

**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
ESCUELA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**Uso de modelamiento de nicho ecológico entre poblaciones de *R.ecuadoriensis*
infectadas y no infectadas con *T.cruzi*, en la provincia de Loja.**

Enfermedades Tropicales y Ecología espacial

**Disertación previa a la obtención del título de Licenciado (a) en Ciencias
Biológicas**

Diana Carolina Vásquez Páez

Quito, 2023

CERTIFICADO

Certifico que la Disertación de Licenciatura en Ciencias Biológicas de la Srta. Diana Carolina Vásconez Páez ha sido concluida de conformidad por las normas establecidas; por lo tanto, puede ser presentada para la calificación correspondiente.

César Yumiseva Marín MSc. SIG

Director de Disertación

Quito, 12 de marzo de 2023

DEDICATORIA

Este trabajo se lo dedico a DIOS, a los investigadores y todos aquellos que han estado batallando contra este mal. Me lo dedico a mí por la satisfacción de haberlo realizado.

AGRADECIMIENTO

La gratitud es una de las cualidades más nobles del ser humano.

Tengo mi gratitud infinita en DIOS, quien con sus preceptos me ha dado vida. Al ser mi energía y mi luz supo guiar y llenar mi corazón con su amor, quien cada día bendijo mis pasos para seguir firme mi camino, por llenarme espiritualmente y también rodearme de personas maravillosas, de oportunidades y lecciones que me hicieron fuerte, me dieron paz, tranquilidad y alegría. Finalmente, por enseñarme que la fe es el tesoro más grande que una persona puede tener.

A mis Hermanas:

Mis más grandes bendiciones. Fernanda y Estefanía (nachitas) mis compañeras incondicionales, gracias porque son el motivo de mi vida y de mis alegrías. Gracias por ser siempre mis compañeras de aventuras, la razón por la cual mis ojos brillan de orgullo, porque siempre serán mi ejemplo y los pilares más fuertes para apoyarme y nunca caer. Gracias porque cuando todo era negro usted encendían mi luz, tomaban de mi mano y juntas me dan fuerzas para no dejarme vencer, porque me demostraron que no hay cosa que no harían por verme bien. Crecer a su lado es más que un privilegio, es una aventura hermosa y divertida en la cual les elegiría una y mil veces. No imagino una vida sin ustedes, LES AMO.

A mi madre Clarita:

Mi mejor amiga y sobre todo mi maestra de vida. Le doy gracias por enseñarme lo que es ser una mujer fuerte, por enseñarme a combatir mis miedos y protegerme de ellos. Gracias por dedicarse a cuidarme y sobre todo por hacer de mí una mujer de bien, independiente y que a pesar de mis conductas siempre estuvo para guíame por el mejor camino, por ser quien me acurruca en sus brazos en mis días de tormenta. Madre querida,

gracias por cada acto de amor, desvele y sacrificio para que este bien. Porque sé que estoy en sus oraciones y quien desde un inicio me apoyó a cumplir mis sueños (Ser Bióloga).

A mi padre Omar:

Por hacernos saber que siempre seremos su más grande orgullo y felicidad.

Gracias a ambos por la oportunidad que me dieron de existir, crecer, jugar y estudiar. Por cada sacrificio que hicieron por vernos llegar lejos. Les agradezco tanto por la persona que fui, soy y seré.

A mis guardianes: Diara, Puchis, Nivot y Papita mis compañeros más fieles. Gracias por alegrarme con sus locuras, por caminar junto a mí sin importar el camino, por demostrarme que todos los días hay motivos de felicidad y que así pasen días sin vernos tengo alguien feliz que espera por verme.

A mi familia, en especial mis abuelitos, por todo su amor.

A Randy Cabezas

A la Flia. Jarrin Charro, por ser mi segundo hogar, gracias por abrirme las puertas de su hogar y su corazón, por brindarme su cariño. Gracias por su apoyo y ayuda, gracias por enseñarme a creer en un Dios vivo.

A mis amigos: Ya sea riéndonos, molestando, discutiendo, estresados o, de cualquier manera, gracias por las experiencias y recuerdos vividos.

A mí director Cesar Yumiseva y su esposa Anita Villacís, quienes más que unos guías catedráticos, fueron mis amigos que estuvieron presentes en cualquier momento de dificultad, gracias por su preocupación. A César en especial no me queda más que

agradecerle de todo corazón por compartir conmigo todos sus conocimientos, por toda su ayuda y amabilidad.

A mis Catedráticos: por darme su ejemplo profesional durante mi formación académica.

“Al recordarles de día y de noche en mis oraciones, siempre doy gracias a Dios por ustedes”.

TABLA DE CONTENIDO

CERTIFICADO.....	III
DEDICATORIA	IV
AGRADECIMIENTO	IV
TABLA DE CONTENIDO.....	VIII
LISTA DE FIGURA	IX
LISTA DE TABLAS.....	X
LISTA DE ANEXOS	XI
RESUMEN.....	1
ABSTRACT	2
1. INTRODUCCIÓN	3
1.1 ANTECEDENTES	3
1.1.1 <i>Acerca de la Enfermdad de Chagas (ECh)</i>	4
1.1.2 <i>A cerca del parásito</i>	5
1.1.3 <i>Modo de Transmisión.....</i>	5
1.2 OBJETIVOS	9
1.2.1 <i>Objetivo general.....</i>	9
1.2.2 <i>Objetivos especificos.....</i>	9
2. MARCO TEORICO	10
3. MATERIALES Y MÉTODOS	19
3.1 LOJA	19
3.2 SIG Y RECOLECCIÓN DE INFORMACIÓN DE LOCALIDADES....	20
3.2.1 <i>Extraída de capas (capas mundiales)</i>	20
3.3 QGIS	21
3.4 MAXENT	21
4. RESULTADOS	23
4.1 MODELAMIENTO Y MAPAS DE DISTRIBUCIÓN.....	24
5. DISCUSIÓN.....	31
6. SUGERENCIAS	34
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	35
FIGURAS.....	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
TABLAS.....	42
ANEXOS	46

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. LOCALIZACIÓN DE LA PROVINCIA DE LOJA Y SUS CANTONES --	20
FIGURA 2. LOCALIZACIÓN DE TODOS LOS CANTONES CON INDIVIDUOS DE R.ECUADORIENSIS NO INFECTADOS. -----	23
FIGURA 3. LOCALIZACIÓN DE TODOS LOS CANTONES CON INDIVIDUOS DE R.ECUADORIENSIS-----	24
FIGURA 4. GRÁFICO DE OMISIÓN INDIVIDUOS INFECTADOS.-----	25
FIGURA 5. GRÁFICO TASA DE OMISIÓN DE INDIVIDUOS NO INFECTADOS.--	26
FIGURA 6. GRÁFICO DE JACKKNIFE DE ANÁLISIS DE CONTRIBUCIÓN DE VARIABLES EN INDIVIDUOS INFECTADOS.-----	27
FIGURA 7. GRÁFICO DE JACKKNIFE DE ANÁLISIS DE CONTRIBUCIÓN DE VARIABLES EN INDIVIDUOS NO INFECTADOS.-----	28
FIGURA 8. SALIDA LOGÍSTICA, PROBABLE DISTRIBUCIÓN. MAPA DE LA POSIBLE DISTRIBUCIÓN DE <i>R.ECUADORIENSIS</i> INFECTADOS EN LOS CANTONES DE LOJA, BASADO EN VARIABLES CLIMÁTICAS DE LA PROVINCIA DE LOJA. -----	29
FIGURA 9. SALIDA LOGÍSTICA, PROBABLE DISTRIBUCIÓN. MAPA DE LA POSIBLE DISTRIBUCIÓN DE R.ECUADORIENSIS NO INFECTADOS EN LOS CANTONES DE LOJA, BASADO EN VARIABLES CLIMÁTICAS DE LA PROVINCIA DE LOJA. -----	30

LISTA DE TABLAS

TABLA 1. COORDENADAS DE LA PRESENCIA DE R.ECUADORIENSIS NO INFECTADOS EN LAS DISTINTAS LOCALIDADES DE LOJA-----	42
TABLA 2. COORDENADAS DE LA PRESENCIA DE R.ECUADORIENSIS INFECTADOS EN LAS DIFERENTES LOCALIDADES DE LOJA -----	44

LISTA DE ANEXOS

ANEXO 1. ABAD, F ET AL.,(2021). DIVERSIDAD FENOTIPICA EN
R.ECUDAORIENSIS (FOTOGRAFÍA). PARASITO Y VERCTORES. 14:195. ---46

ANEXO 2. VIVIENDAS CONSTRUIDAS CON MATERIAL DE ADOBE, TECHO DE
TEJA DONDE PUEDEN INFETAR LOS CHINCHORROS. -----46

ANEXO 3. PAGINA HTML DE MAXENT -----47

ANEXO 4. CORRIDA DE DATOS EN EL SOFTWARD MAXENT-----47

RESUMEN

La enfermedad de Chagas es una enfermedad causada por el parásito *Trypanosoma cruzi* y transmitida a los humanos por las heces de chinchorros (Triatominae). En su mayoría se encuentra en zonas del Conosur de América Latina (Colombia, Perú, Ecuador, Venezuela, Argentina, Brasil, entre otros). En Ecuador la ECh se reportó por primera vez en Manabí propagándose en más provincias como El Oro, Santa Elena, Guayas y Loja, provincias endémicas de la enfermedad. El objetivo de este trabajo fue comparar los modelos de uso de nicho ecológico entre poblaciones de *R.ecuadoriensis* infectados y no infectados con *T.cruzi* en la Provincia de Loja – Ecuador. Esta región es endémica de la enfermedad y se han reportado casos de contagio por la presencia del vector dentro de los domicilios y zonas cercanas. Se recopilaron 159 datos de coordenadas de *R.ecuadoriensis* con sus respectivos resultados parasitológicos. Se utilizó el algoritmo de máxima entropía (Maxent) para generar modelos y determinar la distribución potencial de estas poblaciones. En los modelos obtenidos se observaron distintas distribuciones; en poblaciones no infectadas, el rango de distribución es más amplio que el de las de poblaciones infectadas. Las variables bioclimáticas que contribuyeron en la modelación de nicho fueron para positivos: Bio2, Bio7, Bio18 y para negativos Bio2, Bio 4 y Bio7; los modelos de distribución muestran que los vectores tienen mayor preferencia a estas variables climáticas para su posible distribución futura. En el modelo positivo con un rango más corto que el modelo de distribución negativa.

Este estudio contribuyó a la identificación de los posibles rangos de distribución que podrían llegar a tener estos vectores infectados y no infectados con *T.cruzi*, además de mostrar las zonas de riesgo para la transmisión de la Enfermedad de Chagas.

PALABRAS CLAVE: Enfermedad de Chagas (ECh)/ Distribución potencial / Variables climáticas/ Maxent / Triatominae.

ABSTRACT

Chagas disease is a disease caused by the *Trypanosoma cruzi* parasite and transmitted to humans through the feces of Chinchorros (*Triatominae*). It is mostly found in areas of South Latin America (Colombia, Perú, Ecuador, Venezuela, Argentina, Brasil, another). In Ecuador, ECh was reported for the first time in Manabí spreading to more provinces such as El Oro, Santa Elena, Guayas y Loja, endemic provinces of the disease. The objective of this work was to compare the models of uses of ecological niches between populations of *R.ecuadoriensis* infected and not infected with *T.cruzi* in the Province of Loja - Ecuador. This region is endemic to disease and cases of infection have been reported due to the presence of the vector in homes and nearby areas. 159 coordinate data of *R.ecuadoriensis* were collected with their respective parasitological results. The maximum entropy algorithm (Maxent) was used to generate models and determine the potential distribution of these populations. Different distributions were observed in the models obtained; in uninfected populations, the distribution range is wider than that of infected populations. The bioclimatic variables that contributed to the niche modeling were for positives: Bio2, Bio7, Bio18 and for negatives Bio2, Bio 4 and Bio7; the distribution models show that the vectors have a greater preference for these climatic variables for their possible future distribution. In the positive model with a shorter range than the negative distribution model.

This study contributed to the identification of the possible ranges of distribution that these vectors infected and not infected with *T.cruzi*, in addition to showing the risk areas for the transmission of Chagas' disease.

KEY WORDS: Chagas disease / Potential distribution / Variables climatic/ Maxent / *Triatominae*.

