

Sistemas de información ambiental (bases de datos georreferenciadas y aplicaciones SIG): herramientas para la gestión y control de plagas de importancia en salud pública. Mapas de riesgo potencial

Francisco Javier Ruiz Sánchez

Departament de Botànica i Geologia. Facultat de Biologia. Universitat de València
francisco.ruiz@uv.es

INTRODUCCIÓN

El desarrollo tecnológico combinado en los ámbitos de las ciencias naturales y la informática, además de la fuerte demanda de cartografía digital ambiental en los últimos 50-60 años, han conducido al desarrollo de diversas herramientas de gestión espacial de la información medioambiental¹. De esta manera, todo tipo de variables ambientales pueden ser cartografiadas y sus elementos por lo tanto tenerlos localizados, lo que permite que a través de estas aplicaciones de gestión de la información puedan ser relacionados entre sí y con otras variables del medio.

Las posibilidades de uso de estas tecnologías pasan inexorablemente por la confección de extensas bases de datos (Bases de datos georreferenciadas, BDg) y aplicaciones de gestión de esta información (aplicaciones SIG, SIGa). Una base de datos es un conjunto estructurado de datos que representa entidades y sus interrelaciones en la que la representación será única e integrada y en la que debe permitir utilizaciones varias y simultáneas². Por su parte, un Sistema de Información Geográfica (SIG) es un software que conjuga la ubicación de objetos y su respectiva descripción, permitiendo combinar capas de información, ubicarla geográficamente en la tierra y mostrarla en mapas, tablas o gráficas³.

La combinación de estas dos herramientas (BDg + SIGa) deriva en un Sistema de Información Ambiental (SIA) que posibilita que, a partir de la gestión de la información proveniente de diversas fuentes (bases de datos, inputs) puedan generarse respuestas del sistema (outputs). La gestión de la información debe centrarse en la búsqueda de las relaciones básicas (proximidad, cercanía, coincidencia, etc.) con la idea de poder traducirlas en una situación contextual precisa a partir de la que tomar las decisiones de gestión oportunas.

En el caso que nos ocupa, en este seminario se pretende comunicar un procedimiento, basado en la construcción y uso de un Sistema de Información Ambiental (SIA), para la evaluación en un territorio del riesgo potencial de infecciones transmisibles por insectos vectores. La información registrada (BDg) sobre presencia/ausencia, evolución y capacidad de dispersión

de las poblaciones de insectos vectores en el ámbito de la Comunitat Valenciana (España) (BDg) (inputs) se relaciona en un marco espacial definido por cuadrículas de 1x1 Km.

Cada especie de insecto vector es capaz de transmitir no una única infección, sino un conjunto más o menos amplio, derivando en que una infección puede ser transmisible por una, dos o más especies de insectos vectores⁴. Cada agente portador (insecto) cuenta con una capacidad de vuelo (dispersión) que le hace susceptible de provocar esa transmisión en un rango de distancias más elevado que otras especies que también transmiten esa misma enfermedad. Esto es, cada porción del territorio puede verse afectada por una infección según el tipo de insecto vector que la provoca y la distancia del foco emisor (población del insecto vector). En este marco complejo podemos definir una función en la que, dividiendo nuestro territorio en unidades simples de registro-muestreo (cuadrículas de 1 x 1 Km) (figura 1b), podemos medir la frecuencia de incidencia de una infección por unidad de registro-muestreo. Repitiendo este mismo cálculo para el conjunto de infecciones transmisibles por insectos vectores obtendremos una función de agregación en la que las diferentes unidades del territorio registrarán el número de infecciones a las que la población humana residente en ese territorio concreto está expuesta.

El registro del riesgo potencial de incidencia del conjunto de infecciones puede refinarse todavía más, incluyendo modificaciones en el procedimiento en la línea de identificar para cada unidad las áreas fuentes de donde deriva este riesgo, la/s especie/s implicadas, etc. En definitiva, el resultado final son un conjunto de mapas teóricos (outputs) que delimitan el riesgo potencial de transmisión de las infecciones portadas por los respectivos vectores. Este tipo de información debe permitir a las administraciones competentes en la materia, desarrollar las actuaciones de gestión y control sanitarias y epidemiológicas que, en función de los recursos existentes, permitan de la manera más eficaz posible gestionar y controlar el riesgo en cuestión.

