

# Algoritmos para el Alerta Temprana de Dengue en un Ambiente Geomático.

**Lanfri S, Frutos N, Porcasi X, Rotela C, Peralta G, De Elia E, Lanfri M, Scavuzzo M.**

*Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Córdoba, Argentina.*

## Resumen

*En el marco de un convenio CONAE-Ministerio de Salud de la Nación se está desarrollando un proyecto para implementar un sistema informático de Alerta Temprana de Dengue. Mientras que el sistema y sus subsistemas son descritos brevemente, en este trabajo se explica detalladamente la unidad Environmental Risk del subsistema Algorithm Executor encargada del proceso que calcula el riesgo ambiental de Dengue a nivel de localidades de la República Argentina. El cálculo de riesgo implica la suma de dos componentes: a) una estática relacionada con las condiciones ambientales históricas que determinan la probabilidad de que el vector se desarrolle en el lugar y b) una componente dinámica relacionada con las condiciones actuales que posibiliten la transmisión viral. La primera componente se estima mediante una combinación de los métodos de Máxima Entropía y de Regresión Logística, mientras que la segunda componente es calculada por un algoritmo que contabiliza la cantidad de periodos de incubación extrínseca que pueden ser completados en cada localidad de acuerdo a la temperatura media diaria, estimada desde un satélite. Se muestra como resultado la estratificación de las localidades de Argentina en función de su riesgo ambiental de Dengue.*

**Palabras Claves:** Geomática, riesgo, Dengue, algoritmo

## Introducción

El Dengue es en la actualidad una de las enfermedades transmitidas por vectores de mayor prevalencia en el continente Sudamericano [36] [37]. El agente causal de la enfermedad es un *arbovirus*<sup>1</sup> (*Flaviviridae*), que es transmitido al hombre (agente susceptible), a través del mosquito *Aedes aegypti* principal vector en el continente sudamericano. El mosquito posee hábitos domésticos [14] y el deterioro en las condiciones de vida sumado a los hábitos de la población de mantener en sus domicilios recipientes artificiales que permitan la acumulación de agua favorecen la existencia de criaderos potenciales para el desarrollo de las formas inmaduras de *Aedes aegypti*. Así, la mala calidad de los servicios públicos (abastecimiento y almacenamiento de agua potable, tratamiento y disposición final de residuos domiciliarios) acompañado de prácticas de saneamiento domiciliario inadecuado crea el ambiente propicio para el desarrollo del ciclo biológico del vector.

En Argentina, el Dengue se presenta en forma de brotes esporádicos desde 1998 [4][5], con casos autóctonos en las provincias de Salta, Jujuy (serotipos 1, 2 y 3), Formosa, Corrientes y Misiones (serotipos 1 y 3). El comportamiento de la enfermedad es epidémico y su

---

<sup>1</sup> Arbovirus: describe la forma particular de transmisión de estos virus a través de un artrópodo hematófago, el que actúa como vector.

ocurrencia se restringe a los meses de mayor temperatura ambiente (noviembre a mayo) y tiene estrecha relación con la ocurrencia de brotes en los países limítrofes [1].

Es aceptado que las enfermedades de transmisión vectorial son sistemas complejos y dinámicos en tiempo y espacio [12], en los cuales múltiples factores ambientales tanto de carácter biofísico como social constituyen una compleja trama que condiciona o determina la proliferación del vector-enfermedad. Factores bioclimáticos como demográficos y antrópicos actúan sobre las poblaciones de insectos, siendo las condiciones climáticas el factor regulador de la distribución espacio temporal de las poblaciones de los insectos y su abundancia. En este sentido, la complejidad de factores que interactúan condicionando la introducción, transmisión y distribución del vector obliga a abordar el problema desde diferentes perspectivas y escalas que permitan contribuir a su comprensión.

La Epidemiología Panorámica es parte de un nuevo paradigma que aborda desde un enfoque sistémico e interdisciplinario, el estudio de parámetros ambientales de áreas eco-geográficas donde una enfermedad puede transmitirse [30]. Constituye una innovadora línea de trabajo que permite, a través de datos relevados por satélites, la caracterización *a gran escala* de macrofactores que condicionan la reproducción, desarrollo y mantenimiento de un agente patógeno y en micro-escala identificar ambientes con mayor probabilidad de ocurrencia de un vector. Por la conjugación de datos alfa-numéricos de diversas fuentes con datos netamente espaciales como las imágenes de satélite, puede considerarse a la Epidemiología panorámica como una rama de la geomatica. Su principal objetivo es el desarrollo de mapas de riesgo para enfermedades específicas para ser utilizados en sistemas de alerta temprana (SAT) en salud orientando las acciones en los programas de control y prevención de enfermedades.

Mediante el uso de datos derivados de diferentes bandas espectrales de sensores satelitales, es posible identificar y monitorear características y cambios medioambientales útiles para el estudio de enfermedades transmitidas por vectores, como patrones del uso de la tierra, agua de superficie, calidad y humedad del suelo, caminos, áreas edificadas y cambios climáticos, entre otros.

Los algoritmos que se presentan en este trabajo pertenecen al *Sistema integrado para la estratificación de riesgo de circulación viral de Dengue a nivel nacional*, en el marco de los *Productos de Aplicación en Salud*, que se desarrollan conjuntamente entre el *Instituto Mario Gulich* de la *Comisión Nacional de Actividades Espaciales* (CONAE) y el *Ministerio de Salud de la Nación* (MSAL). El objetivo de este proyecto es el uso de herramientas geoespaciales y datos de sensado remoto para generar herramientas que faciliten la toma de decisiones en los programas nacionales de control de vectores, en este caso, el de Dengue. La arquitectura del Sistema de Alerta Temprana en Dengue, se explica con detalle en [22], presentado en este congreso. El sistema está dividido en: subsistemas y unidades. Por unidad se entiende a la mínima porción del sistema que puede ser desarrollado independientemente. Mientras que un subsistema podría agrupar a un conjunto de unidades con un objetivo en común. El sistema esta formado por los subsistemas: Data Translation, Spatial Data, Visualization, Algorithm Executor y Alarm Trigger como se muestra en la figura 1