1. INTRODUCCIÓN

1.1 ANTECEDENTES

Los parásitos representan más de la mitad de los organismos vivos y cerca del 10% viven a costa de organismos de vida libre. A través de una asociación simbiótica de huésped - parásito, uno (parásito) vive a expensas del otro (huésped), beneficiándose al tomar toda la energía o la necesaria para concluir su reproducción, mantener su supervivencia y aumentar la capacidad de esta (Morand, 2015). Esta relación le permite al parásito ampliar su capacidad de supervivencia utilizando especies con las que concluye sus necesidades vitales, pero como consecuencia va causando distintos tipos de daños (Olalla Herbosa & Tercero Gutiérrez, 2011). Las consecuencias de estos daños pueden llegar a ser evolutivas y ecológicas en cada huésped, como su modificación genética haciendo que el sistema inmune no resista la infección y a lo largo del tiempo, limite el crecimiento de toda su población o permita que lleguen a la extinción (Bordes et al., 2007).

Los parásitos tienen un mecanismo de interacción enfocado en la dependencia metabólica y evolutiva del hospedero, permitiéndole al parásito adquirir por convergencias adaptativas o por otros mecanismos información similar a la de sus hospederos (Olalla Herbosa & Tercero Gutiérrez, 2011), convirtiéndolos en mejores parásitos con la capacidad de coordinar su ciclo de vida con el del hospedero (Olalla Herbosa & Tercero Gutiérrez, 2011). Una vez dentro del cuerpo del huésped, son pocas las especies parásitas que causan afección, sin embargo, la mayoría han logrado desarrollar condiciones para eludir las respuestas de defensa del sistema inmunológico del huésped y así, manipularlos y utilizarlos para su beneficio (Adamson & Caira, 1994).

Mientras los beneficios se dan para el parásito, la tasa de morbimortalidad por infección parasitaria se incrementa en todo el mundo, debido a los contagios. Por ello, el conocer sobre su transmisión es de interés público (Pieter & Hoverman, 2012); además, conocer las circunstancias en donde se utilizan ciertos mecanismos u organismos vectores que facilitan la infección del organismo con el parásito, como en la enfermedad de Chagas (cuya transmisión vectorial se da a través de triatomíneos, los cuales transmiten el parásito *T.cruzi*) permiten generar acciones para evitar su transmisión. A principios del siglo XX, las enfermedades parasitarias han sido de interés mundial para la salud pública (NCBI, 2008). La malaria, fiebre amarilla, dengue y otras parasitosis son ejemplo de enfermedades transmitidas por vectores que han causado epidemias y que han afectado a millones de seres humanos y animales domésticos (NCBI, 2008). Estas enfermedades, para la OMS son consideradas como enfermedades infecciosas desatendidas u olvidadas (EID) que, por lo general, prevalecen con mayor riesgo en poblaciones que habitan zonas de escasos recursos debido a su limitado acceso a servicios básicos de la salud. No obstante, algunas como el Dengue, Zika, Chikungunya y Chagas afectan también a grandes centros urbanos, (Nieto-Sanchez et al., 2015) (Bonney, 2014)

1.1.1 Acerca de la Enfermedad de Chagas (ECh)

La enfermedad de Chagas (ECh) es una de las enfermedades más batalladas y conocidas por la OMS. Se sabe, que es una enfermedad enzoótica, nombrada en referencia a Carlos Chagas (Elliot et al., 2015) (Náquira & Cabrera, 2009), médico brasileño que observó al causante de la enfermedad, el *Trypanosoma cruzi*. Además, también describió información importante acerca del vector transmisor (chinchés) y, proporcionó información sobre los síntomas que se desencadenan en el paciente (Nieto-Sanchez et al., 2015). La ECh

es un gran problema de salud pública en América Latina, llegando a infectar de 8 a 9 millones de personas y en un país como Ecuador donde prevalece la enfermedad, 230000 personas estarían en riesgo (Nieto-Sanchez *et al.*, 2015).

1.1.2 Acerca del parásito

Trypanosoma cruzi es un organismo flagelado del orden Kinetoplastida de la familia Trypanosomatidae, es un parásito capaz de parasitar a toda clase de vertebrados (Ruiz, 2015) de esta manera puede contar con varios reservorios naturales. *T.cruzi*, tiene un ciclo de vida complejo (es un organismo bigenético) una parte de su ciclo de vida la realiza en el vector y otra en el mamífero. El parásito modifica su forma o aspecto morfológico al momento de estar en cada uno de los organismos infectados. Al encontrarse en el intestino anterior del vector está en estadio de epimastigote y viaja al intestino posterior transformándose en tripomastigote metacíclico; este tripomastigote es expulsado a través de las heces del vector cuando se está alimentando de un mamífero (Carrada Bravo, 2004). La reacción de rascarnos, que es provocada por su picadura, hace que el parásito entre al organismo y viaje por el torrente sanguíneo en estadio de tripomastigote invadiendo a células nucleadas; dentro de las células nucleadas sufre un proceso de diferenciación y se transforma en amastigote (que es una fase en la cual se multiplican hasta que las células colapsen), nuevamente se vuelven a diferenciar en tripomastigote metacíclico para romper la membrana celular y continuar la infección (Cevallos & Hernández, 2012).

1.1.3 Modo de Transmisión

La transmisión de *T.cruzi* por parte del vector se da a través de su defecación, sus heces están contaminadas con el parásito. Cuando el vector pica para alimentarse de la sangre

del hospedero (humano) este se llena de sangre y luego defeca muy cerca a la herida, posteriormente cuando el individuo se rasca, puede contaminar la herida con las heces infectadas y permitir que el parásito ingrese a través de esa vía hacia el interior del cuerpo del individuo (Vidal-Acosta et al., 2000). Sin embargo, el parásito también puede transmitirse por transfusiones de sangre, trasplante de órganos, transmisión placentaria de madre a hijo como documentó Carlos Chagas y oralmente, si se ingiere de manera accidental al vector (Hernández Sarmiento & Carrera Vargas, 2006) (Pereira & Pérez, 2003).

1.1.4 El vector de Enfermedad de Chagas, distribución y nichos.

Los chinches o triatominos son los vectores transmisores de la Enfermedad de Chagas. Pertenecen a la Familia Reduviidae, del orden de los Hemípteras (Cazorla Perfetti, 2016). Las 151 especies descritas dentro de este orden tienen una alimentación hematófaga, excepcionalmente algunas otras especies se alimentan de otros invertebrados (Sornoza, 2016). Su desarrollo, se da por metamorfosis hemimetábola (incompleta), presentando fases de huevo y de ninfas con cinco estadios juveniles y adultos. Son organismos de larga vida dependiendo de la especie, ya que algunas aproximadamente viven 15 meses (Pereira & Pérez, 2003) y llegan a tener dos generaciones o una generación en un año y su hábito, es generalmente nocturno (Padilla, 2016).

En cuanto a su distribución, los triatominos ocupan zonas de rango climático amplio, desde climas lluviosos hasta cálidos tropicales y subtropicales a lo largo de toda América Latina. Son pocas las especies que están presentes en el resto de los continentes, pero se observa, que tienen una capacidad de colonización muy alta (Padilla, 2016).

En Ecuador, la diversidad de triatomíneos actualmente reportada es de 16 especies y 7 de ellas, tienen el mayor potencial de transmisión de *T. cruzi* en 18 de las 24 provincias del Ecuador. *Triatoma dimidiata* y *Rhodnius ecuadoriensis* se consideran como los principales vectores transmisores, sin embargo, el género *Panstrongylus* también está reportado en el país. Estos vectores son considerados como secundarios, ya que han aumentado drásticamente su invasión en zonas humanas, (Villacís *et al.*, 2020). Todos estos son vectores que en Ecuador se encuentran también en la Provincia de Manabí y Región Andina Sur como Loja (Villacís *et al.*, 2020) (Padilla, 2016).

El sur de la provincia de Loja muestra una prevalencia de *T. cruzi* del 3.6% y la presencia de triatomíneos en domicilios es de cerca del 34.8% (Nieto-Sanchez *et al.*, 2015). El vector que más fácilmente llega a invadir y colonizar casas o estructuras peridomésticas, en Loja es *R. ecuadoriensis* (Sornoza, 2016). Cuba Cuba *et al.*, 2002, presenta a *R. ecuadoriensis* como una especie que no tiene un ecotopo verdadero ya que se evidencia la presencia de esta especie en distintos sustratos como palmeras, cactus, troncos huecos, nidos, entre otros. Teniendo al parecer sustratos solo-temporales.

Aún es difícil conocer sobre la ecología, comportamiento y su distribución de *R. ecuadoriensis* en el ecosistema. No obstante, el nicho ecológico ocupado por este organismo contiene características ecológicas en base a su posición y amplitud, lo que nos permite explicar el uso de recursos para subsistir (Britton & Andreou, 2016).

Un factor importante para establecer nichos ecológicos de vectores es la disponibilidad de recursos alimenticios. Por ello, muchos vectores responden dependiendo de la distribución de recursos, pero también, a especies a las que puedan verse expuestos

como competidores, depredadores u otros (Britton & Andreou, 2016). Sin embargo, no solo por ello los vectores pueden cambiar su hábitat o alterar su búsqueda de recursos, sino también por la manipulación del huésped, dada por la infección parasitaria de un patógeno (Labaude et al., 2015). Este es un fenómeno que genera consecuencias tanto en la dinámica de la población hospedante como en la ingeniería del ecosistema, ya que, debido a la infección por parásitos, estos inducen una alteración fenotípica en sus huéspedes, afectando su comportamiento para que los lleve a ocupar nuevos nichos ecológicos (Labaude *et al.*, 2015).

Aquellos huéspedes infectados desarrollan propiedades que los separan de su nicho central, dividiendo a la población en dos subunidades, una de individuos infectados y otra de individuos no infectados, generando así una posible segregación ecológica. Al hacer que el vector se separe del nicho central, se están generando cambios micro ecológicos en su ambiente y de paso, evitando que maximicen su amplitud de nicho (Villalobos *et al.*, 2019), por lo que se espera que las predicciones de modelamiento de uso de nichos ocupados por vectores infectados sea más restringido que aquellos nichos de los vectores que no poseen el parásito y no sufren alteraciones que les obliguen a desplazarse y separarse de su nicho central, en busca de recursos diferentes.

En la actualidad, conocer sobre las distribuciones tanto actuales y predecir las futuras posibles zonas de distribución de triatominos, nos permitirá continuar con la realización de modelos de uso de nicho y de transmisión vectorial para gestionar la mejora en el control vectorial y prevención de la enfermedad de Chagas (Moo Llanes et al., 2013).

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo general

Comparar el uso de nicho ecológico entre poblaciones de *R.ecuadoriensis* infectados y no infectados con *T.cruzi* en la Provincia de Loja.

1.2.2 Objetivos específicos

1. Crear los modelos de uso de nicho ecológico ocupado por poblaciones de *R.ecuadoriensis* infectados y no infectados por *T.cruzi*, en la provincia de Loja.
2. Comparar los modelos de uso de nicho ecológico de poblaciones de *R.ecuadoriensis* infectadas y no infectadas con *T. cruzi*.
3. Recomendar en base a la generación de estos modelos, el delineamiento de estrategias de control vectorial apoyadas en los resultados obtenidos.

2. MARCO TEÓRICO

El hablar de áreas de distribución, se refiere a un concepto importante en la ciencia. Es la zona habitada o la que nos permite registrar y observar conjuntos de poblaciones que ocupan un punto en el mapa geográfico (Silva López & Abarca Arenas, 2009). No solo es definir el lugar, si no aquella forma en que la especie está relacionada con su ecosistema y que no necesariamente los hallazgos o registros de un individuo en varios kilómetros se pueden establecer como parte de su distribución (Maciel Mata *et al.*, 2015).

Debido a factores que afectan la presencia o ausencia de especies, la distribución llega bien a expandirse o contraerse a lo largo del tiempo. Los factores pueden ser: biológicos, ecológicos y biogeográficos; por ende, no hay área de distribución exacta gracias a la dinámica que tienen las poblaciones y la manera en cómo están sometidas a condiciones bióticas y abióticas a lo largo de su distribución (Maciel Mata *et al.*, 2015).

Las especies, para ir estableciéndose en cada área van adaptando su fisiología por procesos evolutivos, de tal manera que continúen presentes en ciertos lugares. Aquellas adaptaciones les permiten adquirir una tolerancia ambiental como respuesta a los cambios en su hábitat, lo que podría limitar su distribución (Nakadai *et al.*, 2021). La Teoría clásica de MacArthur, propone que las especies restringen su distribución por factores físicos y por factores abióticos como: especies competidoras, depredadores, patógenos, disponibilidad de recursos, dinámica poblacional y factores de ambientes bióticos que facilitan obtener con más precisión la localización de especies en el espacio (Maciel Mata *et al.*, 2015) (López, 2007). Maciel Mata *et al.*, 2015 proponen que los individuos son mayormente abundantes

con respecto a su posición más próxima al centroide del nicho (punto donde la media de las distintas variables o factores que determinan la presencia de una especie, se relacionan).