MATERIAL Y MÉTODOS

En sus más de 23 000 Km², la Comunitat Valenciana alberga una población en torno a los 5 millones de personas, repartidas entre los municipios de las provincias de Castellón (municipios: 135, población: 569 225 habitantes), Valencia (municipios: 266, población: 2 531 107 habitantes) y Alicante (municipios: 141, población: 1 848 079 habitantes) (INE, 2019).

Basándonos en la información recogida entre los años 2016 y 2018 por el Grupo de investigación "Entomología y control de plagas (ECP-GIUV2015-263)" de la Universitat

de València, y el uso de la aplicación Arc GIS 10.3, en este trabajo presentamos los resultados de la elaboración de un SIA para la generación de mapas de riesgo potencial asociado a insectos vectores en la Comunitat Valenciana. Como aproximación a lo que sería un estudio más profundo y pormenorizado se han seleccionado un total de 4 especies transmisoras de diversas infecciones (tabla 1), y cuyos rangos específicos de dispersión vienen marcados por los datos extraídos de la bibliografía (tabla 2). Se seleccionan estas especies por ser las más comúnmente registradas a lo largo del periodo 2016-2018, además de representar los principales vectores de transmisión de un conjunto de 35 infecciones diferentes.

Tabla 1. Capacidad de transmisión de infecciones víricas en las especies *Aedes albopictus*, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis* s.s. y *Ochlerotatus caspius*. 0= sin capacidad de transmisión, 1= con capacidad de transmisión

ENFERMEDAD	ID	<i>Aedes albopictus</i>	<i>Culex pipiens</i>	<i>Anopheles maculipennis</i>	<i>Ochlerotatus caspius</i>
Cache Valley virus	CAVAVI	1	0	0	0
Chikungunya	CHIKV	1	1	0	0
Dengue	DENV	1	0	0	0
Dilofilariasis	DIROVIR	1	0	0	0
Eastern equine encephalitis virus	EEEEV	1	0	0	0
Encefalitis San Luis	ENCEVIR	0	1	0	0
Filariasis	FILAVIR	0	1	1	0
Flavivirus	FLAVVIR	0	0	1	0
Getah virus	GTVI	1	0	0	0
Hepatitis C virus	HCV	0	1	0	0
Jamestown Canyon virus	JCVI	1	0	0	0
Japanese encephalitis virus	JEV	1	1	0	0
Keystone virus	KEYVI	1	0	0	0
La Crosse virus	LACVI	1	0	0	0
Malaria	MALAVIR	0	0	1	0
Mayaro virus	MAVI	1	0	0	0
Nodamura virus	NOVI	1	0	0	0
Ockelbo virus	OCKEV	0	1	0	0
Oropouche virus	OROVI	1	0	0	0
Orungo virus	ORUVI	1	0	0	0
Potosi Virus	POTVI	1	0	0	0
Rift Valley fever virus	RVFV	1	1	0	1
Ross River virus	RRV	1	0	0	0
San Angelo virus	SAVI	1	0	0	0
Sant Louis	SANVI	1	0	0	0

Sindbis virus	SIND	1	1	0	0
Tahyna virus	TAHYVI	0	1	0	1
Tensaw virus	TENVI	1	0	0	0
Trivittatus virus	TRIVI	1	0	0	0
Usutu virus	USUTVIR	0	1	0	0
Venezuelan equine encephalitis virus	VEEV	1	0	0	0
West Nile virus	WNV	1	1	0	1
Western equine encephalitis virus	WEEV	1	0	0	0
Yellow fever virus	YFV	1	0	0	0
Zika	ZIKAVIR	1	0	0	0

Tabla 2. Rango de dispersión de las especies *Aedes albopictus*, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis s.s.* y *Ochlerotatus caspius*. Los valores se expresan en metros

