

Predictive model of dengue focus applied to Geographic Information Systems

Maximiliano Báez González ^{*}, Guillermo González Rodas[†]

Facultad Politécnica- Universidad Nacional de Asunción

P.O.Box: 2111 SL, San Lorenzo - Central - Paraguay

Email: ^{*}maxibaezpy@gmail.com, [†]ggonzalez@pol.una.py

Resumen—Dengue is a viral disease transmitted by the aedes aegypti mosquito. In Paraguay - South America, health authorities carry out entomological surveillance activities in order to monitor the vector density in endemic and non-endemic areas through techniques based on the use of traditional index. Currently there are numerous methods and most practical, efficient and economic indicators to determine the populations of aedes aegypti mosquito as larvitrap and ovitrap. The regionalized information obtained from the sampling procedures can be combined with environmental, demographic or epidemiological information in order to obtain detailed models that have the ability to monitor, simulate the behavior of the vector and therefore predict a possible outbreak of dengue. This paper presents the design and implementation of a predictive model to identify outbreaks of dengue vector infestation and the representation of its spread in a geographical information system. The model is implemented as a simulator of the evolutionary process of vector ecology, composed of a set of sub-models that seek to estimate the rate of development, mortality, reproduction and spread of the dengue vector exposed to simulations of climatic variations, where the initial population is generated from data obtained from larvitrap geographically referenced, in order to generate enough alphanumeric and geographical information to contribute to the early detection of potential disease outbreaks.

Keywords—aedes Aegypti, dengue, disease vectors, statistical modeling, risk map, epidemiological surveillance, GIS, population dynamics of aedes aegypti.

I. INTRODUCCIÓN

El Aedes aegypti es el principal vector del dengue en América, y afecta a más de 2,500 millones de personas que viven en zonas en riesgo [1, 2]. Actualmente la enfermedad es considerada como un problema grave para la salud pública a nivel mundial [3, 1, 4], siendo catalogada como ejemplo de una enfermedad que puede constituir una emergencia de salud pública de interés internacional con implicaciones para la seguridad sanitaria [3, 1], debido a la necesidad de interrumpir la infección y la rápida propagación de la epidemia más allá de las fronteras [1].

El Paraguay desde el año 2009 es considerado un país endémico, cuyo clima subtropical favorece la aparición y desarrollo del dengue. Las autoridades sanitarias nacionales llevan a cabo acciones para la vigilancia entomológica con el fin monitorear la densidad vectorial en zonas endémicas y no endémicas, mediante técnicas basadas en utilización de índices tradicionales. Actualmente existen numerosos métodos e indicadores más prácticos, eficientes y económicos para determinar las poblaciones de Aedes aegypti [5], como larvitrapas y ovitrapas.

Las metodologías de vigilancia entomológica basadas en el uso de larvitrapas y ovitrapas resultan eficientes y económicas para determinar la distribución espacial y temporal del Aedes aegypti y otros mosquitos [3, 5]. El análisis de la distribución espacial del Aedes aegypti, en los sistemas de información geográfica, permitirá a las autoridades sanitarias una mejor definición, planificación y evaluación de las acciones a realizar para disminuir las poblaciones del vector en las regiones con alta densidad vectorial.

Este trabajo fue realizado en la Facultad Politécnica de la Universidad Nacional de Asunción para obtener el título de grado de Ingeniería en Informática.

II. MODELOS DE SIMULACIÓN DE LA ECOLOGÍA DEL VECTOR

La distribución geográfica de larvitrapas, como puntos de control, permite generar información regionalizada sobre el estado de las poblaciones del vector [6], en donde esta información puede ser combinada con información ambiental, demográfica o epidemiológica, con el fin de obtener modelos detallados que tengan la capacidad de monitorear, simular el comportamiento del vector y en consecuencia, predecir una posible epidemia del dengue.

II-A. Modelo matemático del ciclo de vida

El modelo considera un espacio bi-dimensional, con un sistema de coordenadas geográficas (x, y) , para expresar todas las posiciones sobre el plano, correspondientes a la longitud y latitud. Si consideramos a m_i como a un individuo que se encuentra en una etapa del ciclo de vida del Aedes aegypti, correspondiente a una población de mosquitos, entonces, $m_i(x, y)$ representa a m_i en las coordenadas geográficas (x, y) .

Se consideran seis poblaciones diferentes: los huevos $H(x, y)$, larvas $L(x, y)$, pupas $P(x, y)$, machos adultos $AM(x, y)$, hembras adultas nulíparas¹ $AN(x, y)$ y hembras adultas paridas² $AP(x, y)$. En algunos procesos se utiliza $A(x, y)$ para representar a toda la población de adultos, $AM(x, y)$, $AN(x, y)$ y $AP(x, y)$ correspondientes a (x, y) . El modelo considera que todas las poblaciones cuentan con una cantidad entera de individuos.

La evolución de las poblaciones, se ven afectadas por los siguientes eventos: muerte de huevos, eclosión de huevos,

¹Hembras que no han ovipuesto.

²Hembras que han ovipuesto al menos una vez.

muerte de larvas, emergencia de pupas, muerte de pupas, emergencia de adultos, muerte de adultos, ovipostura de hembras nulíparas, ovipostura de hembras paridas y dispersión de los adultos (machos y hembras). Según [7], los eventos se producen a tasas que dependen no sólo de valores de la población, sino también de la temperatura, que a su vez es una función de tiempo, por lo tanto, la dependencia de la temperatura introduce una dependencia del tiempo en las tasas de eventos.

II-B. Zonificación

Cada entorno puede contar con factores que lo hagan más o menos apto para: el desarrollo, mortalidad, alimentación, dispersión, y reproducción de individuos. Con el fin de simplificar ciertos aspectos muy específicos que se encuentran fuera del alcance de este trabajo, se realizan ciertas hipótesis generales, justificadas para este caso de aplicación, pero puede requerir una revisión en caso general. Estas hipótesis son:

- Los valores observados en un conjunto de puntos de control, pertenecientes a una zona, permiten la caracterización de dicha zona como más o menos apta para: el desarrollo, mortalidad, alimentación, dispersión, o reproducción de individuos.
- Se considera que el tamaño de la zona, y por ende la cantidad de puntos de control que pertenecen a ella, influye en la caracterización de las zonas.

Para determinar el tipo de zona de un individuo m_i ubicado en (x, y) , primero se estima la densidad relativa de larvas, utilizando interpolación espacial. El valor estimado, $u(x, y)$, es utilizado para clasificar la zona como *Pésima*, *Mala*, *Regular*, *Buena* u *Óptima* con influencia positiva para: el desarrollo, alimentación, dispersión, y reproducción de individuos; y negativamente para la mortalidad.