El término nicho, también juega un papel importante en la distribución y ecología de las especies, la definición moderna de nicho se establece basándose a las ideas de Hutchinson, quien define al nicho como un hipervolumen multidimensional donde se concentra un conjunto de condiciones bióticas y abióticas sobre las cuáles las especies tienen capacidad para seguir presentes y mantener un tamaño poblacional estable. Dentro del término nicho se pueden distinguir un nicho fundamental y nicho realizado (De la Vega & Schilman, 2015). Nicho fundamental se refiere a las condiciones abióticas adecuadas que presenta un sitio y donde puede vivir una especie, por lo tanto, la presencia de ésta podrá ser tan amplia como el nicho fundamental lo sea (De la Vega, 2016).

Por otra parte, el nicho realizado, es la combinación de las condiciones que un ambiente ya tiene y sus interacciones biológicas; cuando hay ausencia de una especie por un desplazamiento al interactuar con otra, está actuando el nicho realizado (Maciel Mata *et al.*, 2015). En conjunto, esto evitaría que las áreas sean ocupadas en su totalidad por las especies, incluso por aquellas que fisiológicamente están aptas para tolerar las condiciones que presentan esas áreas (López, 2007). La diversa gama de cambios y condiciones que puede producirse en los sitios hace que las especies no tengan una estabilidad fisiológica para sobrevivir y reproducirse en todas las variantes ambientales, solamente hacen que la población de especies esté en constante desafío para mantener su equilibrio. Y como se mencionó, muchas lo pueden lograr gracias a la evolución fisiológica para ir adaptándose a distintas condiciones presentes en los gradientes geográficos (De la Vega, 2016).

La distribución de especies, los factores que afectan al ecosistema, los cambios en las condiciones del nicho que involucran a las poblaciones y más, son patrones que nos permiten conocer zonas que ocupan o pueden llegar a ocupar las especies (Yumiseva Marín, 2014). Por ello, la relación entre nicho – espacio permitió desarrollar el “Modelamiento de nichos ecológicos (MNE) o de distribución de las especies (MND)”. Se comenzó por primera vez a trabajar con modelos teóricos a finales de los años 70, mediante la definición de nicho en términos de la distribución espacial, y a partir de los 80, se generan aproximaciones con carácter predictivo en distintos niveles de distribución (especie, comunidad, etc.) (Costa *et al.*, 2002). Así lo muestra Box (1981) estableciendo un modelo global para la predicción de la distribución de los biomas (Mateo *et al.*, 2011).

Actualmente, se continúa con la masiva utilización de los Sistemas de Información Geográfica (SIG) para el manejo de la información y que permiten además analizar los patrones espaciales de distribución de presencia y ausencia de especies (Mateo *et al.*, 2011) y con mayor disponibilidad y manejo de bases de datos grandes, se genera y representa cartográficamente (De la Vega & Schilman, 2015) la relación entre la distribución de una especie y todo un conjunto de variables indicadoras del espacio en el que puede estar presente el individuo. Se puede ir reconstruyendo o generando una predicción geográfica de la especie en marcos espaciales y temporales (De la Vega & Schilman, 2015), de tal manera que los SIG y los Modelos de distribución espacial (MDE) van ofreciendo muchos propósitos en ecología, biogeografía de especies y conservación de estas (Elith *et al.*, 2011).

Maxent (Máxima entropía) es un software de modelamiento que mantiene un buen rendimiento desde el año 2004 hasta la actualidad y ha sido muy utilizado para generar y

estimar con gran precisión una diversidad de modelos probabilísticos de distribución potencial con distintos objetivos como, las expediciones de especies acuáticas que resultan muy prometedoras. Tal es el caso del estudio presentado por (Ibarra Montoya *et al.*, 2012) quienes utilizaron Maxent para predecir la distribución de *Microcystis* en una presa hidroeléctrica. Desarrollaron 100 modelos de predicción independiente y de ellos escogieron los 10 mejores a partir de los 20 modelos con el 10% menos de error; de allí, salieron los 10 modelos más cercanos de la zona donde la presencia de la especie estaba predicha. Se obtuvo el 90% de predicción de la distribución potencial de *Microcystis*, y compararon los resultados de Maxent con los de GARP (Genetic Algorithm for Rule-Set Predicción). Los resultados de GARP dieron datos sobreestimados lo que deja a Maxent como un método de mejor desempeño predictivo (Ibarra Montoya *et al.*, 2012).

Maxent estima las distribuciones trabajando bajo un algoritmo de distribución de probabilidad de máxima entropía que muestra la relación de dos conjuntos de datos: los registros de la posición de una especie en un sistema de coordenadas espaciales distintas a las que se encuentra y las variables físicas, químicas y biológicas que determinan la ubicación particular de la especie, todas las variables están en un conjunto de datos tipo “ráster” (cuadrícula que contiene un valor de información en cada celda) y puede generar resultados diferentes de una corrida a la siguiente a pesar de usar la misma entrada de datos (Ibarra-Montoya *et al.*, 2012).

En el estudio de (De la Vega & Schilman, 2015) realizado sobre distribución de insectos, se expone que son organismos ideales por tener una distribución geográfica amplia y se puede trabajar bajo distintos niveles de organización: poblacional e individual, pero sus límites de distribución son explicados mediante las limitaciones fisiológicas que les impiden

tener condiciones óptimas y obtener éxito competitivo con otros organismos. La fisiología contribuye a mejorar las predicciones de distribución actual y futura de las especies frente a cambios en sus nichos. A su vez, las predicciones tienen importancia económica, principalmente sobre estudios de modelamiento de distribución de insectos invasores, plagas o vectores de enfermedades que afectan a la sociedad (De la Vega & Schilman, 2015).

Por ejemplo, en Argentina, *Triatoma infestans* y *Rhodnius prolixus* son vectores de la enfermedad de Chagas con los cuales (De la Vega & Schilman, 2015) estudiaron acerca de los extremos de tolerancia térmica y como su rango de tolerancia determina los efectos en la distribución y en la fisiología de estas especies (Modone, 2016). Además, mencionan que los cambios ambientales no sólo maximizan la ocupación de espacios, sino que también ejercen un aumento en la tasa metabólica, el uso de recursos y alimentación, por ejemplo, insectos hematófagos parasitados, que con un cambio en la temperatura aumentan la frecuencia de picado y, por ende, aumenta la transmisión de enfermedades (De la Vega & Schilman, 2015). También, en el caso de vectores selváticos como los triatominos (Grijalva *et al.*, 2014), presenta que el hábitat de estos, estaría influenciado por la estructura del paisaje y su evolución, sean estos naturales o antropogénicos, de tal manera que al producirse modificaciones como éstas, va aumentando el contacto entre la vida silvestre y doméstica, o entre vectores y huéspedes, que en el caso de darse con transmisibilidad parasitaria con *T.cruzi*, cualquier factor que modifique el estilo de vida del huésped puede afectar la dinámica de transmisión del parásito y correr el riesgo de que haya modificaciones de los perfiles epidemiológicos de los ciclos de transmisión y en consecuencia, en los patrones de aparición o reemergencia de enfermedades.

A nivel mundial este tipo de situaciones como enfermedades transmitidas por vectores, representan más del 17% de todas las enfermedades infecciosas y causan aproximadamente un millón de muertes en el mundo (Padilla *et al.*, 2017). La enfermedad de Chagas por su transmisión vectorial por triatominos, en el mundo registra entre 6 y 7 millones de personas enfermas (Modone, 2016). De estos vectores, existen 137 especies y han llegado a habitar y distribuirse en distintas zonas mayormente en el continente americano (Vaca Moyano *et al.*, 2017); algunas especies de *Triatoma spp* se registran en África, Asia y Australia; en la India únicamente se conoce el género *Linshcosteus*. Habitan principalmente zonas tropicales y subtropicales entre 100 y 1800 m de altura (Minoli S, 2004) y dependiendo del país reportado tienen distintos nombres: pitos (Colombia), chipos (Venezuela), barbeiros (Brasil), chinches, chinchones (Perú) y chinchorros, guaros y chinches caballo en Ecuador en el cual, la situación epidemiológica del mal de Chagas según el Ministerio de Salud Pública, en los últimos tres años (2018 – 2020) se han confirmado 280 casos totales de pacientes con Chagas, 42 casos de Chagas agudo y 238 casos de Chagas crónico (Ministerio de Salud, 2015) (Hernández Sarmiento & Carrera Vargas, 2006). En cuanto a su prevalencia en las regiones son: sierra del 0,65%, costa 1,99% y Amazonía 1,75% (Vaca Moyano *et al.*, 2017).

Debido a las apariciones epidemiológicas de casos de Chagas, se estudia la dinámica que tienen los triatominos para distribuirse. El estudio de (Grijalva *et al.*, 2014) explica que la presencia de triatominos tiene relación con la presencia de roedores y que cualquier cambio en la cobertura del suelo o vegetación afecta la presencia de los roedores y, por lo tanto, también la de triatominos asociados. Esto permite que la enfermedad se siga propagando a otros lugares.

La enfermedad de Chagas en Ecuador se reportó por primera vez en Manabí en épocas preincaicas y fue propagándose en más provincias como El Oro, Santa Elena, Guayas y Loja (Vaca Moyano *et al.*, 2017) convirtiendo estas zonas en endémicas para la enfermedad. Debido a la facilidad que tienen los insectos vectores para distribuirse, estos pueden sobrevivir y reproducirse en todo tipo de espacios buscando las mejores condiciones de hábitat y facilidad de recursos. Estos vectores llegan a habitar hasta zonas peridomiciliarias (ambiente que rodea las viviendas incluyendo nidos en arbustos y madrigueras) y domiciliarias, llegando a estas a partir de una vida selvática y en consecuencia haciendo más efectiva la transmisión del parásito a humanos y animales domésticos (Villacís *et al.*, 2020)

En cuanto a los triatomíneos selváticos, por lo general estos se encuentran en madrigueras y nidos de aves (Villacís, n.d.), y comprender la evolución y bases genéticas de los rasgos que les hacen habitar estas zonas ayudaría en mejorar el control y determinar el potencial epidémico del vector. Algunas respuestas de los cambios genéticos pueden relacionarse con la alimentación, desarrollo y reproducción; los factores ecológicos impulsan la dispersión de triatomíneos para continuar colonizando nichos cercanos. Un factor limitante con *R. ecuadoriensis* es la elevación, evitando ésta, la presencia de otras especies (Hernández Castro, 2022). De esta especie, existen poblaciones silvestres y domésticas que se originaron por un flujo de genes. (Hernández Castro, 2022) menciona que *R. ecuadoriensis* es un vector endémico de gran importancia en Ecuador; es el vector primario en valles interandinos de Loja y el Oro y secundario en zonas costeras como Manabí. A comparación de otras especies, según lo que evidenció este autor, se identificaron diferentes tamaños entre individuos que se encontraron en domicilios y los encontrados en la parte selvática, tal es el caso de *R. ecuadoriensis* que se encontró en el domicilio y mostró tamaños

pequeños (10-14mm) referente al proceso de domesticación (Fernández, 2018); Según el estudio de (Hernández Castro, 2022) se recolectaron varios individuos a través de gradientes ecológicos en Loja y muestran que frecuentemente invaden casas en zonas selváticas del sur de Ecuador, cubriendo la mayor parte de su territorio y dando a Loja una seroprevalencia del 5,2%. Aquellas viviendas en donde hay presencia de gallinas, palomas y otros animales domésticos son un factor importante, ya que estos individuos facilitan recursos alimenticios y refugio a los vectores, por lo que se podrían establecer en poblaciones cercanas al humano (Hernández Sarmiento & Carrera Vargas, 2006).

Sin importar el complejo ciclo de vida de *T. cruzi*, que incluye diferentes formas morfológicas, más de 150 vertebrados pueden contener el parásito y como principal reservorio se considera a la zarigüeya común (*Didelphis marsupialis*), en donde se le es fácil al parásito continuar su ciclo de vida gracias a la dispersión, infección y contacto con triatominos (Yumiseva Marín, 2014).

El género *Trypanosoma* es un grupo monofilético existente hace 680 millones de años, su nombre proviene del griego *trypaō* (taladro) y *soma* (cuerpo), este género cuenta con distintas especies patógenas para el humano como *Trypanosoma gambiense* y *Trypanosoma rhodesiense* agentes de la Enfermedad del sueño (Pereira & Pérez, 2003). Sin embargo, algunos autores afirman que la especie *T. cruzi* se diferenció de otros Tripanosomas hace 475 millones de años y además que evolucionó en dos linajes y el segundo subgrupo es nativo de América del Sur y el primero tiene una introducción reciente a Sudamérica por el Plioceno. Su epidemiología predomina en ciclo doméstico y el linaje 2 en ciclo selvático (Anónimo, 2012). El conocer la causa de su parasitología mediante especiación es complejo y por ello, se ha recurrido a la localización geográfica, el desarrollo

en el vector, capacidad patógena, caracteres morfológicos y morfométricos (como longitud total y del flagelo, posición del núcleo y complejo kinetoplástico, etc) y en la actualidad a métodos isoenzimáticos e inmunológicos (Castillo & Wolff, 2000).

