

## **- Título:**

Distribución potencial de *Triatoma dimidiata* en Guatemala.

## **- Autor(a):**

Sergio Melgar

## **- Introducción**

*Meccus dimidiatus* es el principal vector de la enfermedad de Chagas en Guatemala, transmitiendo el parásito *Trypanosoma cruzi* a los humanos. Conocer su distribución potencial es clave para implementar estrategias efectivas de vigilancia y control. Este informe busca identificar las áreas con condiciones ambientales favorables para la presencia de *M. dimidiatus* en Guatemala, utilizando variables climáticas, geográficas y ecológicas. Los resultados permitirán orientar esfuerzos en las zonas de mayor riesgo, contribuyendo a la prevención de esta enfermedad desatendida en poblaciones vulnerables.

## **- Objetivo:**

Conocer la distribución potencial del insecto vector de la enfermedad de Chagas en Chiquimula, Guatemala.

## **-Métodos**

Obtención y depuración de datos de presencia:

Se descargaron registros de presencia de *Meccus dimidiatus* de GBIF, se filtraron registros para evitar duplicados geográficos y ambientales para evitar sesgos. Se verificó la calidad de los datos mediante visualización en Leaflet y se descartaron registros mal georreferenciados.

Preparación de variables ambientales:

Se utilizaron 19 variables bioclimáticas (WorldClim, resolución 10 km), se recortaron las capas al área de estudio (América Central: -115° a -60° longitud, -10° a 30° latitud) y se

generó un área de calibración mediante un buffer de 300 km alrededor de los puntos de presencia.

Selección de variables y modelado de nicho elipsoidal:

Se identificaron variables no correlacionadas (Spearman  $|r| < 0.8$ ) para evitar multicolinealidad y se ajustaron modelos de nicho elipsoidal, evaluando combinaciones de 3 a 8 variables. Luego se seleccionaron los mejores modelos basados en tasas de omisión ( $< 5\%$ ) y AUC (Area Under the Curve).e generó un modelo de consenso mediante la suma e intersección de las proyecciones binarias.

Modelado con Maxent:

Los datos se dividieron en 70% para entrenamiento y 30% para prueba.

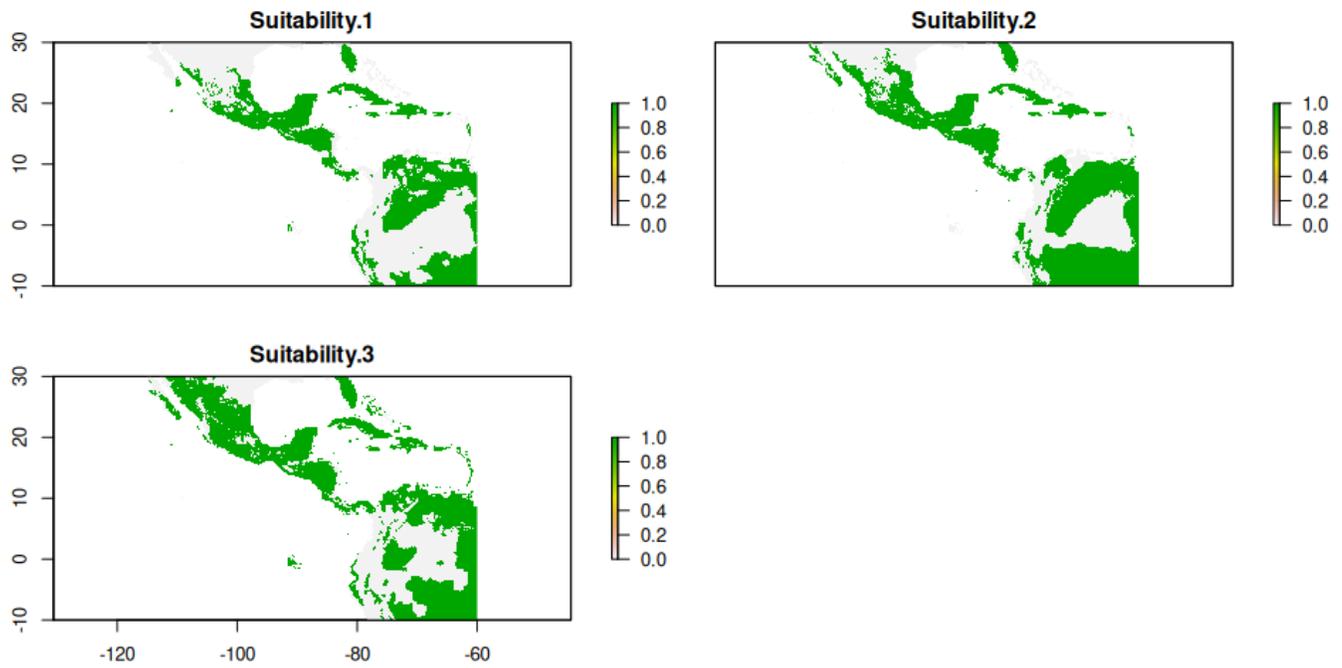
Se aplicó el algoritmo MaxEnt. Se mapearon las áreas de idoneidad potencial utilizando umbrales de presencia (percentil 10). Finalmente, se identificaron zonas de alta concordancia entre modelos.