Para definir la escala de clasificación de las zonas (Ver Cuadro I), en base a $u(x, y)$, se debe estimar la cantidad de hembras adultas reproductivas, es decir hembras con capacidad de transmitir la enfermedad y generar descendencia. Se considera que una mayor o menor cantidad de hembras reproductivas, en una zona, implica una mejor o peor adaptación a las condiciones de la zona. Para estimar la cantidad de hembras adultas reproductivas en base a $u(x, y)$, se consideraron los siguientes puntos:

- El 50 % de las larvas observadas son hembras [7, 8].
- La temperatura media anual es de 25 °C[9].
- La tasa de mortalidad diaria natural de las larvas y pupas bajo optimas condiciones, a 25 °C, es igual a 0,01056 días⁻¹, según las ecuaciones (3) y (6) respectivamente.
- El desarrollo, a 25 °C, de la larva hasta su emergencia a adulto es de 11,57 días [10].
- El 32,10 % de las hembras adultas no oviponen [11].

Estas consideraciones ayudan a simplificar la determinación de las hembras adultas con capacidad reproductiva a partir de $u(x, y)$.

Cuadro I: Escala de clasificación de las zonas de acuerdo a la densidad relativa de larvas.

Tipo de zona	Mínimo ^a $u(x, y)$	Máximo ^a $u(x, y)$	Hembras Adultas ^b	Hembras Reproductivas ^c
Pésima	0	19	8	5
Mala	20	35	15	10
Regular	36	51	22	15
Buena	52	69	30	20
Óptima	70	— ^d	— ^d	— ^d

^a Rango mínimo y máximo de $u(x, y)$ permitido para el tipo de zona.

^b Cantidad máxima de hembras adultas, al final del periodo de desarrollo.

^c Cantidad de hembras adultas con capacidad de oviponer.

^d No se estableció un límite superior para las zonas óptimas.

Con la finalidad de utilizar un mismo criterio de clasificación para todos los individuos, se define una escala única para este caso de estudio. Los valores del Cuadro I, se encuentran agrupados por la capacidad de generar hembras adultas con capacidad reproductiva, en grupos múltiples de cinco. No se estableció un límite superior para las zonas óptimas debido a que los valores mayores a el mínimo establecido, 70 larvas por dispositivo, pertenecen a la misma categoría.

II-C. Tasas de desarrollo

Se consideran 5 tasas de desarrollo correspondiente a: la eclosión de huevos, emergencia a pupas, emergencia a adultos, el ciclo gonotrófico de hembras nulíparas y el ciclo gonotrófico de hembras paridas. Las tasas de desarrollo son calculadas mediante la versión simplificada del modelo de Sharpe y DeMichele, presentado en [12], con inhibición de altas temperaturas de Schoolfield.

$$R(k) = R(298K) * \frac{k}{298K} * \exp \left[\frac{\Delta H_A}{R} \left(\frac{1}{298K} - \frac{1}{k} \right) \right] \left(1 + \exp \left[\frac{\Delta H_H}{R} \left(\frac{1}{T_{1/2}} - \frac{1}{k} \right) \right] \right)^{-1} \quad (1)$$

Donde $R(k)$ representa la tasa de desarrollo media (días⁻¹) para una temperatura K , en la escala de Kelvin; $T_{1/2}$ es la temperatura cuando la mitad de la enzima se desactiva, debido a la alta temperatura, mientras que ΔH_A y ΔH_H son entalpías termodinámicas características del organismo, y R es la constante universal de los gases, igual a 1,987202 cal/K.mol. Los parámetros $R(298K)$, ΔH_A , $T_{1/2}$, y ΔH_H son estimados mediante la de regresión no lineal de Wagner, presentado en [13]. Según [7], el modelo simplificado de Schoolfield, es lo suficientemente flexible para el ajuste de los datos biológicos disponibles. Los parámetros deben calcularse para cada etapa de desarrollo, una vez determinados, la ecuación puede utilizarse para calcular tasas de desarrollo a cualquier temperatura [10].

II-D. Mortalidad

La mortalidad de los individuos depende de la etapa del ciclo de desarrollo en el que se encuentren los individuos de una población.

1) *Mortalidad de huevos*: La tasa de mortalidad de los huevos se encuentra definida como una constante, $me = 0,01 \text{ días}^{-1}$, independiente de la temperatura [7].

$$M_{H(x,y)} = me * H(x,y) \quad (2)$$

Donde $M_{H(x,y)}$ es la cantidad de huevos que deben ser eliminados de la población $H(x,y)$.

2) *Mortalidad de larvas*: La mortalidad de las larvas, según [7], se encuentra dividida en dos contribuciones. La primera contribución representa la mortalidad natural bajo óptimas condiciones y se encuentra influenciada únicamente de la temperatura [7]. Esta tasa se encuentra definida por :

$$ml(k) = 0,01 + 0,9725 * \exp\left(\frac{-(k - 278)}{2,7035}\right) \quad (3)$$

La segunda contribución es la mortalidad denso dependiente de las larvas [7]. Este mecanismo de regulación puede estar relacionado con procesos concurrentes, como la limitación de alimento, las interacciones químicas, presencia de depredadores especializados en el sitio de reproducción y mucho más [7]. Esta se encuentra definida por :

$$\alpha(x,y) = \alpha_0 / BS(x,y) \quad (4)$$

Donde α_0 está asociado a la capacidad de carga de un solo lugar de reproducción y $BS(x,y)$ es el número de sitios de reproducción en (x,y) (Ver sección II-E). El valor de α_0 puede ajustarse a los valores observados en el área de estudio.

Tomando ambas contribuciones, la mortalidad natural bajo óptimas condiciones y la denso dependiente, la mortalidad de las larvas queda definida como :

$$M_{L(x,y)}(k) = ml(k) * L(x,y) + \alpha(x,y) * L(x,y) * (L(x,y) - 1) \quad (5)$$

Donde $M_{L(x,y)}$ es la cantidad de larvas que deben ser eliminadas de la población $L(x,y)$.

3) *Mortalidad de las pupas*: La tasa de mortalidad de las pupas se encuentra definida como una función influenciada únicamente de la temperatura [7].

$$mp(k) = 0,01 + 0,9725 * \exp\left(\frac{-(k - 278)}{2,7035}\right) \quad (6)$$

Además de la mortalidad diaria en la fase de pupa, existe una importante mortalidad adicional asociada con la emergencia sin éxito de adultos, solo el 83 % de las pupas alcanzan la maduración y emergerán como mosquitos adultos, por lo tanto, el factor de supervivencia es de $ef = 0,83$ [7].

$$M_{P(x,y)}(k) = P(x,y) * (mp + (1 - ef) * R(k)) \quad (7)$$

Donde $M_{P(x,y)}$ es la cantidad de pupas que deben ser eliminadas de la población $P(x,y)$.