T. cruzi causa etapas de infección como la aguda (cuya duración se estima entre 6 – 8 semanas y cuyos síntomas la hacen parecida a una gripe). No obstante, aunque no se hace presente en todos los casos, también se produce el Síndrome de Romaña (lesión cutánea alrededor de los ojos) al comenzar la infección del parásito. La fase crónica se vuelve más peligrosa pues la detección del parásito en la sangre es más difícil (Ministerio de Salud, 2015).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos de campo para este estudio de vectores asociados la enfermedad de Chagas, fueron recolectados entre los años 2005 – 2011 y 2014 – 2015 en la provincia de Loja obtenidos, a través del trabajo de campo realizado en los años mencionados por el CISEAL (Centro de Investigación para la salud en América Latina).

Finalmente, y luego de un detallado control de calidad de los datos se obtuvo muestras de 27 localidades de la provincia de Loja, de donde se extrajo la información solamente de la especie *R. ecuadoriensis*. La cual se resume a 18 localidades en la provincia de Loja.

3.1 LOJA

La Provincia de Loja está ubicada al extremo Sur de la cordillera oriental de los Andes, limitando al Norte con Azuay y El Oro y al Sur con el país de Perú (**Figura 1**). Su latitud está en los 04° y cuenta con una superficie de 11 065,59 Km² (Eguez, 2019) que representa el 4% del país. Administrativamente consta de 16 cantones y 78 parroquias rurales y toda esta región presenta varios microclimas debido a la variedad de temperaturas que oscilan entre los 13°C - 24°C y también la variación de precipitación ya que su media anual es de 950 mm, pero fluctúa entre un 40% – 250% de la precipitación (OEA, 1994). Los recursos naturales de la región están en un estado avanzado de degradación que causa la alteración de ecosistemas. Presenta una formación natural con Matorral Seco Montañoso con arbustos de espinas y cactáceas. La mayoría de su población ocupa estas zonas naturales o rurales y solo una tercera parte reside en la ciudad de Loja. Las viviendas de la población

rural tienen una construcción a base de adobe, piso de tierra y techos de teja (Grijalva et al., 2005). (Anexo 2).

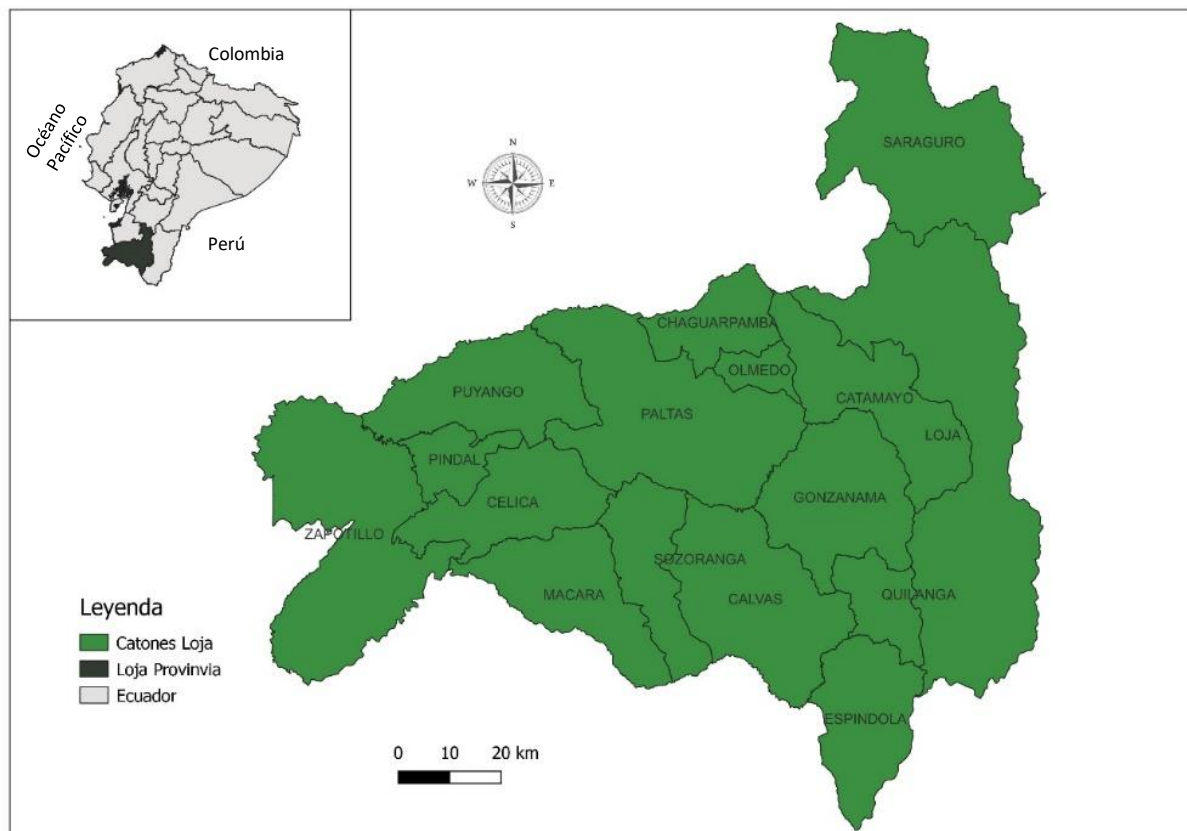


Figura 1. Localización de la provincia de Loja y sus cantones

3.2 SIG Y RECOLECCIÓN DE INFORMACIÓN DE LOCALIDADES

3.2.1 Extracción de capas (capas mundiales)

Las imágenes climáticas se obtuvieron de la página de Worldclim (versión 2.1) lanzada en el 2020. Es un sitio que reúne datos climáticos a nivel mundial, da imágenes climáticas en una resolución de 1km². Los datos son muy útiles para la creación de mapas y modelamiento Bajo Sistemas de Información Geográfica (SIG) y utiliza el sistema de coordenadas WGS 1984 EPSG: 4326. Además, los datos que ofrece contienen información de 19 variables bioclimáticas derivadas de los valores mensuales de temperatura y precipitación

que representan tendencias anuales (temperatura media anual, precipitación anual) y factores ambientales extremos o limitantes (temperatura del mes más cálido y frío, etc.)

3.3 QGIS

Se descargaron las 19 capas de variables climáticas de Worldclim para realizar el modelado. Sin embargo, las capas necesitan de un procesamiento ya que las capas tienen información del todo el planeta, por lo tanto, se requiere generar un corte de los límites de la zona a estudiar. El corte se realizó con el software QGIS (versión 3.14).

Se cargaron las capas Bioclimáticas (19) y los límites de la zona a estudiar (Loja) guardándola como capa de máscara. Una vez obtenida la capa ráster del polígono de estudio usamos la herramienta “cortar ráster por capa de máscara” para recortar cada capa de Bioclim. Finalmente, para el modelamiento se convierten y utilizan los datos en formato ASCII, por lo que se realizó la transformación de capas climáticas mediante “conversión” de formato Tiff a formato ASCII.

3.4 MAXENT

Una vez listas las imágenes climáticas (Bio) y la base de datos de coordenadas de las localidades donde se encontraron los individuos en sus formatos correspondientes (ASCII y CVS) estos fueron ingresados en el software Maxent para que comience el análisis. Para obtener los mapas de modelación y observar las potenciales áreas de distribución de *R. ecuadoriensis* en base a los parámetros ambientales de la provincia de Loja. Se obtiene, además, en formato

html el resto de información que nos proporciona el análisis con las respectivas curvas, imágenes y gráficas. Finalmente, para tener una mejor representación de los plots del modelado que nos proyectó Maxent, cargamos los mapas en QGIS colocándole una banda de colores y muestre una resolución más fina.

4. RESULTADOS

Se obtuvieron, posterior a la depuración de datos, 159 pares de coordenadas de *R. ecuadoriensis* correspondientes a 27 comunidades pertenecientes a 8 cantones de Loja (Calvas, Catamayo, Célica, Espíndola, Gonzanamá, Paltas, Puyango y Quilanga). Las coordenadas se tomaron de todas las viviendas que incluyeron infestación domiciliar y peridomiciliar y además se incluyó infestaciones selváticas. De igual manera, luego de la depuración de los resultados de diagnóstico molecular, estos arrojaron un total de 105 individuos con diagnóstico negativo (sin *T. cruzi*) (**Figura 2**) y 54 con diagnóstico positivo parasitados con *T. cruzi*, *T. rangeli* y con ambos parásitos (**Figura 3**). A partir de estos datos se trabajó en el modelamiento de nichos ecológicos en Maxent.

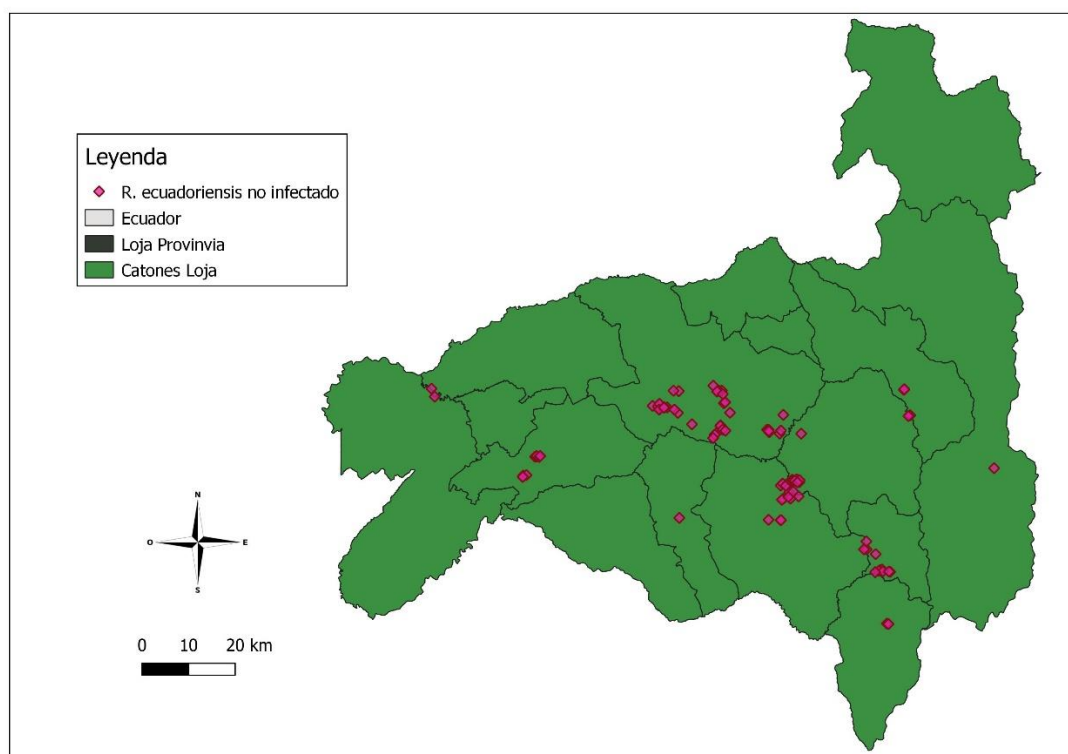


Figura 2. Localización de todos los cantones con individuos de *R. ecuadoriensis* no infectados.