## - Resultados

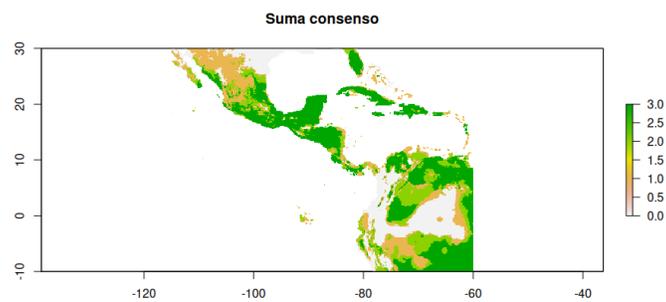
Datos empleados:



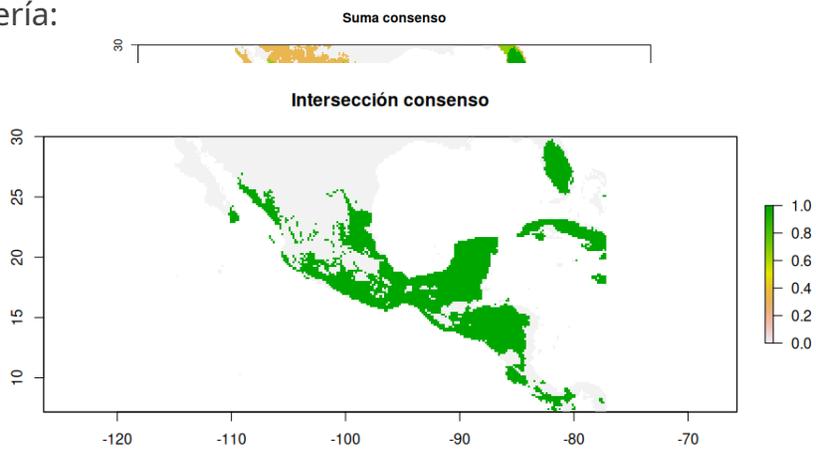
Se seleccionaron las siguientes variables que carecen de colinearidad: bio1, bio2, bio3, bio5, bio12, bio14, bio18 y bio19. Con base en ello se obtuvieron los siguientes mejores modelos basados en el modelado de nicho elipsoidal:



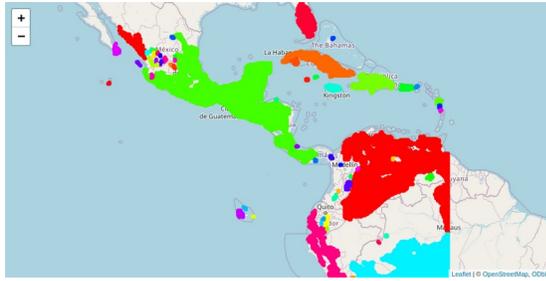
De ellos se obtuvo el siguiente consenso:



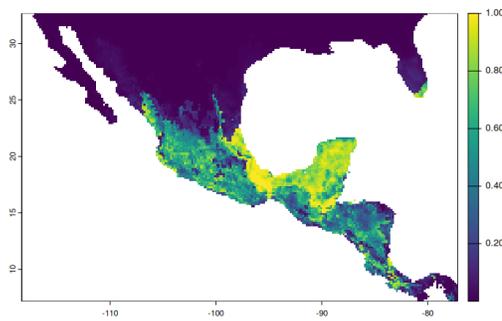
Haciendo un acercamiento a la región de México y Guatemala:  
La intersección sería:



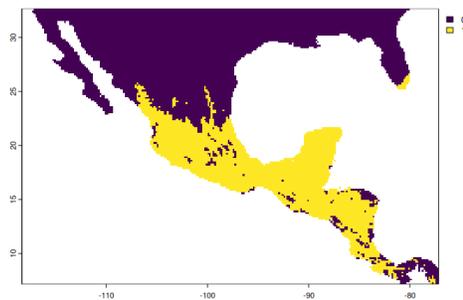
Los grupos no conectados entre sí serían como sigue:



Los resultados de Maxent son los siguientes:



El mapa binarizado sería:



Los resultados muestran que aparece que la especie tiene una amplia distribución en Guatemala.