4) *Mortalidad de adultos*: La tasa de mortalidad de los adultos se encuentra definida como una constante, $ma = 0,09 \text{ días}^{-1}$, independiente de la temperatura [7].

$$M_{A(x,y)} = ma * A(x,y) \quad (8)$$

Donde $M_{A(x,y)}$ es la cantidad de adultos que deben ser eliminados de la población $A(x,y)$.

II-E. Sitios de reproducción

Sea BS el número de sitios de reproducción agrupados como uno solo para una determinada zona. La variable ambiental, BS , determina el tamaño de la población de equilibrio en el modelo determinista [7, 14]. Se considera que el valor de $BS(x,y)$ se encuentra influenciado por $u(x,y)$, de ese modo a medida que $u(x,y)$ varíe, lo debe hacer el valor de $BS(x,y)$. Para el cálculo de BS relativo a (x,y) se utiliza el método interpolador de Lagrange.

$$bs(u(x,y)) = \sum_{i=0}^n bs_i * l_i(u(x,y)) \quad (9)$$

donde $l_j(u(x,y))$ son los llamados polinomios de Lagrange, que se calculan de este modo:

$$l_i(u(x,y)) = \prod_{j \neq i} \frac{u(x,y) - u_j}{u_i - u_j} \quad (10)$$

Se considera un polinomio de tercer grado, con los parámetros u_0 , u_1 y u_2 igual a 19, 51 y 70, correspondientes a zonas del tipo *Pésima*, *Regular* y *Óptima*. Los valores, bs_{min} , bs_{med} y bs_{max} respectivamente, estos son parámetros configurables del modelo donde bs_{min} representa el menor BS observado, bs_{max} representa el mayor BS observado y bs_{med} es el valor medio existente entre bs_{max} y bs_{min} .

II-F. Ciclo gonotrófico y Ovipostura

El ciclo gonotrófico de los mosquitos es el período de tiempo que existe, entre una alimentación sanguínea y la ovipostura. En [15] se observó que hembras nulíparas de *Aedes aegypti* poseen un proceso de digestión más lento que las hembras paridas y por ende el ciclo gonotrófico de las mismas tiende a ser más largo. Como se mencionó anteriormente, la tasa de desarrollo del ciclo gonotrófico para hembras núiperas y paridas pueden estimarse mediante la versión simplificada del modelo de Sharpe y DeMichele.

Según [16, 17, 18], la cantidad de huevos correspondiente a cada oviposición varía entre 30 y 100 unidades.

II-G. Vuelo y dispersión

El *Aedes aegypti* es un mosquito doméstico, generalmente esta confinado a las casas donde se cría [16], tiende a permanecer físicamente en donde emergió, siempre y cuando no exista algún factor que la perturbe o no disponga de huéspedes, sitios de reposo y de ovipostura [19]. Por lo general, el mosquito, no sobrepasa los 50 a 100 metros durante su vida

[18]. En caso de no contar con sitios adecuados de ovipostura y disponibilidad de alimento tienden a dispersarse una mayor distancia, hasta 3 kilómetros, en busca de mejores condiciones [19]. Los mosquitos tienen la particularidad de volar en sentido contrario a la dirección al viento [19, 20] y a una velocidad máxima de 2 kilómetros por hora [20, 21].

Partiendo de las hipótesis realizadas anteriormente, podemos considerar que la dispersión se encuentra influenciada por el valor de $u(x, y)$, de ese modo a medida que $u(x, y)$ varíe, la dispersión debe ajustarse al tipo de zona. De forma simplificada se define que la dispersión de un mosquito adulto que se encuentre en zonas del tipo *Regular*, *Buena* u *Óptima* se encuentra entre 0 y 100 metros de vuelo. Para las hembras adultas, que pertenezcan a zonas del tipo *Mala* o *Pésima* se tiene una dispersión entre 100 a 3.000 metros de vuelo, de este modo, las hembras adultas que se encuentren en zonas menos aptas tenderán a desplazarse en busca de mejores condiciones.

III. SIMULACIÓN DEL PROCESO EVOLUTIVO

La simulación del proceso evolutivo es el encargado de simular los efectos de las variaciones climáticas y del entorno en el ciclo de vida del *Aedes aegypti*.

El Algoritmo 1, describe al simulador como un proceso iterativo cuyo objetivo es simular los efectos de cada k_i para cada individuo m_j que pertenezca a la población.

La población de estudio, \vec{m} , se encuentra compuesta por un conjunto $m_j(x, y)$ que representan a los individuos, $h_j(x, y)$, $l_j(x, y)$, $p_j(x, y)$, $am_j(x, y)$, $an_j(x, y)$ y $ap_j(x, y)$ que corresponden a las poblaciones de $H(x, y)$, $L(x, y)$, $P(x, y)$, $AM(x, y)$, $AN(x, y)$ y $AP(x, y)$ respectivamente. Todos los individuos, $m_j(x, y)$, que se encuentren en una misma unidad geográfica (x, y) pertenecen a una misma colonia. La población inicial es obtenida mediante la cantidad de larvas observadas en los puntos de control que corresponden a la muestra utilizada para el estudio. Por cada larva observada, en un punto de control ubicado en las coordenadas geográficas, (x, y) , se inicializa un individuo, m_i con las mismas coordenadas, (x, y) , del punto de control de origen.

El periodo de estudio, \vec{k} , se encuentra conformado por un conjunto de temperaturas k_i que representan las temperaturas diarias.

El proceso $desarrollar(m_j, k_i)$, es el proceso por el cual se calculan las tasas de desarrollo correspondientes para cada m_j . Estas son obtenidas mediante el modelo de [12] presentado en la sección II-C.

El desarrollo en las etapas inmaduras ($H(x, y)$, $L(x, y)$ y $P(x, y)$) es realizado con el fin de simular los efectos de k_i en la maduración de m_j . Sin embargo para los adultos ($AN(x, y)$ y $AP(x, y)$), es realizado con el fin de simular los efectos de k_i en la duración del ciclo gonotrófico de m_j y la dispersión del vector, presentada en la sección II-G.

