aspectos temporales y espaciales. El modelaje de los nichos ecológicos y la predicción de la distribución del zancudo se llevan a cabo utilizando el método GARP (Algoritmo Genético para Predicción de Conjuntos de Reglas), el cual realiza una búsqueda evolutiva sobre un espacio de reglas que representan dimensiones del nicho ecológico. Este proyecto se desarrolla en el contexto de la Cátedra UNESCO de Informática para Biodiversidad que es albergada por el ITCR en conjunto con el Instituto Nacional de Biodiversidad – INBio.

Palabras clave: modelaje de nichos ecológicos, zancudo del dengue, GARP, predicción de distribución geográfica.

1 Introducción

En las últimas décadas, métodos matemáticos basados mayormente en dimensiones climáticas a gran escala han sido utilizados para estimar la extensión geográfica del nicho fundamental de una especie o subconjuntos del mismo [1]. En ciertos casos, la estimación del nicho fundamental se hace a menudo como un paso intermedio hacia la estimación de la distribución geográfica de una especie [2]. Existe una amplia gama de técnicas de modelaje que producen una estimación en ese sentido. Algunos métodos utilizados para predicción de distribución de especies incluyen: BIOCLIM [3], árboles de clasificación [4], redes neuronales [5], GARP [6], entre muchos otros.

En este contexto, este trabajo en desarrollo pretende modelar y aproximar el nicho ecológico del zancudo vector del dengue en Costa Rica, por medio del método GARP. Este artículo presenta los resultados preliminares obtenidos hasta el momento en este proyecto, el cual se desarrolla en el contexto de la Cátedra UNESCO de Informática para Biodiversidad que es auspiciada por el Instituto Tecnológico de Costa Rica (ITCR) en conjunto con el Instituto Nacional de Biodiversidad (INBio) [7].

2 Definición del problema

El problema principal que se pretende atacar en esta investigación es el de analizar y predecir la distribución geográfica del zancudo vector del dengue (*Aedes aegypti*) en Costa Rica. Actualmente se carece de un modelo de predicción por lo que los esfuerzos de control se ejercen a “nivel nacional” en muchas zonas clasificadas como de riesgo, según datos de años anteriores, lo que incrementa gastos. Se debe tomar en cuenta que el dengue es la enfermedad viral más importante transmitida por zancudos, en términos de morbilidad y mortalidad.

3 Objetivos

El presente trabajo se desarrolla con los siguientes objetivos generales y específicos.

Objetivo general:

- Analizar y predecir la distribución geográfica del zancudo vector del dengue en Costa Rica mediante un modelo espacio-temporal específico, con el fin de apoyar las labores de monitoreo y control de esta especie.

Objetivos específicos:

- Realizar observaciones temporales específicas de especímenes del zancudo vector del dengue mediante giras a diferentes zonas del territorio nacional.
- Obtener y analizar diferentes capas o coberturas geográficas y climáticas del territorio nacional que permitan realizar predicción de la distribución geográfica de especies.
- Predecir la distribución geográfica temporal del zancudo vector del dengue en Costa Rica.
- Generar un conjunto de consideraciones y posibles medidas que pueden ser tomadas en cuenta para eventualmente mejorar el monitoreo y control del zancudo vector del dengue en Costa Rica considerando aspectos espacio-temporales específicos.

4 Metodología

El modelaje de los nichos ecológicos y la predicción de la distribución del mosquito vector del dengue se realizan utilizando el método GARP (*Genetic Algorithm for Rule-set Prediction*). En particular, se utiliza el software DesktopGarp [8] para analizar y predecir distribuciones geográficas de especies.

Los datos de entrada para realizar la predicción consisten básicamente de un conjunto de observaciones georeferenciadas y coberturas geoclimáticas del país. Los datos de las observaciones están siendo obtenidos mediante giras a diferentes zonas del territorio nacional distribuidas a lo largo del año así como mediante la recolección de datos provenientes de organismos e instituciones como INBio y la Escuela de Biología del ITCR. Las coberturas geoclimáticas para el país se han obtenido de fuentes como WorldClim, INBio y la Escuela de Ingeniería Forestal del ITCR.

Una vez que se tienen los datos de entrada, se configura y ejecuta el software DesktopGarp para identificar las correlaciones entre las ocurrencias del zancudo y las coberturas ambientales. El programa debe ejecutarse varias veces para generar diferentes resultados que deben ser cuidadosamente analizados e interpretados. Típicamente, el resultado del proceso es un modelo (mapa) que indica diferentes niveles de distribución esperada de la especie en cuestión.

Para validar los resultados del modelo y de la predicción de distribución, se utilizan pruebas de hipótesis estadísticas (chi-cuadrado X²) que comparan la proporción de los puntos correctamente predichos por el modelo (con base en un subconjunto de los datos de entrada que se mantiene aparte para efectos de validación), en relación con los puntos correctamente predichos que se esperarían bajo un modelo aleatorio [9].