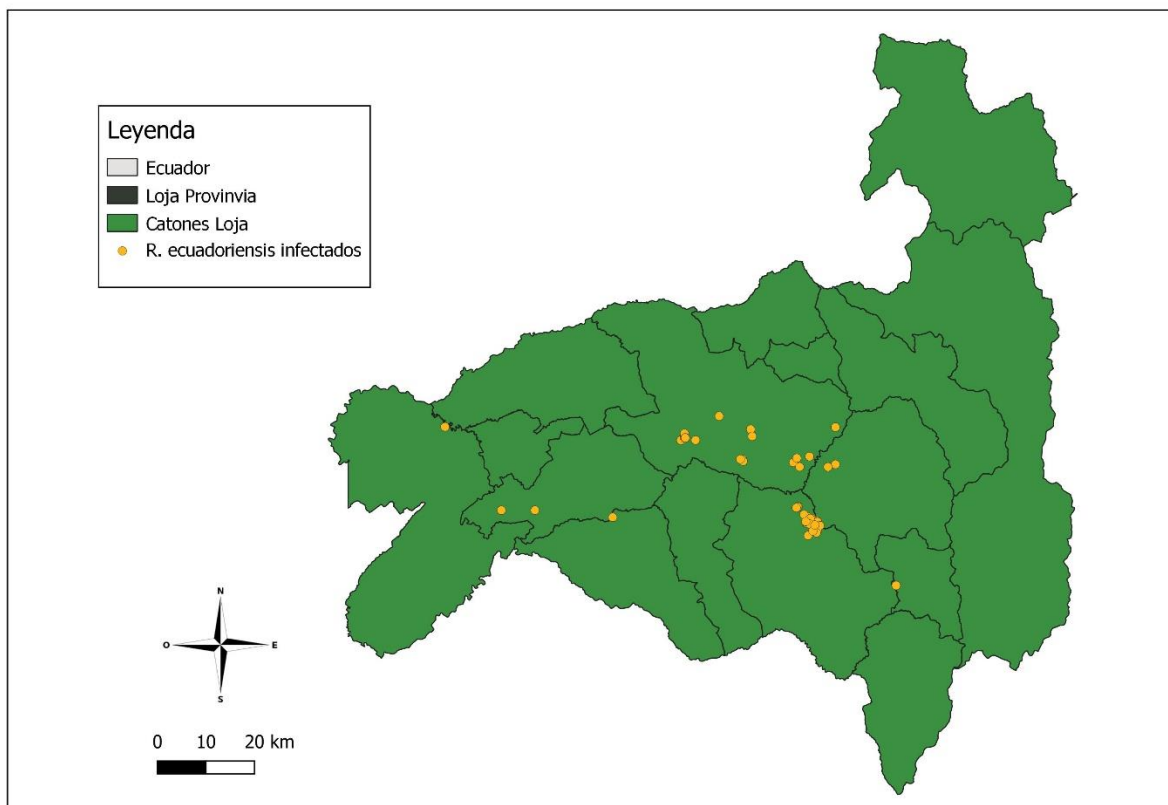


Figura 3. Localización de todos los cantones con individuos de *R. ecuadoriensis* infectados.

4.1 Modelamiento y mapas de distribución

Al seleccionar las variables climáticas para la construcción del modelo de distribución se descartaron las variables correspondientes a temperaturas medias (Bio8, 9, 10 y 11) por ser el promedio de variables límite de la temperatura máxima y mínima, por ende, al final se seleccionaron solo 16 capas Bioclimáticas y con estas, se realizó el modelamiento en Maxent, usando regresión Logística como el tipo de salida más utilizada; esta salida es una aproximación a la verdadera probabilidad de presencia de la especie, suponiendo que se asignan valores a los pixeles observados (Lira *et al.*, 2014).

Los mapas generados, muestran la distribución proyectada de los individuos con diagnóstico positivo y negativo. Para ambos, las tasas de omisión y el área predicha en función del umbral acumulativo son cercanas y mientras más cerca se encuentre del umbral, nos muestra la eficiencia del modelo. El umbral nos muestra el área bajo la curva de ROC que es idónea y cual no es idónea de los supuestos del modelo. Los resultados de Receiver Operating Characteristic (ROC) que es una métrica que nos permite evaluar la idoneidad o rendimiento del modelo, que tan bueno puede distinguir que describen la tasa de identificación correcta de presencia contra la tasa de falsas alarmas; indicaron que los dos modelos son idóneos, ya que el respectivo valor del cálculo del área bajo la curva (AUC) es de 0.927 y 0.957, en base a la interpretación de AUC por Araujo *et al.*, 2005; mientras ambas curvas se sitúen lo más juntas posible, mejor es el ajuste del modelo, lo que indicaría que no habría ningún error de omisión (**Figura 4 y 5**).

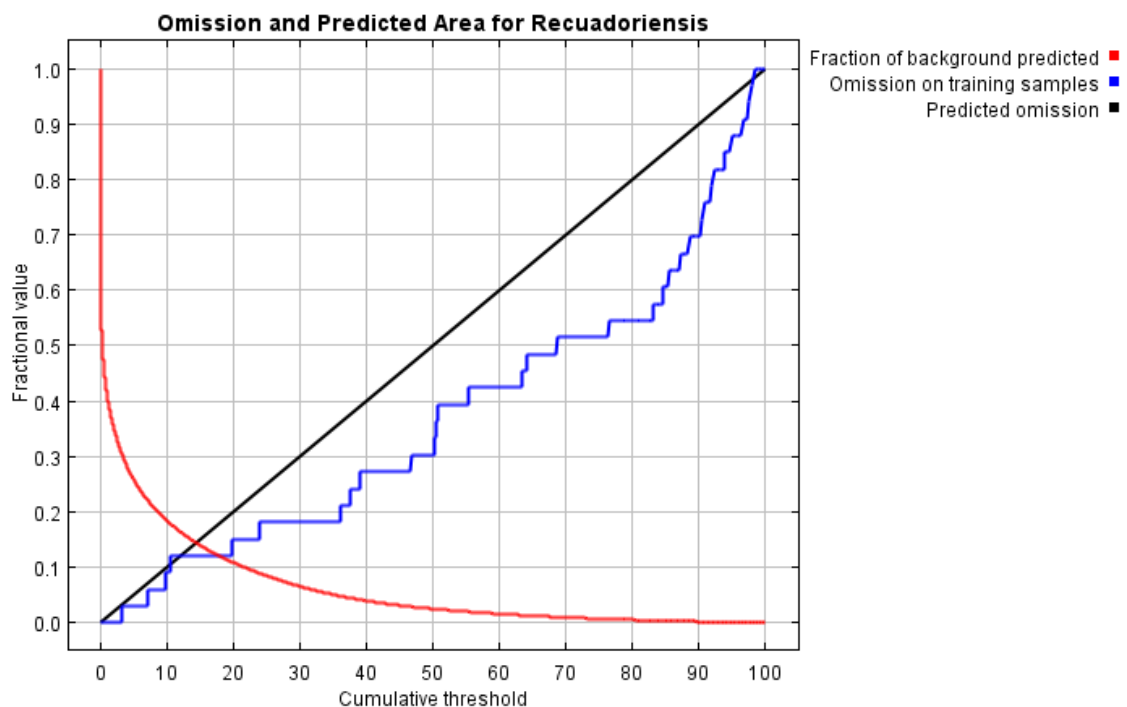


Figura 4. Gráfico de Omisión individuos infectados.

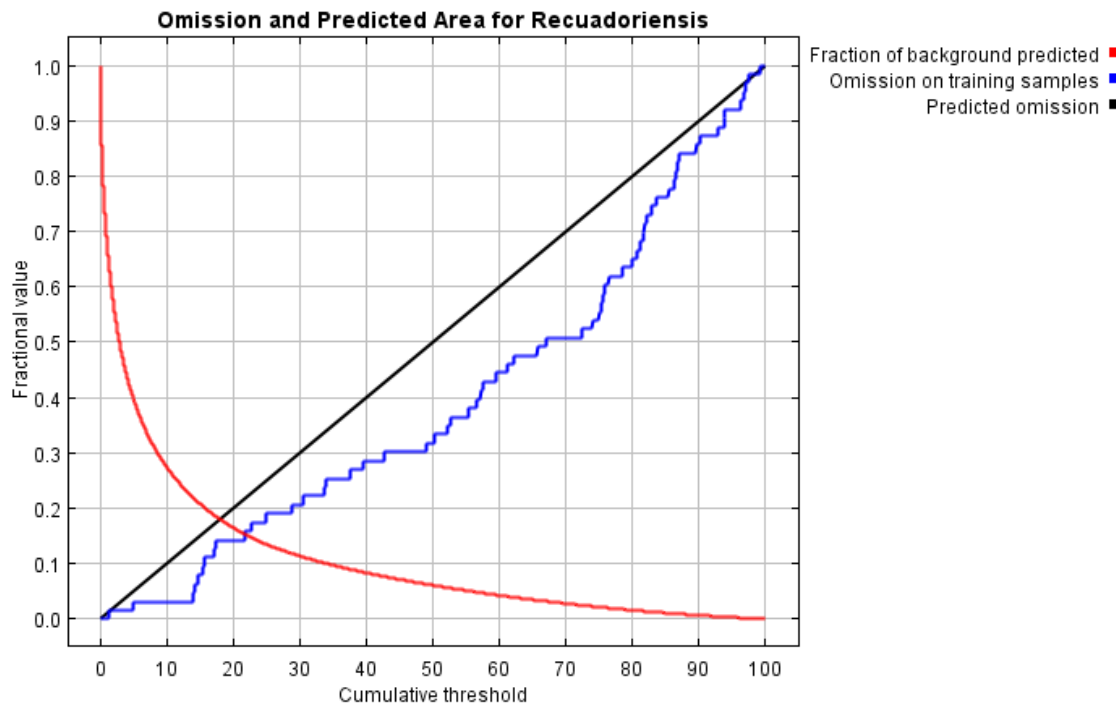


Figura 5. Gráfico tasa de Omisión de individuos no infectados.

La interpretación de la prueba de Jackknife se basa en tomar muestras diferentes de las muestras dadas y hace una estimación de un parámetro de cada una de ellas, luego relaciona todas las estimaciones obteniendo un nuevo estimador con mejores propiedades de la inicial, es decir, un remuestreo (Valencia & Mesa, 2009). El análisis de Jackknife permitió calcular la importancia de las variables en el modelamiento, se determinó que las variables con mayor porcentaje de contribución para modelar la distribución positiva de *R. ecuadoriensis* en la provincia de Loja fueron: el intervalo medio diario (Bio2: 48.6%), rango anual de temperatura (Bio7: 14.7%), precipitación del trimestre más cálido (mm) (Bio18: 8.4%), precipitación del mes más seco (mm) (Bio14: 6.1%), precipitación del trimestre más húmedo (mm) (Bio16: 5.3%), estacionalidad de la temperatura (Bio4: 4.9%), temperatura máxima del mes más cálido (Bio5: 3.4%) y precipitación anual (mm) (Bio12: 2.6%) (**Figura 6**).

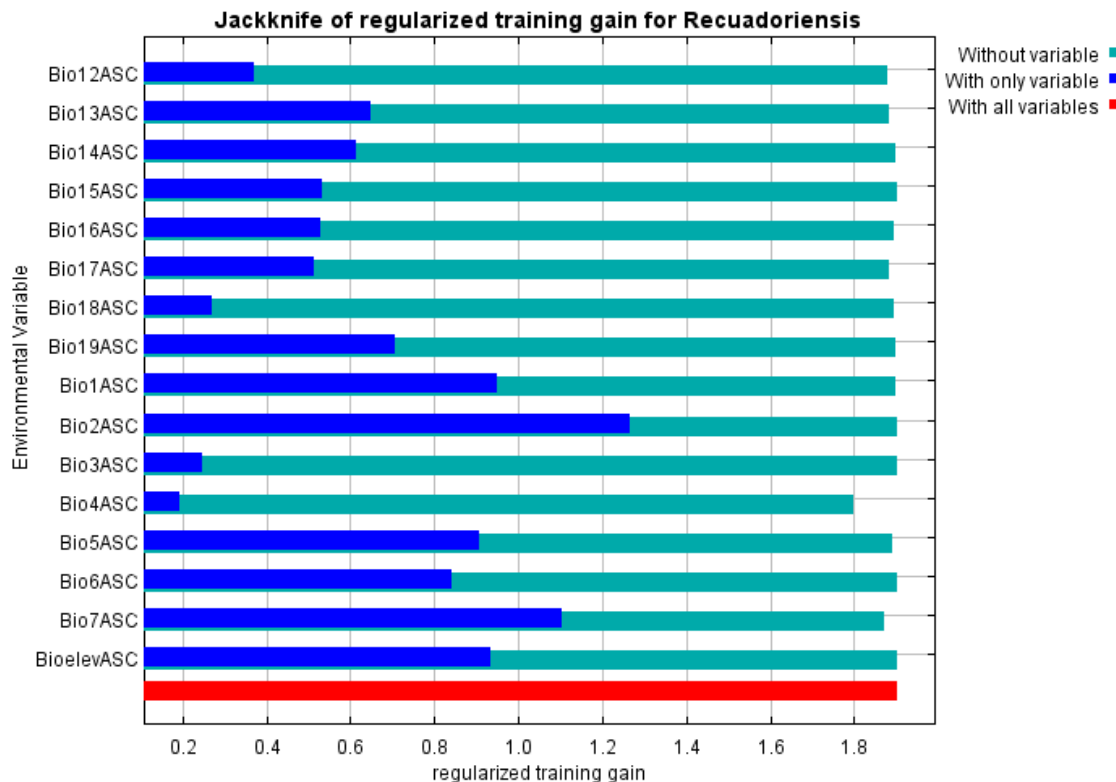


Figura 6. Gráfico de Jackknife de análisis de contribución de variables en individuos infectados.