El proceso $regular(m_j, k_i)$ tiene como principal objetivo, determinar la cantidad de individuos que deben ser eliminados de la población, debido a la mortalidad diaria; y seleccionar los candidatos para dicha eliminación. Como se mencionó anteriormente, en la sección II-D, la tasa de mortalidad diaria depende del estado en el que encuentre el individuo. La

Algoritmo 1 Simulación del proceso evolutivo

Entrada: $\vec{k} \neq \emptyset \wedge \vec{m} \neq \emptyset$
Salida: \vec{m}'

- 1: **para todo** $k_i \in \vec{k}$ **hacer**
- 2: $huevos \leftarrow \emptyset$
- 3: **para todo** $m_j(x, y) \in \vec{m}$ **hacer**
- 4: $desarrollar(m_j(x, y), k_i)$
- 5: **si** $regular(m_j(x, y), k_i)$ **entonces**
- 6: \triangleright Se elimina m_j si es un candidato.
- 7: $m_j(x, y) \leftarrow \emptyset$
- 8: **si no si** $esta_maduro(m_j(x, y), k_i)$ **entonces**
- 9: $cambiar_estado(m_j(x, y))$
- 10: **si no si** $se_reproduce(m_j(x, y), k_i)$ **entonces**
- 11: $huevos \leftarrow huevos + oviponer(m_j(x, y))$
- 12: **fin si**
- 13: **fin para**
- 14: **si** $huevos \neq \emptyset$ **entonces**
- 15: \triangleright \S ovipone se extiende la población
- 16: $\vec{m} \leftarrow \vec{m} + huevos$
- 17: **fin si**
- 18: **fin para**
- 19: **retorna** \vec{m}'

selección de candidatos para la eliminación se realiza de forma aleatoria para los individuos que provenientes de una misma colonia (x, y) .

El proceso $esta_maduro(m_j, k_i)$ se encarga de validar que se cumpla el individuo finalice su etapa de desarrollo. Sea $R(k_i)$ la tasa de desarrollo de un individuo para una temperatura de k_i Kelvin en un instante i , se considera que ha alcanzado su máximo nivel de madurez y se encuentra listo para pasar al siguiente estado de su etapa de desarrollo cuando se cumple :

$$\sum_{i=0}^N R(k_i) \geq 1 \quad (11)$$

Donde N es la cantidad de días que le toma al individuo pasar de un estado a otro. Una vez completo su desarrollo se procede a realizar el cambio de estado mediante el proceso $cambiar_estado(m_j)$. El cambio de estado consiste en modificar las características un individuo, $m_i(x, y)$ para que inicie la nueva etapa de su ciclo de desarrollo. De forma extendida tenemos:

- Para que un huevo, $h(x, y)$, perteneciente a $H(x, y)$ pase a ser una larva, $l(x, y)$, que forma parte de $L(x, y)$ debe cumplirse (11).
- Para que una larva, $l(x, y)$, perteneciente a $L(x, y)$ pase a ser una pupa, $p(x, y)$, que forma parte de $P(x, y)$ debe cumplirse (11).
- Para que una pupa, $p(x, y)$, perteneciente a $P(x, y)$ pase a ser un adulto, $a(x, y)$, que forma parte de $A(x, y)$ debe cumplirse (11).

El proceso $se_reproduce(m_j, k_i)$, que solo es válido para hembras adultas se encarga de validar m_j haya completado su

ciclo gonotrófico, una vez finalizado debe generar una tanda de huevos mediante $oviponer(m_j)$. La duración del ciclo gonotrófico y la oviposura fue presentado anteriormente en la sección II-F. S

IV. DESCRIPCIÓN GENERAL DEL ENTORNO DE PRUEBAS

En esta sección se presentan los parámetros adoptados para la configuración del entorno de pruebas, que se encuentra dividido en : las características de la población inicial, periodo simulación y los datos climatológicos, y por ultimo los parámetros de simulador del proceso evolutivo.

Para las pruebas se generaron aleatoriamente 25 puntos de control que fueron distribuidos geográficamente de forma aleatoria y no uniforme en un área de total de $3,028km^2$ (Ver Figura 1). En los 25 puntos de control fueron distribuidos un total de 1.146 individuos en un estado inicial de larvas.

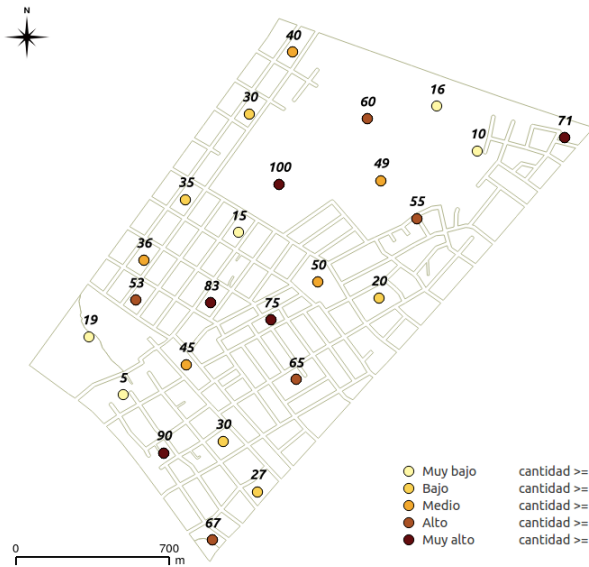


Figura 1: Distribución geográfica de los 25 puntos de control.

El periodo de simulación utilizado fue igual a 50 días a 10 temperaturas constantes : $15^{\circ}C$, $18^{\circ}C$, $20^{\circ}C$, $22^{\circ}C$, $24^{\circ}C$, $25^{\circ}C$, $26^{\circ}C$, $27^{\circ}C$, $30^{\circ}C$, $34^{\circ}C$. La dirección al igual que la temperatura fue establecida como una constante para las simulaciones, cuyo valor fue la dirección suroeste, que genera un ángulo que varía entre $202,5^{\circ}$ a $247,5^{\circ}$.

Los parámetros del simulador del proceso evolutivo, en su mayoría son calculados con datos biológicos correspondientes al área de estudio. Obtener dichos datos requieren minuciosos estudios de campo que escapan del alcance de este trabajo.

En cuanto a los sitios de reproducción, los parámetros bs_{min} y bs_{max} fueron configurados según lo observado en [7, 14], siendo 15 y 50 los valores adoptados respectivamente. El valor de bs_{med} fue establecido, en 32,5, realizando un promedio entre bs_{min} y bs_{max} .

Los coeficientes para el modelo simplificado de Sharpe y DeMichele, con inhibición de altas temperaturas de Schoolfield, para el cálculo de las tasas de desarrollo media en $dias^{-1}$, fueron tomados de : [10] para el desarrollo larvario y

el desarrollo pupal, y de [7] para la eclosión de huevos, ciclo gonotrófico para hembras núlíferas y paridas.