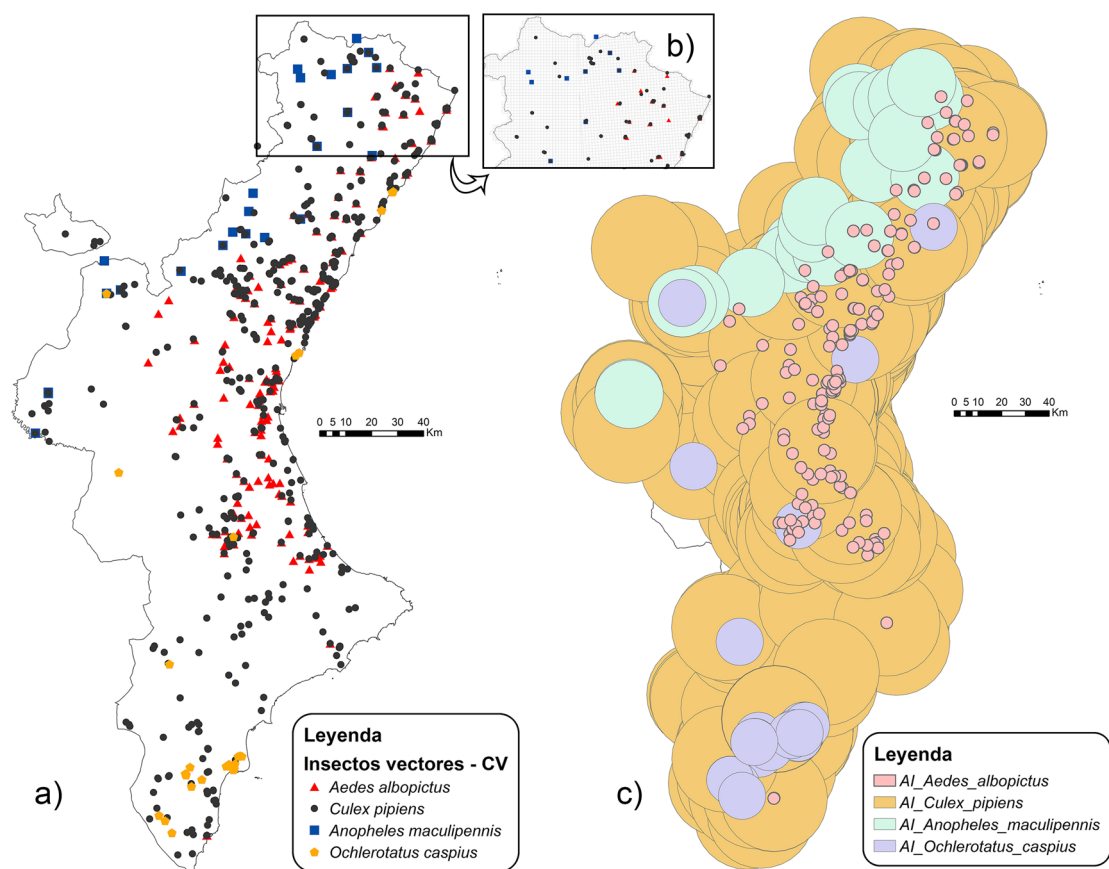
ESPECIE	MEDIA	MÍN.	MÁX.
<i>Aedes albopictus</i>	333	1	2500
<i>Culex pipiens</i>	9695	350	22 530
<i>Anopheles maculipennis</i>	4983	2500	14 480
<i>Ochlerotatus caspius</i>	10 000	-	-

A partir de los puntos muestreados donde han sido registradas las diferentes especies objeto de análisis (*Culex pipiens*, *Aedes albopictus*, *Ochlerotatus caspius* y *Anopheles maculipennis s.s.*) (figura 1a), y según la especie detectada (estados: fase larvaria,..., adulto) se extiende el área de influencia, medida como capacidad de dispersión de la especie (tabla 2) (figura 1c). Los datos de cada punto de muestreo no reflejan únicamente la fase adulta de la población con capacidad real de transmisión de la enfermedad, sino cualquiera de los estados. Es por ello que estos mapas pueden catalogarse como de riesgo "potencial", que se convertirían en mapas de riesgo real en el caso de haberse detectado en los muestreos la fase adulta, o bien que las condiciones ambientales permitan desarrollar las fases previas detectadas (L1, L2, navícula, etc.) en la adulta.

En un punto de muestreo pueden cohabitar más de una especie, por lo que habría tantas áreas de influencia partiendo desde ese punto como especies registradas en él. El área de influencia resultante de cada especie/punto de muestreo solaparía con las unidades del marco de referencia espacial (cuadrículas de 1x1 Km), registrándose de esa manera en cada cuadrícula el número total de coincidencias. Seleccionando en cada cuadrícula las

coincidencias provenientes de cada especie podemos relacionar frecuencia de coincidencia por especie con nivel de riesgo asociado a esa especie. Por otro lado, seleccionando las coincidencias (de cualquier especie) con la infección-enfermedad que transmiten en el marco espacial de cuadrículas de 1x1 Km, obtenemos una función de densidad como número de coincidencias para la infección concreta por cuadrícula. Esta función representa en realidad el mapa de riesgo combinado proveniente de más de una especie para cada infección transmisible. Si estas dos funciones de agregación se relacionan con los habitantes registrados en cada cuadrícula obtendríamos el grado de exposición que esta población tiene a una o al conjunto de infecciones transmisibles por insectos vectores.