Para el modelo de distribución negativa de igual manera, la contribución más alta de las variables al modelo fueron en el siguiente orden: el intervalo medio diurno (Bio2: 63.9.7%), la precipitación anual (mm) (Bio12: 7.4%, estacionalidad de la temperatura (Bio4: 5.4%), rango anual de la temperatura (Bio7: 5.3%), precipitación del trimestre más cálido (mm) (Bio18: 4.9%), precipitación del trimestre más frío (mm) (Bio19: 4.7%) y precipitación del mes más seco (mm) (Bio14: 3.6%) (**Figura 7**), mientras que las demás variables en ambos casos están por debajo del 2%. El factor de mayor importancia para ambos casos son el intervalo medio diurno y media mensual (temperatura máxima – temperatura mínima).



Figura 7. Gráfico de Jackknife de análisis de contribución de variables en individuos no infectados.

Las **Figuras 8 y 9**, a través de los colores se refleja la probabilidad de presencia de las poblaciones de triatomíneos en donde las condiciones son adecuadas. Tras la gama de colores de rojo a azul que se indican en los modelos realizados, la representación bajo los colores rojizos indica los sitios de mayor intensidad de presencia del vector es así, que para el modelo positivo de *R. ecuadoriensis* (**Figura 8**) vemos que las condiciones adecuadas predichas como altamente probable abarca la mayor parte de los cantones de Paltas, Gonzanamá y Calvas. En el modelo negativo (**Figura 9**) la intensidad de los colores más rojizos comprende lugares como Paltas, Sozoranga, Calvas, Gonzanamá, Quilanga y

Espíndola.

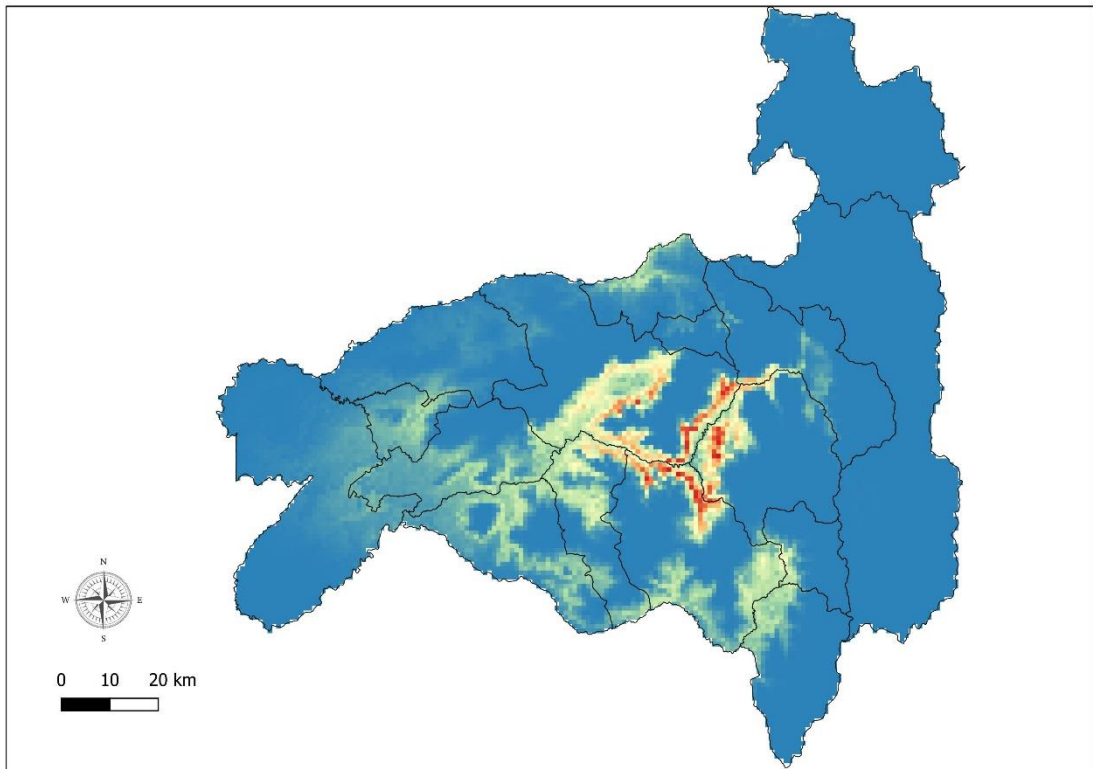


Figura 8. Salida Logística, probable distribución. Mapa de la posible distribución de *R. ecuadoriensis* infectados en los cantones de Loja, basado en variables climáticas de la provincia de Loja.

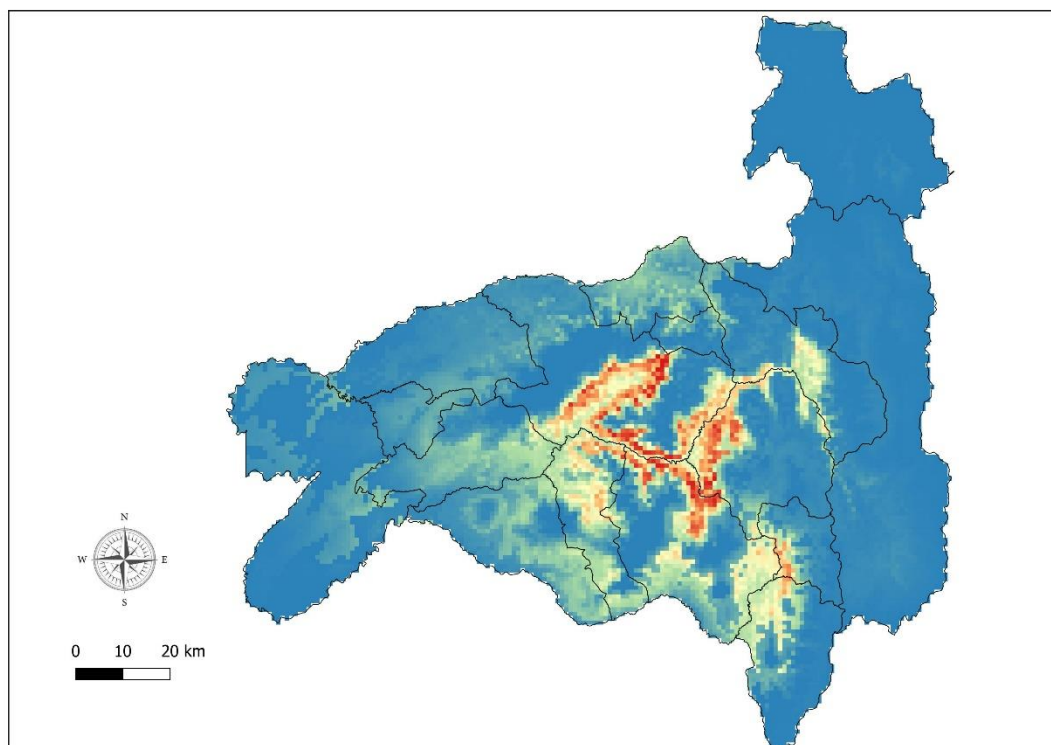


Figura 9. Salida Logística, probable distribución. Mapa de la posible distribución de *R. ecuadoriensis* no infectados en los cantones de Loja, basado en variables climáticas de la provincia de Loja.

5. DISCUSIÓN

En este estudio, utilizamos Maxent para modelar la distribución de nichos de triatominos en Loja que estaban en dos situaciones, triatominos no infectados con *T. cruzi* y triatominos infectados con *T. cruzi*. A su vez, tomamos en cuenta las variables ambientales de la provincia, con los resultados obtenidos de Maxent, nos permitió tener una mejor idea de las distribuciones predictivas del nicho del vector de esta investigación; comprobando que los vectores infectados presentan un rango de distribución más restringida que aquellos que no estaban infectados, el resultado se puede verificar y explicar también gracias a la literatura que propone: “que los parásitos pueden perturbar y promover el nicho de sus vectores” (Villalobos *et al.*, 2019), por alteraciones en el comportamiento y/o la morfología del vector. Una de las posibles alteraciones fisiológicas que se tomó en cuenta para explicar las diferencias las distribuciones (**Figura 8 y 9**), es la de una diferencia en la preferencia alimenticia de infectados y no infectados pues probablemente, los vectores infectados estarían obligados a buscar rápidamente la manera de saciar su apetito voraz en presar cercanas.

Otro de los puntos tomados en cuenta para entender la diferencia de sus nichos son las condiciones climáticas. Utilizamos las variables climáticas de Wordclim como otro factor considerable en los cambios de distribución del insecto y de muchas otras especies, en este caso, los chichorros pueden responder rápidamente a los cambios ambientales que influyen en sus ciclos biológicos. Un ejemplo es *T. infestans*, cual muestra tener una reacción al cambio de temperatura; la temperatura más cálida acelera el desarrollo embrionario, por lo tanto, indican que las generaciones por año se adicionarían más y necesitarían de más nichos para establecerse (Costa *et al.*, 2014).

En este trabajo los resultados con respecto a las variables climáticas utilizadas en ambos modelos (**Figura 8 y 9**) están asociados principalmente al intervalo medio diurno (Bio2) (Vangansbeke *et al.*, 2015), que recalca que los organismos ectotérmicos van evolucionando en ambientes fluctuantes de temperatura y, por lo tanto, van adaptándose a los cambios de temperatura diurna. El no tener una periodicidad diurna de actividad y descanso puede afectar algunas reacciones en el metabolismo considerándose, que la demanda de gasto de energía podría ser mayor durante el día, que durante la noche debido a su baja actividad.

La variación de climas crea microambientes en los que se puede promover el establecimiento de recursos u otros nuevos constituyentes favorables o perjudiciales para las especies que puede establecerse. Un caso de SDM en Chile, para el triatomino *Mepraia spinolai* asociado a la precipitación (Bio12), ésta variable climática generó un microambiente excesivamente húmedo que fue perjudicial para esta especie, pues la humedad, aumentó el crecimiento de hongos entopatógenos; estos cambios podrían disminuir la aptitud del vector como menciona (Garrido *et al.*, 2019). Sin embargo, sugieren que la precipitación no es una variable que estaría relacionada con la presencia de *M. spinolai*, ya que la lluvia ayuda a la productividad de vegetación y esto sería un efecto positivo para que abunden especies de roedores anfitriones de *M. spinolai* y le favorecería en los parámetros demográficos a la población de vectores (Garrido *et al.*, 2019).

La precipitación en los resultados de Jackknife (**Figura 7**) de este estudio, muestra ser positiva y una de los principales aportadores en el SMD de *R. ecuadoriensis* no infectados, por lo tanto, podríamos apoyar lo antes mencionado y conforme con su preferencia alimenticia este grupo negativo podría distribuirse en más sectores y nuevos nichos por la búsqueda de alimento sin el apuro de saciar su hambre, así tendría un rango de distribución

mayor. Por otro lado, en los resultados para SDM infectados (**Figura 6**), la precipitación no es una variable de gran efecto en su distribución.

Finalmente, podemos concordar con (Villalobos *et al.*, 2019) que estos puntos (preferencia alimenticia y temperatura) son factores que pueden determinar la distribución de triatominos y nichos.