V. DISEÑO Y ARQUITECTURA

El simulador está basado en una arquitectura de tres capas, cliente-servidor, en el que las tareas se reparten entre los proveedores de recursos o servicios, denominados servidores, y los demandantes, llamados clientes. La primera capa, la de presentación, es la que se encarga de interactuar con el usuario final, la segunda capa es la de negocios, esta se encarga de procesar las solicitudes realizadas por la capa de presentación y definir las reglas que deben aplicarse en para cada solicitud. Por último, se encuentra la capa de datos, donde se almacenan los datos, procesan las peticiones de la capa de negocios para persistir o recuperar información. En la Figura 2 se puede apreciar los componentes del sistema y las interacciones entre los mismos.

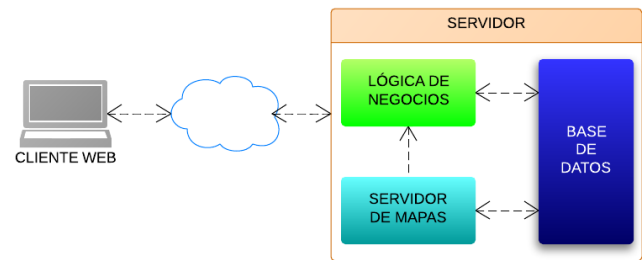


Figura 2: Arquitectura de interacción de componentes de GeoDengue.

Se optó por un enfoque web debido a la practicidad de estas aplicaciones; el usuario final solo debe contar con un navegador web para utilizar el simulador.

El cliente web se encuentra diseñado como una Aplicación de una Sola Página o SPA (por sus siglas en inglés Single Page Application), donde la aplicación se ejecuta en una única página, y la navegación se realiza mediante cargas parciales, sin recargar el sitio completamente.

La capa de negocios se encuentra acompañada por un servidor de mapas que se encarga de publicar y ofrecer datos geoespaciales. La capa de negocios se comunica con el servidor de mapas para publicar los resultados de las operaciones realizadas. El cliente web, a su vez, se comunica con la capa de negocios, para realizar operaciones de análisis y procesamiento, y con el servidor de mapas para obtener los datos geoespaciales publicados.

VI. TECNOLOGÍAS Y HERRAMIENTAS UTILIZADAS

En esta sección presentaremos las herramientas y tecnologías empleadas para el desarrollo del simulador (Figura 3).

La capa de presentación fue desarrollada puramente en Javascript, HTML y CSS, con el framework BackboneJS³ donde la comunicación con la capa de servicios se encuentra dada por peticiones Ajax. Para la visualización e interacción como mapas se utilizó OpenLayers⁴. Como servidor web para

³<http://backbonejs.org/>

⁴<http://openlayers.org/>

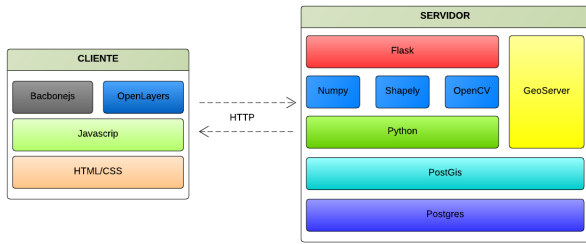


Figura 3: Pila de tecnologías utilizadas para el desarrollo del simulador.

la publicación de la capa de presentación se utilizó Apache⁵ en su versión 2, aunque se podría utilizarse cualquier otro servidor web HTTP.

La capa de negocios, se encuentra desarrollada en Python⁶, en donde para la capa de servicios se utilizó Flask⁷ un framework minimalista para Python. Para llevar a cabo análisis y procesamientos complejos se utilizó la extensión de Python NumPy⁸ que agrega mayor soporte para vectores y matrices, constituyendo una biblioteca de funciones matemáticas de alto nivel para operar con esos vectores o matrices. La manipulación y análisis de objetos geométricos en el plano cartesiano fue posible gracias la extensión de Python Shapely⁹. Para el procesamiento digital de imágenes se utilizó el paquete OpenCV¹⁰ de Python. Como servidor web, para la publicación de la capa de servicios, también se utilizó Apache con su módulo mod_wsgi¹¹ que proporciona una interfaz compatible con WSG, que es una especificación para una interfaz simple y universal entre los servidores web y aplicaciones web o frameworks para el lenguaje programación Python.

Como servidor de mapas se utiliza GeoServer¹², que intenta promover la estandarización, y soportar tantos estándares como sea posible, para permitir a todos sus usuarios compartir su información geoespacial rápidamente y de una forma interoperable, disminuyendo así las barreras entre proveedores de información geográfica. Como capa base se utiliza OpenStreet-Map¹³ que es un mapa del mundo, de uso libre bajo una licencia abierta.

Con respecto al almacenamiento de datos, se decidió utilizar el sistema gestor de bases de datos PostgreSQL¹⁴, y para la manipulación de datos geográficos se utilizó PostGIS¹⁵ que es módulo que añade soporte de objetos geográficos a PostgreSQL.