Figura 1. a) Registro de las especies *Aedes albopictus*, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis* s.s. y *Ochlerotatus caspius* en la Comunitat Valenciana durante el periodo 2016-2018. b) Detalle de la parte norte de la provincia de Castellón con la distribución de las cuadrículas de 1x1 Km sobre las que se basa el método de agregación para la generación de mapas de riesgo potencial. c) Áreas de dispersión para los registros de *Aedes albopictus*, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis* s.s. y *Ochlerotatus caspius* (periodo 2016-2018)

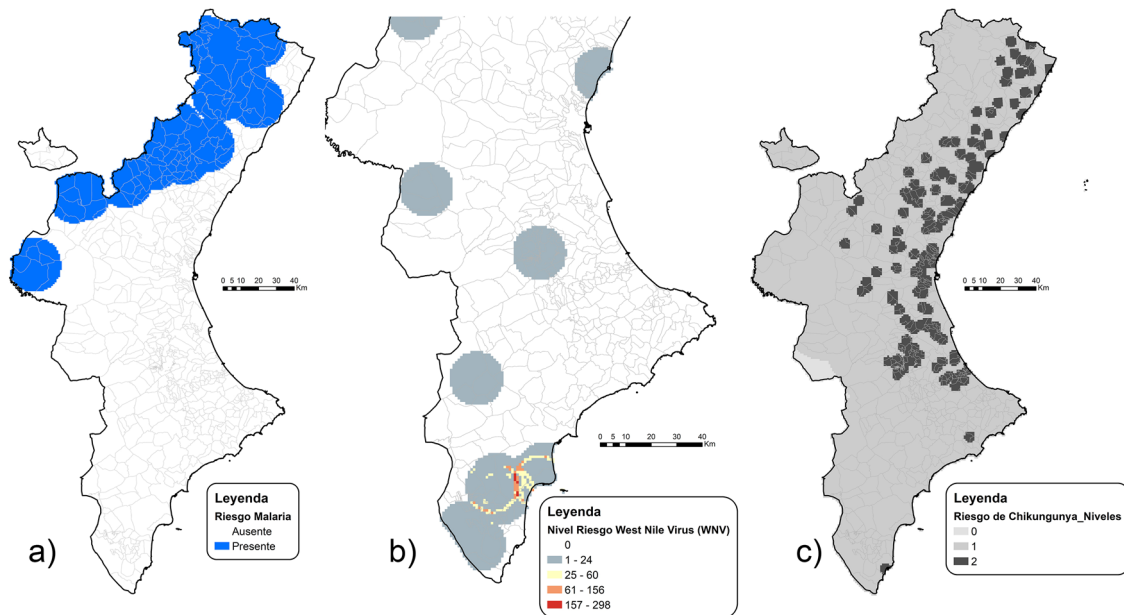


RESULTADOS

La base de datos de insectos vectores entre los años 2016 y 2018 incluye información sobre más de mil de puntos de muestreos (figura 1a). De estos, 798 puntos han registrado la presencia de *Culex pipiens*, 258 de la especie *Aedes albopictus*, 29 de *Ochlerotatus caspius* y 26 de *Anopheles maculipennis*. Si desde estos puntos representamos las áreas de influencia según la capacidad de dispersión máxima observada en la especie (tabla 2), vemos que como cabría esperar, la práctica totalidad del territorio valenciano está expuesto a las infecciones derivadas de la transmisión

por estos cuatro insectos vectores (figura 1c). Destaca sobremanera el amplio territorio expuesto a las infecciones transmitidas por la especie *Culex pipiens* (capacidad máxima de dispersión 22 530 m), en menor medida el relacionado con *Anopheles maculipennis* y *Ochlerotatus caspius*, y por último el afectado por *Aedes albopictus*. Si bien *Aedes albopictus* se registra en 258 puntos de muestreo, totalizando cinco veces más registros que *Anopheles maculipennis* y *Ochlerotatus caspius*, su menor capacidad de dispersión (2500 m) provoca que las infecciones provocadas por esta especie potencialmente afecten a un menor porcentaje del territorio (figura 1 y figura 2).