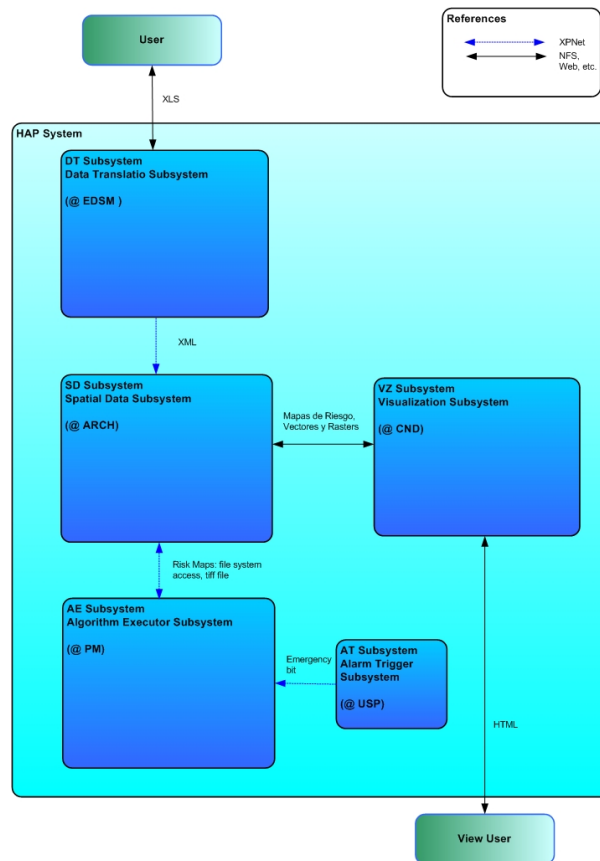


Figura 1: Representación del sistema HAP

Los algoritmos ambientales que serán descritos en detalle en este trabajo se encuentran incluidos en el subsistema Algorithm Executor (AE), dentro de la unidad de proceso “Environmental Risk”. El subsistema AE es mostrado en la figura 2.

El HAP (SAT/ERDNU) Dengue completo tiene dos escalas de trabajo: un subsistema de nivel nacional: ERDN y otro subsistema a escala urbana: ERDU, que funcionarán integrados mediante el sistema descrito por [22] Entre las funcionalidades de visualización se encuentra en una plataforma SIG, para la integración y visualización de los datos. En el último paso de su implementación, el sistema funcionará dentro del CUSS (Servicio al Usuario del Centro Espacial Teófilo Tabanera de CONAE) y los productos serán generados automáticamente según los requerimientos y publicados en el sistema para estar a disposición del usuario.

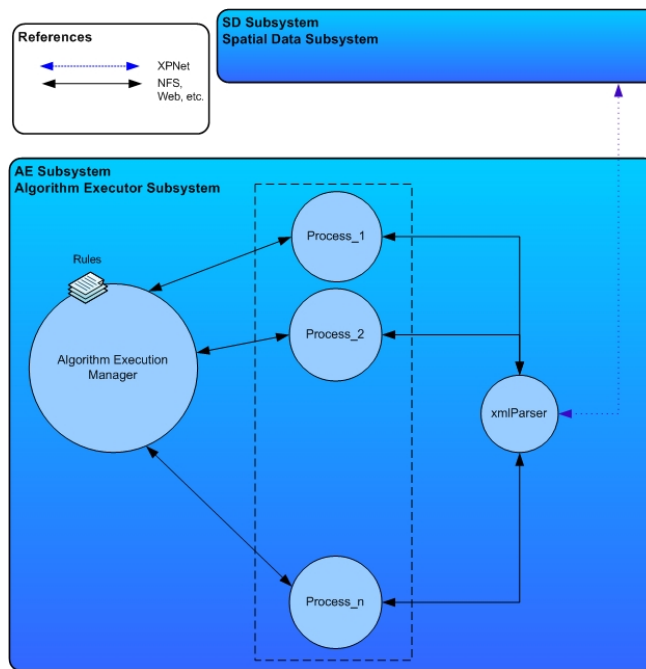


Figura 2: Representación del subsistema AE

Los requerimientos que los expertos de MSAL y DETVs manifestaron para obtener una herramienta útil a nivel Nacional ERDN son citados a continuación:

- Crear un sistema sistema multiescala y multifactorial que permite evaluar el nivel de Riesgo de Dengue en la Argentina, como base para la toma de decisiones y asignación de recursos del Ministerio de Salud de la Nación.
- Generación de un producto que permita estratificar el riesgo de Dengue a nivel nacional (ERDN) mediante un modelo multifactorial (medioambiental, demográfico, eco-epidemiológico) capaz de asignar el riesgo de circulación viral de Dengue a cada localidad del país.
- Integración de la información histórica de la circulación viral de Dengue y de otros datos epidemiológicos (flujo poblacional, capacidad de respuesta ante eventos epidémicos, entre otros)
- Actualización frecuente de los datos ambientales provenientes de sensores remotos.
- Integrar los datos en una plataforma cartográfica amigable, fácil de utilizar y robusta.

Particularmente, el objetivo de este trabajo es describir los algoritmos generados para el cálculo estandarizado de riesgo de Dengue debido a factores ambientales a escala nacional como así también mostrar los primeros resultados obtenidos. Este riesgo medioambiental (Ra) de Dengue se obtiene para cada una de las 3000 localidades a nivel nacional (ERDN) y es uno de los factores a integrar mediante un modelo multifactorial que considera además otros tres factores: el riesgo demográfico, el riesgo epidemiológico y las acciones de control vectorial para obtener el Riesgo Total de Dengue por localidad [22]. La caracterización

macro-ambiental considera variables y parámetros ambientales de importancia tanto para las condiciones generales de hábitat del vector, el desarrollo y el ciclo de vida de *A. aegypti*, y para los ciclos virales de los arbovirus. Estos parámetros serán estimados a través de datos obtenidos de información satelital.