⁵<https://httpd.apache.org/>

⁶<http://python.org/>

⁷<http://flask.pocoo.org/>

⁸<http://www.numpy.org/>

⁹<https://pypi.python.org/pypi/Shapely>

¹⁰<http://docs.opencv.org/>

¹¹<http://www.modwsgi.org/>

¹²<http://geoserver.org/>

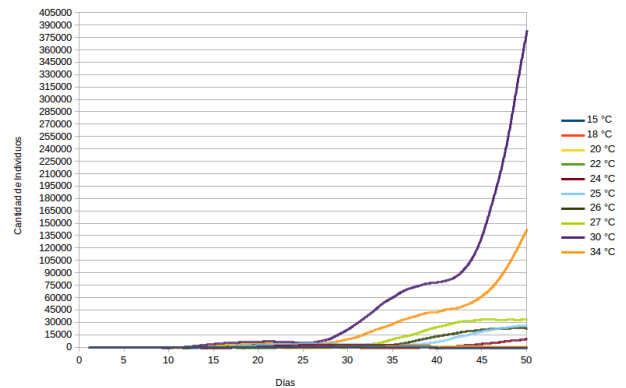
¹³<http://www.openstreetmap.org/>

¹⁴<http://www.postgresql.org/>

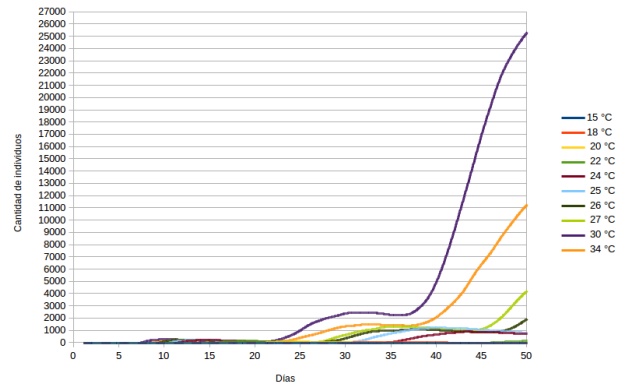
¹⁵<http://postgis.net/>

VII. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En esta sección se presentan los resultados experimentales obtenidos mediante la simulación del proceso evolutivo de ciclo de vida del *Aedes aegypti*. En general, para todos los casos, la población inicial sufre un decrecimiento causada por la mortalidad diaria de los individuos a temperaturas entre 15 y 34 °C, y por la emergencia de adultos a temperaturas entre 18 y 34 °C. La aparición de adultos implica que la población de individuos en etapas inmaduras (huevos, larvas y pupas), llegaron a completar su ciclo de desarrollo para dar lugar a mosquitos adultos, por lo tanto la población de individuos en etapas inmaduras tiende a disminuir y mientras que la población de mosquitos adultos tiende a aumentar. El crecimiento de la población se debe a que las hembras adultas pertenecientes a la población de mosquitos, culminaron su ciclo gonotrófico y dieron lugar la ovipostura.



(a) Población de mosquitos en etapas inmaduras.



(b) Población mosquitos adultos.

Figura 4: Análisis del comportamiento de la población de mosquitos en relación al tiempo a 10 temperaturas constantes (15-34 °C)

En la Figura 4 se pueden apreciar el crecimiento y decrecimiento de la población a diferentes temperaturas, en donde se pudo observar que a medida que la temperatura aumenta, las tasas de desarrollo son menores, motivo por el cual las poblaciones de individuos en etapas inmaduras, sometidos a temperaturas más elevadas, tienden a disminuir su tamaño rápidamente debido a que se desarrollan con mayor rapidez, dando lugar a su etapa de adulto. Del mismo modo el ciclo

gonotrófico, para las hembras adultas tienden a disminuir su duración, causando que el intervalo entre oviposuras disminuya, en consecuencia el tamaño de la población de individuos en etapas inmaduras aumenta rápidamente.

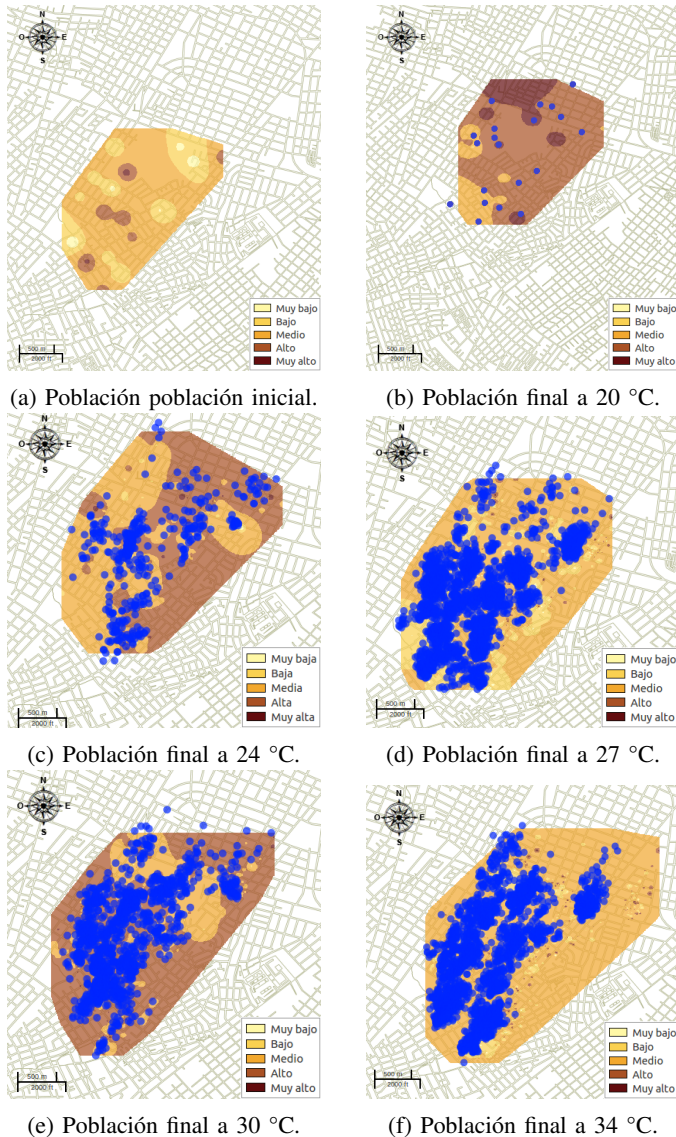


Figura 5: Mapas de interpolación de la población de mosquitos y la distribución de las hembras adultas (puntos en azul).

En la Figura 5 se puede apreciar los mapas de interpolación de las poblaciones en su estado inicial y final del periodo de simulación. El estado inicial (Figura 5a) es el mismo para todas las temperaturas. Comparando el estado inicial y los estados finales se puede observar que existe una dispersión de los focos en dirección al noreste debido a que la dirección del viento utilizada, para las pruebas, era del suroeste. Este patrón de dispersión se podrá observar en todas las poblaciones que fueron sometidas a temperaturas que permitan la generación de hembras adultas. La dispersión de los focos de infestación es consecuencia de la dispersión y oviposura de las hembras adultas emergentes de la población.

VII-A. *Análisis de la población a temperaturas variables*

Los resultados presentados anteriormente corresponden, a pruebas realizadas a 10 temperaturas constantes (15-34 °C) durante un periodo de simulación igual a 50 días. Las variaciones en la temperatura repercuten en la duración del ciclo de vida del vector, disminuyendo y aumentando su duración para aquellas temperaturas que resulten más o menos favorables. A medida que las temperaturas resulten menos favorables, el desarrollo de los individuos se tornará más lento y a aumentará la mortalidad de los individuos.

Con la finalidad de analizar el efecto de múltiples temperaturas en un mismo periodo de simulación, la población inicial es sometida a un periodo simulación de 90 días con temperaturas variables. En la Figura 6 se puede observar la variación de la temperatura correspondiente al periodo de simulación de 90 días. La temperatura promedio observada es de 22,56 °C, con una mínima de 14,5 °C y una máxima de 33,5 °C.