6. SUGERENCIAS

En base a los resultados recogidos en la presente investigación y al aporte bibliográfico de esta tesis, se pone a consideración del lector y la comunidad educativa apoyarse de los resultados obtenidos para delinear posibles estrategias de control vectorial contra la Enfermedad de Chagas y planificar mejorías en la higiene y construcción de viviendas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adamson, M & Caira, J. (1994). Evolutionary factors influencing the nature of parasite specificity. *Parasitology*, *109*(S1).
<https://doi.org/10.1017/S0031182000085103>
- Anonimo. (2012). *Tripanosoma*. <https://ri.ues.edu.sv/id/eprint/1524/1/13100160.pdf>
- Bonney, K. (2014). Chagas disease in the 21st Century: a public health success or an emerging threat? *Parasite*, *21*. <https://doi.org/10.1051/parasite/2014012>
- Bordes, F, Blumstein, D & Morand, S. (2007). Rodent sociality and parasite diversity. *Biology Letters*, *3*(6). <https://doi.org/10.1098/rsbl.2007.0393>
- Britton, J & Andreou, D. (2016). Parasitism as a Driver of Trophic Niche Specialisation. In *Trends in Parasitology* (Vol. 32, Issue 6, pp. 437–445). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2016.02.007>
- Carrada Bravo, T. (2004). Trypanosoma cruzi: Historia natural y diagnóstico de la enfermedad de Chagas. In *Rev Mex Patol Clin* (Vol. 51, Issue 4).
- Castillo, D & Wolff, M. (2000). Aspectos del comportamiento de los triatominos (Hemiptera: Reduviidae), vectores de la enfermedad de Chagas. *Redalyc*, *20*, 59–64.
- Cazorla Perfetti, D. (2016). *Revision Of The Vectors Of Chagas Disease In Venezuela (Hemiptera-Heteroptera, Reduviidae, Triatominae)*. *28*, 387–470.
- Cevallos, A & Hernández, R. (2012). *Trypanosoma cruzi y la enfermedad de Chagas (tripanosomiasis americana)*.
- Costa, J *et al.*, (2014). Distributional potential of the *Triatoma brasiliensis* species complex at present and under scenarios of future climate conditions. *Parasites & Vectors*, *7*(1), 238. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-7-238>

- Costa, J *et al.*, (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).
<https://doi.org/10.4269/ajtmh.2002.67.516>
- Cuba Cuba, C *et al.*, (2002). The Triatomines of Northern Peru, with Emphasis on the Ecology and Infection by Trypanosomes of *Rhodnius ecuadoriensis* (Triatominae). *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 97(2).
<https://doi.org/10.1590/S0074-02762002000200005>
- De la Vega, G & Schilman, P. (2015). La importancia de la fisiología en la distribución geográfica de los insectos The importance of physiology on insect geographical distribution. *Revista de La Sociedad Entomológica Argentina*, 74(4), 101–108.
- De la Vega, J. (2016). *Bases fisiológicas de la distribución de triatomínicos vectores de la enfermedad de Chagas*.
http://hdl.handle.net/20.500.12110/tesis_n5973_DelaVega
- Eguez, R. (2019). LOJA. In *Plan de Desarrollo y ordenamiento territorial del la Provincia de Loja* .
- Elith, J *et al.*, (2011). A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Diversity and Distributions*, 17(1), 43–57. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x>
- Elliot, S *et al.*, (2015). Trypanosoma cruzi, Etiological Agent of Chagas Disease, Is Virulent to Its Triatomine Vector *Rhodnius prolixus* in a Temperature-Dependent Manner. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 9(3).
<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003646>

- Garrido, R *et al.*, (2019). Potential impact of climate change on the geographical distribution of two wild vectors of Chagas disease in Chile: *Mepraia spinolai* and *Mepraia gajardoi*. *Parasites & Vectors*, 12(1), 478.
<https://doi.org/10.1186/s13071-019-3744-9>
- Grijalva, M *et al.*, (2005). High Household Infestation Rates by Synanthropic Vectors of Chagas Disease in Southern Ecuador. *Journal of Medical Entomology*, 42(1), 68–74. <https://doi.org/10.1093/jmedent/42.1.68>
- Grijalva, M *et al.*, (2014). Dynamics of Sylvatic Chagas Disease Vectors in Coastal Ecuador Is Driven by Changes in Land Cover. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(6), e2960. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002960>
- Hernandez Castro, L. (2022). Population genomics and geographic dispersal in Chagas disease vectors: Landscape drivers and evidence of possible adaptation to the domestic setting. *PLOS Genetics*, 18(2), e1010019.
<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010019>
- Hernández Sarmiento, M & Carrera Vargas, C. (2006). Modelo de estudio para el conocimiento del índice de infestación por triatominos y seroprevalencia de anticuerpos contra la enfermedad de Chagas. *Medicina UPB*.
- Ibarra-Montoya, J *et al.*, (2012). Uso del modelado de nicho ecológico como una herramienta para predecir la distribución potencial de *Microcystis* sp (cianobacteria) en la Presa Hidroeléctrica de Aguamilpa, Nayarit, México. *Ambiente e Agua - An Interdisciplinary Journal of Applied Science*, 7(1), 218–234. <https://doi.org/10.4136/ambi-agua.607>
- Labaude, S, Rigaud, T & Cézilly, F. (2015). Host manipulation in the face of environmental changes: Ecological consequences. *International Journal for*

Parasitology: Parasites and Wildlife, 4(3), 442–451.

<https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2015.08.001>

Lira, A *et al.*, (2014). *Nichos y Areas de distribucion* .

<https://sites.google.com/site/nichesandareasofdistribution/la-calibracion-del-modelo/maxent>

Lopez A. (2007). *Descripción y caracterización de nichos ecológicos: una visión más cuantitativa del espacio ambiental*.

<https://ciimat.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1008/87/2/TE%20244.pdf>

Maciel Mata, C *et al.*, (2015). Geographical distribution of the species: a concept review. *Acta Universitaria*, 25(2), 3–19. <https://doi.org/10.15174/au.2015.690>

Mateo, R, Felicísimo, A & Muñoz, J. (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. *Revista de Geografía Norte Grande*, 48, 61–79. <https://doi.org/10.4067/S0718-34022011000100005>

Ministerio de Salud. (2015). *Subsistema De Vigilancia Sive-Alerta Enfermedades*.

<https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>

Minoli, S. (2004). *Caracterización de hábitats naturales de triatominos (Heteroptera: Reduviidae): influencia de la temperatura, la humedad relativa y la luz en su distribución espacial*.

Modone, P. (2016). *Biogeografía de los insectos vectores de la enfermedad de Chagas: influencia de las variables ambientales sobre la distribución de los triatominos en América* [Universidad Nacional de La Plata].

<https://doi.org/10.35537/10915/52775>

- Morand, S. (2015). (macro-) Evolutionary ecology of parasite diversity: From determinants of parasite species richness to host diversification. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 4(1).
<https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2015.01.001>
- Nakadai, R *et al.*, (2021). Fundamental resource specialization of herbivorous butterflies decreases towards lower latitudes. *Journal of Biogeography*, 48(10), 2524–2537. <https://doi.org/10.1111/jbi.14218>
- Náquira, C & Cabrera, R. (2009). Breve Reseña Histórica De La Enfermedad De Chagas, A Cien Años De Su Descubrimiento Y Situación Actual En El Perú Short Review Of Chagas Disease History After A Century Of Its Discovery And The Current Situation In Peru. In *Rev Peru Med Exp Salud Publica* (Vol. 26, Issue 4).
- Nieto-Sanchez, C *et al.*, (2015). Positive deviance study to inform a Chagas disease control program in southern Ecuador. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 110(3), 299–309. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140472>
- OEA. (1994). *Plan Integral de Desarrollo de los Recursos Hídricos de la Provincia de Loja*. <https://www.oas.org/dsd/publications/Unit/oea02s/ch11.htm>
- Olalla Herbosa, R & Tercero Gutiérrez, M. J. (2011). Parasitosis comunes internas y externas. Consejos desde la oficina de farmacia. *Offarm*, 30(4), 33–39.
<http://www.elsevier.es/es-revista-offarm-4-articulo-parasitosis-comunes-internas-externas-consejos-X0212047X11247484>
- Padilla, F. (2016). *Ciclo de vida, hábitos de alimentación y defecación de Triatoma carrioni (Larrouse, 1926) pertenecientes a la provincia de Loja, bajo condiciones controladas de laboratorio.*

http://repositorio.puce.edu.ec/bitstream/handle/22000/10386/tesis_Ciclo_vida_habitos_ali_def_T_carrioni_2016_AP.pdf?sequence=1&isAllowed=y

- Padilla, J *et al.*, (2017). Epidemiología de las principales enfermedades transmitidas por vectores en Colombia, 1990-2016. *Biomédica*, 37, 27.
<https://doi.org/10.7705/biomedica.v37i0.3769>
- Pereira, A & Pérez, M. (2003). Tripanosomosis. Enfermedad de Chagas y enfermedad del sueño. *Elsevier*, 22, 104–111.
- Pieter, J & Hoverman, J. (2012). Parasite diversity and coinfection determine pathogen infection success and host fitness. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(23). <https://doi.org/10.1073/pnas.1201790109>
- Ruiz F. (2015). *Epidemiología De La Enfermedad De Chagas*.
- Silva López, G & Abarca Arenas, L. (2009). *Distribución geográfica de las especies animales*. <https://www.uv.mx/cienciahombre/Revistae/Vol22num3/Articulos/Distribucion/Index.Html>.
- Sornoza, K. (2016). “*Ecología Molecular De Triatoma Dimidiata En La Comunidad De Progreso, Provincia Del Guayas: Genética Poblacional, Infección Por Trypanosoma Cruzi Y Genotipificación Del Parásito*”. Universidad de Guayaquil .
- Vaca Moyano, F *et al.*, (2017). Actualización de la distribución geográfica de *Triatoma dispar* (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) en Ecuador. *Revista Colombiana de Entomología*, 43(2), 255.
<https://doi.org/10.25100/socolen.v43i2.5952>
- Valencia, E & Mesa, F. (2009). *Técnica de Jackknife y estimadores en un modelo lineal*. XV(0122–1701), 285–290.

- Vangansbeke, D *et al.*, (2015). Diurnal Temperature Variations Affect Development of a Herbivorous Arthropod Pest and its Predators. *PLOS ONE*, 10(4), e0124898. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0124898>
- Vidal-Acosta, V *et al.*, (2000). Infección natural de chinches Triatominae con *Trypanosoma cruzi* asociadas a la vivienda humana en México. In *Salud Publica Mex* (Vol. 42).
- Villacis, A. (n.d.). *Diversidad De Triatominos En El Ecuador*. Retrieved April 13, 2022, from <https://cisealpuce.edu.ec/noticias/342-diversidad-de-triatominos-en-el-ecuador.html>
- Villacís, A *et al.*, (2020). Chagas vectors *Panstrongylus chinai* (Del Ponte, 1929) and *Panstrongylus howardi* (Neiva, 1911): Chromatic forms or true species? *Parasites and Vectors*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04097-z>
- Villalobos, G *et al.*, (2019). A reduction in ecological niche for *Trypanosoma cruzi*-infected triatomine bugs. *Parasites and Vectors*, 12(1). <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3489-5>
- Yumiseva Marín, C.(2014). *UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO Colegio de Posgrados MODELAMIENTO PREDICTIVO DE DISTRIBUCIÓN DE *Rhodnius ecuadoriensis*, Vector principal de la enfermedad de Chagas en Ecuador*

TABLAS

Tabla 1. Coordenadas de la presencia de *R. ecuadoriensis* no infectados en las distintas localidades de Loja

Especie	X	Y	Localidad
R. ecuadoriensis	-80.074	-4.17422	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-80.072	-4.17405	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-80.071	-4.17398	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-80.071	-4.17271	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-80.066	-4.17472	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-80.064	-4.1726	Algarrobillo
R. ecuadoriensis	-79.72917	-4.03695	Ashimingo
R. ecuadoriensis	-79.7949	-4.2922	Ardanza
R. ecuadoriensis	-79.59912	-4.29646	Ardanza
R. ecuadoriensis	-79.59816	-4.29648	Ardanza
R. ecuadoriensis	-79.83492	-4.0819	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.84663	-4.07593	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.83631	-4.07744	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.83261	-4.07256	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.81843	-4.07901	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.80437	-4.08315	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.79755	-4.0894	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.62522	-4.12194	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.62194	-4.12217	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.62097	-4.12689	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.62188	-4.12437	Coamine
R. ecuadoriensis	-80.097	-4.21055	La Cienega
R. ecuadoriensis	-80.09066	-4.20959	La Cienega
R. ecuadoriensis	-80.09777	-4.21305	La Cienega
R. ecuadoriensis	-79.41506	-4.36211	La Cienega
R. ecuadoriensis	-176.086	-4.19623	La Cienega
R. ecuadoriensis	-79.5879	-4.23133	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.5952	-4.22602	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-80.09777	-4.21305	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.5821	-4.24246	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59877	-4.22967	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59478	-4.2261	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.58903	-4.23004	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.36019	-4.04486	La Extensa
R. ecuadoriensis	-79.36065	-4.0449	La Extensa
R. ecuadoriensis	-79.35965	-4.04369	La Extensa
R. ecuadoriensis	-79.57772	-4.2526	Guara
R. ecuadoriensis	-79.57978	-4.25432	Guara