Para las condiciones generales del hábitat, se han desarrollado diversas técnicas para modelar los requerimientos ambientales y la distribución de una especie en base a las características del ambiente de sitios de ocurrencia conocida [9].

A través del uso de los datos ambientales de las localizaciones de las especies, se puede generar un modelo de sus requerimientos de hábitat y luego proyectarlo en un espacio geográfico con el fin de generar mapas predictivos de distribución [2] [3]. Estos modelos generan predicciones respecto a la distribución y los requerimientos ambientales de las especies, posibilitan la identificación de las variables que mejor predicen los hábitats favorables [26], permiten testear hipótesis ecológicas acerca de la distribución de los organismos [38] [17] y evaluar los impactos de posibles cambios ambientales [32]. Así, los mapas predictivos de distribución indican la probabilidad de encontrar a la especie en un sitio determinado [27]. Este tipo de modelado ecológico de distribución es utilizado en este trabajo para identificar zonas adecuadas para el desarrollo y proliferación del *Aedes*.

Por otra parte, el tiempo que transcurre entre el ingreso del virus en el vector y el momento en el cual el mismo puede ser transmitido es conocido como “Período extrínseco de incubación”(PEI). Se conoce que este período depende de la temperatura [19] [35], y un modelo matemático que describe el comportamiento del mismo en función de la temperatura fue desarrollado por [7][8]. En este sentido y siguiendo a [5], en el presente trabajo la dinámica de la temperatura de cada sitio será analizada a fin de determinar la cantidad de ciclos virales que serían posibles de completar en cada localidad.

## **Elementos del Trabajo y metodología**

La secuencia de pasos que determinan el riesgo ambiental de circulación viral de Dengue puede dividirse en dos etapas: 1) la evaluación macro-ambiental, biogeográfica que considera las condiciones ambientales para la presencia de *A. aegypti* y que es el riesgo constante de base (ya que sin presencia del vector el ciclo viral no se cumple). 2) la dinámica diaria del desarrollo del vector y del ciclo viral que será determinado por la temperatura en la localidad, que representa la porción variable del riesgo.

### *1. Riesgo relativo a la presencia del vector:*

En este trabajo es utilizado el modelado ecológico de distribución para identificar zonas adecuadas para el desarrollo y proliferación de *Aedes aegypti*.

### *Datos de localización de la especie*

Se obtuvieron 451 sitios de presencia de *Aedes aegypti* a partir de recopilación bibliográfica a lo largo del rango de distribución de la especie en Argentina, principalmente del trabajo de [34], y datos de sitios positivos del brote de Dengue del año 2009 suministrados por el

Ministerio de Salud de la Nación. Para caracterizar la ausencia de las especies, se escogieron 461 puntos al azar a lo largo de Argentina, siguiendo el criterio establecido por [16], excluyendo las áreas de presencia establecidas por la bibliografía. Debido a que en estos puntos no esta confirmada la ausencia, se denominaron pseudoausencias, como sugiere [2].

### *Datos ambientales*

El modelado se realizó utilizando las 18 siguientes variables biogeofísicas con resolución de 1km x 1km de píxel:

- Precipitación PCA 1 y PCA 2: Primera y segunda componente del Análisis de componentes principales de una serie de promedios mensuales de precipitación total entre los años 1950 y 2000 generadas en el Instituto Gulich, CONAE, con datos obtenidos de WorldClim (Hijmans et al., 2004).
- NDVI PCA 1 y PCA 2:: Primera y segunda componente del Análisis de componentes principales de una serie de promedios mensuales de Normalized Difference Vegetation Index (NDVI) entre los años 1982 y 2000 generadas en el Instituto Gulich con datos derivados del Advanced Very High Resolution Radiometer (AVHRR) a bordo del satélite meteorológico de la National Oceanic Atmosphere Administration (NOAA). El NDVI es un indicador de la biomasa fotosintéticamente activa.
- Temperatura PCA 1 y PCA 2: Primera y segunda componente del Análisis de componentes principales de una serie de promedios mensuales de temperatura de la superficie terrestre (Land Surface Temperature = LST) entre los años 1982 y 2000 generadas en el Instituto Gulich con datos derivados del Advanced Very High Resolution Radiometer (AVHRR) a bordo del satélite meteorológico de la National Oceanic Atmosphere Administration (NOAA).
- SRTM Dem: Archivo de altura derivado de la misión SRTM de NASA (<http://www2.jpl.nasa.gov/srtm/>).
- Temperatura media anual: en °C: <http://www.worldclim.org/current>
- Estacionalidad en temperatura: desvío Estándar\*100: <http://www.worldclim.org/current>
- Precipitación anual: en mm: <http://www.worldclim.org/current>
- Estacionalidad en precipitación, coeficiente de variación: <http://www.worldclim.org/current>
- Balance Agua Suelo media anual: <http://www.cgiar-csi.org/data/climate/item/60-global-high-resolution-soil-water-balance>.
- Evapotranspiración potencial anual: <http://www.cgiar-csi.org/data/climate>
- Estrés contenido de agua suelo PCA 1 y PCA 2: <http://www.cgiar-csi.org/data/climate>. Primera y segunda componente del Análisis de componentes principales de una serie de promedios mensuales de un año.
- Balance agua Suelo PCA 1 y PCA 2: <http://www.cgiar-csi.org/data/climate>. Primera componente del Análisis de componentes principales de una serie de promedios mensuales de un año.
- Clases Suelo: <http://www.ambiente.gov.ar/?aplicacion=mapoteca&idseccion=76&IdApli=2>. Clasificación de los suelos en orden según INTA.

- Cobertura de Suelo: <http://www.diva-gis.org/data/DataServer.htm>.

El Análisis de Componentes Principales (PCA) resumió la información de las series temporales de imágenes. La primera componente de un PCA indica el valor característico de la variable, mientras que las sucesivas componentes representan elementos de cambio de magnitud decreciente. Aplicado a una serie de imágenes, la variación espacial a gran escala es descrita por el primer componente del PCA. Patrones espaciales y cambios temporales de escala menor son capturados por las componentes del PCA de órdenes mayores.