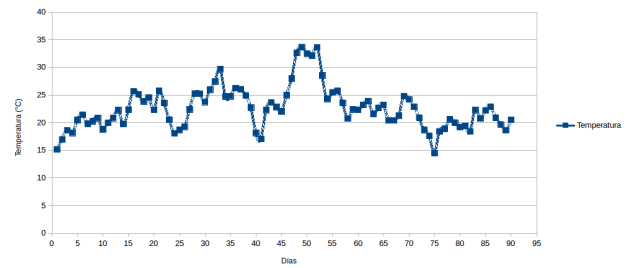


Figura 6: Variación de la temperatura durante un periodo de 90 días.

En general se pudo observar una duración de 4,07 días para su fase de huevo, 10,13 días para la fase larval y 2,74 días para fase pupal. La duración del ciclo gonotrófico correspondiente a hembras nulíperas y paridas fue de 4,75 y 3,43 días respectivamente.

En la Figura 7 se puede observar el comportamiento creciente y decreciente de la población de mosquitos en relación al tiempo. El decrecimiento de la población de individuos en etapas inmaduras se encuentra influenciado por la mortalidad diaria y emergencia a adultos, donde esta última causa el crecimiento de la población de adultos. La oviposición de las hembras adultas, pertenecientes a la población de adultos, es la causante del crecimiento de la población de individuos en etapas inmaduras. El decrecimiento de la población de adultos es causada por la mortalidad diaria.

En la Figura 8 se puede observar comportamiento correspondiente de las generaciones de mosquitos pertenecientes a la población. En general se pudieron observar 4 generaciones de individuos en etapas inmaduras y 3 generaciones de adultos. La primera generación corresponde a los individuos pertenecientes a la población inicial, la segunda generación corresponde a los descendientes de la primera generación, producto de la oviposición de las hembras adultas emergentes de la población inicial. La tercera generación corresponde a los descendientes de la segunda generación. La cuarta y última generación se encuentra compuesta únicamente por individuos en etapas

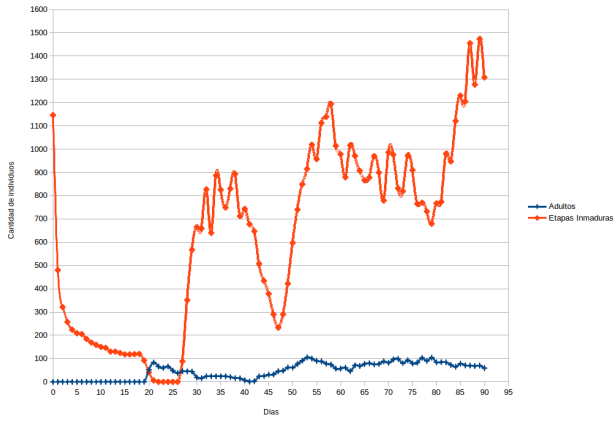
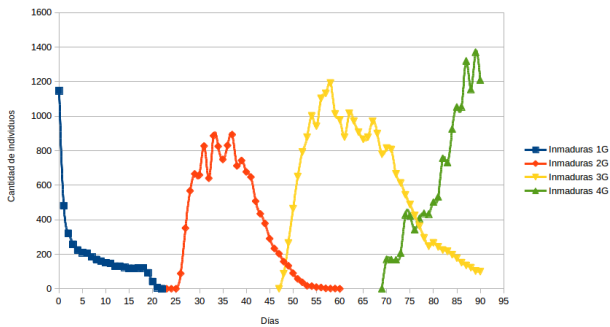
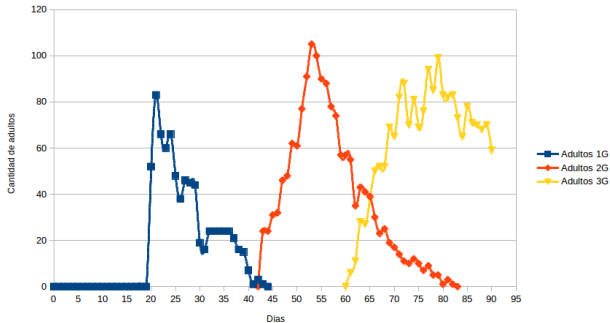


Figura 7: Análisis del comportamiento de la población de mosquitos durante un periodo de 90 días a temperaturas variables.

inmaduras, ya que ninguno de sus individuos emergió para convertirse en adulto.



(a) Crecimiento generacional de la población de individuos en etapas inmaduras a temperatura variable.



(b) Crecimiento generacional de la población de adultos a temperatura variable.

Figura 8: Análisis generacional de la población de mosquitos durante un periodo de 90 días a temperatura variable.

VIII. CONCLUSIÓN

En este trabajo presentó el diseño e implementación de un modelo predictivo para identificar focos de infestación del *Aedes aegypti*, principal vector del dengue, sustentado en métodos de muestreo para la determinación de la abundancia

poblacional, modelos matemáticos para simular el ciclo de vida del vector en un sistema de información geográfica, con el fin de apoyar a la lucha preventiva de esta enfermedad. Para el diseño y desarrollo del simulador del proceso evolutivo, se realizaron ciertas consideraciones que han sido validadas pero requieren mayor revisión y refinamiento por parte de expertos en el área, de forma que se puedan realizar los ajustes y parametrizaciones correspondientes al modelo para su aplicabilidad. El diseño e implementación del modelo como un simulador del proceso evolutivo del vector en el contexto de un sistema de información geográfica, permite realizar análisis complejos de la realidad espacial rápidamente, generando información regionalizada para determinar los niveles de infestación correspondientes al área de estudio. Se considera al modelo resultante como genérico, debido a que sus parámetros pueden ser ajustados para aplicarlos en cualquier región o área de estudio, y extensible, teniendo en cuenta que puede ser modificado para incluir nuevas variables y procesos.

El simulador de proceso evolutivo se encuentra compuesto por modelos, ampliamente respaldados por el material bibliográfico, en [12, 22, 23, 7, 10], que son utilizados para el cálculo de las tasas de desarrollo y mortalidad de las distintas etapas de desarrollo del ciclo de vida del vector. La configuración del simulador del proceso evolutivo requiere de parámetros asociados con las características biológicas y datos ecológicos correspondientes al área de estudio, por lo que para su aplicación, estos parámetros de configuración deben ser validados por expertos en el área mediante trabajos de campo. No obstante, utilizando valores tomados del material bibliográfico de apoyo, se pudo observar un buen comportamiento de los resultados obtenidos mediante el simulador del proceso evolutivo. Solo presentan pequeñas variaciones en comparación con los valores observados por expertos en laboratorio en condiciones controladas. Las variaciones observadas pueden ser causadas por los distintos rasgos característicos de las cepas de mosquitos, utilizadas en los estudios de referencia, que permiten una mayor o menor tolerancia a ciertas condiciones.