5 Trabajo actual

Cabe mencionar que el proyecto dio inicio oficialmente en el mes de Enero del 2007. Hasta este momento, se han realizado las siguientes actividades principales:

- Obtención y adaptación de coberturas geoclimáticas para realizar el modelaje. La lista actual de coberturas incluye: temperatura, humedad, altitud, zonas de vida, pendiente y capacidad para acumular agua.
- Recolección de observaciones georeferenciadas en los últimos años de especímenes del zancudo en el país. Se cuenta con un conjunto de observaciones proporcionadas por INBio y la Escuela de Biología del ITCR. Próximamente se tienen planeadas varias giras para recolectar nuevos datos en diferentes zonas del país.
- Instalación, configuración y pruebas con software Diva-Gis y DesktopGarp.
- Realización de experimentos iniciales utilizando GARP con las coberturas y las observaciones obtenidas hasta el momento para algunos meses en particular.

Los resultados obtenidos aún son preliminares y deben ser validados adecuadamente. En la Figura 1 se puede observar un ejemplo del mapa que se genera como resultado un experimento utilizando GARP. En el mapa se destacan como más oscuras, las zonas en las que se predice una mayor probabilidad de distribución geográfica del zancudo.

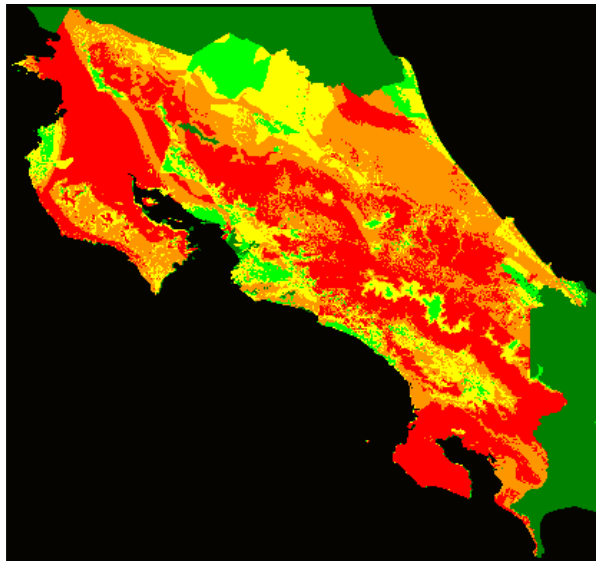


Figura 1. Ejemplo de mapa resultado de modelaje de nicho.

6 Resultados esperados

En el campo social y de salud pública, el modelo de predicción de distribución del zancudo que se obtendrá de esta investigación podrá utilizarse como ayuda para predecir lugares y periodos específicos de ocurrencias de la enfermedad del dengue. El enfoque planteado en este trabajo tiene un gran potencial para

ayudar a optimizar el uso de los recursos destinados a prevención y erradicación del dengue mediante un sistema de predicción automatizada de riesgo de transmisión de la enfermedad. En general, el modelo podría ser aplicado en el futuro a enfermedades transmitidas por otros insectos tales como la enfermedad de Chagas, malaria y fiebre amarilla.

Referencias

- [1] J. Soberón and A. T. Peterson, "Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas", *Biodiversity Informatics*, vol. 2, pp. 1-10, 2005.
- [2] A. T. Peterson, "Predicting species' geographic distributions based on ecological niche modeling", *Condor*, vol. 103, pp. 599-605, 2001.
- [3] H. A. Nix, "A biogeographic analysis of Australian elapid snakes", in *Atlas of Australian elapid snakes*. Canberra, Australia, 1986, pp. 4-15.
- [4] L. A. Clark and D. Pregibon, "Tree-based Models", in *Statistical Models*, J. M. Chambers and T. J. Hastie, Eds. New York: Chapman and Hall, 1992, pp. 377-419.
- [5] S. L. Ozesmi and U. Ozesmi, "An artificial neural network approach to spatial habitat modelling with interspecific interaction", *Ecological Modelling*, vol. 116, pp. 15-31, 1999.
- [6] D. Stockwell and D. Peters, "The GARP modelling system: problems and solutions to automated spatial prediction", *Int. J. Geographical Information Science*, vol. 13, pp. 143-158, 1999.
- [7] ITCR, "Cátedra UNESCO de Informática para la Biodiversidad ITCR/INBio", <http://www.itcr.ac.cr/catedraunesco>, 2007.
- [8] DesktopGarp, "DesktopGarp Homepage", <http://www.lifemapper.org/desktopgarp/>, 2005.
- [9] E. Martinez-Meyer, A. T. Peterson, and W. Hargrove, "Ecological niches as stable distributional constraints on mammal species, with implications for Pleistocene extinctions and climate change projections for biodiversity", *Global Ecology and Biogeography*, vol. 13, 2004.