Los PCA realizados para las series temporales indicaron que las dos primeras componentes de cada variable ambiental describen cerca del 99% de la variancia total de cada serie.

Todo el procesamiento y análisis de las imágenes se llevó a cabo con el software ENVI 4.7 (System Research).

### *Modelado ecológico*

Para generar los modelos predictivos de presencia de *Aedes aegypti* en la Argentina, se utilizaron dos metodologías diferentes, la primera se basó en la utilización del software MaxEnt 3.3.3a [24] y la segunda en un análisis de regresión logística.

a) MaxEnt: Las opciones que se incluyeron para el modelado fueron: 25% de los puntos de presencia fueron reservados para la validación del modelo, se realizaron 10 réplicas del modelado obteniéndose un promedio de las mismas.

b) Regresión logística: La estrategia de modelado se llevó a cabo según [16] y [18]. Para generar los modelos de requerimientos ambientales de cada una de los estados (presencia-ausencia) de *A. aegypti* se realizó una regresión logística con todas las variables, usando el software SPSS 17.0. Se utilizó el método *Wald forward stepwise*, configurando un umbral de corte de 0.6 con 20 iteraciones, con el cual se incluyeron las variables que fueron significativas ( $P < 0.05$ ). Además de las variables citadas anteriormente, se agregó el índice de aridez anual como variable de análisis. Para la elaboración de los mapas predictivos se utilizaron las ecuaciones obtenidas mediante regresión logística asignando a cada variable los coeficientes de los modelos obtenidos.

Los modelos obtenidos tanto por MaxEnt como por regresión logística clasifican píxeles con un valor continuo de probabilidad de ocurrencia entre 0,0 y 1,0. Un valor de 0 significa ausencia de la especie y un valor de 1 significa un 100% de probabilidad de encontrar la especie (el mosquito *A. aegypti*) en el píxel. Posteriormente, los mapas predictivos generados utilizando ambas metodologías fueron integrados mediante una media geométrica. Al raster (imagen digital) resultante se le aplicó un filtro de media de kernel de tamaño 3, para suavizar variaciones entre píxeles muy cercanos y mejorar la visualización del producto final.

### *2) Riesgo relativo a ciclos virales:*

Se estima el riesgo relativo a la cantidad de períodos extrínsecos de incubación (PEI) del virus que cada localidad es capaz de concluir de acuerdo a sus temperaturas medias diarias. La duración del PEI se estima de acuerdo al modelo de [7][8].

Datos meteorológicos: Debido a la resolución espacial (3000 localidades Argentinas) y temporal (actualización diaria) de datos de temperatura necesarios para este estudio, y dada la dificultad de obtener los mismos mediante estaciones meteorológicas; se decidió estimar la *temperatura media diaria* a través de imágenes satelitales. Esta variable es estimada a través de la Temperatura de Superficie del Sensor MODIS de la serie EOS (Earth Observation System). Los satélites TERRA y AQUA tienen una órbita polar alrededor de la Tierra con un tiempo de pasada desde el norte al sur cruzando por el Ecuador a las 10 am y las 10 pm; se consiguen así al menos una revisita diaria matutina y vespertina para cada sensor. Ambos sensores adquieren en 36 bandas del espectro electromagnético que permiten el cálculo de la temperatura del Suelo (TS) mediante sus bandas infrarrojas 31 y 32. Los productos pre-procesados de MODIS (adquiridos on-line desde la NASA, DAAC), han sido evaluados y aceptados como excelentes herramientas para estudios regionales de epidemiología [31] y utilizados en trabajos específicos como la enfermedad de Lyme y Encefalitis de garrapatas [20], estudios relacionados a eventos de calor extremo y sus consecuencias epidemiológicas en América del Norte [15], y en estudios de dinámica poblacional del vector en Chagas y Dengue [25][6].

Algoritmos de estimación de LST de MODIS, como el “split window”, han mostrado una precisión de  $\pm 1^\circ\text{K}$  [23]. Para este trabajo en particular, se comprobó la precisión dentro de la región Pampeana, con productos de LST obtenidos de la DAAC (centro de distribución de datos de la Nasa) y comparados con 6 estaciones meteorológicas dentro del centro del país. Se observa una precisión de  $\pm 1.5$  grados, respecto a las estaciones meteorológicas, en datos de LST agrupados cada 8 días, para una serie de más de dos años de datos. En este trabajo, cada producto TS tiene un tamaño aproximado de 2100x2500 píxeles (cubriendo toda la Argentina) de datos flotantes y la serie completa a lo largo del año representa 365 bandas (un año de datos). Sobre esta serie se aplica el algoritmo de *Riesgo relativo a ciclos virales*.

La temperatura es uno de los principales factores ambientales reguladores de la dinámica poblacional de mosquitos. Como todo díptero, *A. aegypti* ve condicionado su ciclo de vida y comportamiento por la temperatura ambiental: 1) se asocia a la modificación de las tasas (velocidades) de desarrollo de los estados inmaduros mediante funciones que describen el crecimiento [21]; 2) un umbral mínimo (junto con la presencia de agua) es necesaria para la eclosión de los huevos y pupas [13]. El tiempo de vida del adulto no parece ser termo dependiente, salvo para condiciones extremas como menor a  $0^\circ\text{C}$  o mayor a  $40^\circ$  [5]. Basados en estos datos de la biología de *A. aegypti*, se considera la temperatura mínima (umbral) para un desarrollo completo del vector podría situarse entre los  $13$  y  $18^\circ\text{C}$  de temperatura media, con un re-inicio de todo el ciclo de desarrollo (por muerte de adultos) con temperaturas medias diarias de  $5^\circ\text{C}$  (con alta probabilidad de mínima  $< 0^\circ\text{C}$ ). El segundo factor de interés es el tiempo transcurrido entre la entrada del virus en el vector y el momento en que se puede transmitir es conocido como período de incubación extrínseca (EIP). La duración de este período varía en función de la temperatura, y un modelo matemático que describe el comportamiento de la EIP en función de la temperatura se desarrollado por [7][8]. El algoritmo del *Riesgo relativo a ciclos virales*, condicionado por la temperatura, se describe como el análisis de las temperaturas medias diarias derivadas de TS en el tiempo. En un primer paso la temperatura diaria es evaluada para ver si supera el