Para la realización de este trabajo no se ha contado con la participación de profesionales de la salud ni de biología. Sin embargo, el trabajo ha despertado el interés de las instituciones responsables del monitoreo y control de vectores con el fin de revisar, validar, ajustar y aplicar el modelo a una escala y datos reales.

En un futuro, con los ajustes y validaciones correspondientes a ser realizadas por expertos en el área, la información generada por el simulador del proceso evolutivo del *Aedes aegypti*, asociada con niveles de infestación y los mapas de interpolación podrían, permitir a las autoridades sanitarias de un país, definir y planificar, de forma más efectiva, las medidas de control, prevención y logística a realizar con el fin de disminuir los niveles de infestación en una región. Éste y otros modelos derivados podrían aplicarse en proyectos interinstitucionales para disponer de herramientas computacionales que brinden información precisa para la lucha contra el dengue y otras enfermedades transmitidas por vectores.

REFERENCIAS

[1] World Health Organization y col. “Dengue guidelines for diagnosis, treatment, prevention and control: new edition”. En: (2009).

- [2] Gustavo Kourí. "El dengue, un problema creciente de salud en las Américas". En: *Revista Panamericana de Salud Pública* 19.3 (2006), págs. 143-145.
- [3] Ruben M. Caffera y Ingrid Roche César Basso Sonia Romero. "Aedes aegypti, principal transmisor de la enfermedad del dengue". En: ed. por César Basso. Av. Garzón 780. 12900 Montevideo, Uruguay: Universidad de la República Facultad de Agronomía, 2004. Cap. Abordaje ecosistémico para la prevención y control del vector del dengue.
- [4] Margareth Regina Dibo y col. "Identification of the best ovitrap installation sites for gravid Aedes (Stegomyia) aegypti in residences in Mirassol, state of São Paulo, Brazil". en. En: *Mem do Instituto Oswaldo Cruz* 100 (jul. de 2005), págs. 339-343. ISSN: 0074-0276. URL: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0074-02762005000400001&nrm=iso.
- [5] Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades. *Guía para la Vigilancia Entomológica con Ovitrapas*. Oct. de 2013. URL: http://www.cenavece.salud.gob.mx/programas/interior/vectores/descargas/pdf/guiavigilanciaentologicaovitrapas_sinlogo.pdf.
- [6] Larry Niño. "Interpolación espacial de la abundancia larval de Aedes aegypti para localizar focos de infestación". es. En: *Revista Panamericana de Salud Pública* 29 (jun. de 2011), págs. 416-422. ISSN: 1020-4989. URL: http://www.scielosp.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1020-49892011000600006&nrm=iso.
- [7] Marcelo Otero, Hernán G. Solari y Nicolás Schweigmann. "A stochastic population dynamics model for Aedes aegypti: formulation and application to a city with temperate climate". En: *Bulletin of Mathematical Biology* 68.8 (2006), págs. 1945-1974.
- [8] Pablo Manrique-Saide y col. "Desarrollo, mortalidad y sobrevivencia de las etapas inmaduras de Aedes aegypti (Diptera: Culicidae) en neumáticos." En: *Rev Biomed* 9 (1998), págs. 84-91.
- [9] Dirección General de la Vigilancia de la Salud. *La Estrategia de Gestión Integrada (EGI)-Dengue*. [consulta 07 de julio 2014]. Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Paraguay. URL: http://www.vigisalud.gov.py/index.php?option=com_content&view=category&id=19&Itemid=146.
- [10] LM Rueda y col. "Temperature-dependent development and survival rates of Culex quinquefasciatus and Aedes aegypti (Diptera: Culicidae)". En: *Journal of medical entomology* 27.5 (1990), págs. 892-898.
- [11] Andrea Marcela Conde Osorio. "Estudio De La Longevidad Y El Ciclo Gonotrófico Del Aedes (stegomyia) Aegypti (linnaeus, 1762), Cepa Girardot (cundinamarca) En Condiciones De Laboratorio". En: (mayo de 2003).
- [12] Peter JH Sharpe y Don W DeMichele. "Reaction kinetics of poikilotherm development". En: *Journal of Theoretical Biology* 64.4 (1977), págs. 649-670.
- [13] Terence L Wagner y col. "Modeling insect development rates: a literature review and application of a biophysical model". En: *Annals of the Entomological Society of America* 77.2 (1984), págs. 208-225.
- [14] Marcelo Otero, Nicolás Schweigmann y Hernán G. Solari. "A stochastic spatial dynamical model for Aedes aegypti". En: *Bulletin of mathematical biology* 70.5 (2008), págs. 1297-1325.
- [15] JOHN D Edman y THOMAS W Scott. "Host defensive behaviour and the feeding success of mosquitoes." En: *Insect science and its application* 8.4 (1987), págs. 617-622.
- [16] Miguel Angel Salas Luevano. "Ciclo Gonotrofico,tasa De Supervivencia Y Estructura De Edades De Aedes Aegypti L. En La Zona Metropolitana De Monterrey, Nuevo Leon, Mexico." Tesis de lic. Facultad De Ciencias Biologicas, Universidad Autonoma De Nuevo Leon, 1993.
- [17] Rosa Maria Patiño Beltran. "Bionomía De Aedes Aegypti L, Vector Del Dengue, En El Sur Del Estado De Jalisco, México." Tesis de lic. Facultad De Ciencias Biologicas, Universidad Autonoma De Nuevo Leon, 2001.
- [18] César Cabezas. "Dengue en el Perú: aportes para su diagnóstico y control". En: *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica* 22.3 (2005), págs. 212-228.
- [19] Jaime Thirión Icaza. "El mosquito Aedes aegypti y el dengue en México". En: (mayo de 2003).
- [20] Alex Reiser. *Speed of animals*. [consulta 07 de julio 2014]. URL: <http://www.speedofanimals.com/animals/mosquito?u=m>.
- [21] Christian Kaufmann y Hans Briegel. "Flight performance of the malaria vectors Anopheles gambiae and Anopheles atroparvus". En: *Journal of vector ecology* 29 (2004), págs. 140-153.
- [22] D Ae Focks y col. "Dynamic life table model for Aedes aegypti (Diptera: Culicidae): analysis of the literature and model development". En: *Journal of medical entomology* 30.6 (1993), págs. 1003-1017.
- [23] RM Schoolfield, PJH Sharpe y CE Magnuson. "Non-linear regression of biological temperature-dependent rate models based on absolute reaction-rate theory". En: *Journal of Theoretical Biology* 88.4 (1981), págs. 719-731.