R. ecuadoriensis	-79.59404	-4.25549	Guara
R. ecuadoriensis	-79.58007	-4.25499	Guara
R. ecuadoriensis	-79.43272	-4.35309	Galapagos
R. ecuadoriensis	-79.43313	-4.33758	Galapagos
R. ecuadoriensis	-79.43784	-4.35293	Galapagos
R. ecuadoriensis	-79.77036	-4.11153	Higuinda
R. ecuadoriensis	-79.34827	-4.09424	El Huayco
R. ecuadoriensis	-79.6223	-4.29593	Jacapo
R. ecuadoriensis	-79.79601	-4.04735	El Limon
R. ecuadoriensis	-79.80624	-4.04674	El Limon
R. ecuadoriensis	-80.2743	-4.04268	Mangahurquillo
R. ecuadoriensis	-80.26807	-4.05806	Mangahurquillo
R. ecuadoriensis	-79.70702	-4.06891	Naranjo Dulce
R. ecuadoriensis	-79.70876	-4.07076	Naranjo Dulce
R. ecuadoriensis	-79.70607	-4.06902	Naranjo Dulce
R. ecuadoriensis	-79.34903	-4.09385	San Jacinto
R. ecuadoriensis	-79.34825	-3.09428	San Jacinto
R. ecuadoriensis	-79.35176	-4.0956	San Jacinto
R. ecuadoriensis	-79.40589	-4.39236	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.40246	-4.39191	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.38689	-4.39642	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.40902	-4.39438	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.40117	-4.39549	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.416	-4.39696	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.38939	-4.3958	Santa Rosa
R. ecuadoriensis	-79.55907	-4.12963	Santa Ester
R. ecuadoriensis	-79.82349	-4.07903	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.80437	-4.08315	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.83364	-4.07211	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.83401	-4.08321	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82347	-4.07904	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82487	-4.07941	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.72942	-4.13785	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.72635	-4.13146	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.72238	-4.12786	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.72635	-4.13146	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.72942	-4.13785	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.60071	-4.1294	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.59833	-4.12357	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.39346	-4.49634	Tundurama
R. ecuadoriensis	-79.39026	-4.49714	Tundurama
R. ecuadoriensis	-79.5642	-4.25072	Guara
R. ecuadoriensis	-79.59645	-4.25722	Guara
R. ecuadoriensis	-79.58398	-4.2516	Guara
R. ecuadoriensis	-79.57483	-4.24121	Guara

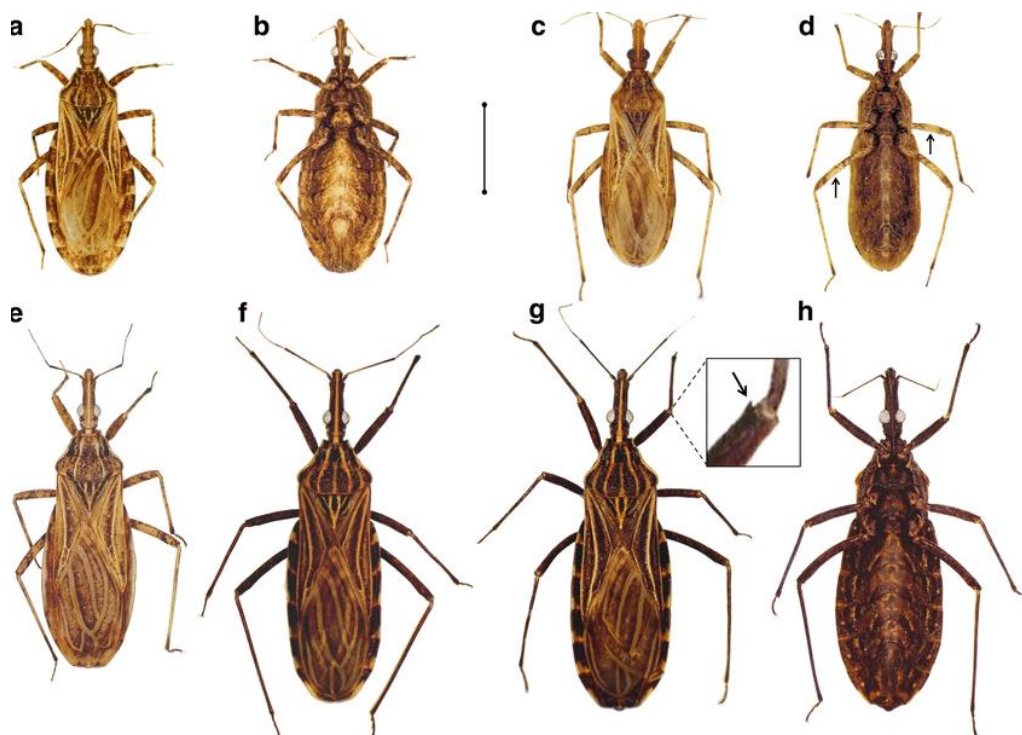
R. ecuadoriensis	-79.71269	-4.04643	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-79.71766	-4.04704	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-79.71943	-4.046	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-79.72182	-4.04834	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-79.72183	-4.04834	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-79.71087	-4.05314	Tamarindos
R. ecuadoriensis	-7.958,000	-4.2207	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.56638	-4.21856	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-70.57637	-4.21864	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.57647	-4.21908	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.57486	-4.21968	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.56822	-4.21781	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.57162	-4.22043	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.56268	-4.22323	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.56222	-4.21942	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.5667	-4.22384	Naranjillo
R. ecuadoriensis	-79.71518	-4.11358	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.71539	-4.11469	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.71123	-4.12178	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.70579	-4.12394	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.69686	-4.08918	Tuburo
R. ecuadoriensis	-79.5938	-4.0933	Vega del Carmen

Tabla 2. Coordenadas de la presencia de *R. ecuadoriensis* infectados en las diferentes localidades de Loja

Especie	X	Y	Localidad
R. ecuadoriensis	-79.61397	-4.20661	Bella Maria
R. ecuadoriensis	-79.61521	-4.20781	Bella Maria
R. ecuadoriensis	-79.61702	-4.20856	Bella Maria
R. ecuadoriensis	-79.61497	-4.20742	Bella Maria
R. ecuadoriensis	-79.61714	-4.20873	Bella Maria
R. ecuadoriensis	-79.83171	-4.0833	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.825	-4.0793	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82496	-4.07936	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82333	-4.07853	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82333	-4.07854	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82349	-4.07903	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82487	-4.07095	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82333	-4.07854	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.82347	-4.07904	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.80437	-4.08315	Bramaderos
R. ecuadoriensis	-79.59625	-4.2253	Chaquizhca

R. ecuadoriensis	-79.9583	-4.2264	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59852	-4.23695	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.57805	-4.23488	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.57847	-4.23339	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59412	-4.23111	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.57805	-4.23488	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.58814	-4.22865	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.58555	-4.23817	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.603	-4.22151	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.58189	-4.24135	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.58665	-4.23156	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.57805	-4.23488	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59148	-4.22875	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.59273	-4.2388	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.5999	-4.23435	Chaquizhca
R. ecuadoriensis	-79.54454	-4.12815	Chirimoyos
R. ecuadoriensis	-79.6226	-4.1246	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.61636	-4.11662	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.61103	-4.13288	Coamine
R. ecuadoriensis	-79.4319	-4.35308	Galapagos
R. ecuadoriensis	-79.5954	-4.26021	Guara
R. ecuadoriensis	-79.57826	-4.25175	Guara
R. ecuadoriensis	-79.57334	-4.24188	Guara
R. ecuadoriensis	-79.58007	-4.25499	Guara
R. ecuadoriensis	-79.58659	-4.2519	Guara
R. ecuadoriensis	-80.165	-4.21343	La Cienega
R. ecuadoriensis	-80.10255	-4.21333	La Cienega
R. ecuadoriensis	-79.58272	-4.24077	La Cienega
R. ecuadoriensis	-79.54448	-4.05926	Las Cochas
R. ecuadoriensis	-80.26958	-4.05861	Mangahurquillo
R. ecuadoriensis	-79.70208	-4.06305	Naranjo Dulce
R. ecuadoriensis	-79.69922	-4.07609	Naranjo Dulce
R. ecuadoriensis	-79.7605	-4.03861	Sabanilla
R. ecuadoriensis	-79.55856	-4.13303	Santa Ester
R. ecuadoriensis	-79.71701	-4.11888	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.71604	-4.12206	Tacoranga
R. ecuadoriensis	-79.72119	-4.1186	Tuburo
R. ecuadoriensis	-79.59276	-4.11365	Vega del Carmen

ANEXOS



<https://www.researchgate.net/publication/350748361> Under pressure phenotypic divergence and convergence associated with microhabitat adaptations in Triatominae

Anexo 1. Abad, F et al.,(2021). Diversidad fenotípica en *R.ecudaoriensis* (Fotografía). Parasito y Vectores. 14:195.



<https://cisealpuce.edu.ec/investigacion/enfermedades-infecciosas-y-cronicas.html>

Anexo 2. Viviendas construidas con material de adobe, techo de teja donde pueden infetcar los chinchorros.

Modelo de Maxent para Recuadoriensis

Esta página contiene algunos análisis del modelo Maxent para Recuadoriensis, creado el jueves 10 de noviembre a las 18:31:39 COT 2022 usando Maxent versión 3.4.4. Si desea realizar más análisis, los datos sin procesar utilizados aquí están vinculados al final de esta página.

Análisis de omisión/comisión

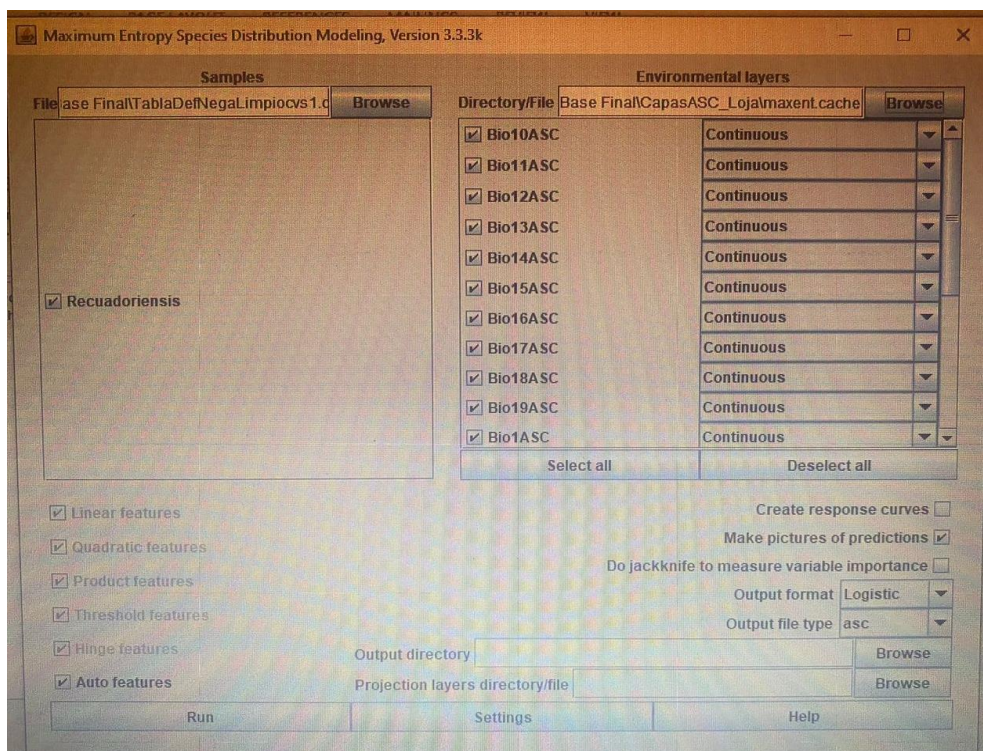
La siguiente imagen muestra la tasa de omisión y el área prevista en función del umbral acumulativo. La tasa de omisión se calcula tanto en los registros de presencia de capacitación como (si se usan datos de prueba) en los registros de prueba. La tasa de omisión debe estar cerca de la omisión prevista, debido a la definición del umbral acumulativo.

La siguiente imagen es la curva característica operativa del receptor (ROC) para los mismos datos. Tenga en cuenta que la especificidad se define utilizando el área predicha, en lugar de la comisión real (consulte el artículo de Phillips, Anderson y Schapire citado en la página de ayuda para conocer el significado de esto). Esto implica que el AUC máximo alcanzable es inferior a 1. Si los datos de prueba se extraen de la propia distribución de Maxent, entonces el AUC de prueba máximo posible sería 0.935 en lugar de 1; en la práctica, el AUC de la prueba puede exceder este límite.

Algunos umbrales comunes y tasas de omisión correspondientes son los siguientes. Si hay datos de prueba disponibles, las probabilidades binomiales se calculan exactamente si el número de muestras de prueba es como máximo 25; de lo contrario, se utiliza una aproximación normal a la binomial. Estos son valores p unilaterales para la hipótesis nula de que los puntos de prueba no se predicen mejor que mediante una predicción aleatoria con la misma área fraccional predicha. El umbral de "Balance" minimiza $6 * \text{tasa de omisión de entrenamiento} + 0,04 * \text{umbral acumulativo} + 1,6 * \text{área predicha fraccional}$.

Umbral acumulativo	Umbral de obstrucción	Descripción	Área predicha fraccional	Tasa de omisión de entrenamiento
1.000	0.020	Valor acumulado fijo 1	0.407	0.000
5.000	0.070	Valor acumulado fijo 5	0.258	0.030
10.000	0.129	Valor acumulado fijo 10	0.184	0.091
3.155	0.045	Presencia mínima de formación	0.306	0.000
10.489	0.135	Presencia de entrenamiento percentil 10	0.179	0.091

Anexo 3. Pagina html de Maxent



Anexo 4. Corrida de datos en el Software Maxent.