umbral de eclosión de huevos y/actividad de ovoposición. Posteriormente, se evalúa la temperatura media diaria a lo largo de la serie, calculando para cada día, según el modelo de [7][8], el porcentaje de PEI que completado en el mismo. Cada 20 días, el cual es el tiempo de vida máximo estimado para el mosquito, se comprueba si el porcentaje PEI acumulado supera a 1. En caso de que así sea, se considera que se cumplió un ciclo para ese píxel determinado. Se van acumulando ciclos hasta completar el análisis de la serie. El número de ciclos completos por píxel es un indicador del riesgo de posibilidad de desarrollo de ciclos virales en el mosquito y, por ende, probabilidad de contagio viral.

Una vez obtenido el *Riesgo relativo a ciclos virales* se procede a la normalización de esta variable y posterior adición, mediante media geométrica, al *Riesgo relativo a la presencia del vector* dando el *riesgo ambiental* final. Por último, la capa de puntos con las localidades del Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE) es superpuesta al raster de *riesgo ambiental* final y se asigna el valor del raster a cada localidad.

Por las características de este modelo de riesgo ambiental, el mismo puede actualizarse mensualmente. Sin embargo, cuando se analiza el riesgo durante los meses de invierno mayor relevancia tiene el poder proyectar, con el estado de situación hasta ese momento, la predicción de riesgo para el inicio de la temporada de mayor incidencia de casos de Dengue. Por esto, se computan dos sub-productos: 1) inmediato, con los datos actualizados en tiempo *cuasi* real, que puede computarse mensualmente; y 2), una estimación para el inicio de la temporada, en base a la dinámica observada hasta el momento presente y con predicciones ambientales a futuro. Para esto último se utiliza la serie de temperatura media del año previo, la cual se obtiene de también de MODIS.

## **Resultados**

Se obtuvo un total de 451 registros de presencia para *Aedes aegypti* con los que se llevó a cabo el modelado ecológico y el mapa predictivo de distribución resultante, de acuerdo a los modelos: MaxEnt y regresión logística, se muestra en la figura 4. En el mismo es posible observar que el límite sur de la probable distribución del mosquito se encuentra al sur de Córdoba y norte de Buenos Aires.

Según el modelo de regresión logística, las variables: precipitación PCA 1, NDVI PCA 1, temperatura media anual, estrés contenido de agua suelo PCA 1, balance agua suelo PCA 2, clases suelo y cobertura de suelo modelan de manera conjunta la distribución de *A. aegypti*.

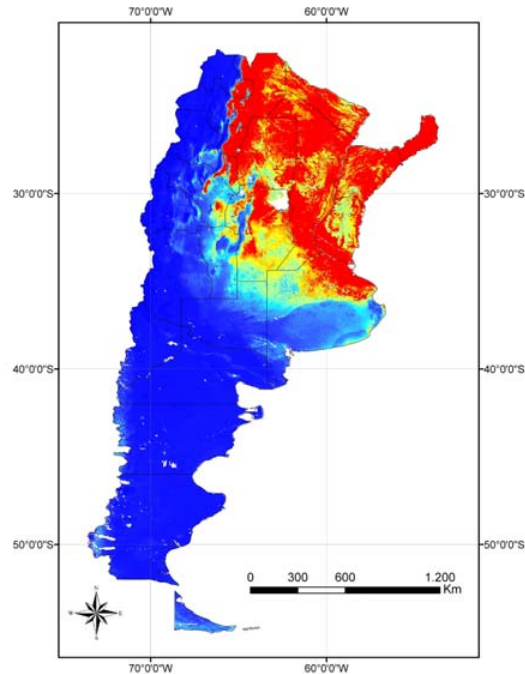


Figura 3. Mapa predictivo de distribución de *Aedes aegypti* de acuerdo a los modelos: MaxEnt y regresión logística.

El algoritmo de riesgo ambiental de circulación viral de Dengue fue escrito en *Interactive Data Language (IDL)* y se esquematiza con el siguiente pseudocódigo:

```

Module r_ambiental

Variables:
serie de temperatura: Temp (dia: unidad de tiempo de Temp.)
mapa de probabilidad de presencia: mapProb

Constants:
T_MIN: 17 (grados)
DIAS_T_MIN: 20 (número de días necesarios con temperatura mayor a T_MIN)
TIEMP_VIDA_MAX: 20 (días)
RESETEO=5 (grados)

Implements:
public::
dia=0
    while dia < size(Temp){
        dia=evalDias(DIAS_T_MIN,T_MIN,Temp,RESETEO)
        while Temp(dia)>5 {
            if acumuladorPEIP(dia,TIEMP_VIDA_MAX, Temp,RESETEO)>0.99 {
                ciclos=ciclos+1
            }
            dia= dia+1
        }
    }
ciclosnorm= normalizacion(ciclos)
riesgo= sqr(mapProb*ciclosnorm)
riesgoambiental= 4categorias(riesgo)

```

**private::**

**evalDias**(DIAS\_T\_MIN,T\_MIN,Temp, RESETEO): Devuelve un número entero que representa el último día de la primer serie de DIAS\_T\_MIN con Temp mayor a T\_MIN. Si Temp es menor a RESETEO se resetea la serie y se sigue buscando la siguiente serie.

**acumuladorPEIP**(dia,TIEMP\_VIDA\_MAX, Temp, RESETEO): Itera sobre dia mientras es menor a (dia+TIEMP\_VIDA\_MAX) y el valor de Temp sea mayor a RESETEO, mientras acumula **peip**(dia). Devuelve un número entero que representa la acumulación de **peip**.