Figura 2. Mapas de riesgo potencial de infecciones víricas transmitidas por las especies *Aedes albopictus*, *Culex pipiens*, *Anopheles maculipennis s.s.* y *Ochlerotatus caspius*. a) Mapa de riesgo potencial (presente/ausente) de Malaria asociado a la presencia de *Anopheles maculipennis s.s.* b) Mapa de niveles de riesgo potencial la infección por West Nile Virus (WNV) asociada a *Ochlerotatus caspius* en el tercio sur de la Comunitat Valenciana. c) Mapa de niveles de riesgo potencial de Chikungunya en Comunitat Valenciana asociado a *Aedes albopictus* y *Culex pipiens*



Para conocer en detalle el grado de incidencia sobre el territorio valenciano de las diferentes infecciones potencialmente transmisibles por las cuatro especies analizadas hemos dividido este en unidades de 1x1 Km (figura 1b). La cartografía de estas unidades ha sido extraída de las Mallas terrestres (Malla 1x1 Km) de la web del Ministerio para la transición ecológica (Cartografía y SIG, módulo de Biodiversidad)⁵. Consideramos por ejemplo que las infecciones cuyo portador es *Aedes albopictus* inciden sobre una cuadrícula de 1x1 Km, si el área de dispersión calculada desde el punto donde se registra esta especie (buffer) coincide espacialmente con la cuadrícula 1x1 en cuestión. En ese caso todas las infecciones cuyo portador es *Aedes albopictus* podrán potencialmente afectar a esa cuadrícula y a la población que en ella habita. Calculamos el nivel de la infección en función del número de coincidencias espaciales que se producen en una cuadrícula para una especie en concreto. Aunque este valor es función de la densidad de puntos de muestreos en una zona, refleja no obstante la probabilidad que esa zona se vea afectada por una o varias poblaciones de la especie de insecto vector.

A partir de los datos utilizados en este análisis podemos generar mapas de riesgo de diversas infecciones en el territorio valenciano (figura 2). La BD resultante nos permite generar varios tipos de mapas según la especie de insecto vector, infección y tipo de agregación de datos, entre ellos: 1) un primer tipo de mapa donde se representaría la incidencia (presente/ausente) según especie de una infección determinada (figura 2a; Malaria asociada a *Anopheles maculipennis*),

2) mapas de nivel de riesgo (numérico o según categorías: nulo, bajo, medio, elevado) por especie e infección (figura 2b; West Nile Virus asociado a *Ochlerotatus caspius*), y 3) mapas de incidencia/nivel de riesgo para una infección por agregación de los datos provenientes de más de una especie de insecto vector (figura 2c; Chikungunya asociado a *Aedes albopictus* y *Culex pipiens*). Incluyendo los datos de población de los municipios afectados, *grosso modo* puede calcularse el porcentaje de población expuesta a una o un conjunto de infecciones transmisibles por las poblaciones de insectos vectores estudiados.

REFERENCIAS

1. Yumisaca-Tuquinga J, Ruiz-Sánchez FJ, Orrala-Palacios O. Propuesta metodológica basada en herramientas GIS para el inventario de recursos turísticos en la Provincia de Santa Elena. Rev. de Estrategias del Desarrollo Empresarial. 2018; 4(11):1-11.
2. Camps Paré R, Casillas Santillán LA, Costal Costa D, et al. Bases de datos. Barcelona: Fundació per a la Universitat Oberta de Catalunya. 2005.
3. ESRI. Geography Matters. [actualizado en 2018; citado el 15 de abril de 2019] Disponible en: <http://www.esri.com/library/whitepapers/pdfs/geographymatters.pdf>.
4. Bueno Marí R, Jiménez Peydró R. Implicaciones sanitarias del establecimiento y expansión en España del mosquito *Aedes albopictus*. Rev. Esp. Salud Pública. 2012; 86:319-30.
5. MITECO. Cartografía y SIG / Biodiversidad / Mallas terrestres y marinas. [actualizado en 2018; citado el 15 de abril de 2019] Disponible en: <https://www.miteco.gob.es/es/biodiversidad/servicios/banco-datos-naturaleza/informacion-disponible/bdn-cart-aux-descargas-ccaa.aspx>.