## - Discusión de sus resultados

La distribución de *Meccus dimidiatus* en Guatemala es un tema de relevancia tanto epidemiológica, dado su papel como vector principal de la enfermedad de Chagas (OMS, 2022). Los estudios previos han demostrado que esta especie se distribuye principalmente en regiones cálidas y semiáridas, con una marcada preferencia por hábitats domésticos y peridomésticos (Dorn et al., 2009). En Guatemala, su presencia se ha documentado en departamentos como Jutiapa, Zacapa y Chiquimula, donde las

condiciones climáticas y las viviendas rurales con paredes de adobe o bajareque favorecen su proliferación (Monroy et al., 2012).

Sin embargo, la distribución de *M. dimidiatus* no es homogénea, y factores como la deforestación, la urbanización y los cambios climáticos podrían estar influyendo en su dispersión hacia nuevas áreas (Stevens et al., 2021). Un estudio reciente sugiere que el aumento de temperaturas podría expandir su rango altitudinal, lo que representaría un riesgo para poblaciones previamente no expuestas (Ramírez-Sierra et al., 2018).

Además, las prácticas culturales contribuyen a su persistencia en comunidades rurales (Panzera et al., 2015).

El conocimiento de su dispersión apoya al diseño de estrategias de control más efectivas (Lima-Cordón et al., 2019). Asimismo, es crucial fortalecer la vigilancia entomológica en zonas fronterizas, donde el movimiento migratorio podría facilitar su introducción a nuevas regiones.

## Conclusiones

Los métodos empleados permiten estimar la distribución potencial de la especie *Meccus dimidiatus* en Guatemala.

Las estimaciones por los métodos de elipses y Maxent coinciden en una proyección de potencial distribución de la especie en la mayor parte del territorio de Guatemala.

## - Referencias

- Dorn, P. L., Monroy, C., & Curtis, A. (2009). *Triatoma dimidiata* (Latreille, 1811): A review of its diversity across its geographic range and the relationship among populations. *Infection, Genetics and Evolution*, 9(6), 1345-1351. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.08.007>
- Lima-Cordón, R. A., Monroy, M. C., Stevens, L., Rodas, A., & Dorn, P. L. (2019). Description of *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae) in Guatemala: A morphometric and molecular approach. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 13(7), e0007547. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007547>
- Monroy, C., Bustamante, D. M., Rodas, A. G., Rosales, R., & Mejía, M. (2012). Habitats, dispersion and invasion of sylvatic *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) in Petén, Guatemala. *Journal of Medical Entomology*, 49(6), 1484-1490. <https://doi.org/10.1603/ME12073>
- OMS. (2022). Enfermedad de Chagas (trypanosomiasis americana). *Organización Mundial de la Salud*. [https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/chagas-disease-\(american-trypanosomiasis\)](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/chagas-disease-(american-trypanosomiasis))
- Panzera, F., Ferrandis, I., Ramsey, J., Salazar-Schettino, P. M., Cabrera, M., Monroy, C., ... & Pérez, R. (2015). Chromosomal variation and genome size support existence of cryptic species of *Triatoma dimidiata* with different epidemiological importance as Chagas disease vectors. *Tropical Medicine & International Health*, 20(11), 1492-1503. <https://doi.org/10.1111/tmi.12571>
- Ramírez-Sierra, M. J., Herrera-Aguilar, M., Gourbière, S., & Dumonteil, E. (2018). Patterns of house infestation dynamics by non-domiciliated *Triatoma dimidiata* reveal a spatial gradient of infestation in rural villages and potential insect manipulation by *Trypanosoma cruzi*. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 12(4), e0006304. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006304>
- Stevens, L., Monroy, M. C., Rodas, A. G., & Dorn, P. L. (2021). Migration and gene flow among domestic and sylvatic populations of *Triatoma dimidiata* (Hemiptera: Reduviidae) in the Yucatán Peninsula, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 58(3), 1253-1263. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa282>