**peip**(dia): calcula la proporción del período de incubación alcanzado en el día de acuerdo a lo siguiente: siendo EIP= periodo de incubación, una función de T según  $EIP(i) = \beta_{cero} + (\beta_{uno}/Temp(dia))$  ( $\beta_{cero}$  y  $\beta_{uno}$  son constantes)  
 $PEIP = 1/EIP$  (proporción período de incubación cumplido ese día).

**normalizacion**(ciclos): normaliza la variable ciclos dividiendo por el máximo número de ciclos.

**4categorias**(riesgo) divide la variable riesgo en cuatro categorías.

El resultado final del modelo de riesgo ambiental de circulación viral de Dengue es la estratificación de riesgo para cada localidad como se observa en la figura 4. La distribución a nivel nacional se limita según el mapa de probabilidad de presencia del vector (figura 3) al norte del paralelo 38. Se presentan áreas de mayor riesgo en el NOA y NEA que coinciden de manera general con las localidades de mayor notificación de casos en los últimos años. Por otro lado, en las localidades de oeste y sur del país el riesgo de circulación disminuye de manera marcada condicionado por las variables de altura y temperatura.

En la misma figura se aprecia un detalle del norte de la Argentina, zona que presenta la mayor circulación de Dengue del país. En el mismo se muestra como el algoritmo de riesgo es capaz de diferenciar localidades vecinas con condiciones ambientales disímiles. Las zonas de alta humedad, como área de Yungas, manifiestan mayores valores de riesgo demostrando el origen tropical de la enfermedad.

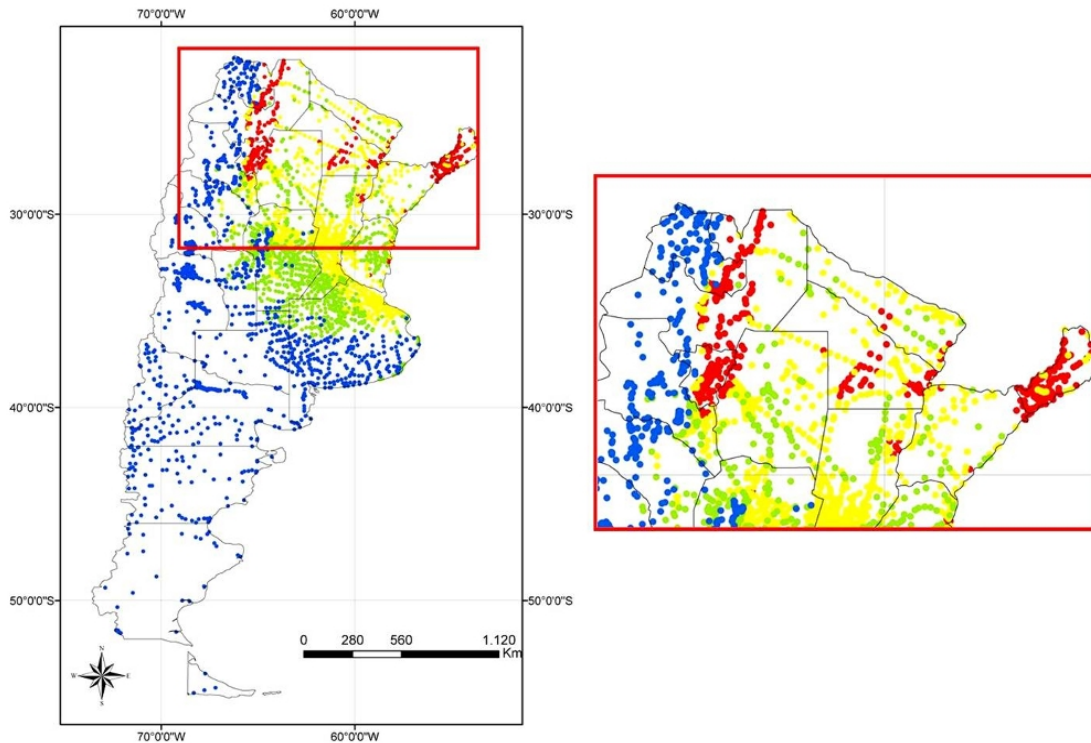


Figura 4. Mapa de Riesgo ambiental de *Dengue* de acuerdo al modelo implementado en este trabajo. Se clasificó el riesgo en los siguientes intervalos: 0-0.1 (azul), 0.1-0.33 (verde), 0.33-0.66 (amarillo), 0.66-1 (rojo). A la derecha, detalle del Mapa de Riesgo ambiental de *Dengue* de la región NOA.

### Discusión

Los algoritmos presentados en este trabajo, como parte del *Sistema integrado para la estratificación de riesgo de circulación viral de Dengue a nivel nacional*, permiten estratificar el riesgo ambiental de Dengue a escala nacional. El mismo posteriormente es integrado a un modelo multifactorial (medioambiental, demográfico, eco-epidemiológico) para asignar el riesgo final de circulación viral de Dengue a cada localidad del país. Finalmente dicho riesgo puede ser visualizado a través de la unidad Web Viewer implementado en el subsistema Visualization de SAT/ERDNU (ver [22]).

Consideramos que los algoritmos para la determinación de riesgo ambiental aquí expuestos representan modelos simples que reflejan de manera aceptable el condicionamiento ambiental en el desarrollo del mosquito y la circulación viral. Estos algoritmos se basan en la utilización de información satelital para estimar parámetros relacionados tanto con la distribución del vector *A. aegypti* como con el desarrollo de los ciclos virales en el mismo. Por este motivo, es posible actualizar con una frecuencia diaria los datos ambientales necesarios mediante datos provenientes de sensores remotos.

Debemos mencionar que aparte de la componente ambiental de riesgo existen en el modelo las siguientes componentes del riesgo total de Dengue:

*Control vectorial:* esta componente que caracteriza a localidad en función a la periodicidad en que realizan acciones orientadas al control de la densidad de poblaciones del mosquito *A. aegypti*.

*Caracterización de la circulación viral:* aquí se concentra la información relacionada a circulación autóctona del virus del Dengue en cada localidad.

*Riesgo entomológico:* este bloque considera la presencia del vector *Aedes aegypti* en la localidad y otras medidas asociadas a la densidad del mismo (índices entomológicos).

El riesgo final de circulación de Dengue a escala Nacional para cada localidad es definido a través de la aplicación de un modelo matemático en función a los valores obtenidos en cada grupo. El sistema en su conjunto permitirá flexibilidad tanto para la inclusión de nuevos datos (según indicaciones), como en la ponderación o peso de cada variable en la asignación final de riesgo.

**Consideraciones sobre la validación de los resultados:** Por diseño impedimos incoherencias debido a que la construcción del modelo asegura que el mismo arroja un riesgo mínimo para aquellas localidades donde no se ha reportado la existencia o aparición del vector en ninguno de sus estadios (huevos, larva, pupa y adulto). En este punto, es importante mencionar la necesidad de mejorar la cantidad y calidad de los datos de presencia-ausencia, y de esta manera poder evitar errores que pueden darse por la distribución no homogénea de los mismos. Existen en nuestra actual base de datos de presencia, zonas que están fuertemente representadas mientras que otras, en las cuales es conocida la presencia del vector, no están casi representadas.

Por otra parte, se puede verificar que el modelo arroja que casi todas las localidades donde hubo un brote en el pasado se encuentran con riesgo medio o alto.

**Futuras mejoras:** El presente trabajo describe la versión 1 del algoritmo. Esta versión está basada en el trabajo de [5] contabilizándose el número de ciclos de incubación extrínsecos completados independientemente de que proporción de la vida del mosquito fue necesaria para lograrlo. En el futuro se prevé generar una versión 2 en la que se contabilicen los días efectivos en los cuales el mosquito está en condiciones de transmitir la enfermedad. Además, en el presente modelo la expectativa de vida del mosquito es la misma para todas las localidades lo cual difícilmente se cumpla. En próximas versiones se implementará una variación latitudinal de la expectativa de vida del *A. aegypti*.

Concluyendo, el producto final se ajusta a los requerimientos del usuario (*Ministerio de Salud de la Nación* (MSAL)) y la estratificación lograda permite a los organismos de Salud distribuir los recursos: personal, insecticidas y máquinas de acuerdo a un criterio único dado por la prioridad resultante del riesgo calculado y reflejado en los mapas que el servidor ofrece.

## Referencias

- [1] Almirón, W. y C. Rossi. 2005. "Culicidae- Mosquitos". Artrópodos de Interés Médico en Argentina. 1ª ed. - Buenos Aires: Fundación Mundo Sano, 2005. Ed. D. Salomón, CENIDE. Min-Sal. Pág. 70-83
- [2] Anderson, R. P.; A. T. Peterson & M. Gomez-Laverde. 2002. Using niche-based GIS modeling to test geographic predictions of competitive exclusion and competitive release in South American pocket mice. *Oikos* 98: 3–16.
- [3] Arboleda, S., Jaramillo-O, N., and Peterson, T. A. Mapping Environmental Dimensions of Dengue Fever Transmission Risk in the Aburrá Valley, Colombia. *Int. J. Environ. Res. Public Health* 2009, 6, 3040-3055.
- [4] Boffi, R. 1998. Dengue en la Republica Argentina. In: 2º Congreso Argentino de Zoonosis, Asociacion Argentina de Zoonosis, Buenos Aires, p. 133.
- [5] Carbajo, A., N. Schweigmann, S. I. Curto, A. Garin, y R. Bejarán. 2001. "Dengue transmission risk maps of Argentina". *Tropical Medicine and International Health*. V6. 170–183
- [6] Estallo E. L., Ludueña- Almeida F., Lanfri M. A., Scavuzzo M., Introini M. V., Zaidenberg M. & Almirón W. R. 2009. "Predicción de la oviposición de *Aedes aegypti* basada en imágenes satelitales MODIS". Congreso argentino de parasitología, La Plata. Bs As.
- [7] Focks DA, Haile DG, Daniels E, Mount GA, 1993. Dynamic life table model for *Aedes aegypti* (L.) (Diptera:Culicidae). Analysis of the literature and model development. *J. Med Entomol* 30: 1003-1017.
- [8] Focks DA, Haile DG, Daniels E, Mount GA, 1993. Dynamic life table model for *Aedes aegypti* (L.) (Diptera:Culicidae). Simulation results validation. *J. Med Entomol* 30: 1018-1028
- [9] Graham, C. H.; S. R. Ron; J. C. Santos; C. J. Schneider & C. Moritz. 2004. Integrating phylogenetics and environmental niche models to explore speciation mechanisms in dendrobatid frogs. *Trends in Ecology and Evolution* 19: 497-503.
- [10] Grech M. G., F. Ludueña-Almeida, y W. R. Almirón. 2010. "Bionomics of *Aedes aegypti* subpopulations (Diptera: Culicidae) from Argentina". *Journal of vector Ecology*.
- [11] Haslett, J. R. 1990. Geographic information systems: a new approach to habitat definition and the study of distributions. *Trends in Ecology and Evolution* 5: 214-218.
- [12] Hay, S. 2000. An overview of remote sensing and geodesy for epidemiology and public health applications. Pp.1-35. En: *Remote Sensing and geographical information systems in epidemiology*. (S. I. Hay, S. E., Randolph and D. J. Rogers, eds.). *Advances in Parasitology* (vol. 47). Oxford.
- [13] Hopp, M.P. y J. A. Foley. 2001. "Global-Scale Relationships Between Climate and the Dengue fever vector: *Aedes aegypti*". *Climatic Change* 48: 441–463, 2001. Kluwer Academic Publishers. Netherlands.
- [14] Horsfall WR (1955). *Stegomyia aegypti*: Mosquitoes, their Bio-nomics and Relation to Disease. The Ronald Press Company, New York.
- [15] Johnson D. P, J. S. Wilson and G. C. Luber. 2009. "Socioeconomic indicators of heat-related health risk supplemented with remotely sensed data". *International Journal of Health Geographics*. 1-17.
- [16] Lanfri, S; Cardozo, G; Di Cola, V; Naretto, S y Chiaraviglio, M. Modeling the distribution of tegu lizards focusing on environmental factors linked to life history: Implications to conservation. (In prep.)
- [17] Leathwick, J. R. 1998. Are New Zeland's Nothofagus species in equilibrium with their environment?. *Vegetation Science* 9: 719-732.
- [18] Martínez-Freiria, F.; N. Sillero; M. Lizana & J. C. Brito. 2008. GIS-based niche models identify environmental correlates sustaining a contact zone between three species of European vipers. *Diversity and Distributions*.
- [19] McLean D, Clarke AM, Coleman JC et al. (1974) Vector capability of *Aedes aegypti* mosquitoes for California encephalitis and Dengue viruses at various temperatures. *Canadian Journal of Microbiology* 20, 255-262.
- [20] Neteler. M. 2005. "Time series processing of MODIS satellite data for landscape epidemiological applications". *International Journal of Geoinformatics*. 130-138.
- [21] Otero, M., H. Solari y N. Schweigmann. 2006. "A Stochastic Population Dynamics Model for *Aedes aegypti*: Formulation and Application to a City with Temperate Climate". *Bulletin of Mathematical Biology*. 68: 1945–1974.
- [22] Peralta, G., De Elia, E. Lanfri, M. Porcasi, X. Lanfri, S. Frutos, N. Rotella, C. and Scavuzzo, M. 2011. "Geomática aplicada a un Sistema de Alerta Temprana". A ser presentado en este congreso.
- [23] Petitcolin, F., Vermote, E., 2002. "Land surface reflectance, emissivity and temperature from MODIS middle and thermal infrared data". *Remote Sensing Environ*. 83, 112–134.

- [24] Phillips, S.J.; Anderson, R.P.; Schapire, R.E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions *Ecol. Model.* 2006, 190, 231-259.
- [25] Porcasi, X., S. S. Catalá, H. Hrellac, M. C. Scavuzzo, and D. E. Gorla. 2006. "Infestation of Rural Houses by *Triatoma Infestans* (Hemiptera: Reduviidae) in the Southern Area of Gran Chaco in Argentina". *Journal of Medical Entomology* 43:1060-1067
- [26] Reutter, B.A.; V. Helfer.; A. H. Hirzel & P. Vogel. 2003. Modelling habitat suitability using museum collections: an example with three sympatric *Apodemus* species from the Alps. *Journal of Biogeography* 30: 581-590.
- [27] Ricklefs. R. E. & D. Schluter, 1993. Species diversity in ecological communities: historical and geographical perspectives. University of Chicago Press, Chicago, IL.
- [28] Rueda, L.M, K. J. Patel, R. C. Axtell, y R. E. Stinner. 1990. "Temperature-Dependent Development and Survival Rates of *Culex quinquefasciatus* and *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae)". *Journal of medical entomology*.
- [29] Rushton, S. P.; S. J. Ormerod & G. Kerby. 2004. New paradigms for modelling species distributions?. *Journal of Applied Ecology* 41: 193–200.
- [30] Scavuzzo, M. ; M. A. Lanfri; C. Rotela; X. Porcasi; E. Estallo. 2007. Satellite image applied to epidemiology, the Experience of the Gulich institute in Argentina. "Space Technology for E-health Space technology-based tele-health project initiatives in Latin America and the Caribbean". UNOOSA. United Nations, New York.
- [31] Tatem, A. J., S. J. Goetz, S. I. Hay. 2004. "Terra and Aqua: new data for epidemiology and public health". *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*. 6:33-46.
- [32] Teixeira, J. & J. W. Arntzen. 2002. Potential impact of climate warming on the distribution of the Golden-striped salamander, *Chioglossa lusitanica*, on the Iberian Peninsula. *Biodiversity and Conservation* 11 (12): 2167-2176.
- [33] Tejerina E. F., F. F. Ludueña Almeida, W. R. Almirón. 2009. "Bionomics of *Aedes aegypti* sub-populations (diptera-culicidae) from Misiones province, northeastern Argentina". *Acta Tropica*. 45-49.
- [34] Vezzani Darío y Aníbal E. Carbajo, 2008. *Mem Inst Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro*, Vol. 103(1): 66-74, February 2008. *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, and Dengue in Argentina: current knowledge and future directions.
- [35] Watts D, Burke D, Harrison BA, Whitmire RE & Nisalak A (1987) Effect of temperature on the vector efficiency of *Aedes aegypti* for Dengue 2 virus. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 36, 143-152.
- [36] WHO, 1998. Dengue hemorrhagic fever. Diagnosis, treatment, prevention and control. World Health Organization, Ginebra, Suiza.
- [37] WHO, 2002. Dengue and Dengue hemorrhagic fever. World Health Organization, Ginebra, Suiza.
- [38] Woodward, F. I. & W. Cramer. 1996. Plant functional types and climatic change: Introduction. *Journal Vegetal Science* 7: 306- 308.

#### **Datos de Contacto:**

Sofía Lanfri. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [slanfri@conae.gov.ar](mailto:slanfri@conae.gov.ar)

Nicolás Frutos. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [nfrutos@gmail.com](mailto:nfrutos@gmail.com)

Ximena Porcasi. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [ximena.porcasi@conae.gov.ar](mailto:ximena.porcasi@conae.gov.ar)

Camilo Rotela. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [crotela@conae.gov.ar](mailto:crotela@conae.gov.ar)

Gonzalo Peralta. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [gperalta@conae.gov.ar](mailto:gperalta@conae.gov.ar)

De Elia Estefanía Aylén. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [deelia@gmail.com](mailto:deelia@gmail.com)

*Mario Alberto Lanfri. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [lamfri@conae.gov.ar](mailto:lamfri@conae.gov.ar)*

*Marcelo Scavuzzo. Instituto de Altos Estudios Espaciales Mario Gulich, Comisión Nacional de Actividades Espaciales. Centro Espacial Teófilo Tabanera, Ruta C45 km 8, Falda del Carmen (5187) Córdoba, Argentina. [scavuzzo@conae.gov.ar](mailto:scavuzzo@conae.gov.ar)*